



LGL

Nachweis
von nicht zugelassenen
gentechnisch-veränderten
Organismen (GVO)

Weltweite Ermittlung

Importanalyse und Entwicklung
von Nachweis-Methoden

Herausgeber: Bayerisches Landesamt für
Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL)
Eggenreuther Weg 43, 91058 Erlangen

Telefon: 09131 6808-0
Telefax: 09131 6808-2202
E-Mail: poststelle@lgl.bayern.de
Internet: www.lgl.bayern.de

Bildnachweis: Bayerisches Landesamt für
Gesundheit und Lebensmittelsicherheit

Veröffentlicht: November 2011

© Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit
alle Rechte vorbehalten

Autorinnen und Autoren des Berichts:

Dr. Patrick Gürtler, Dr. Esther Meissner, Dr. Ulrich Busch

Bei fachlichen Fragen wenden Sie sich bitte an:

Dr. Ulrich Busch
Telefon: 09131 6808-5234
E-Mail: ulrich.busch@lgl.bayern.de

Diese Druckschrift wird kostenlos im Rahmen der Öffentlichkeitsarbeit der Bayerischen Staatsregierung herausgegeben. Sie darf weder von den Parteien noch von Wahlwerbern oder Wahlhelfern im Zeitraum von fünf Monaten vor einer Wahl zum Zweck der Wahlwerbung verwendet werden. Dies gilt für Landtags-, Bundestags-, Kommunal- und Europawahlen. Missbräuchlich ist während dieser Zeit insbesondere die Verteilung auf Wahlveranstaltungen, an Informationsständen der Parteien sowie das Einlegen, Aufdrucken und Aufkleben parteipolitischer Informationen oder Werbemittel. Untersagt ist gleichfalls die Weitergabe an Dritte zum Zweck der Wahlwerbung. Auch ohne zeitlichen Bezug zu einer bevorstehenden Wahl darf die Druckschrift nicht in einer Weise verwendet werden, die als Parteinahme der Staatsregierung zugunsten einzelner politischer Gruppen verstanden werden könnte. Den Parteien ist es gestattet, die Druckschrift zur Unterrichtung ihrer eigenen Mitglieder zu verwenden. Bei publizistischer Verwertung – auch von Teilen – wird um Angabe der Quelle und Übersendung eines Belegexemplars gebeten. Das Werk ist urheberrechtlich geschützt. Alle Rechte sind vorbehalten. Die Broschüre wird kostenlos abgegeben, jede entgeltliche Weitergabe ist untersagt. Diese Broschüre wurde mit großer Sorgfalt zusammengestellt. Eine Gewähr für die Richtigkeit und Vollständigkeit kann dennoch nicht übernommen werden. Für die Inhalte fremder Internetangebote sind wir nicht verantwortlich.



BAYERN | DIREKT ist Ihr direkter Draht zur Bayerischen Staatsregierung.
Unter Tel. 089 122220 oder per E-Mail unter direkt@bayern.de erhalten Sie Informationsmaterial und Broschüren, Auskunft zu aktuellen Themen und Internetquellen sowie Hinweise zu Behörden, zuständigen Stellen und Ansprechpartnern bei der Bayerischen Staatsregierung.

Inhaltsverzeichnis

Vorwort.....	2
1 Einleitung.....	4
2 Ziele des Projekts	5
3 Ergebnisse.....	5
3.1 Erstellung einer Datenbank, Sammlung von Daten	5
3.2 Anbau von gentechnisch veränderten Pflanzen weltweit und Zulassungs- status.....	6
3.3 Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in der EU und Zulassungsstatus in der EU	9
3.4 Importanalyse.....	10
3.5 Neue Eigenschaften von gentechnisch veränderten Pflanzen.....	12
3.6 Eingebachte Genelemente.....	13
3.7 Nachweis- und Screeningmethoden, Referenzmaterial.....	16
3.8 Entwicklung eines Nachweissystems für Kefeng 6	21
4 Ausblick	22
5 Zusammenfassung	22
6 Veröffentlichungen und Präsentationen	25
7 Literatur	26
8 Anhang 1	30
9 Anhang 2	32

Vorwort

Die Anwendung der Gentechnik in der Landwirtschaft (Grüne Gentechnik) hat in den letzten Jahren außerhalb von Europa deutlich an Bedeutung gewonnen. Die Anzahl gentechnisch veränderter Pflanzen, die weltweit von privaten und öffentlichen Institutionen entwickelt werden, nimmt von Jahr zu Jahr zu. Entsprechend vergrößern sich jährlich die globalen Anbauflächen, vor allem in Asien und Amerika. Bayern lehnt eine kommerzielle Nutzung der Grünen Gentechnik wegen nicht ausgeräumter Bedenken ab.

Das Bayerische Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) ist für die Entnahme und Untersuchung von Proben zuständig. Unter anderem werden Lebensmittel, Futtermittel und Saatgut auf gentechnische Veränderungen untersucht und zusammen mit den Regierungen die Verkehrsfähigkeit und Kennzeichnung dieser Produkte überwacht.

Für die Durchführung dieser Aufgaben ist es von enormer Bedeutung, Kenntnis von der aktuellen globalen Situation bezüglich gentechnisch veränderter Pflanzen (GVP) zu haben. Dies wird auch durch das Urteil des EuGH vom 06.09.2011 in Bezug auf gentechnisch veränderten Pollen im Honig unterstrichen. Nur mit entsprechenden Informationen kann eine vorausschauende Analytik aufgebaut und der Nachweis neuer GVP gewährleistet werden.

Das Projekt sollte dazu beitragen, eine Übersicht über die aktuelle globale Situation zu geben und Informationen über die genetischen Strukturen und die Verbreitung von GVP zusammenzutragen. Die Daten des hier vorliegenden Berichts stammen aus Patentschriften der jeweiligen Hersteller bzw. aus öffentlichen Datenbanken und

Websites. Sie spiegeln die Situation bis zum Oktober 2010 wider. Das LGL kann für die sorgfältig recherchierten Daten keine Gewähr übernehmen und erhebt keinen Anspruch auf Vollständigkeit und Aktualität. Die Daten sollen der gezielten Entwicklung neuer Nachweisstrategien, gerade auch von nicht in der EU zugelassenen GVP sowie deren Bestandteilen dienen.

Erlangen, Oktober 2011



Dr. Andreas Zapf

*Präsident des Bayerischen Landesamts für
Gesundheit und Lebensmittelsicherheit*

1 Einleitung

Die Anzahl gentechnisch veränderter Pflanzen (GVP), die weltweit für den Anbau und die Produktion von Lebens- und Futtermitteln verwendet werden, nimmt seit Beginn der Kommerzialisierung im Jahr 1996 stetig zu. GVP werden weltweit nicht gleichzeitig zugelassen (asynchrones Zulassungsverfahren), so dass in jedem Land ein eigener Zulassungsantrag gestellt werden muss. Vor dem Inverkehrbringen in der Europäischen Union (EU) müssen gentechnisch veränderte Organismen (GVO) ein stringentes Zulassungsverfahren durchlaufen. GVP dürfen gemäß der Richtlinie 2001/18/EG in der EU nur dann angebaut werden, wenn sie dafür zugelassen sind. Gemäß Verordnung (EG) Nr. 1829/2003 müssen GVO für Lebens- und Futtermittel ebenfalls zugelassen werden. Für nicht in der EU zugelassene GVO gilt die „Null-Toleranz“.

Für die Untersuchung von Proben auf GVO ist in Bayern das Bayerische Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL Bayern) zuständig. Dieses entdeckte 2004 durch regelmäßige Kontrollen gentechnisch veränderte (GV) Papayas im Handel [1]. Vermehrt wurden auch GV-Reissorten auf dem Markt entdeckt [2]. Der Agrarkonzern Syngenta verkaufte in den USA vier Jahre lang irrtümlich Saatgut der Maissorte Bt10 anstatt der zugelassenen Maissorte Bt11. Dieses Erntegut gelangte über den Export auch nach Europa. 2009 wurde GV-Flachs in einigen Leinsamenprodukten nachgewiesen. 2010 wurden in Bayern auf 700 ha Maispflanzen beseitigt, weil das ausgesäte Saatgut durch nicht zugelassene GV-Maissamen verunreinigt war. Diese Fälle zeigen, dass nicht zugelassene GVP trotz strikter Regelungen und Kontrollen in den Handel bzw. die Lebensmittelproduktion gelangen. Um GV-Bestandteile in Lebens- und Futtermitteln oder Saatgut erkennen zu können, sind detaillierte Kenntnisse über die GVO nötig. GVO-entwickelnde Firmen und Institutionen müssen im Rahmen des Zulassungsprozesses in der EU sowohl Daten über die molekulare Charakterisierung der Organismen, als auch entsprechende Methoden für ihre eindeutige Identifizierung bereitstellen. Für in Europa nicht zugelassene GVO liegen vergleichbare Daten kaum vor. Fehlende Informationen über die eingefügten genetischen Elemente in den jeweiligen Organismen müssen hier durch zusätzliche Recherchen ermittelt werden, damit gentechnische Veränderungen nachgewiesen werden können. Zu diesem Zweck wurde im Rahmen dieses Projekts eine Daten-

bank mit dem Ziel erstellt, weltweit GVP zu erfassen und genaue Informationen über die gentechnischen Konstrukte, Anbauggebiete und Nachweissysteme zu sammeln.

2 Ziele des Projekts

Das Ziel des vorliegenden Forschungsprojektes war die Entwicklung einer Strategie zur Erfassung von kommerziell genutzten GVP. Hierfür sollten die folgenden Ansätze verfolgt werden:

- Literatur- und Datenbankrecherchen über alle weltweit verfügbaren GVP
- Verstärkte Nutzung von Informationen aus entsprechenden Patentdatenbanken
- Zusammenfassung der Ergebnisse in einer tabellarischen Übersicht
- Flexibles, erweiterbares Format, um bei Bedarf neue GVP hinzufügen zu können
- Erfassung detaillierter Informationen zu jedem GVP über die genetischen Komponenten, sowie über vorhandene Nachweismethoden, Referenzmaterialien, Anbauggebiete etc.
- Gegebenenfalls Entwicklung eigener Nachweismethoden
- Abschätzung der Wahrscheinlichkeit für das Auftreten von nicht zugelassenen GVP auf dem europäischen Markt (Importanalyse)
- Untersuchung, ob die weltweit angebaute GVP durch die vorhandenen Screeningnachweise erfasst werden

3 Ergebnisse

3.1 Erstellung einer Datenbank, Sammlung von Daten

Um weltweit angebaute und kommerziell genutzte GVP zu katalogisieren, wurde intensiv recherchiert [3-6] und eine Excel-Datenbank (*Abb. 1*) mit allen GVP aus den erhaltenen Daten erstellt. Dabei wurden alle GVP, für die Informationen verfügbar waren, in die Datenbank aufgenommen. Sie umfasst 33 Pflanzenarten mit insgesamt 267 GV-Pflanzenlinien und enthält die folgenden Datenbankfelder: Eventname und Unique Identifier, Hersteller, Zulassungsstatus in der EU, Handelsname, Promotor- und Terminatorelemente, Signalpeptidelemente, eingebrachte neue Merkmale, anbauende Länder, Vektor- und Sequenzinformationen und Verfügbarkeit von Referenzmaterial. Die Datenbank ist im Anhang 2 (Tabellen 4-8) tabellarisch dargestellt.

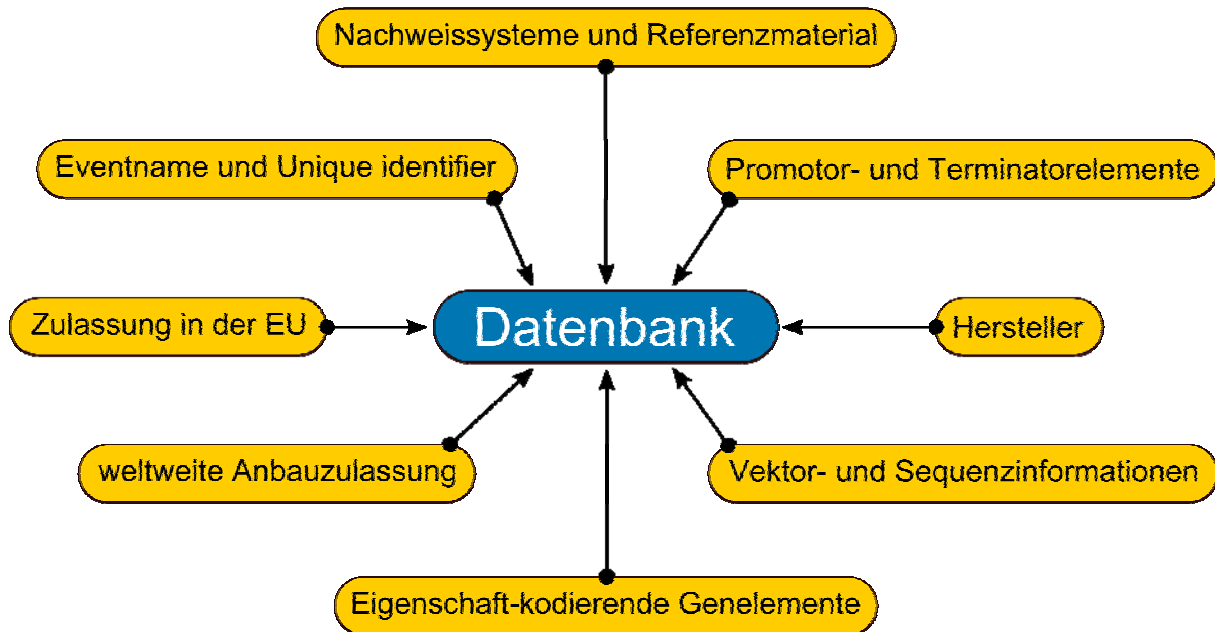


Abbildung 1: Aufbau der GVO-Datenbank des Bayerischen Landesamts für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL). Zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen besitzen einen Event-spezifischen Namen und in der Regel einen weltweit anerkannten Unique Identifier (U-ID). Der U-ID besteht aus neun Buchstaben bzw. Ziffern. Die ersten beiden bzw. die ersten drei Stellen geben einen Hinweis auf den Hersteller, die nächsten fünf oder sechs Stellen kennzeichnen das Event. Die letzte Ziffer ist ein Überprüfungszeichen. Viele besitzen zusätzlich auch einen Handelsnamen. Daneben wurden auch Informationen über den Zulassungsstatus in der EU, Vektor- und Sequenzinformationen, Informationen zum Hersteller und der weltweiten Anbausituation, wie auch Informationen zu den eingebrachten Genelementen in diese Datenbank aufgenommen

3.2 Anbau von gentechnisch veränderten Pflanzen weltweit und Zulassungsstatus

Wurden im Jahr 1996 noch auf 1,6 Millionen Hektar weltweit GVP angebaut, so nahm die Anbaufläche bis 2009 auf über 134 Millionen Hektar zu. Zu den Ländern mit den größten Anbauflächen gehören die USA (64 Millionen Hektar), Brasilien (21,4 Millionen Hektar), Argentinien (21,3 Millionen Hektar), Indien (8,4 Millionen Hektar), Kanada (8,2 Millionen Hektar) und China (3,7 Millionen Hektar) [7]. Die Zahl der Länder, die GVP anbauen stieg von sechs Ländern im Jahr 1996 auf 25 Länder im Jahr 2009 an (Abb. 2).

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

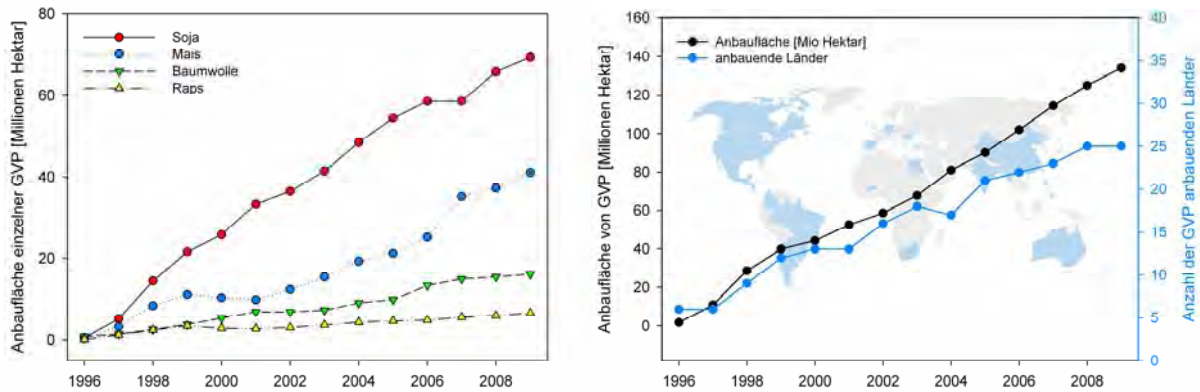


Abbildung 2: Links: globale Anbaufläche ausgewählter GVP, Rechts: globale Anbaufläche von GVP und Zahl der Länder, die GVP anbauen (Patrick Gürtler, nach James [7])

GVP werden in folgenden Ländern angebaut (Stand Januar 2010): Ägypten, Argentinien, Australien, Bolivien, Brasilien, Burkina Faso, Chile, China, Costa Rica, Honduras, Indien, Kanada, Kolumbien, Mexiko, Paraguay, Philippinen, Polen (EU), Portugal (EU), Rumänien (EU), Slowakei (EU), Spanien (EU), Südafrika, Tschechien (EU), Uruguay, USA. Abb. 3 gibt einen Überblick über diejenigen Länder, die im Jahr 2009 auf über 50.000 Hektar GVP angebaut haben.

Weltweit haben derzeit 157 verschiedene GV-Pflanzenevents aus der GV-Datenbank eine Anbaugenehmigung. Dies entspricht etwas mehr als die Hälfte aller recherchierten Events (Tab. 7). Allerdings bedeutet eine Anbaugenehmigung nicht zwingend, dass Pflanzen mit diesem Event auch tatsächlich angebaut werden. Einige der Events ohne Anbaugenehmigung werden in Freisetzungsversuchen getestet, hatten eine Anbauzulassung die mittlerweile ausgelaufen ist oder der Zulassungsantrag wurde zurückgezogen.

Als Event bezeichnet man das Ergebnis eines erfolgreichen Einbringens fremder Gene in eine Zelle.

Die USA ist das Land mit der weitaus größten Anzahl an GV-Pflanzenlinien, die für den Anbau zugelassen sind. Dort besitzen 14 verschiedene Pflanzenarten mit 79 verschiedenen GV-Pflanzenlinien eine Zulassung für den Anbau [8], in Kanada sind es elf verschiedene Pflanzenarten mit 71 GV-Pflanzenlinien [9]. Schwieriger stellt sich die Recherche in asiatischen Ländern wie China dar, wo vermutlich sieben Pflanzenarten mit zehn GV-Pflanzenlinien eine Anbauzulassung haben [10].

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

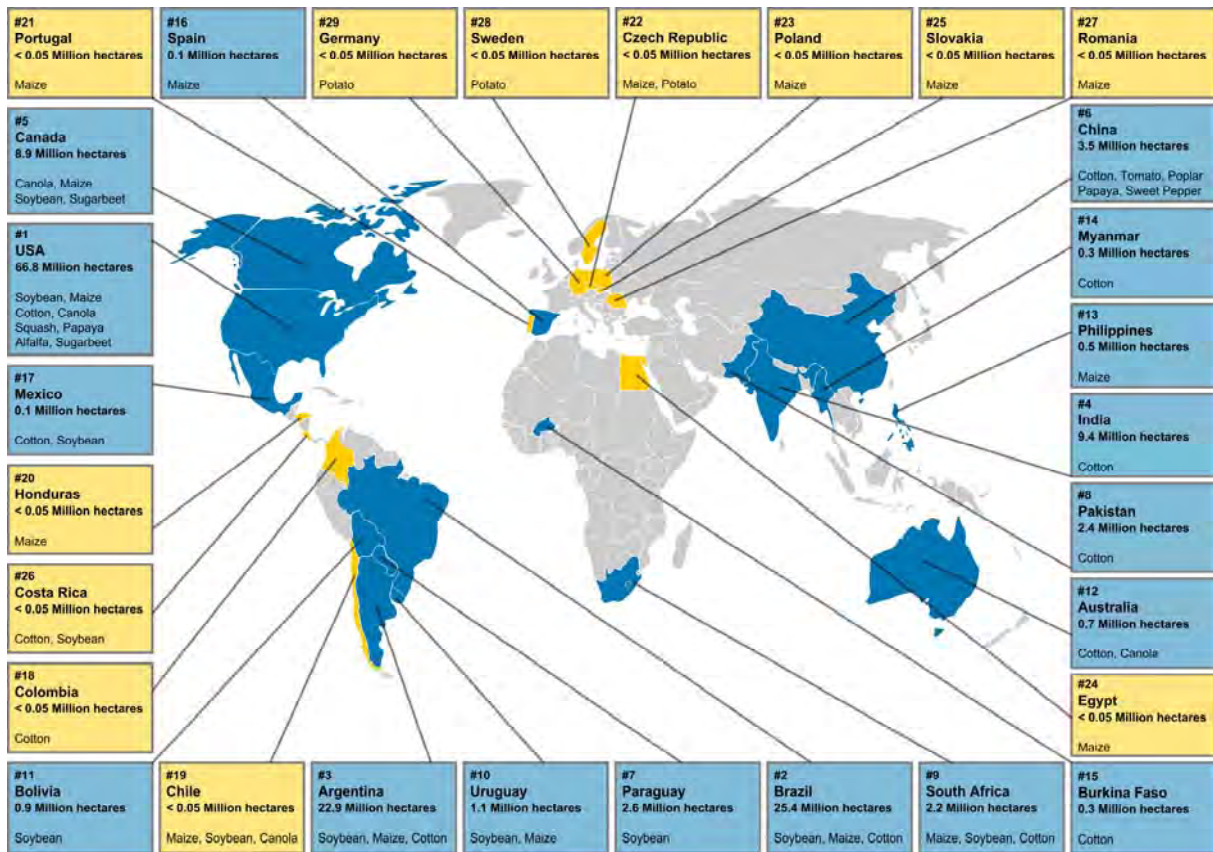


Abbildung 3: Karte der Länder, die 2009 weltweit GVP auf mehr als 50.000 Hektar angebaut haben (Patrick Gürtler, nach James [7])

Offizielle Angaben über den Anbau von GVP in China wurden nicht gefunden. In anderen Ländern, die GVP anbauen, bestehen Anbauzulassungen für diverse Pflanzenarten. Die am häufigsten angebauten Pflanzen weltweit sind Soja, Mais, Raps und Baumwolle.

Neben dem Anbau von GVP finden kontrollierte Freilandversuche (Freisetzungen) statt, um neue Entwicklungen außerhalb des Labors und Gewächshauses zu untersuchen. Aktuelle Entwicklungen zeigen, dass sich im asiatischen Raum (China und Indien) zunehmend öffentliche Einrichtungen an der Entwicklung neuer Events beteiligen. Es ist damit zu rechnen, dass in diesen Ländern in naher Zukunft deutlich mehr GVP entwickelt werden. Diese werden allerdings wohl meist für den Konsum im eigenen Land entwickelt und sind nicht für den Export vorgesehen. Es kann jedoch zu illegaler Vermarktung oder unbeabsichtigter Vermischung von Saatgut kommen. 2009 fanden in Indien Freilandversuche mit etwa 40 Events statt [11], in der EU mit etwa 120 Events [12], in den USA mit 741 Events (50 Organismen) [13] und in Kanada waren es Freilandversuche mit etwa 818 Events [14]. Die Daten von Freilandver-

suchen in die Recherche mit aufzunehmen, ist ein wichtiger Punkt in der vollständigen und vorausschauenden Recherche über GVP. Bei Freisetzungen verwendete GVP wurden daher ebenfalls in die Datenbank mit aufgenommen, sofern Informationen verfügbar waren.

3.3 Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in der EU und Zulassungsstatus in der EU

Im Gegensatz zu den nord- und südamerikanischen Staaten findet in der Europäischen Union (EU) derzeit kaum kommerzieller Anbau von GVP statt. Lediglich in Spanien (70.000 Hektar), Tschechien (7.000 Hektar) und Portugal (5.000 Hektar) findet ein nennenswerter Anbau von Bt-Mais (Event MON810) im kommerziellen Maßstab statt. Für den Anbau in der EU ist derzeit nur GV-Mais MON810 und eine GV-Kartoffel (BPS-25271-9) zugelassen. Auf nationaler Ebene wurde jedoch der Anbau von MON810 in einigen Ländern der EU (z. B. Deutschland, Österreich, Frankreich) verboten [15].

Arbeiten mit GVP im Allgemeinen, das Inverkehrbringen als Lebens- und Futtermittel, die Verarbeitung und der Anbau von GVP werden in der EU durch verschiedene Richtlinien und Verordnungen geregelt: EU-Richtlinie 2009/41/EG [16] über Arbeiten mit GV-Mikroorganismen in geschlossenen Systemen, EU-Richtlinie 2001/18/EG [17] über die Freisetzung zu Versuchszwecken, Anbau und Import von GVP, EU-Verordnung 1829/2003 [18] über das Inverkehrbringen als Lebens- und/oder Futtermittel und EU-Verordnung 1946/2003 [19] über den unbeabsichtigten Export bzw. die Ausfuhr in Drittländer. Nach dem derzeitigen Stand (30.10.2010) sind in der EU GVP-Sorten für sieben Pflanzenarten zugelassen: Mais (22 Sorten), Soja (3 Sorten), Raps (3 Sorten), Baumwolle (6 Sorten), Nelke (3 Sorten), eine Zuckerrübensorte und eine Kartoffelsorte [20]. Diese GVP sind, mit Ausnahme der Nelke, für die Verarbeitung zu Futtermitteln und Lebensmitteln zugelassen. Die Lebens- und Futtermittel müssen ab einem GV-Anteil von 0,9 % pro Zutat gekennzeichnet werden. Jedoch passiert es immer wieder, dass auch nicht zugelassene GVP auf dem Weltmarkt auftauchen.

3.4 Importanalyse

Sind Anbauländer für in der EU nicht zugelassene GVP bekannt, so stellt sich die Frage, wie wahrscheinlich das Auftreten dieser GVP auf dem europäischen Markt ist. GV-Sojabohnen wurden 2009 auf 52 % (69,2 Millionen Hektar) der globalen Anbaufläche für GVP angebaut. Die EU importierte 2009 etwa 36,1 Millionen Tonnen Sojabohnen und Sojarohstoffe [21]. Diese stammten fast ausschließlich aus Argentinien, Brasilien, den USA und Paraguay. Insgesamt betrug der weltweite Export von Sojabohnen und Sojarohstoffen etwa 144 Millionen Tonnen, davon etwa 79 Millionen Tonnen Sojabohnen [21]. Der Anteil an GV-Soja beträgt in Argentinien 99 %, in Brasilien 71 %, in den USA 91 % und in Paraguay 85 % [6]. Brasilien produzierte 2009 etwa 63 Millionen Tonnen Sojabohnen, davon etwa 24,6 Millionen Tonnen konventionelle Sojabohnen. Die EU importierte 2009 insgesamt etwa 12,7 Millionen Tonnen Sojabohnen [21]. Kontaminationen mit GV-Sojabohnen sind unter diesen Bedingungen realistisch. Warenströme müssen daher streng getrennt und die Wirksamkeit der Maßnahmen durch Laboruntersuchungen überprüft werden. Der Import von Baumwolle in die EU erfolgt größtenteils über die USA, Indien und China. Die Daten zur Produktion ausgewählter GVP und dem Export/Import sind in *Tab. 1* aufgeführt. Detaillierte Informationen über den Import und Export von Saatgut wurden nicht gefunden.

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

Tabelle 1: EU-Importanalyse für ausgewählte gentechnisch veränderte Pflanzen im Jahr 2009 [21]. Dargestellt sind die weltweite Produktion und die wichtigsten Länder für den Import der jeweiligen Ware in die EU (Datengrundlage EU-27).

	Produktion (Mio t)	Produktion GVP (Mio t)	Produktion nicht-GVP (Mio t)	Export (Mio t)	Import EU (Mio t)
Soja					
Argentinien	87,1	86,2	0,9	42,1	
Brasilien	93,8	66,6	27,2	37,5	
Paraguay	6,7	5,7	1,0	4,9	36,1
USA	135,6	123,4	12,2	46,7	
weltweit	447,9	344,9	103,0	144,3	
Mais					
Argentinien	14,0	11,9	2,1	8,0	
Brasilien	51,0	18,4	32,6		
China	155,0			0,5	2,5
USA	328,2	279,0	49,2	52,1	
weltweit	790,2	205,5	584,7	84,0	
Raps					
Australien	1,8	0,1	1,7	1,2	
Kanada	16,5	15,7	0,8	10,0	2,5
weltweit	114,3	24,0	90,3	16,6	
Baumwolle					
Brasilien	3,2	0,6	2,7	0,0	
China	18,3	11,0	7,3	0,0	
Indien	14,5	12,9	1,6	0,0	0,1
USA	5,0	4,4	0,6	0,5	
weltweit	58,7	28,8	29,9	1,1	

Trotz des großen Aufwandes zur Trennung von GV- und nicht GV-Sojabohnen auf allen Stufen, vom Anbau über den Transport bis hin zur Verarbeitung, lässt sich eine Vermischung nicht zu 100 % ausschließen. Allerdings sind in der EU Produkte mit zugelassenen GVP-Anteilen unter 0,9 % von der Kennzeichnungspflicht befreit, sofern das Auftreten dieser GVP nachweislich zufällig und technisch unvermeidbar ist. Für nicht zugelassene GVP gilt die Nulltoleranz. Auch bei Mais, Raps und Baumwolle, bei denen derzeit nach wie vor zum großen Teil gentechnisch unveränderte Pflanzen angebaut werden, sind Kontaminationen vor allem bei Importen aus Ländern möglich, in denen GVP angebaut werden, die in der EU nicht zugelassen sind.

Wenn die Statistik hinsichtlich der Events und zwischen zugelassen und nicht zugelassen nicht differenziert, gibt es keine Informationen über den tatsächlichen Anbau von GVP. Oftmals ist zwar bekannt, ob Anbauzulassungen für gewisse GVP in bestimmten Ländern vorliegen, allerdings fehlen Informationen darüber, ob diese GVP auch tatsächlich angebaut werden, zu welchem Zweck, in welchen Mengen und ob sie exportiert werden. Ohne ausreichende Informationen über Produktionsländer, sowie über Produktions- und Exportmengen kann eine verlässliche Importabschätzung jedoch nicht durchgeführt werden. Daher beschränkt sich die Abschätzung in diesem Projekt auf die vier bedeutendsten GVP, über die Handelsinformationen zu einem gewissen Teil vorhanden sind.

3.5 Neue Eigenschaften von gentechnisch veränderten Pflanzen

Im Rahmen des Zulassungsprozesses in der EU sind die jeweiligen Antragsteller verpflichtet, Informationen über die molekularen Charakteristika des Organismus, wie auch entsprechende Methoden zur eindeutigen Identifizierung bereitzustellen. GVP werden entsprechend ihrer neuen Eigenschaften in Gruppen eingeteilt. Man unterscheidet GVP der ersten, der zweiten und der dritten Generation. GVP der ersten Generation besitzen vor allem neue agronomische Eigenschaften. Zu dieser Gruppe gehören z. B. GVP mit Herbizidtoleranz, Insekten-, Virus- oder Pilzresistenz und GVP mit Kälte- oder Hitzetoleranz. Die überwiegende Anzahl der derzeit verwendeten GVP gehören zu dieser Gruppe.

Werden GVP in ihren nutritiven Eigenschaften oder der metabolischen Zusammensetzung verändert, so spricht man von GVP der zweiten Generation. Allerdings sind die meisten GVP der zweiten Generation noch in der Entwicklung, z. B. „Golden Rice“. Besonders in China werden neue GV-Mais-Events entwickelt, die einen veränderten Lysingehalt bzw. einen veränderten Phytasegehalt besitzen. Auch die großen Pflanzenbiotechnologie-Unternehmen wie Monsanto, Syngenta oder BASF entwickeln Events mit höherem Ölsäure- und Phytasegehalt bzw. veränderter Protein- oder Aminosäurezusammensetzung. In den USA wurde 2010 eine Anbauzulassung für die Sojabohne 305423 mit veränderter Fettsäurezusammensetzung erteilt.

Eine neue Richtung in der Entwicklung von GVP stellen die GVP der dritten Generation dar, die industriell wichtige Substanzen wie Enzyme, oder aber in der Medizin

benötigte Moleküle wie Antikörper oder Antigene produzieren sollen. Auch diese GVP sind noch in der Entwicklung.

Der aktuelle Trend geht zudem zu einer Kombination von verschiedenen neuen Merkmalen in einer Pflanze. Dieses „Aufeinanderstapeln“ wird als „stacking“ (engl. *stacking* = stapeln) bezeichnet. So wurden z. B. eine Insektenresistenz und eine Herbizidtoleranz gleichzeitig in eine Pflanze eingebracht. In den USA ist 2010 ein GV-Mais unter dem Namen „Smartstax™“ auf den Markt gekommen, der ab 2014 auch großflächig in den USA angebaut werden soll. Dieser Mais beinhaltet sechs eingebrachte Insektenresistenzen und zwei Herbizidtoleranzen. In Zukunft wird es wohl auch mehr GVP geben, die Eigenschaften von GVP der 1. und der 2. Generation in einer Pflanze kombinieren. Die zunehmende Bedeutung der sogenannten „Stacked events“ wird auch durch Statistiken aus den USA deutlich, die seit 2000 eine Zunahme des Anbaus von „Stacked events“ belegen (Abb. 4). Diese treten vor allem bei der Baumwolle und beim Mais auf. Bei der GV-Sojabohne sind weiterhin lediglich herbizidtolerante Pflanzen in den USA kommerziell erhältlich.

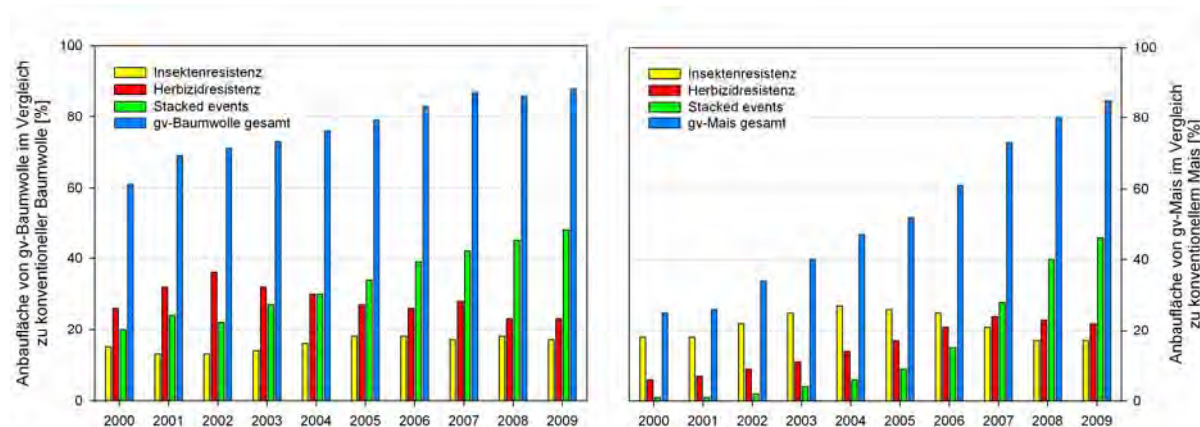


Abbildung 4: Anbaufläche von GV-Baumwolle und GV-Mais im Verhältnis zur Anbaufläche von konventionellen Sorten in den USA (Patrick Gürtler, nach Daten der NASS [22])

3.6 Eingebrachte Genelemente

Zur Identifizierung von nicht zugelassenen GVP ist es notwendig, die transformierte Pflanze mit den entsprechenden rekombinanten Genelementen zu kennen. Hierbei ist eine Recherche in weltweiten Patentdatenbanken wie dem Europäischen Patentamt [23], dem Deutschen Patent- und Markenamt [24], der Datenbank DEPATISnet [25], der World Intellectual Property Organization (WIPO) [26], des State Intellectual

Property Office of the Peoples Republic of China (SIPO) [27] oder des United States Patent and Trademark Office (USPTO) [28] sehr hilfreich. Hier findet man häufig ganze Sequenzabschnitte des transgenen DNA-Abschnitts und oft auch die wichtigen „Borderregionen“, die für einen Event-spezifischen Nachweis essentiell sind. Als „Borderregion“ bezeichnet man den Übergang von der genomischen DNA der GVP zum integrierten Fremdgen. Bei einer GVP mit einem Fremdgen erhält man folglich zwei „Borderregionen“. So finden sich z. B. die gesamte Sequenz des eingebrachten Transgens, die „Borderregionen“ und Primersequenzen für die Detektion des Events DP-098140-6 im Patent WO/2008/112019 [26]. Im Rahmen dieses Projektes wurden daher auch Recherchen über neu eingebrachte Eigenschaften und die kodierenden Genelemente durchgeführt und die Informationen in die Datenbank des Bayerischen Landesamts für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) übertragen.

Im Jahr 2009 wurden auf 83,6 Millionen Hektar weltweit herbizidresistente Pflanzen angebaut (Soja, Mais, Raps, Baumwolle und Luzerne) [7]. Dies entspricht etwa 62 % der globalen Anbaufläche von GVP. Derzeit besitzen etwa 141 GVP, die in der Datenbank aufgeführt sind, eine vermittelte Herbizidtoleranz. Das entspricht etwas mehr als der Hälfte aller GVP in der Datenbank. Diese Pflanzen sind vor einem oder mehreren der geläufigsten Herbizide resistent: Glyphosat (*CP4-epsps*-, *ZM-epsps*-, *gat4601*-, *gat4621*-, *goxv247*-Gen), Glufosinat (*bar*-, *pat*-Gen), Sulfonylhurea-Herbizide (*als*-, *gm-hra*-, *zm-hra*-, *NtsurB*-Gen), Aryloxyalkanoat-Toleranz (*aad-1*-, *aad-12*-Gen), Bromoxynil- (Oxynil-) Herbizide (*bxn*-Gen) und Imidazolinon-Herbizide (*csr1-2*-Gen).

Neben der Herbizidtoleranz sind vor allem Insekten- und Virusresistenz die am häufigsten neu eingebrachten Merkmale, hier vor allem die Bt-Toxine. Bt leitet sich vom Bakterium *Bacillus thuringiensis* ab. Dieses Bakterium ist in der Lage Proteine zu bilden, die anfangs als inaktive Proteinkristalle (crystal protein = Cry-Protein) vorliegen. Diese Proteine wirken nach Aktivierung im Darm gegen bestimmte Insektenarten. Derzeit sind über 50 verschiedene Cry-Proteine bekannt, die auf spezifische Zielorganismen wirken. Eine Insektenresistenz, die durch die Gene *cry1Ab*, *cry1Ab truncated*, *flcry1Ab*, *cry1Ac*, *cry1A.105*, *cry1F*, *cry1Fa2*, *mocry1F*, *cry2*, *cry2Ab*, *cry2Ab2*, *cry3A*, *mocry3A*, *cry34Ab1*, *cry35Ab1*, *cry3Bb1*, *cry9C*, *vip3A(a)*, *vip3A20*, *pinII* oder *α -Amyl-I* hervorgerufen wird, findet sich bei 87 GVP. Eine Klassifizierung der *cry*-

Gene erfolgte anhand der Nukleotidsequenz der Gene. Abhängig davon wurden die Gene in vier Gruppen unterteilt, die jeweils Gemeinsamkeiten in Struktur und Wirkungsspektrum aufwiesen:

- *cry1*: Lepidopteren-spezifisch
- *cry2*: Lepidopteren- und Dipteren-spezifisch
- *cry3*: Coleopteren-spezifisch
- *cry4*: Dipteren-spezifisch

Derzeit besitzen 16 GVP eine Virusresistenz gegen Blattrollvirus (PLRV), Kartoffel-Virus Y (PVY), Gurkenmosaikvirus (CMV), Zucchinielbmosaik-Virus (ZYMV), Wassermelonenmosaik-Virus (WMV-2), Papaya Ringspot Virus (PRSV) oder Scharka-Virus (PPV).

Neben den eigentlichen merkmalsbestimmenden Genen wurden auch andere Genelemente in GVP eingebracht. Diese regulieren das Ablesen der Gene (Promotoren), beenden das Ablesen (Terminatoren) oder vermitteln Eigenschaften zur Selektion dieser Pflanzen (Selektionsmarker). Derzeit sind 59 verschiedene Promotorelemente von GVP in der Datenbank aufgeführt. 31 Terminatoren, zwölf Transitpeptidelemente, drei Sterilitätsgene, fünf Selektionsmarker, drei Pilzresistenzen und fünf Antibiotikaresistenzgene wurden in Pflanzen eingebracht (*Tab. 8*). Eine Übersicht über die Häufigkeit der verschiedenen eingebrachten Genelemente findet sich in *Abb. 5*.

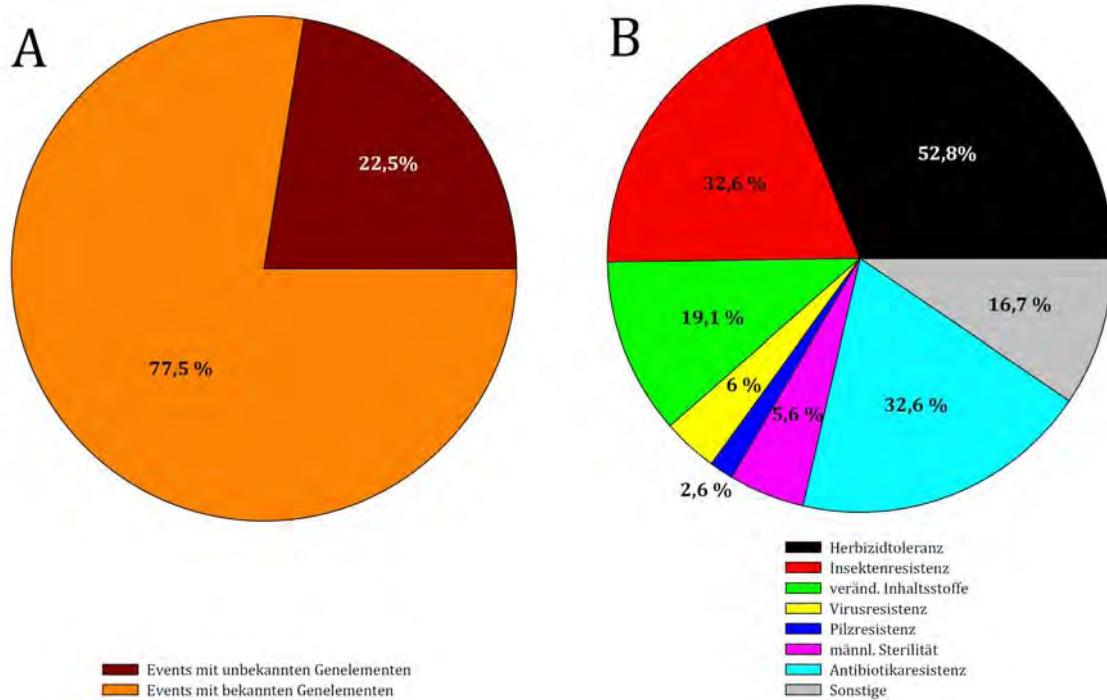


Abbildung 5: A) Verhandensein von Informationen über die eingebrachten Genelemente der verschiedenen Events in der GVO-Datenbank des LGL; B) Häufigkeitsverteilung der neu eingebrachten Eigenschaften der einzelnen Events in der GVO-Datenbank des LGL

3.7 Nachweis- und Screeningmethoden, Referenzmaterial

Sind die neu eingebrachten rekombinanten Genelemente bekannt, so können Nachweis- und Screeningmethoden entwickelt werden. Dabei kann auf Protein-basierte bzw. DNA-basierte Methoden zurückgegriffen werden.

Bei den Protein-basierten Methoden ist vor allem der enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) zu nennen, der immer noch die gängigste Methode der Proteinanalytik darstellt [29-31].

Die gebräuchlichste Methode zur Detektion von GVP ist jedoch die Polymerasekettenreaktion (PCR). Sie ist flexibel und kann leicht an verschiedene zu untersuchende Events angepasst werden [32, 33].

Die konventionelle PCR wurde in der GVO-Analytik weitgehend durch die quantitative real-time PCR (qPCR) ersetzt. Die Detektion erfolgt über fluoreszierende Farbstoffe. Die Stärke der Fluoreszenz ist dabei proportional zu der vorliegenden DNA-Menge. Diese Abhängigkeit ermöglicht die Quantifizierung der DNA-Menge anhand

der Fluoreszenzstärke. Die Spezifität dieser Detektionsmethode kann durch die Zugabe einer sequenzspezifischen Hybridisierungssonde noch erhöht werden. Eine derartige Sonde kann z. B. am 3'-Ende mit einem Quencherfarbstoff und am 5'-Ende mit einem fluoreszierenden Reporterfarbstoff markiert sein. Wenn die intakte Sonde durch Licht einer für den Farbstoff spezifischen Wellenlänge angeregt wird, so wird die Fluoreszenz-Emission des Reporterfarbstoffs durch die räumliche Nähe zu dem Quencherfarbstoff unterdrückt. Während der PCR wird die gebundene DNA-Sonde durch die 5'-3'-Exonuklease-Aktivität der Polymerase zerschnitten. Durch diese Sondenhydrolyse wird die räumliche Nähe zwischen Reporter und Quencher unterbrochen, und der Reporterfarbstoff kann das Fluoreszenzlicht emittieren (siehe *Abb. 6*). Der Nachweis von verschiedenen Events kann auch durch die Kombination mehrerer Polymerasekettenreaktionen in einer Multiplex-qPCR kombiniert werden. Dadurch können verschiedene Zielsequenzen in einem Schritt analysiert werden [34-36].

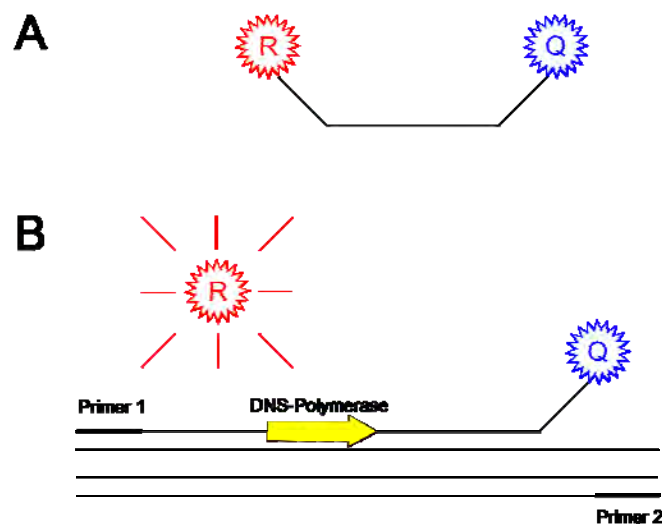


Abbildung 6: A) Hybridisierungssonde, die mit einem Reporter und einem Quencher markiert ist. Durch die räumliche Nähe wird die Fluoreszenz-Emission des Reporters durch den Quencher unterdrückt. B) Im Verlauf der PCR wird die Hybridisierungssonde durch die DNA-Polymerase zerschnitten und die räumliche Nähe zwischen Reporter und Quencher aufgehoben. Dadurch kann der Reporter nach Anregung fluoreszieren. Anhand dieser Fluoreszenz kann nun der Zuwachs an PCR-Produkten bestimmt werden.

Auf der Methode der PCR beruht auch die Multiplex ligationsabhängige Sondenamplifikation (MLPA). Bei der MLPA binden zwei Sonden in direkter Nachbarschaft an die Zielsequenz der GVP. Durch das Enzym Ligase werden diese beiden Sonden verknüpft und dann mittels PCR vervielfältigt. Anhand unterschiedlicher Fragmentgrößen können dann verschiedene GVP in einer Reaktion nachgewiesen werden.

Die MLPA basiert folglich auf der Analyse von Amplifikationssignalen in Abhängigkeit ihrer erfolgreichen Ligation. Durch diesen kritischen Schritt der Ligation zweier auf einem DNA-Abschnitt benachbarter Sonden wird die Analyse spezifisch. Selbst Punktmutationen führen schon zu einer gestörten Ligation und damit zu einem veränderten Amplifikationssignal. Ansätze zur Anwendung in der GV-Pflanzenanalytik sind gemacht [37]. Eine weitere Methode zur Detektion spezifischer DNA- oder RNA-Abschnitte ist die Microarray-Technik [38-40].

Vermeht wird an Kombinationen von quantitativen Methoden geforscht, um einen hohen Probendurchsatz bei gleichzeitig steigender Anzahl an neuen gv-Pflanzen bewältigen zu können. MLPA und Microarrays oder Multiplex-qPCR und Microarray können in sogenannten real-time PCR Arrays kombiniert werden [41-46].

Für viele Events gibt es bereits validierte Nachweismethoden, jedoch konnte für 27,5 % der in der Datenbank aufgeführten Events keine validierte Nachweismethode recherchiert werden (*Abb. 7*). Einige Methodensammlungen werden durch das Community Reference Laboratory (CRL), BATS – Zentrum für Biosicherheit und Nachhaltigkeit (Schweiz), GMO detection methods database (GMDD) und die Gesellschaft Deutscher Chemiker e. V. bereitgestellt.

Im BATS-Report werden neben den kommerziell gehandelten GVP auch diejenigen GVP aufgeführt, bei denen ein Anbau nicht bekannt ist, wie z. B. beim GV-Blumenkohl oder dem GV-Brokkoli. Insgesamt sind 109 Events angegeben, wobei auch durch Mutationszüchtung hergestellte Pflanzen aufgeführt sind. Das CRL stellt validierte Nachweisverfahren für GVP zur Verfügung, die in der EU zugelassen sind bzw. die eine Zulassung in der EU beantragt haben. Eine umfangreiche Datenbank ist die GMDD, die sowohl qualitative, als auch quantitative Detektionsmethoden sammelt und zur Verfügung stellt. Neben den Detektionsmethoden sind auch Informationen über die eingebrachten Genelemente und deren Anordnung im Genom häufig vorhanden. Vereinzelt werden auch Sequenzen veröffentlicht. Es stellt sich jedoch die Frage, in wie weit die dort angegebenen Methoden entsprechend validiert wurden.

Ein wichtiger Punkt bei der Detektion von GVP ist auch das Vorhandensein von Referenzmaterial. Nur mit dem entsprechenden zertifizierten Referenzmaterial können GVP auch eindeutig identifiziert werden. Referenzmaterialien können auf Internetsei-

ten des Bundesamts für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL; [47]), der American Oil Chemists' Society (AOCS; [48]) oder des Institute for Reference Materials and Measurements der Europäischen Kommission (IRMM; [49]) direkt bestellt werden. Teilweise wird auf andere Adressen verwiesen, wo Referenzmaterialien bestellt werden können. Jedoch ist für 71,4 % der in der Datenbank befindlichen GVP kein Referenzmaterial vorhanden. In *Tab. 6* (Anhang) und *Abb. 7* ist die Verfügbarkeit von Referenzmaterialien für die jeweiligen GVP angegeben.

Eine Lösungsstrategie für das Fehlen von Referenzmaterial wurde von Moreano *et al.* beschrieben, die synthetisch hergestellte DNA-Standards als Referenzmaterial verwendeten [50].

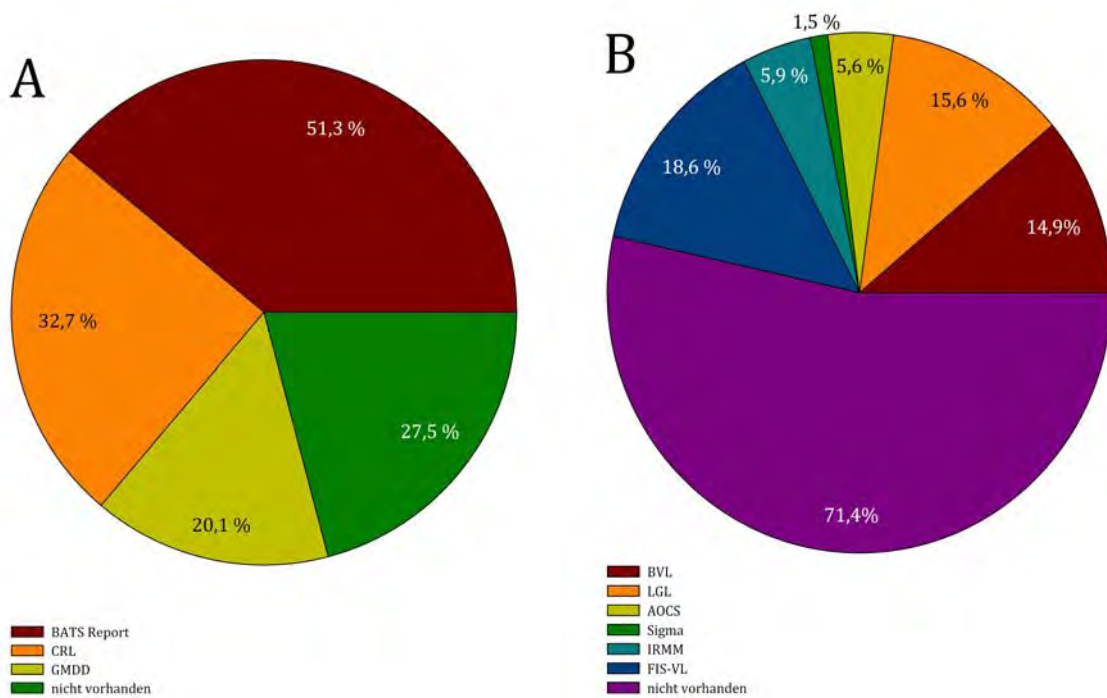


Abbildung 7: A) Verfügbarkeit von quantitativen Nachweissystemen für die in der Datenbank aufgeführten GVP; B) Verfügbarkeit von Referenzmaterial für die in der Datenbank aufgeführten GVP

Sind Informationen über die Genelemente der GVP und das entsprechende Referenzmaterial vorhanden, so können Screening-Methoden entwickelt werden, um eine gentechnische Veränderung detektieren zu können. Anhand der recherchierten gentechnischen Veränderungen der einzelnen GVP wurden Genelemente ermittelt, die sich für ein Screening eignen würden (*Tab. 6* (Anhang)). Mögliche Kombinationen von Screeningelementen wären *bar/pat/CP4 epsps/ZM epsps*, *CaMV 35S-*

Promotor/nos-Terminator oder *ubq1-Promotor/cry1Ab*. Die theoretischen Erfolge eines derartigen Screenings sind in *Tab. 2* aufgeführt.

Tabelle 2: zu erwartende Ergebnisse verschiedener Screening-Möglichkeiten

Screening-Möglichkeit	Anzahl der Events mit positivem Ergebnis	in %
<i>bar/pat/CP4 epsps/m-epsps</i>	104	37,7
<i>CaMV 35S-Promotor/nos-Terminator</i>	175	65,5
<i>ubq1-Promotor/cry1Ab</i>	46	17,2

Für ein erstes Screening ist vor allem der Nachweis von *CaMV 35S-Promotor/nos-Terminator* geeignet. Bei einem derartigen Screening würde eine gentechnische Veränderung bei 175 Events nachgewiesen werden können.

Durch ein Screening mit *bar/pat/CP4 epsps/m-epsps* würden 104 Events erfasst werden. 119 gv-Pflanzenlinien mit bekannten Genelementen besitzen keines dieser Screeningelemente. Bei 44 Events ist nicht bekannt, ob sie eines der Screeningelemente besitzen.

Fast ausschließlich Mais-Events würden durch ein Screening mit *ubq1-Promotor/cry1Ab* detektiert werden. Insgesamt ergäbe ein Screening mit diesen Elementen bei 46 Events ein positives Ergebnis. Bei 22,5 % der Events sind Promotor- und/oder Terminatorelement nicht bekannt.

Durch das Screening mit *CaMV 35S-Promotor/nos-Terminator* werden nur 18 Events aus der Datenbank mit bekanntem Promotor und Terminator nicht erfasst: Baumwolle (GHB614, 3006-210-23, 281-24-236, 3006-210-23x281-24-236, 19-51A), Sojabohne (305423, 356043, MON89788, MON87769, CV-127), Mais (LY038, 98140), Raps (GT73, GT200, ZSR500/502, ZSR503), Luzerne (J101, J163), Zuckerrübe (H7-1) und Reis (CL121, CL141, CFX51).

Für die Baumwolle 3006-210-23 x 281-24-236 und die Sojabohnen 305423 und 356043 wurden Zulassungsanträge gestellt. Raps GT73 und Zuckerrübe H7-1 sind bereits in der EU zugelassen, so dass für diese GVP von Seiten des CRL bereits Nachweissysteme bereitgestellt wurden. Die restlichen in *Abb. 8* aufgeführten GVP besitzen weniger geläufige Genelemente, für die erst noch event- und konstruktsspezifische Nachweise etabliert werden müssen.

Eine Herausforderung stellt der Nachweis einer gentechnischen Veränderung bei GVP dar, in die ein endogenes Genelement transformiert wurde (cisgene Pflanzen). Diese GVP werden durch die gängigen Screeningmethoden nicht detektiert. Ein Beispiel hierfür ist die Sojabohne 305423. Der Nachweis ist kompliziert oder gar unmöglich. Bei einigen dieser GVP wäre aber ein konstrukt-spezifischer Nachweis möglich, z. B. durch Nachweis des Übergangs von SAMS-Promotor zum *gm-hra*-Gen bei der Sojabohne 305423. Bei GVP mit unbekanntem Genelementen ist es zwar durchaus möglich, dass diese bei einem gängigen Screening detektiert würden, wenn sie ein oft verwendetes Genelement besitzen. Wenn dies nicht der Fall ist, stellt sich die Situation auch hier sehr schwierig dar. Ein Nachweis ist dann häufig nicht möglich. Hier sind Sequenzinformationen dringend erforderlich.

3.8 Entwicklung eines Nachweissystems für Kefeng 6

In China wurden nationale Forschungsprogramme gestartet, um insektenresistenten Reis zu entwickeln. Seitdem wurden diverse gentechnisch veränderte Reislinien entwickelt, z. B. der KeFeng 6-Reis. Diese Reislinie wird seit 2004 in China getestet und enthält das *cry1Ac*-Gen, das unter der Kontrolle eines *Ubiquitin*-Promotors und des *nos*-Terminators steht. Zusätzlich wurde das *CpTI*-Gen (CpTI = Cowpea Trypsin Inhibitor) mit einem *Actin*-Promotor und einem *nos*-Terminator eingebracht [51]. Diese beiden Gene vermitteln dem Reis eine breite Resistenz gegen diverse Schadinsekten.

Durch den vermehrten Anbau von KeFeng 6 in Freilandversuchen kann es zu unbeabsichtigten Kontaminationen bei Reisexporten kommen, die auch in die EU ausgeführt werden. Die Möglichkeit einer derartigen Kontamination wurde nach mehreren Untersuchungen von Lebensmitteln aus China im Jahr 2010 deutlich. In verschiedenen Lebensmitteln konnte DNA aus gentechnisch verändertem Reis identifiziert werden. Ob es sich dabei um KeFeng 6 handelt, konnte allerdings aufgrund eines fehlenden Event-spezifischen Nachweises nicht eindeutig geklärt werden. Um weitere mögliche Kontaminationen im Rahmen der amtlichen Lebensmittel- und Saatgutkontrolle detektieren und KeFeng 6 eindeutig identifizieren zu können, sind sensitive Nachweissysteme notwendig. Aus diesem Grund wurde im Verlauf dieses Projektes ein Event-spezifischer Nachweis für KeFeng 6 entwickelt (siehe Anlage 1).

4 Ausblick

Durch den weltweit steigenden Anbau von gentechnisch veränderten Pflanzen ist es für die amtliche Lebensmittelüberwachung und die Überwachung des Inverkehrbringens von GVO unerlässlich, geeignete Nachweissysteme zu entwickeln und zu validieren. Besonders in den asiatischen und südamerikanischen Ländern wird die Entwicklung neuer transgener Pflanzen von privater, wie auch von öffentlicher Seite vorangetrieben. Es ist daher notwendig, auch weiterhin Informationen über diese neuen, noch nicht in der EU zugelassenen Pflanzen zu erfassen und neue sensitive und spezifische Nachweissysteme zu entwickeln. Ziel muss es sein, weiterhin neue Nachweismethoden und -techniken zu entwickeln und zu etablieren, um die Leistungsfähigkeit der GVO-Analytik zu erhalten. Nur so ist es möglich, mit der rasanten Entwicklung Schritt zu halten und nicht zugelassene GVP in der EU aufzuspüren.

Die in dieser Studie erstellte Datenbank gibt einen umfassenden Überblick über in der EU nicht zugelassene GVP und stellt Informationen über deren weltweite Verbreitung und molekulare Charakteristiken bereit.

5 Zusammenfassung

Gentechnisch veränderte Pflanzen (GVP) haben in den letzten 15 Jahren weltweit Bedeutung in der Landwirtschaft und der Ernährung erlangt. Mit zunehmender Anzahl von GVP, die weltweit angebaut werden, steigt auch die Wahrscheinlichkeit, dass in der EU nicht zugelassene GVP auf dem Markt erscheinen. Die EU importierte 2009 insgesamt etwa 12,7 Millionen Tonnen Sojabohnen [21]. Von den 63 Millionen Tonnen Sojabohnen, die Brasilien produzierte, sind etwa 24,6 Millionen Tonnen konventionelle Sojabohnen. Verunreinigungen mit GV-Sojabohnen können nicht ausgeschlossen werden. Warenströme müssen daher streng getrennt und die Wirksamkeit der Maßnahmen durch Laboruntersuchungen überprüft werden.

Um Verunreinigungen nachweisen zu können, sind molekulargenetische Informationen über diese GVP erforderlich. Zu diesem Zweck wurde im Rahmen dieses Projekts eine Datenbank erstellt, die weltweit angebaute und kommerziell gehandelte GVP erfasst. Informationen über neu eingebrachte Merkmale, Zulassungsstatus in der EU, Anbaustatus weltweit, Genabschnitte (Promotor- und Terminatorelemente, Signalpeptidelemente), Hersteller und Identifikationscode (Unique Identifier) wur-

den ermittelt und 33 Pflanzenarten mit insgesamt 267 GV-Pflanzenlinien in die Datenbank aufgenommen.

Der Anbau konzentriert sich weltweit auf Länder in Nord- und Südamerika aber auch auf Länder im südostasiatischen Raum. Dabei sind Sojabohne, Mais, Raps und Baumwolle weiterhin die vorherrschenden GV-Pflanzen. 157 der erfassten GV-Events werden weltweit angebaut. In Europa sind nur der Bt-Mais MON810 und die Amflora-Kartoffel (BPS-25271-9) für den Anbau zugelassen. In einigen EU-Mitgliedsstaaten einschließlich Deutschlands wurde der Anbau von MON810 auf nationaler Ebene untersagt. 39 GV-Events besitzen in der EU derzeit eine Zulassung als Lebens- und/oder Futtermittel. Immer wieder tauchen auch nicht zugelassene GVP auf dem Markt auf. Um diese detektiert zu können, sind detaillierte Informationen über die neu eingebrachten gentechnischen Elemente notwendig. Von den in der Datenbank erfassten GVP besitzen 141 GV-Events eine Herbizidtoleranz, 87 GV-Events eine Insektenresistenz und 16 GV-Events eine Virusresistenz. Zunehmend werden GVP mit sogenannten „Stacked events“ entwickelt, die mehrere neue Eigenschaften besitzen.

Die geringe Verfügbarkeit von Referenzmaterial erschwert die Nachweisbarkeit und Identifizierung einzelner GVP. Für fast 72 % der erfassten GVP ist kein Referenzmaterial verfügbar. Der Nachweis einer gentechnischen Veränderung erfolgt über die Analyse der DNA mittels Polymerasekettenreaktion (PCR). Anhand der recherchierten Informationen wurden Kombinationen von Nachweissystemen untersucht, mit denen eine möglichst hohe Zahl an GVP detektiert werden kann. Mit dem derzeit wirkungsvollsten *CaMV 35S/T-nos*-Screening-System, das routinemäßig für Screeninguntersuchungen eingesetzt wird, lassen sich 65,5 % der GV-Events nachweisen, 37,7 % mit den Elementen *bar/pat/CP4 epsps/m-epsps*. Bei 17,2 % der GV-Events erhalte man ein positives Untersuchungsergebnis bei einem Screening mit den Elementen *ubq1/cry1Ab*.

Um ein GV-Event eindeutig zu identifizieren ist ein Event-spezifischer Nachweis nötig. Häufig sind jedoch nur Konstrukt-spezifische Nachweismethoden für einzelne Genabschnitte vorhanden. Dies ist insbesondere bei vielen GV-Reislinien aus China der Fall. Im Jahr 2010 wurden Kontaminationen von Lebensmitteln mit GV-Reis nachgewiesen. Aufgrund der konstrukt-spezifischen Befunde wurde davon ausge-

gangen, dass es sich dabei um Kefeng 6 handelt. Durch die Entwicklung eines Event-spezifischen Nachweises wurde die Verunreinigung eindeutig identifiziert.

6 Veröffentlichungen und Präsentationen

Busch, U., Block, A., Meissner, E.; 2010. *Nutzpflanzen nach Maß – Gentechnisch veränderte Lebensmittel*. Chemie unserer Zeit, 44, 108-117

Meissner, E., Busch, U.; 2009. *Unauthorised genetically engeneered plants in Europe – strategies for detection*. Posterpräsentation auf der ABIC (Agricultural Biotechnology International Conference) in Bangkok. 22.-25.09.2009

Guertler, P., Meissner, E., Busch, U.; 2010. *Detection strategies for non-authorized GMO products on the European market*. Posterpräsentation beim Workshop „Post Market Environmental Monitoring of Genetically Modified Plants: Challenges for PMEM - multiple/stacked events and long term effects“ in Quedlinburg. 03.-04.05.2010

Guertler, P., Meissner, E., Busch, U.; 2010. *Nicht zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen – Strategien zum Nachweis von gentechnisch veränderten Pflanzen*. GIT Labor-Fachzeitschrift, 5/2010

Guertler, P., Busch, U.; 2010. *Gentechnisch veränderte Pflanzen (GVP) – Status, Datenbank und Nachweisstrategien*. Posterpräsentation bei den DLG-Feldtagen in Springe-Mittelrode. 15.-17.06.2010

Guertler, P., Meissner, E., Busch, U.; 2010. *Global cultivation of genetically modified plants and detection strategies for non-authorized GMO in the European Union*. Posterpräsentation auf dem ISBGMO-Symposium (International Symposium on the Biosafety of Genetically Modified Organisms) in Buenos Aires. 15.-21.11.2010

Guertler, P. Huber, I. Pecoraro, S. Busch, U.; 2011. Development of an event-specific detection method for genetically modified rice Kefeng 6 by quantitative real-time PCR. Journal für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (im Druck)

7 Literatur

1. Busch U, Pecoraro S, Posthoff K, Estendorfer-Rinner S. Erster Nachweis einer gentechnisch veränderten Papaya in Europa - Beanstandung eines in der EU nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismus. *Deut. Lebensm.-Rundsch.* 2004,**100**:377-380.
2. Babekova R, Funk T, Pecoraro S, Engel K-H, Busch U. Development of an event-specific Real-time PCR detection method for the transgenic Bt rice line KMD1. *Eur. Food Res. Technol.* 2009,**228**:707-716.
3. BCH. <http://bch.cbd.int>.
4. CERA. GM Crop Database. In. Washington D.C.: Center for Environmental Risk Assessment (CERA), ILSI Research Foundation; 2010.
5. OECD. <http://www2.oecd.org/biotech/byIdentifier.aspx>.
6. Transgen. <http://www.transgen.de>.
7. James C. Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2009. *ISAAA Brief 2009, No. 41*:ISAAA: Ithaca, NY.
8. USDA. http://usbiotechreg.nbio.gov/database_pub.asp.
9. CFIA. http://active.inspection.gc.ca/scripts/database/pntvcn_tabdb.asp?lang=e&crops=all&company=all&trait=all&events=all.
10. BCHC. <http://database.biosafety.gov.cn/authoritye.do?method=list>.
11. IGMORIS. <http://igmoris.nic.in/multiLocReTrail.asp>.
12. BVL. <http://apps2.bvl.bund.de/cgi/lasso/snif/Action.Lasso>.
13. ISB. <http://www.isb.vt.edu/>.
14. CFIA. http://www.inspection.gc.ca/english/plaveg/bio/st/st_09e.shtml.
15. BMELV. Pressemitteilung 063 14.04.09 11:20. 2009.
16. EC. Directive 2009/41/EC of the European Parliament and of the Council of 6 May 2009 on the contained use of genetically modified micro-organisms *Official Journal of the European Union* 2009,**L 125/75**.
17. EC. Directive 2001/18/EC of the European Parliament and of the Council on the deliberate release into the environment of genetically modified organisms and repealing Council Directive 90/220/EEC. *Official Journal of the European Union* 2001,**L 106/1**.

18. EC. Regulation (EC) No 1829/2003 of the European Parliament and of the Council of 22 September 2003 on genetically modified food and feed. *Official Journal of the European Union* 2003, **L 268/1**.
19. EC. Regulation (EC) No 1946/2003 of the European Parliament and of the Council of 15 July 2003 on transboundary movements of genetically modified organisms. *Official Journal of the European Union* 2003, **L 287/1**.
20. Community register of genetically modified food and feed.
http://ec.europa.eu/food/dyna/gm_register/index_en.cfm.
21. Toepfer-International. Statistische Informationen zum Getreide- und Futtermittelmarkt. 2009.
22. NASS. Acreage Report. *U.S. Department of Agriculture* 2009.
23. EP. http://ep.espacenet.com/?locale=de_EP.
24. DPMA. <http://www.dpma.de/amt/index.html>.
25. DEPATISnet. <http://depatisnet.dpma.de/DepatisNet/depatisnet?window=1&space=unknown&content=index&action=index>.
26. WIPO. <http://www.wipo.int/portal/index.html.en>.
27. SIPO. http://www.sipo.gov.cn/sipo_English/index.html.
28. USPTO. <http://www.uspto.gov>.
29. Guertler P, Paul V, Albrecht C, Meyer HH. Sensitive and highly specific quantitative real-time PCR and ELISA for recording a potential transfer of novel DNA and Cry1Ab protein from feed into bovine milk. *Anal Bioanal Chem* 2009, **393**:1629-1638.
30. Liu G, Su W, Xu Q, Long M, Zhou J, Song S. Liquid-phase hybridization based PCR-ELISA for detection of genetically modified organisms in food. *Food Control* 2004, **15**:303-306.
31. Paul V, Steinke K, Meyer HH. Development and validation of a sensitive enzyme immunoassay for surveillance of Cry1Ab toxin in bovine blood plasma of cows fed Bt-maize (MON810). *Anal Chim Acta* 2008, **607**:106-113.
32. Chaouachi M, El Malki R, Berard A, Romaniuk M, Laval V, Brunel D, *et al.* Development of a real-time PCR method for the differential detection and quantification of four solanaceae in GMO analysis: potato (*Solanum tuberosum*), tomato (*Solanum lycopersicum*), eggplant (*Solanum melongena*), and pepper (*Capsicum annuum*). *J Agric Food Chem* 2008, **56**:1818-1828.

33. Yang L, Guo J, Zhang H, Liu J, Zhang D. Qualitative and quantitative event-specific PCR detection methods for oxy-235 canola based on the 3' integration flanking sequence. *J Agric Food Chem* 2008,**56**:1804-1809.
34. Germini A, Zanetti A, Salati C, Rossi S, Forre C, Schmid S, *et al.* Development of a seven-target multiplex PCR for the simultaneous detection of transgenic soybean and maize in feeds and foods. *J Agric Food Chem* 2004,**52**:3275-3280.
35. Hernandez M, Rodriguez-Lazaro D, Zhang D, Esteve T, Pla M, Prat S. Interlaboratory transfer of a PCR multiplex method for simultaneous detection of four genetically modified maize lines: Bt11, MON810, T25, and GA21. *J Agric Food Chem* 2005,**53**:3333-3337.
36. Matsuoka T, Kuribara H, Akiyama H, Miura H, Goda Y, Kusakabe Y, *et al.* A multiplex PCR method of detecting recombinant DNAs from five lines of genetically modified maize. *Shokuhin Eiseigaku Zasshi* 2001,**42**:24-32.
37. Ehlert A, Moreano F, Busch U, Engel K-H. Development of a modular system for detection of genetically modified organisms in food based on ligation-dependent probe amplification. *European Food Research and Technology* 2008,**227**:805-812.
38. Germini A, Rossi S, Zanetti A, Corradini R, Fogher C, Marchelli R. Development of a peptide nucleic acid array platform for the detection of genetically modified organisms in food. *J Agric Food Chem* 2005,**53**:3958-3962.
39. Leimanis S, Hernandez M, Fernandez S, Boyer F, Burns M, Bruderer S, *et al.* A microarray-based detection system for genetically modified (GM) food ingredients. *Plant Mol Biol* 2006,**61**:123-139.
40. Tengs T, Kristoffersen AB, Berdal KG, Thorstensen T, Butenko MA, Nesvold H, *et al.* Microarray-based method for detection of unknown genetic modifications. *BMC Biotechnol* 2007,**7**:91.
41. Bordoni R, Germini A, Mezzelani A, Marchelli R, De Bellis G. A microarray platform for parallel detection of five transgenic events in foods: a combined polymerase chain reaction-ligation detection reaction-universal array method. *J Agric Food Chem* 2005,**53**:912-918.
42. Mano J, Shigemitsu N, Futo S, Akiyama H, Teshima R, Hino A, *et al.* Real-time PCR array as a universal platform for the detection of genetically modified crops and its application in identifying unapproved genetically modified crops in Japan. *J Agric Food Chem* 2009,**57**:26-37.
43. Schmidt AM, Sahota R, Pope DS, Lawrence TS, Belton MP, Rott ME. Detection of genetically modified canola using multiplex PCR coupled with oligonucleotide microarray hybridization. *J Agric Food Chem* 2008,**56**:6791-6800.

44. Bahrdt C, Krech A, Wurz A, Wulff D. Validation of a newly developed hexaplex real-time PCR assay for screening for presence of GMOs in food, feed and seed. *Anal. Bioanal. Chem.* 2010,**396**:2103-2112.
45. Dörries H-H, Remus I, Grönewald A, Grönewald C, Berghof-Jäger K. Development of a qualitative, multiplex real-time PCR kit for screening of genetically modified organisms (GMOs). *Anal. Bioanal. Chem.* 2010,**396**:2043-2054.
46. von Götz F. See what you eat—broad GMO screening with microarrays. *Anal. Bioanal. Chem.* 2010,**396**:1961-1967.
47. BVL. <http://www.bvl.bund.de>
48. AOCS. <http://www.aocs.org/>
49. IRMM. <http://irmm.jrc.ec.europa.eu/html/CRLs/index.htm>.
50. Moreano F, Pecoraro S, Bunge M, Busch U. Development of synthetic DNA-standards for the quantitative screening of different genetically modified rape-seed lines via real-time PCR. *Proceedings of the Euro Food Chem XIII Conference, macromolecules and their degradation products in food - physiological, analytical and technological aspects* 2005,**1**:21-23.
51. Reiting R, Grohmann L, Mäde D. A testing cascade for the detection of genetically modified rice by real-time PCR in food and its application for detection of an unauthorized rice line similar to KeFeng6. *J. Verbrauch. Lebens.* 2010,**5**:185-188.
52. Bustin SA, Benes V, Garson JA, Hellemans J, Huggett J, Kubista M, *et al.* The MIQE guidelines: minimum information for publication of quantitative real-time PCR experiments. *Clin Chem* 2009,**55**:611-622.

8 Anhang 1

Der Nachweis von Kefeng 6 erfolgte durch die Amplifikation eines kleinen DNA-Fragments der Übergangsbereiche vom Reisgenom zur inserierten DNA (linke Borderregion = Übergang 1, rechte Borderregion = Übergang 2, Abb. 8) einfassten. Mittels PCR wurden diese Übergangsbereiche unter Verwendung von Referenzmaterial amplifiziert, sequenziert und die erhaltenen Sequenzen mit der Originalsequenz von Kefeng 6 verglichen. Die Amplicons wiesen dabei eine sehr hohe Homologie auf, so dass diese Sequenzen für die Etablierung eines Event-spezifischen Nachweises herangezogen werden konnten.

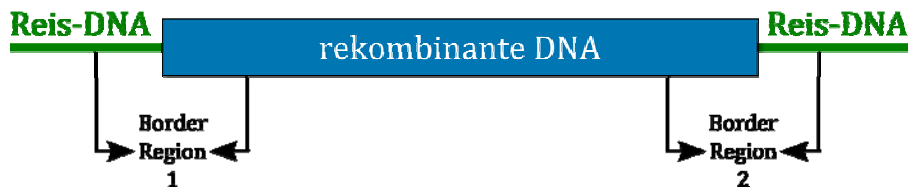


Abbildung 8: Übergänge von der Reis-DNA zur rekombinanten DNA für einen Event-spezifischen Nachweis von KeFeng 6-Reis

Für den Event-spezifischen Nachweis mittels qPCR wurden neue Primer- und Sondensequenzen ermittelt und deren optimale Annealingtemperatur mittels endpoint-PCR über einen Temperaturgradienten bestimmt. Die Amplicons wurden anschließend sequenziert.

Die qPCR wurde mit der TaqMan-Technologie (ABI 7900HT, Applied Biosystems, Carlsbad, USA) unter den folgenden Konditionen durchgeführt: initiale Denaturierung bei 95°C für 15 min., Denaturierung bei 94°C für 1 min. und Annealing bei 60°C für 1 min. Insgesamt wurden 45 Zyklen durchgeführt. Der qPCR-MasterMix-Ansatz enthielt 0,2 µM forward und reverse Primer, 0,2 µM Sonde und 12,5 µl Applied Biosystems 2x Univ MasterMix. Zu diesem Mix wurden 5 µl DNA (Referenzmaterial Kefeng 6) gegeben und mit Wasser auf 25 µl aufgefüllt.

Mit allen Primerpaaren konnten kurze Event-spezifische Fragmente amplifiziert werden, allerdings zeigte sich die beste Amplifikation mit dem Primerpaar, das den Übergang 2 umfasste (Abb. 9). Daher wurde die Validierung des Assays mit diesem Primerpaar vorgenommen. Die Validierung erfolgte nach den Vorgaben des European Network of GMO Laboratories („Definition of Minimum Performance Requirements

for Analytical Methods for GMO Testing”) und den MIQE Guidelines von Bustin et al. [52]. Es wurde eine gute Effizienz der Amplifikation und die Spezifität des Assays bestätigt.

9 Anhang 2

Tabelle 3: Gentechnisch veränderte Pflanzen: Unique identifier, Handelsname, Hersteller und Zulassungsstatus in der EU (Stand: Oktober 2010)

Unique Identifier	Event	Handelsname	Hersteller	Zulassung in der EU
Adzuki-Bohne				
	AR-9		NARC, Japan	Nein
Ackerschmalwand				
			Cobento A/S	beantragt 2008
Aubergine				
	MHB-4, 9, 10, 11, 39, 80, 99, 112	Bt brinjal	Mahyco, Monsanto	Nein
Baumwolle				
	Event 1		JK Agrigenetics	Nein
ACS-GHØØ1-3	LLcotton25	LibertyLink	Bayer Crop-Science	Ja, bis 2018
ACS-GHØØ1-3x MON-15985-7	LLcotton25x15985		Bayer Crop-Science	Nein
BCS-GHØØ2-5	GHB614	GlyToI™	Bayer Crop-Science	Nein, beantragt 2008
ACS-GHØØ1-3x BCS-GHØØ2-5	LLcotton25xGHB614		Bayer Crop Science	Nein, beantragt 2010
DAS-21Ø23-5	3006-210-23		DOW AgroScience	Nein
DAS-24236-5	281-24-236		DOW AgroScience	Nein
DAS-21Ø23-5x DAS-24236-5	3006-210-23x281-24-236	WideStrike™	DOW AgroScience	Nein, beantragt 2005
DAS-21Ø23-5xDAS- 24236-5xMON-Ø1445-2	3006-210-23x281-24-236x1445	WideStrike/Roundup Ready®	DOW AgroScience	Nein
DAS-21Ø23-5xDAS- 24236-5xMON88913	3006-210-23x281-24- 236x88913	Widestrike™ Roundup Ready Flex™ Cotton	DOW Agro- science, Pioneer Hi-Bred	Nein, beantragt 2009
MON-ØØ531-6	MON531-757-1076	Bollgard®	Monsanto	Ja, bis 2011
MON-Ø1445-2	1445	Roundup Ready	Monsanto	Ja, bis 2011
MON-15985-7	15985	Bollgard II® Cotton	Monsanto	Ja, seit 2003, Verl. beantragt
MON-15985-7x MON-Ø1445-2	15985x1445		Monsanto	Ja, seit 2003, Verl. beantragt
MON-ØØ531-6x MON-Ø1445-2	MON531x1445	Roundup Ready® Bollgard® Cotton	Monsanto	Ja, seit 1997
MON-88913-8	MON88913	Roundup Ready Flex™ Cotton	Monsanto	Nein, beantragt 2007
MON-15985-7x MON-88913-8	MON15985xMON88913	Roundup Ready Flex™ Bollgard II® Cotton	Monsanto	Nein, beantragt 2007

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	BG4740		Monsanto	Nein
	China cotton 1 (Guokang)			Nein
	China cotton 2 (Zhongmian)			Nein
	China cotton 3 (American DPL)			Nein
DD-Ø1951A-7	19-51A		DuPont	Nein
	31807, 31808		Calgene Inc.	Nein
SYN-IR67B-1	COT 67B		Syngenta Seeds	Nein
SYN-IR1Ø2-7	COT 102	VipCot Cotton	Syngenta Seeds	Nein
	GBH119xT304-40	TwinLink		Nein
	1849		Monsanto	Nein
BXN-1Ø211-9, BXN- 1Ø215-4, BXN-1Ø222-2	BXN	BXN Cotton	Calgene	Nein
	Event 24		JK Agrigenetics	Nein
	Event 9124		Metahelix	Nein
Blumenkohl				
	CF156			Nein
Broccoli				
	BR891			Nein
Creeping Bentgrass				
SMG-368ØØ-2	ASR368	Rounup Ready® Creeping Bentgrass	Scotts Seeds, Monsanto	Nein
Chrysantheme				
	pac1 C2, C14-2, C29			Nein
Eukalyptus				
	ARB-FTE1-08		ArborGen	Nein
Flachs				
CDC-FLØØ1-2	FP967	CDC Triffid Flax	University of Sas- katchewan	Nein
Gurke				
	CR29, CR32, CR33		NIAS	Nein
Kartoffel				
NMK-89167-6	BT16	Russet Burbank NewLeaf®		Nein
NMK-89175-5	BT10	Russet Burbank NewLeaf®		Nein
NMK-89185-6	RBMT21-350	Russet Burbank NewLeaf® Plus		Nein

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

NMK-89576-1	SPBT02-5	Superior NewLeaf®		Nein
NMK-89593-9	BT17	Russet Burbank NewLeaf®		Nein
NMK-89653-6	RBMT-15-101	Russet Burbank NewLeaf® Y		Nein
NMK-89675-1	BT23	Russet Burbank NewLeaf®		Nein
NMK-89684-1	RBMT21-129	Russet Burbank NewLeaf® Plus		Nein
NMK-89613-2	ATBT04-6, ATBT04-27, ATBT04-30, ATBT04-31, ATB04-36	Russet Burbank NewLeaf® Atlantic		Nein
NMK-89601-8	BT12	Russet Burbank NewLeaf®		Nein
NMK-89724-5	SPBT02-7	Superior NewLeaf®		Nein
NMK-89812-3	BT06	Russet Burbank NewLeaf®		Nein
NMK-89896-6	RBMT22-82	Russet Burbank NewLeaf® Plus		Nein
NMK-89906-7	BT18	Russet Burbank NewLeaf®		Nein
NMK-89930-4	SEMT15-15	Shepody NewLeaf® Y		Nein
NMK-89935-9	SEMT15-02	Shepody NewLeaf® Y		Nein
	tBK50-13	Apriori		Nein
	tBK50-66	Apropos		Nein
	HLMT15-46			Nein
BPS-25271-9	EH 92-527-1	Amflora		Ja, seit 2010
AV436G7-1	AV43-6-G7			Nein, beantragt 2009
Kürbis				
SEM-ØCZW3-2	CZW-3		Monsanto, As- grow, Seminis Vegetable Seeds	Nein
SEM-ØZW20-7	ZW20		Monsanto, Upjohn, Seminis Vegetable Seeds	Nein
Luzerne				
MON-ØØ1Ø1-8, MON-ØØ163-7	J101, J163		Monsanto	nein
Mais				
ACS-ZMØØ1-9	MS3	InVigor™®	Bayer Crop- Science	Nein
ACS-ZMØØ3-2	T25	Liberty Link™	Bayer Crop- Science	Ja, seit 1998, Verl. beantragt
ACS-ZMØØ4-3	CBH-351	Starlink™	Bayer Crop- Science	Nein
ACS-ZMØØ5-4	MS6	InVigor™	Bayer Crop- Science	Nein
DAS-Ø15Ø7-1	TC1507	Herculex™	Mycogen (Dow AgroScience),	Ja, bis 2016

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

			Pioneer (Dupont)	
DAS-Ø15Ø7-1x DAS-59122-7	TC1507xDAS-59122	Herculex® XTRA	DOW Agro- Sciences, Pioneer Hi-Bred	Ja, bis 2020
DAS-Ø15Ø7-1x MON-ØØ6Ø3-6	TC1507xNK603		DOW Agro- Sciences, Mon- santo	Ja, bis 2017
DAS-Ø6275-8	TC6275		DOW Agro- Sciences	Nein
DAS-4Ø278-9	DAS40278		DOW Chemical Japan	Nein
DAS-4Ø474-7	DAS40474		DOW Chemical Japan	Nein
DAS-59122-7	59122	Herculex™ Rootworm	DOW AgroScience	Ja, bis 2017
DAS-59132-8	Event 32		DOW AgriScience	Nein
DAS-59122-7xMON- ØØ6Ø3-6	59122-7xNK603		DOW Agro- Sciences, Mon- santo	Ja bis 2019
DAS-Ø15Ø7-1xDAS- 59122-7xMON-ØØ6Ø3-6	DAS-59122-7xTC1507xNK603		DOW Agro- Sciences, Mon- santo	Ja, bis 2020
DKB-89614-9	DBT418	Bt Xtra™	Dekalb Genetics	Nein
DKB-8979Ø-5	Bt16, DLL25		Dekalb Genetics	Nein
DP-Ø9814Ø-6	Event 98140	Optimum™ GAT™	Pioneer Hi-Bred	Nein, beantragt 2008
	HCEM485		Stine Seed	Nein
MON-ØØØ21-9	GA21	Roundup Ready™ 2	Syngenta Seeds	Ja, bis 2018
MON-ØØØ21-9x MON-ØØ81Ø-6	GA21xMON810	Roundup Ready™ YieldGard Maize	Montanto, Syn- genta Seeds	Nein
SYN-IR6Ø4-5x MON-ØØØ21-9	MIR604xGA21		Montanto, Syn- genta Seeds	Nein, beantragt 2007
MON-ØØ6Ø3-6	NK603	Roundup Ready™ 2	Montanto	Ja, bis 2015
MON-00603-6x ACS-ZM003-2	NK603xT25		Montanto	Nein
MON-ØØ6Ø3-6x MONØØ81Ø-6	NK603xMON810	Roudup Ready™ YieldGard™ Maize	Montanto	Ja, bis 2017
MON-ØØ81Ø-6	MON810	YieldGard™	Montanto	Ja seit 1998
MON-88Ø17-3x MON-ØØ81Ø-6	MON810xMON88017		Montanto	Ja, bis 2020
REN-ØØØ38-3x MON-ØØ81Ø-6	MON810xLY038			Nein
ACS-ZMØØ3-2x MONØØ81Ø-6	MON810xT25	Liberty Link™ Yieldgard™ Maize	Montanto	Nein
MON-ØØ863-5	MON863	YieldGard™ Root- worm Maize	Montanto	Ja, bis 2016
MON-ØØ863-5x MON-ØØ6Ø3-6	MON863xNK603	Roudup Ready™ YieldGard™ Maize	Montanto	Ja bis 2020
MON-Ø863-5x MON-ØØ81Ø-6	MON863xMON810	YieldGard™ Root- worm Maize	Montanto	Ja, bis 2020
MON-Ø863-5xMON- ØØ6Ø3-6xMON-ØØ81Ø- 6	MON863xNK603xMON810	Roudup Ready™ YieldGard™ Maize	Montanto	Ja, bis 2020

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

MON-8Ø1ØØ	MON8Ø1ØØ		Montanto	Nein
MON-88Ø17-3	MON88Ø17	YieldGard™ RW , RoundupReady™	Montanto	Ja, bis 2019
MON-89Ø34-3	MON89Ø34		Montanto	Ja, bis 2019
MON-89Ø34-3x MON-ØØ6Ø3-6	MON89Ø34xNK6Ø3		Montanto	Ja, bis 2020
MON-89Ø34-3x MON-88Ø17-3	MON89Ø34xMON88Ø17		Montanto	Nein, beantragt 2009
MON-89Ø34-3xDAS- Ø15Ø7-1xMONØØ6Ø3-6	MON89Ø34x15Ø7xNK6Ø3		DOW AgriScience, Monsanto	Nein, beantragt 2009
REN-ØØØ38-3	LYØ38			Nein
SYN-BTØ11-1	Bt11	YieldGard™	Syngenta Seeds	Ja, bis 2014
	Bt1Ø		Syngenta Seeds	Nein
SYN-BTØ11-1x MON-ØØØ21-9	Bt11xGA21		Syngenta Seeds	Ja, bis 2020
SYN-BTØ11-1x SYN-IR162-4	Bt11xMIR162		Syngenta Seeds	Nein
SYN-BTØ11-1x SYN-IR6Ø4-5	Bt11xMIR6Ø4		Syngenta Seeds	Nein, beantragt 20Ø7
SYN-BTØ11-1xSYN- IR6Ø4-5xMON-ØØØ21-9	Bt11xMIR6Ø4xGA21		Syngenta Seeds	Nein, beantragt 20Ø7
	BT11xMIR162xMIR6Ø4	Agrisure™ 31ØØ	Syngenta Seeds	Nein
SYN-BTØ11-1xSYN- IR162-4xMON-ØØØ21-9	Bt11xMIR162xGA21		Syngenta Seeds	Nein, beantragt 2009
SYN-BTØ11-1xSYN- IR162-4xSYN-IR-6Ø4-5x MON-ØØØ21-9	Bt11xMIR162xMIR6Ø4xGA21		Syngenta Seeds	Nein, beantragt 2009
SYN-E3272-5	Event 3272		Syngenta Seeds	Nein, beantragt 20Ø6
	Event 3243M		Syngenta Seeds	Nein
SYN-EV176-9	Bt 176	Maximizer™, Natur- Gard KnockOut™	Syngenta Seeds Syngenta Seeds	Nein
SYN-IR162-4	MIR162		Syngenta Seeds	Nein
SYN-IR6Ø4-5	MIR6Ø4		Syngenta Seeds	Ja, bis 2019
MON-8Ø2ØØ-7	MON8Ø2	Yieldgard®	Monsanto	Nein
PH-MON8Ø9-2	MON8Ø9		Pioneer Hi-Bred	Nein
	MON832		Monsanto	Nein
MON-8746Ø	MON8746Ø		Monsanto	Nein, beantragt 2009
PH-ØØØ676-7, PH- ØØØ678-9, PH-ØØØ68Ø- 2	676, 678, 68Ø		Pioneer Hi-Bred	Nein
MON-89Ø34-3xMON- 88Ø17-3xDAS-59122- 7xDAS-Ø15Ø7-1	MON89Ø34xTC15Ø7xMON88Ø 17xDAS-59122	Genuity™ Smart- Stax™	Monsanto	Nein, beantragt 20Ø8
Melone				
A, B (Cantapoupe)			Agritope	Nein

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	Prince Melon			Nein
Nelke				
FLO-11226-8	1226A, 11226	Moonshadow 1	Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-11351-7	1351A, 11351	Moonshadow 1	Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-11363-1	1363A (Agbios: 959A, 988A, 1226A etc.)	Moonshadow 1	Florigene Pty Ltd.	Ja, bis 2008, Neuantrag gestellt
FLO-11400-2	1400A, 11400	Moonshadow 1	Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-11959-3	959A, 11959	Moonshadow 1	Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-11988-7	988A, 11988	Moonshadow 1	Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-07442-4	11, 7442	Moondust	Florigene Pty Ltd.	Ja, seit 2007
FLO-00015-2	15		Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-00016-3	16		Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-00066-8	66	Moonshadow 2	Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-00004-9	4		Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-40685-1	123.8.8, 40685	Moonvista	Florigene Pty Ltd.	Nein
FLO-40689-6	123.8.12, 40689	Moonaqua	Florigene Pty Ltd.	Nein, beantragt 2006
FLO-40644-4	123.2.38, 40644, 121.2.7, 121.3.12, 123.1.36	Moonlite	Florigene Pty Ltd.	Ja, seit 2007
FLO-40619-7	123.2, 40619	Moonshade	Florigene Pty Ltd.	Nein
	1.8.124, 16.0.66		Florigene Pty Ltd.	Nein
	8.6.25, 12,1.8, 17.3.67, 18.3.33, 20.9.53		Florigene Pty Ltd.	Nein
	A-127		Florigene Pty Ltd.	Nein
	linie-2, linie-11		Florigene Pty Ltd.	Nein
IFD-25958-3	25958		Florigene Pty Ltd.	Nein
IFD-19907-9	19907		Suntory Holdings	Nein
IFD-26407-2	26407		Florigene Pty Ltd.	Nein
Papaya				
CUH-CP551-8, CUH-CP631-7	55-1, 63-1	Sunup Rainbow	Cornell University of Hawaii	Nein
UFL-X17CP-6	X17-2		University of Florida	Nein
	Huanong 1 (Nr.308)		Huanan Agricultural University	Nein
Pappel				
	Bt-Pappel			Nein
	trg300-1		Incorporated Administrative Agency Forest	Nein

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

			Tree Breeding Center	
	trg-300-2		Incorporated Administrative Agency Forest Tree Breeding Center	Nein
Paprika				
	PK-SP01			Nein
Petunie				
	China Petunie1			Nein
	Japan Petunie 1			Nein
Pflaume				
ARS-PLMC5-6	C5		USDA Agricultural Research Service	Nein
Radicchio				
	RM3-3, RM3-4, RM3-6	SeedLink Chicory	Bejo Zaden BV	Nein
Raps				
ACS-BNØØ1-4	RF1	InVigor™ Canola Seedlink	Aventis Crop-Science	Nein
ACS-BNØØ2-5	RF2	InVigor™ Canola Seedlink	Aventis Crop-Science	Nein
ACS-BNØØ3-6	RF3	InVigor™ Canola Seedlink	Aventis Crop-Science	Ja, bis 2017
ACS-BNØØ4-7	MS1	InVigor™ Canola Seedlink	Aventis Crop-Science	Nein
ACS-BNØØ4-7x ACS-BNØØ1-4	MS1xRF1	InVigor™ Canola Seedlink	Aventis Crop-Science	Nein
ACS-BNØØ4-7x ACS-BNØØ2-5	MS1xRF2	InVigor™ Canola Seedlink	Aventis Crop-Science	Nein
ACS-BNØØ5-8	MS8	InVigor™ Canola Seedlink	Aventis Crop-Science	Ja, bis 2017
ACS-BNØØ5-8x ACS-BNØØ3-6	MS8xRF3	InVigor™ Canola Seedlink	Aventis Crop-Science	Ja, bis 2017
ACS-BNØØ5-8xACS- BNØØ3-6xMON-ØØØ73- 7	MS8xRF3xGT73			Nein, beantragt 2009
ACS-BNØØ7-1	HCN92, Topas 19/2	Liberty-Link™ Innovator , Topas 19/2	Aventis Crop-Science	Nein
ACS-BNØØ8-2	T45 / HCN28	InVigor™ Liberty Link	Bayer Crop-Science	Ja, bis 2019
ACS-BNØØ9-3	pHoe6/Ac L62	Liberator	Bayer Crop-Science	Nein
ACS-BNØ1Ø-4	Falcon GS40/90pHoe6/Ac	Liberty Link®	Bayer Crop-Science	Nein, beantragt 2003
ACS-BNØ11-5	Oxy-235	Navigator™- Westar Oxy 235	Bayer Crop-Science	Nein, beantragt 2003
CGN-89111-8	pCGN3828	High oleic acid	Monsanto	Nein
CGN-89465-2	Event 23	Laurical™	Monsanto, Calgene Inc.	Nein

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

MON-ØØØ73-7	GT73, RT73	Westar Roundup Ready®	Monsanto	Ja, bis 2017
MON-89249-2	GT200, RT200	Roundup Ready®	Monsanto	Nein
	MPS961/962/963/964/965	Phytaseed™	BASF	Nein
	HCN10	Liberty-Link™ Independence	Aventis Crop-Science	Nein
	PHY14, PHY35		Aventis Crop-Science	Nein
	PHY36		Aventis Crop-Science	Nein
	PHY23		Plant Genetic Systems	Nein
	pRESS			Nein
	HCR-1		Bayer Crop-Science	Nein
	ZSR500/502, ZSR503	Hysyn 101 RR Roundup-Ready™	Bayer Crop-Science	Nein
Reis				
ACS-OSØØ1-4	LLRICE06	Liberty-Link™	Bayer Crop-Science	Nein
ACS-OSØØ2-5	LLRICE62	Liberty-Link™	Bayer Crop-Science	Nein
BCS-OSØØ3-7	LLRICE601	Liberty-Link™	Bayer Crop-Science	Nein
	Kefeng 6			Nein
	LLRICE604	Liberty-Link™	Bayer Crop-Science	Nein
	KMD1	Kemingdao 1		Nein
	Xa21 (China)			Nein
	730, 1107, 1316, 1702, 1708, 1763			Nein
	G2-59, G2-70, G2-138			Nein
	Kinuhikari 1			Nein
	Kinuhikari 2			Nein
	KA130			Nein
	Nihonbare 16-2			Nein
	Nihonbare 20-2, 21-3			Nein
	Tsuki-no-hikari H39, H75			Nein
	KPD627-8		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	KPD722-4		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	KA317		National Agriculture and Food Research Organization	Nein

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

			tion	
	B-4-1-18			Nein
	G3-3-22			Nein
	AD97		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	AD77		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	AD51		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	AD48		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	AD41		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	I3pNasNaatAprt1			Nein
	HW5		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	HW1		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	7Crp#242-95-7, 7Crp#10		National Agriculture and Food Research Organization	Nein
	IMINTA-1, IMINTA-4	Clearfield Rice		Nein
	CL121, CL141, CFX51	Clearfield Rice		Nein
	Bt63 (Shanyou(JinYou) 63)			Nein
Rose				
	IFD-529Ø1-9	WKS82/130-9-1	Suntory Limited	Nein
	IFD-524Ø1-4	WKS82/130-4-1	Suntory Limited	Nein
Soja				
	ACS-GMØØ1-8, ACS-GMØØ2-9	W98, W62	Bayer Crop-Science	Nein
	ACS-GMØØ3-1	GU262	Bayer Crop-Science	Nein
	ACS-GMØØ4-2	A2704-21	Bayer Crop-Science	Nein
	ACS-GMØØ5-3	A2704-12, A5547-35	Bayer Crop-Science	Ja, bis 2018
	ACS-GMØØ6-4	A5547-127	Bayer Crop-Science	Nein, beantragt 2008

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

DD-Ø26Ø05-3	G94-1, G94-19, G168		DuPont	Nein
DP-3Ø5423-1	305423	TREUS™	Pioneer Hi-Bred	Nein, beantragt 2007
	305423x40-3-2			Nein, beantragt 2007
DP-356Ø43-5	356043	Optimum GAT	Pioneer Hi-Bred, DuPont	Nein, beantragt 2007
MON-Ø4Ø32-6	MON 40-3-2 (GTS)	Roundup Ready™	Monsanto	Ja, seit 2005
MON-89788-1	MON89788	RReady2Yield™	Monsanto	Ja, bis 2018
MON-877Ø1-2x MON-89788-1	MON89788xMON87701			Nein, beantragt 2009
DAS-68416-4	DAS68416		DOW Chemical Japan	Nein
MON-877Ø1-2	MON87701		Monsanto	Nein, beantragt 2010
MON-877Ø1-2x MON-89788-1	MON87701 x MON89788		Monsanto	Nein, beantragt 2009
MON-877Ø5-6	MON87705		Monsanto	Nein, beantragt 2010
MON-87754-1	MON87754		Monsanto	Nein
MON-87769-7	MON87769		Monsanto	Nein, beantragt 2009
DP-305423-1x MON-Ø4Ø32-6	305423x40-3-2			Nein, beantragt 2007
BPS-CV127-9	CV-127		BASF	Nein, beantragt 2009
Tabak				
	C/F/93/Ø8-2	ITB 1000 OX Tobacco	SEITA	Nein
	Vector 21-41		Vector Tobacco Inc.	Nein
	PBD6-238-2			Nein
Tomate				
	1345-4	Endless Summer	DNA Plant Technology	Nein
	35 1N		Agritope	Nein
	5345		Monsanto	Nein
	8338		Monsanto	Nein
	B, Da, F	Vegadura	Zeneca Seeds	Nein
	FLAVR SAVR	FLAVR SAVR	Calgene	Nein
	Tomato Dadong 9			Nein
	Tomato PK-TM8805R			Nein
	117,1046, 1204, 1208			Nein
	405, 707			Nein
	ICI9, ICI13			Nein

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	N° 4-7			Nein
	Nema 282F		Zeneca Seeds	Nein
	China Tomato 1			Nein
	China Tomato 2			Nein
	Japan Tomato 1			Nein
Torenia				
	1165, 1382			Nein
Weizen				
	MON71800		Monsanto	Nein
	fusarium resistent		Syngenta Seeds	Nein
Zuckerrübe				
	GTSB77	InVigor™	Novartis Seed, Monsanto	Nein
KM-ØØØH71-4	H7-1	Roundup Ready™	Monsanto, KWS Saat AG	Ja, bis 2017
DLF-ØA515-7	A5-15	Roundup Ready™	Monsanto, DANISCO, DLF Trifolium	Nein, beantragt 2003
ACS-BVØØ1-3	T120-7	LibertyLink™	Bayer Crop- Science	Nein
	T252		Bayer Crop- Science	Nein
	#203		Monsanto, Syn- genta Seeds	Nein
	#77			Nein

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

Tabelle 4: Gentechnisch veränderte Pflanzen, neu eingebrachte Eigenschaften und die neuen Genelemente (S = Signalpeptid, A = Antibiotikaresistenz, H = Herbizidtoleranz, I = Insektenresistenz, PR = Pilzresistenz, VI = veränderte Inhaltsstoffe, ST = männliche Sterilität) (Stand: Oktober 2010)

Event	Promotor	Terminator	Eigenschaft	S	A	H	I	VI	Virusresistenz	PR	ST
Adzuki-Bohne											
AR-9	(PHA)-L(dlec2)		Insektenresistenz Antibiotikaresistenz		nptII		α-Amyl-I				
Ackerschmalwand											
	konsitutiver Promotor		veränd. Inhaltsstoffe					Vit B12 / rhIF			
Aubergine											
MHB-4, 9, 10, 11, 39, 80, 99, 112	eCaMV 35S bakterieller Promotor	7S β-conglycinin	Insektenresistenz Antibiotikaresistenz Selektionsmarker		nptII aad		cry1Ac				
Baumwolle											
Event 1	2xAS1 + CaMV 35S CaMV 35S	nos	Insektenresistenz Antibiotikaresistenz		nptII		cry1ac				
LLcotton25	CaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz			bar (s.h.)					
LLcotton25x15985	CaMV 35S	nos	Herbizidoleranz			bar (s.h.)					
	2xAS1 + CaMV 35S/PetHSP70	7S β-conglycinin	Insektenresistenz	CTP2			cry1Ac				
	2xAS1 + CaMV 35S/PetHSP70	nos	Insektenresistenz				cry2Ab				
	2xAS1 + CaMV 35S/PetHSP70	nos	Selektionsmarker					uidA			
	bakterieller Promotor	nos	Selektionsmarker		aad						
GHB614	Ph4a748At, h3At	histon (A.thaliana)	Herbizidtoleranz	TPotp C		2mepsps (Z.mays)					
LLcotton25xGHB614											

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

3006-210-23	ubq1 (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Insektenresistenz			cry1Ac
	(4OCS)delta-mas2'	ORF25	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
281-24-236	(4OCS)delta-mas2'	ORF25	Insektenresistenz			cry1F
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
3006-210-23x281-24-236	ubq1 (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Insektenresistenz			cry1Ac
	(4OCS)delta-mas2'	ORF25	Insektenresistenz			cry1F
	(4OCS)delta-mas2'	ORF25	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	bakterieller Promotor		Selektionsmarker		ery	
3006-210-23x281-24-236x1445	ubq1 (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Insektenresistenz			cry1Ac
	(4OCS)delta-mas2'	ORF25	Insektenresistenz			cry1F
	(4OCS)delta-mas2'	ORF25	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	bakterieller Promotor		Selektionsmarker		ery	
	CMoVb	E9	Herbizidtoleranz	CTP2		CP4 epsps
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz		nptII	
bakterieller Promotor		Selektionsmarker		aad		
3006-210-23x281-24-236x88913	ubq1 (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Insektenresistenz			cry1Ac
	(4OCS)delta-mas2'	ORF25	Insektenresistenz			cry1F
	(4OCS)delta-mas2'	ORF25	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	bakterieller Promotor		Selektionsmarker		ery	
	FMV/TSF1	E9	Herbizidtoleranz	CTP2		CP4 epsps
CaMV 35S/ACT8	E9	Herbizidtoleranz	CTP2		CP4 epsps	
MON531-757-1076	2xAS1 + CaMV 35S	7S β-conglycinin	Insektenresistenz			cry1Ac
	Bakterieller Promotor		Selektionsmarker		aad	
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz		nptII	

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-

Methoden

1445	CMoVb	E9	Herbizidtoleranz		CP4 epsps	
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
	bakterieller Promotor		Selektionsmarker	aad		
15985	2xAS1 + CaMV 35S	7S β - conglycinin	Insektenresistenz			cry1Ac
	2xAS1 + CaMV 35S/PetHSP70	nos	Insektenresistenz	CTP2		cry2Ab
	2xAS1 + CaMV 35S	nos	Selektionsmarker			uidA
	bakterieller Promotor		Selektionsmarker	aad		
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
15985x1445	2xAS1 + CaMV 35S	7S β - conglycinin	Insektenresistenz			cry1Ac
	2xAS1 + CaMV 35S/PetHSP70	nos	Insektenresistenz	CTP2		cry2Ab
	2xAS1 + CaMV 35S	nos	Selektionsmarker			uidA
	nos		Antibiotikaresistenz	nptII		
	CMoVb	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
MON531x1445	bakterieller Promotor		Selektionsmarker	aad		
	2xAS1 + CaMV 35S	7S β - conglycinin	Insektenresistenz			cry1Ac
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
	CMoVb	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
MON88913	FMV/TSF1	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	CaMV 35S/ACT8	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
MON15985xMON88913	2xAS1 + CaMV 35S	7S β - conglycinin	Insektenresistenz			cry1Ac
	2xAS1 + CaMV 35S/PetHSP70	nos	Insektenresistenz	CTP2		cry2Ab
	2xAS1 + CaMV 35S	nos	Selektionsmarker			uidA
	bakterieller Promotor		Selektionsmarker	aad		
	CaMV 35S	Nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
	FMV/TSF1	E9	Herbizidoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	CaMV 35S/ACT8	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

BG4740	?	?	Insektenresistenz		cry1Ac
	?	?	Herbizidtoleranz	bxn	
China cotton 1 (Guokang)	?	?	?		
China cotton 2 (Zhongmian)	CaMV 35S	?	Herbizidtoleranz	CTP2	aroA-M1
China cotton 3 (American DPL)	?	?	?		
19-51A	als1 + ocs	als	Herbizidtoleranz		als (S4-Hr4)
31807, 31808	CaMV 35S/mas	tml	Herbizidtoleranz		bxn
	CaMV 35S	mas	Insektenresistenz		cry1Ac
	CaMV 35S	tml	Antibiotikaresistenz	nptII	
COT 67B	p-act2 + 1.Int. (<i>A. thaliana</i>)	nos	Insektenresistenz		flcry1Ab
	ubq3 + 1.Intron (<i>A. thaliana</i>)	nos	Antibiotikaresistenz	aph4	
COT 102	modif. act2+1.Ex+1.Int	nos	Insektenresistenz		vip3A(a)
	ubq3 + 1.Intron (<i>A. thaliana</i>)	nos	Antibiotikaresistenz	aph4	
GBH119xT304-40	?	?	Insektenresistenz		cry1Ab
	?	?	Insektenresistenz		cry2Ae
	?	?	Herbizidtoleranz	bar (<i>s.h.</i>)	
1849	?	?	Insektenresistenz		
BXN	CaMV 35S	tml	Herbizidtoleranz		bxn
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII	
Event 24	?	?	Insektenresistenz		
Event 9124	?	?	Insektenresistenz		cry1C
Blumenkohl					
CF156	?	?	?		
Broccoli					
BR891	?	?	?		

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

Creeping bentgrass (Weißes Straußgras)					
ASR368	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps
	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps
Chrysantheme					
pac1 C2, C14-2, C29	?	?	?		
Eukalyptus					
ARB-FTE1-08	?	?	Kältetoleranz		
	?	?	männl. Sterilität		barnase
	?	?	veränd. Ligningehalt		
	?	?	Antibiotikaresistenz	nptII	
Flachs					
FP967	ahas	ahas	Herbizidtoleranz		als (<i>A.thaliana</i>)
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	spc	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla	
	nos	nos	Selektionsmarker		nos (<i>A. tum.</i>)
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII	
Gurke					
CR29, CR32, CR33	?	?	Pilzresistenz		Chitinase
Kartoffel					
BT16	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz		cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII	
BT10	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz		cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII	
RBMT21-350	SSU1A (<i>A.thaliana</i>)	nos	Insektenresistenz		cry3A
	FMV 35S	E9	Virusresistenz		replicase (PLRV)
	FMV 35S	E9	Virusresistenz		helicase (PLRV)

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-

Methoden

	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
SPBT02-5	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz			cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
BT17	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz			cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
RBMT-15-101	SSU1A (<i>A.thaliana</i>)	E9	Insektenresistenz			cry3A
	FMV 35S + HSP17.9 leader	E9	Virusresistenz			cp (<i>PVY-O</i>)
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
BT23	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz			cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
RBMT21-129	SSU1A (<i>A.thaliana</i>)	nos	Insektenresistenz			cry3A
	FMV 35S	E9	Virusresistenz			replicase (<i>PLRV</i>)
	FMV 35S	E9	Virusresistenz			helicase (<i>PLRV</i>)
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
ATBT04-6, ATBT04-27, ATBT04-30, ATBT04-31, ATB04-36	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz			cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
BT12	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz			cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
SPBT02-7	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz			cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
BT06	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz			cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
RBMT22-82	SSU1A (<i>A.thaliana</i>)	nos	Insektenresistenz			cry3A
	FMV 35S	E9	Virusresistenz			replicase (<i>PLRV</i>)
	FMV 35S	E9	Virusresistenz			helicase (<i>PLRV</i>)
	FMV 35S + HSP17.9 (<i>A.thaliana</i>)	E9	Herbizidtoleranz	CTP2		CP4 epsps
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
BT18	2xAS1 + CaMV 35S	rbcS (<i>pea</i>)	Insektenresistenz			cry3A
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

SEMT15-15	SSU1A (<i>A.thaliana</i>)	nos	Insektenresistenz		cry3A	
	FMV 35S + HSP17.9 leader	E9	Virusresistenz			cp (PVY-O)
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
	bakterieller Promotor		Selektionsmarker	aad		
SEMT15-02	SSU1A (<i>A.thaliana</i>)	nos	Insektenresistenz		cry3A	
	FMV 35S + HSP17.9 leader	E9	Virusresistenz			cp (PVY-O)
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
	bakterieller Promotor		Selektionsmarker	aad		
tBK50-13	gbss	?	veränd. Inhaltsstoffe			gbss (antisense)
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
tBK50-66	gbss	?	veränd. Inhaltsstoffe			gbss (antisense)
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
HLMT15-46	SSU1A (<i>A.thaliana</i>)	nos	Insektenresistenz		cry3A	
	FMV 35S + HSP17.9 leader	E9	Virusresistenz			cp (PVY-O)
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
	bakterieller Promotor		Selektionsmarker	aad		
EH 92-527-1	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
	gbss	nos	veränd. Inhaltsstoffe			gbss (antisense)
AV43-6-G7	gbss	nos	veränd. Inhaltsstoffe			gbss (antisense)
Kürbis						
CZW-3	CaMV 35S, 5'CMV	CaMV 35S	Virusresistenz			CMV, ZYMV, WMV-2
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
ZW20	CaMV 35S, 5'WMV2 CP	CaMV 35S	Virusresistenz			CMV, ZYMV, WMV-2
			Antibiotikaresistenz	nptII		

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

Luzerne						
J101, J163	eFMV 35S + HSP70	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
Mais						
MS3	Ta29	nos	männl. Sterilität			barnase
	CaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz	CTP	bar (s.h.)	
T25	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla		
	CaMV 35S	CaMV 35S	Insektenresistenz	CTP		cry9C
CBH-351	CaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz		bar (s.h.)	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla		
	Ta29	nos	männl. Sterilität			barnase
MS6	CaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz		bar (s.h.)	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla		
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (Z.mays)	ORF25	Insektenresistenz			cry1Fa2
TC1507	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	ubq1 (Z.mays)	ORF25	Insektenresistenz			cry1F
TC1507xDAS-59122	ubq1 (Z.mays)	pin II (S.tuberosum)	Insektenresistenz			cry34Ab1
	Peroxidase (T.aestivum)	pin II (S.tuberosum)	Insektenresistenz			cry35Ab1
	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (Z.mays)	ORF25	Insektenresistenz			cry1Fa2
TC1507xNK603	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70	nos	Herbizidtoleranz		CP4 epsps	
	Intron (Z.mays)	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	CaMV 35S					
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (Z.mays)	pin II (S.tuberosum)	Insektenresistenz			mocry1F
TC6275	CaMV 35S	pin II (S.tuberosum)	Herbizidtoleranz		bar (s.h.)	

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

DAS40278	?	?	Herbizidresistenz		aad-1	
DAS40474	?	?	Herbizidresistenz		aad-1	
59122	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz			cry34Ab1
	Peroxidase (<i>T.aestivum</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Herbizidtoleranz			cry35Ab1
	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
Event 32	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz			cry34Ab1
	Peroxidase (<i>T.aestivum</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Herbizidtoleranz			cry35Ab1
	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
59122-7xNK603	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz			cry34Ab1
	Peroxidase (<i>T.aestivum</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz			cry35Ab1
	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
59122-7xTC1507x NK603	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Insektenresistenz			cry1F
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz			cry34Ab1
	Peroxidase (<i>T.aestivum</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz			cry35Ab1
	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
DBT418	2xOCS:CaMV 35S + adhI intron IV	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz			cry1Ac
	CaMV 35S + adhI intron I+VI	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz			pinII
	CaMV 35S bakterieller Promotor	Tr7	Herbizidtoleranz Antibiotikaresistenz		bar (s.h.) bla	

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

DLL25-DK566	CaMV 35S	Tr7	Herbizidtoleranz		bar (s.h.)	
Bt16	CaMV 35S	Tr7	Herbizidtoleranz		bar (s.h.)	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla		
Event 98140	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>) + 35S enh.	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Herbizidtoleranz		gat4621	
	als (<i>Z.mays</i>) + CaMV 35S enhancer	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Herbizidtoleranz		zm-hra	
HCEM485	?	?	Herbizidtoleranz		CP4 epsps	
GA21	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	oCTP	m-epsps (<i>Zea mays</i>)	
GA21xMON810	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	oCTP	m-epsps (<i>Zea mays</i>)	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)		Insektenresistenz		cry1Ab (truncated)	
MIR604xGA21	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	oCTP	m-epsps (<i>Zea mays</i>)	
	p-MT-like (<i>Z.mays</i>)	nos	Insektenresistenz		mcry3A	
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker			pmi
NK603	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
NK603xT25	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz		CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla		
NK603xMON810	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)		Insektenresistenz		cry1Ab (truncated)	
MON810	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)		Insektenresistenz		cry1Ab (truncated)	
MON810xMON88017	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)		Insektenresistenz		cry1Ab (truncated)	

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-

Methoden

	2xAS1+CaMV 35S+UTR+ract1 intron	tahsp17	Insektenresistenz			cry3Bb1
MON810xLY038	glb1 (<i>Z.mays</i>) + ract1 intron	glb1 (<i>Z.mays</i>)	veränd. Inhaltsstoffe	CTP DHDPS		cry1Ab (truncated)
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)		Insektenresistenz			cordapA
MON810xT25	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla		
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)		Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)
MON863	4xAS1 + CaMV 35S/TaCab/ract1	hsp17.3	Insektenresistenz			cry3Bb1
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
MON863xNK603	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz		CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	4xAS1 + CaMV 35S/TaCab/ract1	tahsp17	Insektenresistenz			cry3Bb1
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
MON863xMON810	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)		Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)
	4xAS1 + CaMV 35S/TaCab/ract1	tahsp17	Insektenresistenz			cry3Bb1
	CaMV35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
MON863xNK603xMON810	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz		CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CPT2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)		Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)
	4xAS1 + CaMV 35S/TaCab/ract1	tahsp17	Insektenresistenz			cry3Bb1
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

MON80100	CaMV 35S + HSP70 (<i>Z. mays</i>)	nos	Insektenresistenz			cry1Ab
	CaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz	CPT2	gox247	
	CaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz	CTP1	CP4 epsps	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz			
MON88017	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP	CP4 epsps	
	2xAS1+CaMV 35S+UTR+ract1 intron	hsp17.3	Insektenresistenz			cry3Bb1
MON89034	CaMV 35S, 5' Cab (<i>Triticum L.</i>)	hsp17.3	Insektenresistenz			cry1A.105
	FMV 35S + HSP70 intron	nos	Insektenresistenz	CTP ssu		cry2Ab
MON89034xNK603	P-ract1/tact1 intron					
	eCaMV 35S+HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	CaMV 35S, 5' Cab (<i>Triticum L.</i>)	hsp17.3	Insektenresistenz	CTP2	CP4 epsps	cry1A.105
	FMV 35S + HSP70 intron	nos	Insektenresistenz	CTP ssu		cry2Ab
MON89034xMON88017	P-ract1/tact1 intron					
	CaMV 35S, leader ract1 intron	nos tahsp17	Herbizidtoleranz Insektenresistenz	CTP	CP4 epsps	cry1A.105
	FMV 35S + HSP70 intron	nos	Insektenresistenz	CTP ssu		cry2Ab
	2xAS1+CaMV 35S+UTR+ract1 intron	UTR (tahsp17)	Insektenresistenz			cry3Bb1
MON89034x1507xNK603	CaMV 35S, leader ract1 intron	UTR (tahsp17)	Insektenresistenz			cry1A.105
	FMV 35S + HSP70 intron	nos	Insektenresistenz			cry2Ab
	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz		CP4 epsps	
	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	ORF25	Insektenresistenz			cry1F
LY038	glb1 (<i>Z.mays</i>) + ract1 intron	glb1 (<i>Z.mays</i>)	veränd. Inhaltsstoffe	CTP DHGPS		cordapA

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-

Methoden

Bt11	CaMV 35S, IVS6 (<i>Z. mays</i>)	nos	Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)	
	CaMV 35S, IVS2 (<i>Z. mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)		
Bt10	CaMV 35S, IVS6 (<i>Z. mays</i>)	nos	Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)	
	CaMV 35S, IVS2 (<i>Z. mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)		
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla			
Bt11xGA21	P-ract1/tact1 intron			CTP			
	CaMV 35S, IVS2 (<i>Z. mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz				
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker				pmi
Bt11xMIR162	CaMV 35S, IVS6 (<i>Z. mays</i>)					cry1Ab (truncated)	
	CaMV 35S, IVS2 (<i>Z. mays</i>)	nos	Insektenresistenz				
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	CaMV 35S	Insektenresistenz		pat (s.v.)		
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker			vip3Aa20	pmi
Bt11xMIR604	CaMV 35S, IVS6 (<i>Z. mays</i>)	nos	Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)	
	CaMV 35S, IVS2 (<i>Z. mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)		
	p-MT-like (<i>Z.mays</i>)	nos	Insektenresistenz			mcry3A	
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker				pmi
Bt11xMIR604xGA21	CaMV 35S, IVS6 (<i>Z. mays</i>)	nos	Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)	
	CaMV 35S, IVS2 (<i>Z. mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)		
	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz	CTP	CP4 epsps		
	p-MT-like (<i>Z.mays</i>)	nos	Insektenresistenz			mcry3A	
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker				pmi

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-

Methoden

BT11xMIR162xMIR604	CaMV 35S, IVS6 (<i>Z. mays</i>)							
	CaMV 35S, IVS2 (<i>Z. mays</i>)	nos	Insektenresistenz				cry1Ab (truncated)	
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)			
	p-MT-like (<i>Z.mays</i>)	CaMV 35S	Insektenresistenz				vip3Aa20	
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Insektenresistenz				mcry3A	pmi
Bt11xMIR162xGA21	p-MT-like (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker					
	CaMV 35S, IVS6 (<i>Z. mays</i>)							
	CaMV 35S, IVS2 (<i>Z. mays</i>)	nos	Insektenresistenz				cry1Ab (truncated)	
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)			
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	CaMV 35S	Insektenresistenz				vip3Aa19	pmi
Bt11xMIR162xMIR604xGA21	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker					
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP	m-epsps (<i>Zea mays</i>)			
	P-ract1/tact1 intron							
	CaMV 35S, IVS6 (<i>Z. mays</i>)							
	CaMV 35S, IVS2 (<i>Z. mays</i>)	nos	Insektenresistenz				cry1Ab (truncated)	
Event 3272	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)			
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	CaMV 35S	Insektenresistenz				vip3Aa19	pmi
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker					
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Insektenresistenz					
	p-MT-like (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP	m-epsps (<i>Zea mays</i>)		mcry3A	
Event 3243M	P-ract1/tact1 intron							
	p-Gzein, PEPC9-intron	CaMV 35S	veränd. Inhaltsstoffe					amy797E
Event 3243M	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	veränd. Inhaltsstoffe					pmi
	Mais-Promotor	nos	Insektenresistenz				cry1Ab	
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker					pmi

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

Bt 176	CDPK (<i>Z.mays</i>)	CaMV 35S	Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)
	PEPC (<i>Z. mays</i>)	CaMV 35S	Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)
	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		bar (<i>s.h.</i>)	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla		
MIR162	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	CaMV 35S	Insektenresistenz			vip3Aa20
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker			pmi
MIR604	p-MT-like (<i>Z.mays</i>)	nos	Insektenresistenz			
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Selektionsmarker			mcry3A pmi
MON802	eCaMV 35S	nos	Insektenresistenz			cry1Ab
	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	CaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz	CTP1	gox247	
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
MON809	eCaMV 35S	nos	Insektenresistenz			cry1Ab (truncated)
	eCaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
MON832	eCaMV 35S + HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	CaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz	CTP1	gox247	
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	nptII		
MON87460	P-ract1/tact1 intron	Tr7	Trockenresistenz			CspB
	loxP + CaMV 35S	nos -loxP	Antibiotikaresistenz		nptII	
Phytase-Mais (B23-3-1)	glb1 (<i>Z.mays</i>)	glb1 (<i>Z.mays</i>)	höherer Phytasegehalt	α-amylase signal peptid		phyA2 (<i>A. niger</i>)
	H2B + ubq UTR intron-1	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Herbizidtoleranz		bar (<i>s.h.</i>)	
676, 678, 680	CaMV 35S	CaMV 35S	männl. Sterilität			
	5126del (<i>Z.mays</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Herbizidtoleranz		pat (<i>s.v.</i>)	dam

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

MON89034xTC1507x MON88017xDAS-59122	CaMV 35S	CaMV 35S			
	P-ract1/tact1 intron				
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	nos	Herbizidtoleranz	pat (s.v.)	
	CaMV 35S	ORF25	Herbizidtoleranz	CP4 epsps	
	FMV 35S + HSP70 intron	hsp17.3	Insektenresistenz		cry1Fa2
	2xAS1 + CaMV 35S + ract1 intron	nos	Insektenresistenz		cry1A.105
	ubq1 + 1.Intron (<i>Z.mays</i>)	tahsp17	Insektenresistenz		cry2Ab
	Peroxidase (<i>T.aestivum</i>)	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz		cry2Bb1
	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Insektenresistenz		cry34Ab1	
				cry35Ab1	
Melone					
A, B (Cantapoupe)	?	?	Reifeverzögerung		sam-k
	nos	?	Antibiotikaresistenz	nptII	
Prince Melon	?	?	Virusresistenz		cp (CMV)
Nelke					
1226A, 11226	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	
	CHS (Blüten- spezifisch aus <i>Petu- nia</i>)	D8 (<i>P.hybrida</i>)	veränd. Blütenfarbe		bp40 (F3',5'H)
	nativ aus <i>Petunia</i> ?	nativ ?	veränd. Blütenfarbe		dfr
1351A, 11351	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	
	CHS (Blüten- spezifisch aus <i>Petu- nia</i>)	D8 (<i>P.hybrida</i>)	veränd. Blütenfarbe		bp40 (F3',5'H)
	nativ aus <i>Petunia</i> ?	nativ ?	veränd. Blütenfarbe		dfr
1363A	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	
	CHS (Blüten- spezifisch aus <i>Petu- nia</i>)	D8 (<i>P.hybrida</i>)	veränd. Blütenfarbe		bp40 (F3',5'H)
	nativ aus <i>Petunia</i> ?	nativ ?	veränd. Blütenfarbe		dfr

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

1400A, 11400	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	bp40 (F3',5'H) dfr
	CHS (Blüten-spezifisch aus <i>Petunia</i>) nativ aus <i>Petunia</i> ?	D8 (<i>P.hybrida</i>) nativ ?	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe		
959A, 11959	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	bp40 (F3',5'H) dfr
	CHS (Blüten-spezifisch aus <i>Petunia</i>) nativ aus <i>Petunia</i> ?	D8 (<i>P.hybrida</i>) nativ ?	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe		
988A, 11988	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	bp40 (F3',5'H) dfr
	CHS (Blüten-spezifisch aus <i>Petunia</i>) nativ aus <i>Petunia</i> ?	D8 (<i>P.hybrida</i>) nativ ?	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe		
11, 7442	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	dfr hfl (F3',5'H)
	mac-1 (<i>A.tumefaciens</i>) CHS (Blüten-spezifisch <i>A.majus</i>)	mas D8 (<i>P.hybrida</i>)	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe		
15	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	dfr hfl (F3',5'H)
	mac-1 (<i>A.tumefaciens</i>) CHS (Blüten-spezifisch <i>A.majus</i>)	mas D8 (<i>P.hybrida</i>)	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe		
16	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	dfr hfl (F3',5'H)
	mac-1 (<i>A.tumefaciens</i>) CHS (Blüten-spezifisch <i>A.majus</i>)	mas D8 (<i>P.hybrida</i>)	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe		
66	CaMV 35S	nos	veränd. Blütenfarbe	NtsurB, als	ACC (<i>D. caryophyllus</i>)
	CaMV 35S	surB	Herbizidtoleranz		
4	CaMV 35S	surB	Herbizidresistenz	NtsurB, als	dfr hfl (F3',5'H)
	mac-1 (<i>A.tumefaciens</i>) CHS (Blüten-spezifisch <i>A.majus</i>)	mas D8 (<i>P.hybrida</i>)	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe		

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

123.8.8, 40685	dfr CHS (Blüten- spezifisch <i>A.majus</i>) CaMV 35S	dfr D8 (<i>P.hybrida</i>) surB	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe Herbizidtoleranz	NtsurB, als	dfr hfl (F3',5'H)
123.8.12, 40689	dfr CHS (Blüten- spezifisch <i>A.majus</i>) CaMV 35S, Cab 5'UTR	dfr D8 (<i>P.hybrida</i>)	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe Herbizidtoleranz	NtsurB, als	dfr bp40 (F3',5'H)
123.2.38, 40644, 121.2.7, 121.3.12, 123.1.36	CHS (<i>Snapdragon</i>) mac-1 (<i>A.tumefaciens</i>) CaMV 35S, Cab 5'UTR	D8 (<i>P.hybrida</i>) mas surB	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe Herbizidtoleranz	NtsurB, als	F3',5'H dfr
123.2, 40619	CHS (Blüten- spezifisch <i>A.majus</i>) mac-1 (<i>A.tumefaciens</i>) CaMV 35S,	D8 (<i>P.hybrida</i>) mas surB	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe Herbizidtoleranz	NtsurB, als	hfl (F3',5'H) F3',5'H
1.8.124, 16.0.66	?	?	?		
8.6.25, 12,1.8, 17.3.67, 18.3.33, 20.9.53	?	?	?		
A-127	?	?	?		
linie-2, linie-11	?	?	?		
25958	CHS (Blüten- spezifisch <i>A.majus</i>) dfr CaMV 35S CaMV 35S, Cab 5'UTR	D8 (<i>P.hybrida</i>) dfr CaMV 35S surB	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe Herbizidtoleranz	NtsurB, als	F3',5'H dfr dfr
19907	?	?	Herbizidresistenz	NtsurB, als	
	?	?	veränd. Blütenfarbe		F3',5'H
	?	?	veränd. Blütenfarbe		dfr

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

	ANS CHS (Blüten- spezifisch <i>A.majus</i>) CaMV 35S, Cab 5'UTR	ANS D8 (<i>P.hybrida</i>) surB	veränd. Blütenfarbe veränd. Blütenfarbe Herbizidtoleranz	NtsurB, als	F3',5'H Cytochrom b5
26407					
Papaya					
55-1, 63-1	CaMV 35S nos CaMV 35S	CaMV 35S nos nos	Virusresistenz Antibiotikaresistenz GUS-Marker	nptII	cp (<i>PRSV</i>)
X17-2	CaMV 35S + uidA leader nos	nos nos	Virusresistenz Antibiotikaresistenz	nptII	cp (<i>PRSV</i>)
Huanong 1 (Nr.308)	CaMV 35S	nos	Virusresistenz		cp (<i>PRSV</i>)
Pappel					
Bt-Pappel	?	?	?		
trg300-1	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		AaXEG2
trg-300-2	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		AaXEG2
Paprika					
PK-SP01	?	?	Virusresistenz		cp (<i>CMV</i>)
Petunie					
China Petunie1	?	?	?		
Japan Petunie 1	?	?	?		
Pflaume					
C5	CaMV 35S nos CaMV 35S	nos nos nos	Virusresistenz Antibiotikaresistenz Selektionsmarker	nptII	cp (<i>PPV</i>) uidA

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

Radicchio						
RM3-3, RM3-4, RM3-6	Ta29	nos	männl. Sterilität			barnase
	SsuAra (<i>A.thaliana</i>)	Tr7	Herbizidtoleranz	CTP	pat (s.v.)	
	?	?	Antibiotikaresistenz		nptII	
Raps						
RF1	Ta29	nos	Restore Fertility			barstar
	SsuAra (<i>A.thaliana</i>)	g7	Herbizidtoleranz	CTP	bar (s.h.)	
	nos	OCS	Antibiotikaresistenz		nptII	
RF2	Ta29	nos	Restore Fertility			barstar
	SsuAra (<i>A.thaliana</i>)	g7	Herbizidtoleranz	CTP	bar (s.h.)	
	nos	OCS	Antibiotikaresistenz		nptII	
RF3	Ta29	nos	Restore Fertility	CTP		barstar
	SsuAra (<i>A.thaliana</i>)	g7	Herbizidtoleranz		bar (s.h.)	
MS1	Ta29	nos	männl. Sterilität			barnase
	SsuAra (<i>A.thaliana</i>)	g7	Herbizidtoleranz	CTP	bar (s.h.)	
	nos	OCS	Antibiotikaresistenz		nptII	
MS1×RF1	SsuAra (<i>A.thaliana</i>)	g7	Herbizidtoleranz	CTP	bar (s.h.)	
	Ta29	nos	männl. Sterilität			barnase
	Ta29	nos	Restore Fertility			barstar
	nos	OCS	Antibiotikaresistenz		nptII	
MS1×RF2	SsuAra (<i>A.thaliana</i>)	g7	Herbizidtoleranz	CTP	bar (s.h.)	
	Ta29	nos	männl. Sterilität			barnase
	Ta29	nos	Restore Fertility			barstar
	nos	OCS	Antibiotikaresistenz		nptII	
MS8	Ta29	nos	männl. Sterilität			barnase
	SsuAra (<i>A.thaliana</i>)	g7	Herbizidtoleranz	CTP	bar (s.h.)	
MS8×RF3	SsuAra (<i>A.thaliana</i>)	g7	Herbizidtoleranz	CTP	bar (s.h.)	
	Ta29	nos	männl. Sterilität			barnase
	Ta29	nos	Restore Fertility			barstar

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-

Methoden						
MS8xRF3xGT73	Ta29	nos	männl. Sterilität			barnase
	Ta29	nos	Restore Fertility			barstar
	SsuAra (<i>A. thaliana</i>)	g7	Herbizidtoleranz	CTP2	bar (s.h.)	
	FMV 35S	E9	Herbizidtoleranz	CTP	CP4 epsps	
	FMV 35S	E9	Herbizidtoleranz	CTP	gox247	
HCN92, Topas 19/2	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	nos	OCS	Antibiotikaresistenz	nptII		
T45 / HCN28	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz	CTP	pat (s.v.)	
pHoe6/Ac L62	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
Falcon GS40/90pHoe6/Ac	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz	CTP	pat (s.v.)	
Oxy-235	CaMV 35S -ssu	nos	Herbizidtoleranz		bxn	
pCGN3828, Laurate	Napin Promoter	napin	veränd. Inhaltsstoffe			bay TE, 12:0
	CaMV 35S	tml/Tr7	Antibiotikaresistenz	nptII		ACP, Laurat
Event 23	Napin Promoter	napin	veränd. Inhaltsstoffe			bay TE, 12:0
	CaMV 35S	tml	Antibiotikaresistenz	nptII		ACP
GT73, RT73	FMV 35S	E9	Herbizidtoleranz	CTP	CP4 epsps	
	FMV 35S	E9	Herbizidtoleranz	CTP	gox247	
GT200, RT200	CMoVb	E9	Herbizidtoleranz	CTP	CP4 epsps	
	CMoVb	E9	Herbizidtoleranz	CTP	gox247	
MPS961/962/963/964/965	cruciferin A	crucA	Phytatdegradation	cruciferin Signalp.		phyA (<i>A. niger</i>)
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
HCN10	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz	CTP	pat (s.v.)	
PHY14, PHY35	Ta29	g7	Herbizidtoleranz	CTP	bar (s.h.)	barnase
	Ta29	nos	männl. Sterilität			barstar
	SsuAra (<i>A. thaliana</i>)	nos	Restore Fertility			
PHY36	Ta29	g7	Herbizidtoleranz	CTP		
	Ta29	nos	männl. Sterilität			
	SsuAra (<i>A. thaliana</i>)	nos	Restore Fertility			

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-

Methoden

	?	?	Herbizidtoleranz		
PHY23	?	?	männl. Sterilität		
	?	?	Restore Fertility		
pRESS	?	?	LPAAT/Trierucin		acylglycerol-3-phosphate-acyltransferase
HCR-1	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz	CTP	pat (s.v.)
ZSR500/502, ZSR503	CMoVb	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps
	CMoVb		Herbizidtoleranz	CTP	gox247
Reis					
LLRICE06	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		bar (s.h.)
LLRICE62	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		bar (s.h.)
LLRICE601	CaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz		bar (s.h.)
Kefeng 6	ubq1 (<i>Z.mays</i>)	nos	Insektenresistenz		cry1Ac
	act1	nos	Insektenresistenz		CpTI
	CaMV 35S		Antibiotikaresistenz	hyg	
LLRICE604	CaMV 35S	nos ?	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)
KMD1 (Kemingdao1)	ubq1 (<i>Z.mays</i>)	nos	Insektenresistenz		cry1Ab
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII/hyg	
Xa21 (China)	?	?	Bakterienresistenz		
730, 1107, 1316, 1702, 1708, 1763	?	?	?		
G2-59, G2-70, G2-138	?	?	?		
Kinuhikari 1	?	?	?		
Kinuhikari 2	?	?	?		
KA130	?	?	?		
Nihonbare 16-2	?	?	?		

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

Nihonbare 20-2, 21-3	?	?	?		
Tsuki-no-hikari H39, H75	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		OASA1D
	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		
KPD627-8	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		OASA1D
KPD722-4	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		OASA1D
KA317	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		OASA1D
B-4-1-18	?	?	veränd. Form		delta-OsBRI1
G3-3-22	?	?	veränd. Form		OsGA2ox1
AD97	?	?	Pilzresistenz		DEF
AD77	?	?	Pilzresistenz		DEF
AD51	?	?	Pilzresistenz		DEF
AD48	?	?	Pilzresistenz		DEF
AD41	?	?	Pilzresistenz		DEF
I3pNasNaatApr1	?	?	Toleranz geringer Eisenkonzentrationen		HvNAS1, HvNAAT-A, APRT
HW5	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		OASA1D
HW1	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		OASA1D
7Crp#242-95-7, 7Crp#10	?	?	veränd. Inhaltsstoffe		7Crp
IMINTA-1, IMINTA-4	?	?	Herbizidtoleranz	als (<i>O. sativa</i>)	
CL121, CL141, CFX51	AHAS	AHAS	Herbizidtoleranz	als (<i>O. sativa</i>)	
Bt63 (Shanyou(JinYou) 63)	act1	nos	Insektenresistenz		

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

Rose						
WKS82/130-9-1	CaMV 35S	nos	veränd. Blütenfarbe			F3'5'H
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
	CaMV 35 S	nos	veränd. Blütenfarbe			5AT (<i>T. hybrida</i>)
WKS82/130-4-1	CaMV 35S	nos	veränd. Blütenfarbe			F3'5'H
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
	CaMV 35 S	nos	veränd. Blütenfarbe			5AT (<i>T. hybrida</i>)
Soja						
W98, W62	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		bar (<i>s.h.</i>)	
	CaMV 35S	nos	Selektionsmarker			uidA
GU262	CaMV 35S		Herbizidtoleranz		pat (<i>s.v.</i>)	
	bakterieller Promotor	CaMV 35S	Antibiotikaresistenz	bla		
A2704-21	CaMV 35S		Herbizidtoleranz		pat (<i>s.v.</i>)	
	bakterieller Promotor	CaMV 35S	Antibiotikaresistenz	bla		
A2704-12, A5547-35	CaMV 35S		Herbizidtoleranz		pat (<i>s.v.</i>)	
	bakterieller Promotor	CaMV 35S	Antibiotikaresistenz	bla		
A5547-127	CaMV 35S		Herbizidtoleranz		pat (<i>s.v.</i>)	
	bakterieller Promotor	CaMV 35S	Antibiotikaresistenz	bla		
G94-1, G94-19, G168	β-conglycinin	phaseolin	veränd. Inhaltsstoffe			GmFad2-1
	bakterieller Promotor		Antibiotikaresistenz	bla		
	Kti3	Kti3	veränd. Inhaltsstoffe			cordapA
305423	CaMV 35S	nos	Selektionsmarker			uidA
	Kti3	Kti3	veränd. Inhaltsstoffe			GmFad2-1
	SAMS	gn-hra	Herbizidtoleranz		gm-hra	
356043	SCP1/TMV omega 5'-UTR	pin II (<i>S. tuberosum</i>)	Herbizidtoleranz		gat4601	
	SAMS	gm-hra	Herbizidtoleranz		gm-hra	
MON 40-3-2 (GTS)	eCaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz	CTP4	CP4 epsps	
MON89788	FMV/TSF1	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-

Methoden						
MON89788xMON87701	FMV/TSF1 RbcS4	E9 7S α	Herbizidtoleranz Insektenresistenz	CTP2 CTP1	CP4 epsps	cry1Ac
DAS68416	ubi10 (<i>A. thaliana</i>) CsVMV	ORF23 ORF1 (<i>A. tu- mefaciens</i>)	Herbizidtoleranz Herbizidtoleranz		aad-12 pat (s.v.)	
MON87701	RbcS4 + leader	7S α	Insektenresistenz			cry1Ac
MON87705	FMV/TSF1 7S α'	E9 H6	Herbizidtoleranz veränd. Inhaltsstoffe		CP4 epsps	GmFad2-1A GmFadB-1A
MON87754	7S α' FMV 35S + HSP70 intron	E9 E9	veränd. Inhaltsstoffe Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	dgat2A
MON87769	7S α' 7S α'	tml E9	veränd. Inhaltsstoffe veränd. Inhaltsstoffe			modified Pj. D6D modified Nc. Fad3
305423x40-3-2	eCaMV 35S Kti3 SAMS	nos Kti3 gn-hra	Herbizidtoleranz veränd. Inhaltsstoffe Herbizidtoleranz	CTP4	CP4 epsps gm-hra	GmFad2-1
CV-127	AHAS	UTR	Herbizidtoleranz		csr1-2 (<i>A.thaliana</i>)	
Tabak						
C/F/93/08-2	SSU (<i>H. annuus</i>)	nos	Herbizidtoleranz		bxn	
Vector 21-41	NtQPT1 CaMV 35S	nos nos	veränd. Inhaltsstoffe Antibiotikaresistenz		nptII	?
PBD6-238-2	?	?	?			
Tomate						
1345-4	CaMV 35S nos	nos OCS	Reifeverzögerung Antibiotikaresistenz		nptII	ACC
35 1N	E8 nos	nos nos	Reifeverzögerung Antibiotikaresistenz			sam-k

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-

Methoden

5345	CaMV 35S bakterieller Promotor	β -conglycinin	Insektenresistenz Selektionsmarker		cry1Ac	aad
	CaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
8338	FMV 35S + HSP70 intron	rbcS (<i>pea</i>)	Reifeverzögerung			ACC
	CaMV 35S	OCS	Antibiotikaresistenz	nptII		
B, Da, F	CaMV 35S	nos	Reifeverzögerung			PG
	nos	OCS	Antibiotikaresistenz	nptII		
FLAVR SAVR	CaMV 35S	tml/Tr7	Reifeverzögerung			PG
	mas	Mas	Antibiotikaresistenz	nptII		
Tomato Dadong 9	?	?	?			
Tomato PK-TM8805R	?	?	Virusresistenz			cp (<i>CMV</i>)
117,1046, 1204, 1208	?	?	?			
8805R	CaMV 35S	nos	Virusresistenz			cp (<i>CMV</i>)
405, 707	?	?	?			
ICI9, ICI13	?	?	?			
No 4-7	?	?	?			
Nema 282F	CaMV 35S	nos	?			
China Tomato 1	?	?	?			
China Tomato 2	?	?	?			
Japan Tomato 1	?	?	?			
Torenia						
1165, 1382	?	?	?			
Weizen						
MON71800	eCaMV 35S	nos	Herbizidtoleranz		CP4 epsps	
	P-ract1/tact1 intron	nos	Herbizidtoleranz		CP4 epsps	

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-
Methoden

Organismus	ubq1 + 1.Exon + 1.Intron (Z.mays)	nos	Pilzresistenz Selektionsmarker	Bla	pmi	FRG
fusarium resistant	ubq1 + Intron 9 (pepc; Z.mays) bakterieller Promotor	CaMV 35S	Antibiotikaresistenz			
Zuckerrübe						
GTSB77	FMV 35S	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	FMV 35S	nos	Herbizidtoleranz	CTP1	gox247	
	eCaMV 35S	E9	Selektionsmarker		uidA	
H7-1, RUR H7	FMV 35S	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
A5-15	FMV 35S	E9	Herbizidtoleranz	CTP2	CP4 epsps	
	eCaMV 35S	nos	Antibiotikaresistenz	CTP1	nptII	
T120-7	CaMV 35S	CaMV 35S	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
	nos	nos	Antibiotikaresistenz	nptII		
T252	CaMV 35S	?	Herbizidtoleranz		pat (s.v.)	
#203	?	?	?			
#77	?	?	?			

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

Tabelle 5: Screeningmöglichkeiten, Nachweismethoden, Referenzmaterial für gentechnisch veränderte Pflanzen (AOCS = American Oil Chemists' Society, BATS = BATS-Report des Zentrum für Biosicherheit und Nachhaltigkeit, BVL = Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, CRL = Community Reference Laboratories (in Klammern ist der Schritt angegeben in dem sich die Validierung befindet, 1-5), FIS-VL = Fachinformationssystem Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, GMDD = GMO detection method database, IRMM = Institute for Reference Materials and Measurements, LAG = Länderausschuß Gentechnik, LGL = Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit) (Stand: Oktober 2010)

Event	Nachweis- methoden	Referenz- material	Screening		
			P-35S + T- nos	P-ubq + cry1Ab	bar/pat/Cp4 ep- sps/ZM epsps
Adzuki-Bohne					
AR-9	BATS		☒	☒	☒
Ackerschmalwand					
			☒	☒	☒
Aubergine					
MHB-4, 9, 10, 11, 39, 80, 99, 112			☑	☒	☒
Baumwolle					
Event 1			☑	☒	☒
LLcotton25	BATS, CRL, GMDD	BVL	☑	☒	☑
LLcotton25x15985	CRL (5)		☑	☒	☑
GHB614	CRL	AOCS	☒	☒	☑
LLcotton25xGHB614	CRL (2)		☒	☒	☒
3006-210-23	CRL, GMDD		☒	☒	☑
281-24-236	CRL, GMDD		☒	☑	☑
3006-210-23x281-24-236	CRL	BVL, IRMM	☒	☑	☑
3006-210-23x281-24- 236x1445			☑	☑	☑
3006-210-23x281-24- 236x88913	CRL (2)		☑	☑	☑
MON531-757-1076	BATS, CRL, GMDD	AOCS, BVL	☑	☒	☒
1445	BATS, CRL, GMDD	AOCS, BVL, LGL	☑	☒	☑
15985	BATS, CRL, GMDD	BVL, LGL	☑	☒	☒
15985x1445	CRL	AOCS, BVL	☑	☒	☑
MON531x1445	CRL, BATS	BVL	☑	☒	☑
MON88913	CRL, GMDD		☑	☒	☑

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

MON15985xMON88913	BATS, CRL (5)		✓	✗	✓
BG4740	BATS		✗	✗	
China cotton 1 (Guokang)	BATS		✗	✗	✗
China cotton 2 (Zhong- mian)	BATS		✓	✗	✗
China cotton 3 (American DPL)	BATS		✗	✗	✗
19-51A	BATS		✗	✗	✗
31807, 31808	BATS		✓	✗	✗
COT 67B			✓	✗	✗
COT 102			✓	✗	✗
GBH119xT304-40		IRMM	?	✓	✓
1849			?	?	?
BXN	BATS		✓	✗	✗
Event 24			?	?	?
Event 9124			?	?	?
Blumenkohl					
CF156	BATS		?	?	?
Broccoli					
BR891	BATS		?	?	?
Creeping Bentgrass (Weißes Straußgras)					
ASR368			✓	✗	✗
Chrysantheme					
pac1 C2, C14-2, C29	BATS		✗	✗	✗
Eukalyptus					
ARB-FTE1-08			✗	✗	✗
Flachs					
FP967	BATS, CRL	LGL	✓	✗	✗
Gurke					
CR29, CR32, CR33	BATS		?	?	?
Kartoffel					
BT16	BATS, LAG		✓	✗	✗
BT10	BATS, LAG		✓	✗	✗

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

RBMT21-350	BATS, LAG, GMDD		✓	✗	✗
SPBT02-5	BATS, LAG, GMDD		✓	✗	✗
BT17	BATS, LAG		✓	✗	✗
RBMT-15-101	BATS, LAG, GMDD			✗	✗
BT23	BATS, LAG		✓	✗	✗
RBMT21-129	BATS, LAG, GMDD			✗	✗
ATBT04-6, ATBT04-27, ATBT04-30, ATBT04-31, ATB04-36	BATS, LAG		✓	✗	✗
BT12	BATS, LAG			✗	✗
SPBT02-7	BATS, LAG, GMDD		✓	✗	✗
BT06	BATS, LAG			✗	✗
RBMT22-82	BATS, LAG, GMDD		✓	✗	✓
BT18	BATS			✗	✗
SEMT15-15	BATS, LAG, GMDD		✓	✗	✗
SEMT15-02	BATS, LAG, GMDD			✗	✗
tBK50-13	LAG		✓	✗	✗
tBK50-66	LAG			✗	✗
HLMT15-46	BATS, LAG		?	?	?
EH 92-527-1	CRL, LAG	BVL, IRMM, LGL	✓	✗	✗
AV43-6-G7			✗	✗	✗
Kürbis					
CZW-3	BATS, BVL		✓	✗	✗
ZW20	BATS, BVL		✓	✗	✗
Luzerne					
J101, J163			✗	✗	✓
Mais					
MS3	BATS	FIS-VL	✓	✗	✓
T25	BATS, CRL, GMDD, LAG	AOCS, BVL, FIS-VL, LGL	✓	✗	✓
CBH-351	BATS, LAG	FIS-VL, LGL	✓	✗	✓
MS6	BATS	FIS-VL	✓	✗	✓

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

TC1507	BATS, CRL, GMDD	BVL, FIS- VL, IRMM, LGL	✓	✓	✓
TC1507xDas-59122	CRL		✓	✗	✓
TC1507xNK603	CRL		✓	✓	✓
TC6275		FIS-VL	✓	✓	✓
DAS40278			?	?	?
DAS40474			?	?	?
59122	CRL, GMDD	BVL, FIS- VL, IRMM, LGL	✓	✓	✓
Event 32	CRL		✓	✓	✓
59122-7xNK603	CRL		✓	✓	✓
DAS-59122- 7xTC1507xNK603	CRL		✓	✓	✓
DBT418	BATS	FIS-VL	✓	✗	✓
Bt16, DLL25	BATS, GMDD	FIS-VL	✓	✗	✓
Event 98140	CRL (5)	IRMM, LGL	✓	✓	✗
HCEM485			✗	✗	✓
GA21	BATS, CRL, GMDD	AOCS, BVL, FIS- VL, IRMM, LGL	✓	✗	✓
GA21xMON810	CRL (2)		✓	✓	✓
MIR604xGA21	CRL		✓	✓	✓
NK603	BATS, CRL, GMDD	AOCS, BVL, FIS- VL, IRMM, LGL	✓	✗	✓
NK603xT25	CRL (1)		✓	✗	✓
NK603xMON810	CRL	IRMM	✓	✗	✓
MON810	BATS, CRL, GMDD, LAG	AOCS, BVL, FIS- VL, IRMM, LGL	✓	✓	✗
MON810xMON88017	CRL		✓	✓	✓
MON810xLY038			✓	✓	✗
MON810xT25			✓	✓	✓
MON863	BATS, CRL, GMDD	AOCS, BVL, FIS- VL, IRMM, LGL	✓	✗	✗
MON863xNK603	CRL	BVL	✓	✗	✓

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

MON863xMON810	CRL	BVL, IRMM	✓	✓	✗
MON863xNK603xMON810	CRL	BVL, LGL	✓	✓	✓
MON80100	BATS	FIS-VL	✓	✓	✓
MON88017	CRL	AOCS, FIS-VL, LGL	✓	✗	✓
MON89034	CRL	AOCS, FIS-VL, LGL	✓	✗	✗
MON89034xNK603	CRL		✓	✗	✓
MON89034xMON88017	CRL		✓	✗	✓
MON89034x1507xNK603	CRL		✓	✓	✓
LY038	CRL	FIS-VL, LGL	✗	✗	✗
Bt11	BATS, CRL, GMDD, LAG	BVL, FIS-VL, IRMM, LGL	✓	✓	✓
Bt10	CRL, LAG	LGL	✓	✓	✓
Bt11xGA21	CRL		✓	✓	✓
Bt11xMIR162			✓	✓	✓
Bt11xMIR604	CRL		✓	✓	✓
Bt11xMIR604xGA21	CRL		✓	✓	✓
BT11xMIR162xMIR604			✓	✓	✓
Bt11xMIR162xGA21	CRL (5)		✓	✓	✓
Bt11xMIR162xMIR604xGA21	CRL (5)		✓	✓	✓
Event 3272	CRL	BVL, FIS-VL, IRMM, LGL	✓	✓	✗
Event 3243M			✓	✓	✗
Bt 176	BATS, CRL (5), GMDD, LAG	BVL, FIS-VL, IRMM, LGL	✓	✓	✓
MIR162			✓	✓	✗
MIR604	CRL, GMDD	AOCS, BVL, FIS-VL, IRMM, LGL	✓	✓	✗
MON802	BATS, GMDD	FIS-VL	✓	✓	✓
MON809	BATS, GMDD	FIS-VL	✓	✓	✓
MON832	BATS	FIS-VL	✓	✗	✓
MON87460	CRL (5)		✓	✗	
676, 678, 680		FIS-VL	✓	✗	✓

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

MON89034xTC1507x MON88017xDAS-59122	CRL		<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Melone					
A, B (Cantapoupe)	BATS		?	?	?
Prince Melon	BATS		?	?	?
Nelke					
1226A, 11226	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
1351A, 11351	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
1363A (Agbios: 959A, 988A, 1226A etc.)	BATS, CRL (1)		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
1400A, 11400	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
959A, 11959	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
988A, 11988	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
11, 7442	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
15	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
16	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
66	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
4	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
123.8.8, 40685	BATS		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
123.8.12, 40689	CRL		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
123.2.38, 40644, 121.2.7, 121.3.12, 123.1.36	BATS, CRL		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
123.2, 40619			<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
1.8.124, 16.0.66	BATS		?	?	?
8.6.25, 12.1.8, 17.3.67, 18.3.33, 20.9.53	BATS		?	?	?
A-127	BATS		?	?	?
linie-2, linie-11	BATS		?	?	?
25958	CRL (2)		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
19907			?	?	?
26407	CRL (2)		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Papaya					
55-1, 63-1	BATS, GMDD	FIS-VL, LGL	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
X17-2			<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Huanong 1 (Nr.308)			<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

Pappel					
Bt-Pappel			?	?	?
trg300-1			?	?	?
trg-300-2			?	?	?
Paprika					
PK-SP01	BATS		?	?	?
Petunie					
China Petunie1	BATS		?	?	?
Japan Petunie 1	BATS		?	?	?
Pflaume					
C5			✓	✗	✗
Radicchio					
RM3-3, RM3-4, RM3-6	BATS		✓	✗	✓
Raps					
RF1	BATS, CRL (5), GMDD, LAG	BVL, FIS-VL	✓	✗	✓
RF2	BATS, CRL (5), GMDD, LAG	BVL, FIS-VL	✓	✗	✓
RF3	BATS, CRL, GMDD, LAG	BVL, FIS-VL, LGL	✓	✗	✓
MS1	BATS, CRL (5), GMDD, LAG	BVL, FIS-VL	✓	✗	✓
MS1xRF1	BATS, CRL (2)		✓	✗	✓
MS1xRF2	BATS, CRL (2)		✓	✗	✓
MS8	BATS, CRL, GMDD, LAG	AOCS, BVL, FIS-VL, LGL	✓	✗	✓
MS8xRF3	BATS, GMDD	BVL, Sigma	✓	✗	✓
MS8xRF3xGT73	CRL (3)		✓	✗	✓
HCN92, Topas 19/2	BATS, CRL (5), GMDD, LAG	BVL, FIS-VL	✓	✗	✓
T45 / HCN28	BATS, CRL, GMDD	AOCS, BVL, FIS-VL, LGL	✓	✗	✓
pHoe6/Ac L62	BATS, LAG	FIS-VL	✓	✗	✓
Falcon GS40/90pHoe6/Ac	BATS, LAG	BVL, FIS-VL, LGL,	✓	✗	✓

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

		Sigma			
Oxy-235	BATS, GMDD	BVL, FIS-VL, LGL, Sigma	✓	✗	✗
pCGN3828	LAG		✓	✗	✗
Event 23	BATS, LAG	FIS-VL	✓	✗	✗
GT73, RT73	BATS, CRL, GMDD, LAG	AOCS, BVL, FIS-VL, LGL, Sigma	✗	✗	✓
GT200, RT200	BATS	FIS-VL	✗	✗	✓
MPS961/962/963/964/965	BATS		✓	✗	✗
HCN10	BATS	FIS-VL	✓	✗	✓
PHY14, PHY35	BATS		✓	✗	✓
PHY36	BATS	FIS-VL	✓	✗	✓
PHY23	BATS	FIS-VL	?	✗	✓
pRESS			?	?	?
HCR-1	BATS		✓	✗	✓
ZSR500/502, ZSR503	BATS		✗	✗	✓
Reis					
LLRICE06	BATS, GMDD	FIS-VL	✓	✗	✓
LLRICE62	BATS, CRL, GMDD	AOCS, BVL, FIS-VL, LGL	✓	✗	✓
LLRICE601	CRL	FIS-VL, LGL	✓	✗	✓
Kefeng 6		LGL	✓	✓	✗
LLRICE604			✓	✗	✗
KMD1		LGL	✓	✓	✗
Xa21 (China)			?	?	?
730, 1107, 1316, 1702, 1708, 1763	BATS		?	?	?
G2-59, G2-70, G2-138	BATS		?	?	?
Kinuhikari 1	BATS		?	?	?
Kinuhikari 2	BATS		?	?	?
KA130	BATS		?	?	?
Nihonbare 16-2	BATS		?	?	?
Nihonbare 20-2, 21-3	BATS		?	?	?
Tsuki-no-hikari H39, H75	BATS		?	?	?

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

KPD627-8			?	?	?
KPD722-4			?	?	?
KA317			?	?	?
B-4-1-18			?	?	?
G3-3-22			?	?	?
AD97			?	?	?
AD77			?	?	?
AD51			?	?	?
AD48			?	?	?
AD41			?	?	?
I3pNasNaatAprt1			?	?	?
HW5			?	?	?
HW1			?	?	?
7Crp#242-95-7, 7Crp#10			?	?	?
IMINTA-1, IMINTA-4			?	?	?
CL121, CL141, CFX51			☒	☒	☒
Bt63 (Shanyou(JinYou) 63)	CRL	FIS-VL-LGL	☑	☑	☒
Rose					
WKS82/130-9-1			☑	☒	☒
WKS82/130-4-1			☑	☒	☒
Soja					
W98, W62			☑	☒	☑
GU262	BATS		☑	☒	☑
A2704-21	BATS, GMDD	AOCS, LGL	☑	☒	☑
A2704-12, A5547-35	BATS, CRL, GMDD	BVL, LGL	☑	☒	☑
A5547-127	BATS, CRL	AOCS, BVL	☑	☒	☑
G94-1, G94-19, G168	BATS		☑	☒	☒
305423	CRL, GMDD	BVL, IRMM, LGL	☒	☒	☒
305423x40-3-2			?	?	?
356043	CRL, GMDD	BVL, IRMM, LGL	☒	☒	☒
MON 40-3-2 (GTS)	BATS, CRL, GMDD, LAG	BVL, IRMM, LGL	☑	☒	☑
MON89788	CRL, GMDD	AOCS,	☒	☒	☑

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

IRMM, LGL

DAS68416			?	?	✓
MON87701	CRL (5)		?	?	?
MON87701 x MON89788	CRL (5)		?	?	?
MON87705	CRL (2)		?	?	✓
MON87754			?	?	?
MON87769	CRL (3)		✗	?	✗
305423 x 40-3-2	CRL (5)		?	?	?
CV-127	CRL (5)		✗	✗	✗
Tabak					
C/F/93/08-2			✓	✗	✗
Vector 21-41	BATS		✓	✗	✗
PBD6-238-2	BATS		✗	✗	✗
Tomate					
1345-4	BATS		✓	✗	✗
35 1N	BATS		✓	✗	✗
5345	BATS		✓	✗	✗
8338	BATS		✓	✗	✗
B, Da, F	BATS		✓	✗	✗
FLAVR SAVR	BATS, GMDD		✓	✗	✗
Tomato Dadong 9			✗	✗	✗
Tomato PK-TM8805R			✗	✗	✗
117,1046, 1204, 1208	BATS		✗	✗	✗
405, 707	BATS		✗	✗	✗
ICI9, ICI13	BATS		✗	✗	✗
N° 4-7	BATS		✗	✗	✗
Nema 282F			✓	✗	✗
China Tomato 1	BATS		✗	✗	✗
China Tomato 2	BATS		✗	✗	✗
Japan Tomato 1	BATS		✗	✗	✗
Torenia					
1165, 1382	BATS		?	?	?

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

Weizen					
MON71800			✓	✗	✓
fusarium resistent			✓	✓	✗
Zuckerrübe					
GTSB77	BATS, LAG	FIS-VL	✓	✗	✓
H7-1	CRL, GMDD, LAG	BVL, FIS- VL, IRMM, LGL	✓	✗	✗
A5-15			✓	✗	✓
T120-7	BATS, LAG	FIS-VL, LGL	✓	✗	✓
T252	LAG	FIS-VL	✓	✗	✓
#203	LAG		?	?	?
#77	LAG	LGL	?	?	?

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

Tabelle 6: weltweite Anbauzulassungen von gentechnisch veränderten Pflanzen (Stand: Oktober 2010)

Pflanze	Unique identifier	Event-Name	Anbauzulassung seit	
USA				
Baumwolle	ACS-GHØØ1-3	LLcotton25	2003	
	BCS-GHØØ2-5	GHB614	2009	
	DAS-21Ø23-5	3006-210-23	2004	
	DAS-24236-5	281-24-236	2004	
	DAS-21Ø23-5xDAS-24236-5	3006-210-23x281-24-236	2004	
	MON-ØØ531-6	MON531	2005	
	MON-Ø1445-2	MON1445	1995	
	MON-15985-7	MON15985	2002	
	MON-88913-8	MON88913	2004	
	DD-Ø1951A-7	19-51A	1996	
		31807, 31808	1997	
		SYN-IR1Ø2-7	COT102	2005
		BXN-1Ø211-9, BXN-1Ø215-4, BXN-1Ø222-2	BXN	1994
Flachs	CDC-FLØØ1-2	FP967	1999	
Kartoffel	NMK-89167-6	Bt16	1995	
	NMK-89175-5	Bt10	1995	
	NMK-89185-6	RBMT21-350	1998	
	NMK-89576-1	SPBT02-5	1996	
	NMK-89593-9	BT17	1995	
	NMK-89653-6	RBMT-15-101	1999	
	NMK-89675-1	BT23	1995	
	NMK-89684-1	RBMT21-129	1998	
	NMK-89613-2	ATBT04-6, ATBT04-27, ATBT04-30, ATBT04-31, ATB04-36	1996	
	NMK-896Ø1-8	BT12	1995	
	NMK-89724-5	SPBT02-7	1996	
	NMK-89812-3	BT06	1995	
	NMK-89896-6	RBMT22-82	1995	
	NMK-899Ø6-7	BT18	1995	

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	NMK-89930-4	SEMT15-15	1999
	NMK-89935-9	SEMT15-02	1999
Kürbis	SEM-0CZW3-2	CZW-3	1996
	SEM-0ZW20-7	ZW20	1994
Mais	ACS-ZM001-9	MS3	1996
	ACS-ZM003-2	T25	1995
	ACS-ZM004-3	CBH-351	1998
	ACS-ZM005-4	MS6	1999
	DAS-01507-1	TC1507	2001
	DAS-06275-8	TC6275	2004
	DAS-59122-7	59122	2005
	DKB-89614-9	DBT418	1997
	DKB-89790-5	DLL25	1995
	DP-098140-6	Event 98140	2009
	MON-00021-9	GA21	1997
	MON-00603-6	NK603	2000
	MON-00810-6	MON810	1995
	MON-00863-5	MON863	2003
	MON-80100	MON801	1995
	MON-88017-3	MON88017	2005
	MON-89034-3	MON89034	2008
	REN-00038-3	LY038	2006
	SYN-BT011-1	Bt11	1996
	SYN-BT011-1xSYN-IR162-4	Bt11xMIR162	2009
		BT11xMIR162xMIR604	2009
		Bt176	1995
		MIR604	2007
		MON802	1997
		MON809	1996
	PH-000676-7, PH-000678-9, PH-000680-2	676, 678, 680	1998
	MON-89034-3xMON-88017-3x DAS-59122-7xDAS-01507-1	MON89034xTC1507x MON88017xDAS-59122	2009
	Papaya	CUH-CP551-8, CUH-CP631-7	55-1, 63-1

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	UFL-X17CP-6	X17-2	2009
Pflaume	ARS-PLMC5-6	C5	2007
Radicchio		RM3-3, RM3-4, RM3-6	1997
Raps	ACS-BNØØ1-4	RF1	2002
	ACS-BNØØ2-5	RF2	2002
	ACS-BNØØ3-6	RF3	1999
	ACS-BNØØ4-7	MS1	2002
	ACS-BNØØ4-7xACS-BNØØ1-4	MS1xRF1	2002
	ACS-BNØØ4-7xACS-BNØØ2-5	MS1xRF2	2002
	ACS-BNØØ5-8xACS-BNØØ3-6	MS8xRF3	1999
	ACS-BNØØ7-1	HCN92, Topas 19/2	2002
	ACS-BNØØ8-2	T45 / HCN28	1998
	CGN-89111-8	pCGN3828	1994
	CGN-89465-2	Event 23	1994
	MON-ØØØ73-7	GT73, RT73	1999
	MON-89249-2	GT200, RT200	2003
		HCN10	1995
Reis	ACS-OSØØ1-4	LLRICE06	1999
	ACS-OSØØ2-5	LLRICE62	1999
	BCS-OSØØ3-7	LLRICE601	2006
Soja	ACS-GMØØ1-8, ACS-GMØØ2-9	W98, W62	1996
	ACS-GMØØ3-1	GU262	1998
	ACS-GMØØ4-2	A2704-21	1996
	ACS-GMØØ5-3	A2704-12, A5547-35	1996
	ACS-GMØØ6-4	A5547-127	1998
	DD-Ø26ØØ5-3	G94-1, G94-19, G168	1997
	DP-3Ø5423-1	305423	2010
	DP-356Ø43-5	356043	2008
	MON-Ø4Ø32-6	MON 40-3-2 (GTS)	1994
	MON-89788-1	MON89788	2007
Tabak		Vector 21-41	2002
Tomate		1345-4	1995
		35 1N	1996

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

		5345	1998
		8338	2005
		B, Da, F	1995
Zuckerrübe		GTSB77	1998
	KM-ØØØH71-4	H7-1	2005
	ACS-BVØØ1-3	T120-7	1998
Kanada			
Kartoffel	NMK-89167-6	Bt16	1995
	NMK-89175-5	Bt10	1995
	NMK-89185-6	RBMT21-350	1999
	NMK-89593-9	BT17	1995
	NMK-89653-6	RBMT-15-101	1999
	NMK-89675-1	BT23	1995
	NMK-89684-1	RBMT21-129	1999
	NMK-89613-2	ATBT04-6, ATBT04-27, ATBT04-30, ATBT04-31, ATB04-36	1997
	NMK-896Ø1-8	BT12	1995
	NMK-89724-5	SPBT02-7	1995
	NMK-89812-3	BT06	1995
	NMK-89896-6	RBMT22-82	1995
	NMK-899Ø6-7	BT18	1995
	NMK-8993Ø-4	SEMT15-15	1999
	NMK-89935-9	SEMT15-02	1999
Luzerne	MON-ØØ1Ø1-8, MON-ØØ163-7	J101, J163	2005
Mais	ACS-ZMØØ1-9	MS3	1996
	ACS-ZMØØ3-2, (ACS-ZMØØ2-1)	T25	1996
	DAS-Ø15Ø7-1	TC1507	2002
	DAS-Ø15Ø7-1xDAS-59122-7	TC1507xDAS-59122	2006
	DAS-Ø15Ø7-1xMON-ØØ6Ø3-6	TC1507xNK603	2006
	DAS-Ø6275-8	TC6275	2006
	DAS-59122-7	59122	2005
	DAS-59122-7xMON-ØØ6Ø3-6	DAS-59122-7xNK603	2005
	DAS-Ø15Ø7-1xDAS-59122-7x MON-ØØ6Ø3-6	DAS-59122-7xTC1507xNK603	2006

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	DKB-89614-9	DBT418	1997
	DKB-89790-5	DLL25	1996
	DP-098140-6	Event 98140	2009
	MON-00021-9	GA21	1998
	MON-00603-6	NK603	2001
	MON-00603-6xMON00810-6	NK603xMON810	2001
	MON-00810-6	MON810	1997
	MON-88017-3xMON-00810-6	MON810xMON88017	2006
	MON-00863-5	MON863	2003
	MON-0863-5xMON-00603-6x MON-00810-6	MON863xNK603xMON810	2004
	MON-88017-3	MON88017	2006
	MON-89034-3	MON89034	2008
	REN-00038-3	LY038	2006
	SYN-BT011-1	Bt 11	1996
	SYN-BT011-1xMON-00021-9	Bt11xGA21	2005
	SYN-BT011-1xSYN-IR604-5	Bt11xMIR604	2007
	SYN-BT011-1xSYN-IR604-5x MON-00021-9	Bt11xMIR604xGA21	2007
	SYN-E3272-5	Event 3272	2008
	SYN-EV176-9	Bt 176	1996
	SYN-IR604-5	MIR604	2007
	MON-80200-7	MON802	1997
	PH-MON809-2	MON809	1996
	MON-89034-3xMON-88017-3x DAS-59122-7xDAS-01507-1	MON89034xTC1507xMON88017x DAS-59122	2009
Raps	ACS-BN001-4	RF1	1995
	ACS-BN002-5	RF2	1995
	ACS-BN004-7	ACS-BN004-7	1995
	ACS-BN004-7xACS-BN001-4	ACS-BN004-7xACS-BN001-4	1995
	ACS-BN004-7xACS-BN002-5	MS1xRF2	1995
	ACS-BN005-8xACS-BN003-6	MS8xRF3	1996
	ACS-BN007-1	HCN92, Topas 19/2	1995
	ACS-BN008-2	T45 / HCN28	1996
	ACS-BN011-5	Oxy-235	1997

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	CGN-89465-2	Event 23	1996
	MON-ØØØ73-7	GT73, RT73	1995
	MON-89249-2	GT200, RT200	1996
		HCN10	1995
		HCR-1	1998
		ZSR500/502, ZSR503	1997
Soja	ACS-GMØØ5-3	ACS-GMØØ5-3	1999
	ACS-GMØØ6-4	ACS-GMØØ6-4	2000
	DD-Ø26ØØ5-3	G94-1, G94-19, G168	2000
	DP-3Ø5423-1	305423	2009
	DP-356Ø43-5	356043	2009
	MON-Ø4Ø32-6	MON 40-3-2 (GTS)	1995
	MON-89788-1	MON89788	2007
Zuckerrübe	KM-ØØØH71-4	H7-1	2005
	ACS-BVØØ1-3	T120-7	2001
Japan			
Adzuki-Bohne		AR-9	1999
Baumwolle	ACS-GHØØ1-3xMON-15985-7	LLcotton25x15985	2007
	BCS-GHØØ2-5	GHB614	2010
	MON-ØØ531-6	MON531	1997
	MON-Ø1445-2	1445	1997
		BG4740	1998
		31807, 31808	1998
		BXN-1Ø211-9, BXN-1Ø215-4, BXN-1Ø222-2	BXN
Blumenkohl		CF156	2001
Luzerne	MON-ØØ1Ø1-8, MON-ØØ163-7	J101, J163	2006
Mais	ACS-ZMØØ3-2	T25	1997
	DAS-Ø15Ø7-1	TC1507	2002
	DAS-Ø15Ø7-1xDAS-59122-7	TC1507xDAS-59122	2006
	DAS-Ø15Ø7-1xMON-ØØ6Ø3-6	TC1507xNK603	2005
	DAS-Ø6275-8	TC6275	2008
	DAS-59122-7	59122	2006

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	DAS-59122-7xMON-ØØ6Ø3-6	DAS-59122-7xNK603	2006
	DAS-Ø15Ø7-1xDAS-59122-7x MON-ØØ6Ø3-6	DAS-59122-7xTC1507xNK603	2006
	DKB-89614-9	DBT418	1999
	DKB-8979Ø-5	DLL25	1999
	MON-ØØØ21-9	GA21	1998
	SYN-IR6Ø4-5xMON-ØØØ21-9	MIR604xGA21	2007
	MON-ØØ6Ø3-6	NK603	2001
	MON-00603-6xACS-ZM003-2	NK603xT25	2010
	MON-ØØ6Ø3-6xMONØØ81Ø-6	NK603xMON810	2004
	MON-ØØ81Ø-6	MON810	1996
	REN-ØØØ38-3xMON-ØØ81Ø-6	MON810xLY038	2007
	MON-ØØ863-5xMON-ØØ6Ø3-6	MON863xNK603	2004
	MON-Ø863-5xMON-ØØ81Ø-6	MON863xMON810	2004
	MON-Ø863-5xMON-ØØ6Ø3-6x MON-ØØ81Ø-6	MON863xNK603xMON810	2004
	MON-88Ø17-3	MON88017	2006
	MON-89Ø34-3	MON89034	2008
	REN-ØØØ38-3	LY038	2007
	SYN-BTØ11-1	Bt 11	2006
	SYN-BTØ11-1xMON-ØØØ21-9	Bt11xGA21	2007
	SYN-EV176-9	Bt 176	1996
	SYN-IR6Ø4-5	MIR604	2007
	MON-8Ø2ØØ-7	MON802	1997
	PH-MON8Ø9-2	MON809	1997
	MON-89Ø34-3xMON-88Ø17-3x DAS-59122-7xDAS-Ø15Ø7-1	MON89034xTC1507xMON88017x DAS-59122	2009
Nelke	FLO-4Ø685-1	123.8.8, 40685	
	FLO-4Ø644-4	123.2.38, 40644, 121.2.7, 121.3.12, 123.1.36	
	FLO-4Ø619-7	123.2, 40619	
Raps	ACS-BNØØ1-4	RF1	1996
	ACS-BNØØ2-5	RF2	1997
	ACS-BNØØ4-7	ACS-BNØØ4-7	1996
	ACS-BNØØ4-7xACS-BNØØ1-4	ACS-BNØØ4-7xACS-BNØØ1-4	1996

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	ACS-BNØØ4-7xACS-BNØØ2-5	MS1xRF2	1997
	ACS-BNØØ5-8xACS-BNØØ3-6	MS8xRF3	1998
	ACS-BNØØ7-1	HCN92, Topas 19/2	1996
	ACS-BNØØ8-2	T45 / HCN28	1997
	ACS-BNØ11-5	Oxy-235	1998
	MON-ØØØ73-7	GT73, RT73	1996
	MON-89249-2	GT200, RT200	2006
		HCN10	1997
		PHY14, PHY35	1997
		PHY36	1997
Soja	ACS-GMØØ5-3	ACS-GMØØ5-3	1999
	ACS-GMØØ6-4	ACS-GMØØ6-4	2006
	DD-Ø26ØØ5-3	G94-1, G94-19, G168	1999
	DP-356Ø43-5	356043	2009
	MON-Ø4Ø32-6	MON 40-3-2 (GTS)	1996
	MON-89788-1	MON89788	2008
Zuckerrübe	KM-ØØØH71-4	H7-1	2007
Australien			
Baumwolle	ACS-GHØØ1-3	LLcotton25	2006
	MON-ØØ531-6	MON531-757-1076	1996
	MON-Ø1445-2	1445	2000
	MON-15985-7xMON-Ø1445-2	15985x1445	2002
	MON-ØØ531-6xMON-Ø1445-2	MON531x1445	2003
	MON-88913-8	MON88913	2006
	MON-15985-7xMON-88913-8	MON15985xMON88913	2006
Nelke	FLO-Ø7442-4	11, 7442	1995
	FLO-ØØØ15-2	15	1995
	FLO-ØØØ16-3	16	1995
	FLO-ØØØ66-8	66	1995
	FLO-ØØØØ4-9	4	1995
	FLO-4Ø685-1	123.8.8, 40685	
	FLO-4Ø644-4	123.2.38, 40644, 121.2.7, 121.3.12, 123.1.36	
	FLO-4Ø619-7	123.2, 40619	

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	IFD-25958-3	25958	
	IFD-26407-2	26407	
Raps	ACS-BN001-4	RF1	2003
	ACS-BN002-5	RF2	2003
	ACS-BN004-7	MS1	2003
	ACS-BN004-7xACS-BN001-4	MS1xRF1	2003
	ACS-BN004-7xACS-BN002-5	MS1xRF2	2003
	ACS-BN005-8xACS-BN003-6	MS8xRF3	2003
	ACS-BN007-1	HCN92, Topas 19/2	2003
	ACS-BN008-2	T45 / HCN28	2003
	MON-00073-7	GT73, RT73	2003
Brasilien			
Baumwolle	ACS-GH001-3	LLcotton25	2008
	DAS-21023-5xDAS-24236-5	3006-210-23x281-24-236	2009
	MON-00531-6	MON531-757-1076	2005
	MON-01445-2	1445	2008
	MON-15985-7	15985	2009
	MON-00531-6xMON-01445-2	MON531x1445	2009
Mais	ACS-ZM003-2	T25	2007
	DAS-01507-1	TC1507	2008
	DAS-01507-1xMON-00603-6	TC1507xNK603	2009
	MON-00021-9	GA21	2008
	MON-00603-6	NK603	2008
	MON-00603-6xMON00810-6	NK603xMON810	2009
	MON-00810-6	MON810	2007
	MON-89034-3	MON89034	2008
	SYN-BT011-1	Bt 11	2007
	SYN-BT011-1xMON-00021-9	Bt11xGA21	2009
	SYN-IR162-4	MIR162	2009
Soja	ACS-GM005-3	ACS-GM005-3	2010
	ACS-GM006-4	ACS-GM006-4	2010
	MON-04032-6	MON 40-3-2 (GTS)	2008
	BPS-CV127-9	CV-127	2009

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	MON-89788-1	MON89788	2010
Argentinien			
Baumwolle	MON-ØØ531-6	MON531-757-1076	1998
	MON-Ø1445-2	1445	1999
	MON-15985-7	15985	2002
	MON-ØØ531-6xMON-Ø1445-2	MON531x1445	2009
	ACS-ZMØØ3-2	T25	1998
	DAS-Ø15Ø7-1	TC1507	2005
	DAS-Ø15Ø7-1xMON-ØØ6Ø3-6	TC1507xNK603	2008
	DKB-89614-9	DBT418	1998
	MON-ØØØ21-9	GA21	1998
	MON-ØØ6Ø3-6	NK603	2004
	MON-ØØ6Ø3-6xMONØØ81Ø-6	NK603xMON810	2007
	MON-ØØ81Ø-6	MON810	1998
	SYN-BTØ11-1	Bt 11	2001
	SYN-EV176-9	Bt 176	1996
Mais	MON-ØØ81Ø-6	MON810	1998
	DAS-Ø15Ø7-1	TC1507	2005
	MON-ØØ6Ø3-6	NK603	2004
	DAS-Ø15Ø7-1xMON-ØØ6Ø3-6	TC1507xNK603	2008
	MON-ØØ6Ø3-6xMONØØ81Ø-6	NK603xMON810	2007
	MON-89Ø34-3xMON-88Ø17-3	MON89034xMON88017	2010
Soja	MON-Ø4Ø32-6	MON 40-3-2 (GTS)	1996
Südafrika			
Baumwolle	MON-ØØ531-6	MON531-757-1076	1997
	MON-Ø1445-2	1445	2000
	MON-15985-7	15985	2003
	MON-ØØ531-6xMON-Ø1445-2	MON531x1445	2005
	MON-88913-8	MON88913	2007
	MON-15985-7xMON-88913-8	MON15985xMON88913	2007
Mais	MON-ØØ6Ø3-6	NK603	2002
	MON-ØØ6Ø3-6xMONØØ81Ø-6	NK603xMON810	2007
	MON-ØØ81Ø-6	MON810	1997

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

	SYN-BTØ11-1	Bt 11	2003
Soja	MON-Ø4Ø32-6	MON 40-3-2 (GTS)	2001
Kolumbien			
Baumwolle	MON-ØØ531-6	MON531-757-1076	2003
	MON-Ø1445-2	1445	2004
Mais	SYN-BTØ11-1	Bt 11	2008
Nelke	FLO-11226-8	1226A, 11226	2000
	FLO-11363-1	1363A	2000
	FLO-11959-3	959A, 11959	2000
	IFD-25958-3	25958	
	IFD-264Ø7-2	264Ø7	
Philippinen			
Mais	MON-ØØØ21-9	GA21	2009
	MON-ØØ6Ø3-6	NK603	2005
	MON-ØØ6Ø3-6xMONØØ81Ø-6	NK603xMON810	2005
	MON-ØØ81Ø-6	MON810	2002
	SYN-BTØ11-1	Bt 11	2005
Indien			
Baumwolle		Event 1	2006
	MON-ØØ531-6	MON531-757-1076	2002
	MON-15985-7	15985	2006
		Event 9124	2009
Europäische Union			
Kartoffel	BPS-25271-9	EH 92-527-1	2010
Mais	MON-ØØ81Ø-6	MON810	1998
Uruguay			
Mais	MON-ØØ81Ø-6	MON810	2003
	SYN-BTØ11-1	Bt 11 (X4334CBR,X4734CBR)	2004
Soja	MON-Ø4Ø32-6	MON 40-3-2 (GTS)	1997
Südkorea			
Mais	SYN-IR6Ø4-5xMON-ØØØ21-9	MIR604xGA21	2008
	SYN-BTØ11-1xSYN-IR6Ø4-5x MON-ØØØ21-9	Bt11xMIR604xGA21	2008

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

Mexiko			
Baumwolle	MON-ØØ531-6	MON531-757-1076	1997
Soja	MON-Ø4Ø32-6	MON 40-3-2 (GTS)	1998
Burkina Faso			
Baumwolle	MON-15985-7	15985	2008
Paraguay			
Soja	MON-Ø4Ø32-6	MON 40-3-2 (GTS)	2004

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

Tabelle 7: Eingebrachte Genelemente und deren Abkürzungen (Stand: Oktober 2010)

Nr.	Abkürzung	Beschreibung
Promotorelemente (P)		
P-1	2xAS1 + CaMV 35S	zweifach verstärkter (enhanced) CaMV 35S Promotor
P-2	2xAS1 + CaMV 35S + ract1 intron	zweifach verstärkter (enhanced) CaMV 35S Promotor mit dem ersten Intron des rice actin gene (<i>Oryza sativa</i>)
P-3	2xAS1 + CaMV 35S + UTR + ract1 intron	zweifach verstärkter (enhanced) CaMV 35S Promotor mit nicht-translatiertem Bereich des Chlorophyll a/b-binding protein und mit dem ersten Intron des rice actin gene (<i>Oryza sativa</i>)
P-4	4xAS1 + CaMV 35S	vierfach verstärkter (enhanced) CaMV 35S Promotor
P-5	(4OCS)delta-mas2'	Promotor des Mannopin Synthase Gens mit vier Kopien des Octopin Synthase enhancers aus <i>A.tumefaciens</i> LBA 4404 pT115955
P-6	5'-cab	5' nicht-translatierte Region des Chlorophyll a/b Bindeproteins
P-7	5126del (<i>Z.mays</i>)	Antheren-spezifischer 5126del Promotor aus Mais
P-8	7S α'	Promotor and Leader Sequenz des <i>Sphas1</i> Gens, das für das beta-conglycinin storage protein (alpha'-bcsp) kodiert
P-9	act1	Actin 1 Promotor aus Reis
P-10	adh1 intron IV	alcohol dehydrogenase (adh1) gene introns I and VI
P-11	AHAS	nativer Acetohydroxyacid Synthase Promotor der großen Untereinheit
P-12	AHAS (<i>A.thaliana</i>)	nativer Acetohydroxyacid Synthase Promotor der großen Untereinheit aus <i>A.thaliana</i>
P-13	ALS1	Acetolactat Synthase Promotor
P-14	AS1	Aktivierungssequenz (enhancer) von CaMV 35S, liegt innerhalb der CaMV 35S-Sequenz
P-15	b-conglycinin (<i>G.max</i>)	Promotor des β-conglycinin Gen aus Soja
P-16	CaMV 35S	Cauliflower Mosaik Virus Promoter der 35S-RNA – konstitutiv in Pflanzen exprimiert, sehr gering in Pollen
P-17	CaMV 35S/ACT8	Chimärer Promotor aus act8f Promotor, CaMV 35S enhancer und act8 Leader- und Intronsequenz aus <i>A.thaliana</i>
P-18	CDPK (<i>Z.mays</i>)	Promotor der Calcium-abhängigen Proteinkinase aus Mais
P-19	CHS (petal specific <i>A.majus</i>)	Promotor des Chalcon Synthase Gens aus <i>A.majus</i>
P-20	CHS (petal specific from petunia)	Promotor der Chalcon Synthase Gens aus <i>P.hybrida</i>
P-21	CHS (Snapdragon)	Promotor der Chalcon Synthase Gens aus Löwenmaul
P-22	CMoVb	modifizierter Promotor des Braunwurz-Mosaik Virus

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

P-23	cruciferinA	Promotor des cruciferin Gens
P-24	<i>Dc</i> ANS	Promotor des Anthocyanidin Synthase Gens aus <i>D.caryophyllus</i>
P-25	DFR	Dihydroflavonol 4-Reduktase Promotor
P-26	eCaMV 35S	verstärkter (enhanced) CaMV35S Promoter (1xAS1+CaMV35S)
P-27	eFMV 35S	verstärkter (enhanced) Promotor des Figwort Mosaic Virus
P-28	FMV 35S	Promotor des Figwort Mosaic Virus
P-29	FMV/TSF1	Chimärer Promotor aus tsf1-Promotor (<i>A.thaliana</i>), dem kodierenden Elongationsfaktor EF-1 α , Verstärkersequenz des Figwort Mosaic Virus 35S und Start- und Intronsequenzen des tsf1-Gens (<i>A.thaliana</i>)
P-30	glb1 (<i>Z.mays</i>)	Promotor des Globulin 1 Gens aus Mais, vorwiegend im Keimling im Maiskorn aktiv
P-31	H2B	Promotor der Histon-Untereinheit H2B
P-32	HSP70	5' untranslatierte Leader Sequenz des heat shock protein aus der Petunie
P-33	HSP70 Intron (<i>Z.mays</i>)	heat shock protein Intron aus Mais
P-34	Intron 9 (pepc; <i>Z.mays</i>)	Intron 9 des Phosphoenolpyruvat Carboxylase Gens aus Mais
P-35	IVS2, IVS6	IVS2 bzw. IVS6 Intron des Alkoholdehydrogenase Gens aus Mais
P-36	Kti3	Kunitz Trypsin Inhibitor Promotor aus Soja
P-37	loxP + CaMV 35S	flankierende loxP-Regionen und ein konstitutiv exprimierender CaMV 35S Promotor
P-38	mac-1 (<i>A.tumefaciens</i>)	Chimärer Promotor aus Mannopin Synthase Promotor (mas, <i>A.tumefaciens</i>) und CaMV 35S enhancer Region
P-39	mas	Mannopin Synthase Promotor
P-40	modif. act2+1.Ex+1.Int	Modifizierter Actin-2 Promotor plus 1. Exon und 1.Intron aus <i>A.thaliana</i>
P-41	nos	Promotorsequenz des Nopalin Synthase aus <i>A.tumefaciens</i> ; konstitutiv in Pflanzen, leicht erhöhte Expression in den Wurzeln
P-42	NtQPT1	Promotor der nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase aus <i>N.tabaccum</i>
P-43	OCS	Octopin Synthase enhancer aus <i>A.tumefaciens</i>
P-44	pE8	Promotor aus der Tomate
P-45	Peroxidase (<i>T.aestivum</i>)	Promotor des Peroxidase Gens aus <i>T.aestivum</i> , erhöhte Expression in den Wurzeln
P-46	p-Zein	Promotor des Zein Gens aus Mais (27 kDa), Pollen-spezifische Expression
P-47	Ph4a748At, h3At	Ph4a748At Promotor und h3At Intron aus <i>A.thaliana</i> (Histon 4 Gen)

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

P-48	<i>Ph DFR</i>	Dihydroflavonol 4-Reduktase Promotor von <i>P.hybrida</i>
P-49	p-MT-like (<i>Z.mays</i>)	Promotor des metallothionein-like Gens aus Mais, vorwiegend Expression in der Wurzel
P-50	p-PEPC	Promotor des Phosphoenolpyruvat Carboxylase Gens aus Mais
P-51	PSsuAra (<i>A.thaliana</i>)	Promotor der kleinen Untereinheit der Ribulose-1,5-bisphosphat-Carboxylase aus <i>A.thaliana</i>
P-52	pTa29	Pollen-spezifischer, Antheren-spezifischer Promotor aus <i>T.tabacum</i>
P-53	ubq1 (<i>Z.mays</i>)	Ubiquitin Promotor aus Mais
P-54	ubq3 + 1.Intron (<i>A. thaliana</i>)	Ubiquitin 3 Promotor und das 1.Intron aus <i>A.thaliana</i>
P-55	ract1	Actin 1 Intron aus Reis
P-56	SAMS	Konstitutiver Promotor der S-adenosyl-L-methionin Synthetase aus Soja (<i>G.max</i>)
P-57	SCP1	Synthetischer Promotor, enthält Teile des CaMV 35S Promotors und der Rsyn7-Syn II Core synthetic consensus Sequenz
P-58	SSU1A (<i>A.thaliana</i>)	Promotor der kleinen Untereinheit der Ribulose-1,5-bisphosphat-Carboxylase aus <i>A.thaliana</i>
P-59	TMV omega 5'-UTR	5' nicht-translatierte Leader Region des Tobacco Mosaic Virus
Terminatorelemente (T)		
T-1	7S b-conglycinin	3' poly-A Signal der α -Untereinheit des β -conglycinin Gens aus Soja (<i>G.max</i>)
T-2	AHAS	nativer Acetohydroxyacid Synthase Terminator der großen Untereinheit
T-3	ALS	Nativer Acetolactat Synthase Terminator aus <i>A.thaliana</i>
T-4	CaMV 35S	Cauliflower Mosaik Virus Terminator der 35S-RNA
T-5	crucA	Cruciferin A Transkript Terminator (<i>B.napus</i>)
T-6	D8 (<i>P.hybrida</i>)	Phospholipid Transfer Protein Homolog Terminator (<i>P.hybrida</i>)
T-7	<i>Dc Ans</i>	Anthocyanidin Synthase Terminator aus <i>D.caryophyllus</i>
T-8	dfr	Terminator des Dihydroflavonol Reductase Gens aus <i>P.hybrida</i>
T-9	E9	Terminator des Ribulose-1,5-bisphosphat Carboxylase Gens (kleine Untereinheit) aus der Erbse (<i>P.sativum</i>)
T-10	g7	Nicht-translatierter Promotor aus <i>A.tumefaciens</i>
T-11	glb1 (<i>Z.mays</i>)	3' Region des Globulin 1 Gens aus Mais
T-12	gm-hra	Terminator des Acetolactat Synthase Gens aus Soja (<i>G.max</i>)

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

T-13	histon (<i>A.thaliana</i>)	3' Region des Histon H4 Gens aus <i>A.thaliana</i>
T-14	hsp17.3	Terminatorregion des heat shock proteins 17.3 aus <i>T.aestivum</i>
T-15	Kti3	Terminator des Kunitz Trypsin Inhibitor Gens aus Soja (<i>G.max</i>)
T-16	mas	Mannopin Synthase Terminator aus <i>A.tumefaciens</i>
T-17	napin	Terminator des Napin Gens aus <i>B.napus</i>
T-18	nos	Nopalinn Synthase Terminator, 3' Polyadenylierungssignal
T-19	nos-loxP	flankierende loxP-Regionen und nos-Terminator
T-20	OCS	Terminator der Octopin Synthase
T-21	ORF25	Polyadenylierungssignal vom ORF25 (<i>A.tumefaciens</i>)
T-22	phaseolin	Terminator des Phaseolin Gens aus <i>P.vulgaris</i>
T-23	pin II (<i>S.tuberosum</i>)	Terminator des Proteinase Inhibitors II aus der Kartoffel (<i>S.tuberosum</i>)
T-24	rbcS (<i>pea</i>)	Polyadenylierungssignal des Ribulose-1,5-bisphosphat Carboxylase Gens aus der Erbse
T-25	surB	Acetolactat Synthase Terminator aus <i>N.tabaccum</i>
T-26	tahsp17	nicht-translatierter Bereich des heat shock protein 17.3
T-27	tml	Terminator des tml Gens aus <i>A.tumefaciens</i>
T-28	tml/Tr7	Terminator des tml Gens und des Transkript7 des Octopin-Type Ti-Plasmids pTiA6 (<i>A.tumefaciens</i>)
T-29	Tr7	Terminationssignal des T-DNA Transkript7 aus <i>A.tumefaciens</i>
T-30	UTR	nicht-translatierter Bereich
T-31	UTR (tahsp17)	nicht-translatierter Bereich des heat shock proteins aus <i>A.thaliana</i>

Signalpeptide (S)

S-1	α -amylase signal peptid	synthetische Signalpeptid-Sequenz der α -Amylase aus Roggen
S-2	CTP	kodiert für chloroplastidäres Transitpeptid
S-3	CTP1	kodiert für chloroplast transit peptide mit N-terminaler Sequenz des kleinen Unter-heit 1A der ribulose-1,5-bisphosphat Carboxylase von <i>A.thaliana</i>
S-4	CTP2	kodiert für chloroplast transit peptide aus dem epsps Gen von <i>A.thaliana</i>
S-5	CTP3 (<i>ShkG A. th.</i>)	kodierende Sequenz des chloroplast transit peptide (TP3) des ShkG Gens aus <i>A.thaliana</i>

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

S-6	CTP4 (<i>Petunia</i>)	kodiert für chloroplast transit peptide aus <i>P.hybrida</i>
S-7	CTP (<i>cab22L</i> gene of <i>P.hybrida</i>)	kodiert für chloroplastidäres Transitpeptid mit Leader Sequenz des <i>cab22L</i> Gens aus <i>P.hybrida</i>
S-8	CTP DHDPS (<i>Z.mays</i>)	chloroplastidäre Signalsequenz von Dihydrodipicolinat Synthase aus Mais
S-9	CTP RuBisCO	kodiert für chloroplastidäres Transitpeptid von RuBisCo aus Mais, Sonnenblume
S-10	CTP RuBisCO <i>ssu</i>	kodiert für chloroplastidäres Transitpeptid von der kleinen Untereinheit 1 von RuBisCo (<i>Z.mays</i>)
S-11	oCTP RuBisCO	kodiert für optimisiertes chloroplastidäres Transitpeptid von RuBisCo aus Mais, Sonnenblume
S-12	TPop C	kodiert für optimisiertes Transitpeptid aus Mais und Sonnenblume
Antibiotikaresistenzen (A)		
A-1	<i>aad</i>	3''(9)-O-aminoglycoside adenylyltransferase – Streptomycin- und Spectinomycin-Resistenz
A-2	<i>aph4</i>	Aminocytidol-Phosphotransferase – Resistenz gegenüber Kanamycin, Neomycin, Paromomycin, Ribostamycin und Lividomycin
A-3	<i>bla</i>	β -Lactamase-Enzym – Resistenz gegenüber einigen β -Lactam-Antibiotika
A-4	<i>hyg</i>	Resistenz gegenüber Hygromycin
A-5	<i>npt II</i>	Npt II-neomycin-phosphotransferase II – Resistenz gegenüber Neomycin und Kanamycin
Herbizidtoleranzen (H)		
H-1	<i>2mepsps</i> (<i>Z.mays</i>)	Wildtyp <i>epsps</i> Gen aus Mais mit zwei Punktmutationen – Glyphosat-Resistenz
H-2	<i>aad-1</i>	Aryloxyalkanoat dioxygenase Gen – Aryloxyalkanoat-Resistenz
H-3	<i>aad-12</i>	Aryloxyalkanoat dioxygenase Gen – Aryloxyalkanoat-Resistenz
H-4	<i>als</i> (<i>A.thaliana</i>)	Acetolactat Synthase mit Austausch einer Aminosäure im Vergleich zum nativen Protein von <i>A.thaliana</i> – Sulfonylurea-Resistenz
H-5	<i>bar</i>	Phosphinothricin-(N)-Acetyltransferase Enzym (PAT) von <i>S.hygroscopicus</i> – Basta®-Resistenz
H-6	<i>bxn</i>	Bromoxynil-Nitrilase – Resistenz gegenüber Buctril®
H-7	CP4 <i>epsps</i>	5-Enolpyruvylshikimat-3-Phosphat Synthase aus <i>Agrobacterium sp. strain CP4</i> – Glyphosat-Resistenz
H-8	<i>csr1-2</i> (<i>A.thaliana</i>)	Acetolactat Synthase (ALS), Acethydroxyacid Synthase (AHAS) von <i>A.thaliana</i> – Imidazolinon-Resistenz
H-9	<i>epsps</i>	5-Enolpyruvylshikimat-3-Phosphat Synthase – Glyphosat-Resistenz
H-10	<i>gat4601</i>	Glyphosat N-Acyltransferase (Gen basiert auf drei <i>gat</i> Genen von <i>B.licheniformis</i> – Glyphosat-Resistenz
H-11	<i>gat4621</i>	Glyphosat N-Acyltransferase – Glyphosat-Resistenz

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

H-12	gm-hra	Modifizierte Acetolactat Synthase aus Soja (<i>G.max</i>) mit zwei Aminosäuresubstitutionen und fünf zusätzliche Aminosäuren am N-terminalen Ende – Sulfonylurea-Resistenz
H-13	gox247	Glyphosat Oxidoreduktase von <i>O.anthropi</i> – Glyphosat-Resistenz
H-14	m-epsps (<i>Z.mays</i>)	Modifizierte 5-Enolpyruvylshikimat-3-Phosphat Synthase aus Mais
H-15	Ntsurb	Acetolactat Synthase von <i>N.tabaccum</i> – Sulfonylurea-Resistenz
H-16	pat (s.v.)	Phosphinothricin-(N)-Acyltransferase Enzym von <i>S.viridochromogens strain</i> – Basta®-Resistenz
H-17	zm-hra	Modifizierte Acetolactat Synthase aus Mais (<i>Z.mays</i>) – Sulfonylurea-Resistenz
Insektenresistenzen (I)		
I-1	cry1A.105	Die Expression des cry1A Gens vermittelt den gentechnisch veränderten Pflanzen Fraßschutz vor Larven aus der Familie der Lepidoptera (Schmetterlinge).
I-2	cry1Ab	Expression des cry1Ab Gens vermittelt einen Schutz gegen Schmetterlinge (Lepidoptera); besonders zum Schutz vor dem Maiszünsler (European Corn Borer, <i>Ostrinia nubilalis</i>); aus <i>Bacillus thuringiensis</i>
I-3	cry1Ab-truncated	Expression des verkürzten cry1Ab Gens vermittelt einen Schutz gegen Schmetterlinge (Lepidoptera); besonders zum Schutz vor dem Maiszünsler (European Corn Borer, <i>Ostrinia nubilalis</i>) ; aus <i>Bacillus thuringiensis</i> subsp. <i>Kurstaki HD1</i>
I-4	cry1Ac	Expression des cry1Ac Gens vermittelt einen Schutz gegen Schmetterlinge (Lepidoptera) ; aus <i>Bacillus thuringiensis</i>
I-5	cry1F	Schmetterlingsresistenz aus <i>Bacillus thuringiensis</i> subsp. <i>aizawai</i> ; Sequenz wurde für die Expression in Pflanzen optimiert
I-6	cry1Fa2	Expression des cry1Fa2 Gens vermittelt einen Schutz gegen Schmetterlinge (Lepidoptera) ; aus <i>Bacillus thuringiensis</i>
I-7	cry2A	Expression des cry2A Gens vermittelt einen Schutz gegen Schmetterlinge (Lepidoptera); besonders zum Schutz vor dem Maiszünsler (European Corn Borer, <i>Ostrinia nubilalis</i>); aus <i>Bacillus thuringiensis</i>
I-8	cry2Ab	Insektenresistenz durch das cry2Ab Gen aus <i>Bacillus thuringiensis</i>
I-9	cry2Ae	Insektenresistenz durch das cry2Ab Gen aus <i>Bacillus thuringiensis</i>
I-10	cry2Bb1	Insektenresistenz durch das cry2Bb1 Gen aus <i>Bacillus thuringiensis</i>
I-11	cry34Ab1	Resistenz gegen den Maiswurzelbohrer (Corn Rootworm, <i>Diabrotica virgifera</i>); aus <i>Bacillus thuringiensis PS149B1</i>
I-12	cry35Ab1	Resistenz gegen den Maiswurzelbohrer (Corn Rootworm, <i>Diabrotica virgifera</i>); aus <i>Bacillus thuringiensis PS149B1</i>
I-13	cry3A	Resistenz gegen den Colorado Kartoffelkäfer; aus <i>Bacillus thuringiensis BI256-82</i>
I-14	cry3Bb1	Resistenz gegen den Maiswurzelbohrer (Corn Rootworm, <i>Diabrotica spec.</i>); aus <i>Bacillus thuringiensis PS149B1</i>
I-15	cry9C	Insektenresistenz durch das cry9C Gen aus <i>Bacillus thuringiensis</i>
I-16	flcry1Ab	Expression des gesamtem cry1Ab Gens vermittelt einen Schutz gegen Insekten; aus <i>Bacillus thuringiensis</i>
I-17	mcry3A	Modifiziertes Cry3A Protein, codiert durch das cry3A Gen aus <i>Bacillus thuringiensis</i> , vermittelt eine Resistenz gegen den Colorado Kartoffelkäfer

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

I-18	mocry1F	Schmetterlingsresistenz aus <i>Bacillus thuringiensis</i> subsp. <i>aizawai</i> ; Sequenz wurde für die Expression in Mais optimiert
I-19	pin II	Insektenresistenz, allerdings nicht exprimiert, da nicht vollständig in die Pflanze eingebracht
I-20	vip3A(a)	Expression des vip3A(a) Gens vermittelt einen Schutz gegen Schmetterlinge (Lepidoptera); aus <i>Bacillus thuringiensis</i> AB88
I-21	vip3Aa19	Expression des vip3Aa19 Gens vermittelt einen Schutz gegen Insekten; aus <i>Bacillus thuringiensis</i> AB88
I-22	vip3Aa20	Expression des vip3Aa20 Gens vermittelt einen Schutz gegen Insekten; aus <i>Bacillus thuringiensis</i> AB88
I-23	α -Amyl-I	Insektenresistenz vermittelt durch die Expression des α -Amylase Inhibitors
Virusresistenzen (V)		
V-1	(PLRV) helicase	Resistenz gegenüber Potato Leaf Roll Virus
V-2	(PLRV) replicase	Resistenz gegenüber Potato Leaf Roll Virus
V-3	CMV, ZYMV, WMV-2	Resistenz gegenüber Cucumber Mosaic Virus, Zucchini Yellow Mosaic Virus, Wermelton Mosaic Virus-2
V-4	CMV-cp	Resistenz gegenüber Cucumber Mosaic Virus, Hüllprotein (cp = coat protein)
V-6	cp (PPV)	Resistenz gegenüber Plum Pox Virus, Hüllprotein (cp = coat protein)
V-7	cp (PRSV)	Resistenz gegenüber Papaya Ringspot Virus, Hüllprotein (cp = coat protein)
V-8	cp (PVY-O)	Resistenz gegenüber Ordinary (O) strain of Potato Potyvirus Y, Hüllprotein (cp = coat protein)
Pilzresistenzen (PR)		
PR-1	Chitinase RCC2	Pilzresistenz durch den enzymatischen Abbau der Zellwand
PR-2	DEF	Resistenz gegen Pilze und Bakterien
PR-3	FRG	Resistenz gegen Fusarien
Sterilitätsgene (ST)		
ST-1	barnase	männliche Sterilität, barnase ist eine Ribonuclease, die RNA degradiert –das Gen wird ausschließlich in bestimmten Zellen aktiviert, die für die Entwicklung des männlichen Blütenteils erforderlich sind. Dadurch bildet sich an den Staubfäden (Antheren) kein Pollen; aus <i>B.amyloliquefaciens</i>
ST-2	barstar	Das barstar Gen hebt bei einer Kreuzung die Wirkung der barnase auf wodurch die männliche Sterilität behoben wird; aus <i>B.amyloliquefaciens</i>
ST-3	dam	männliche Sterilität, DNA adenine methalyse aus <i>E.coli</i>
veränderte Inhaltsstoffe (VI)		
VI-1	5AT (<i>T.hybrida</i>)	veränderte Blütenfarbe
VI-2	7Crp	erhöht die immunologische Toleranz bei Allergien gegen die Japanische Zeder

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

VI-3	AaXEG2	Überexpression einer Xyloglucanase aus <i>A. aculeatus</i>
VI-4	ACC (<i>D. caryophyllus</i>)	veränderte Blütenfarbe
VI-5	ACC (<i>Tomate</i>)	Reifeverzögerung
VI-6	ACCd	Reifeverzögerung durch 1-amino-cyclopropane-1-carboxylic acid deaminase aus <i>P. chlororaphis</i>
VI-7	amy797E	thermostabile α -Amylase
VI-8	bay TE, 12:0 ACP	veränderter Fettsäuregehalt durch 12:0 ACP Thioesterase des California Bay Tree (<i>U. californica</i>)
VI-9	bp40 (F3',5'H)	veränderte Blütenfarbe durch Produktion von Delphinidin
VI-10	cordapA	Erhöhter Lysingehalt durch das Enzym Dihydropicolinate Synthase aus <i>C. glutamicum</i>
VI-11	CspB	vermittelt Trockentoleranz
VI-12	delta-OsBRI1	Führt zur Bildung von Antisense-mRNA, die zwei Kinasen beeinflusst. Dies führt zu einer Veränderung der Form (häufig Zwergwuchs)
VI-13	dfr	veränderte Blütenfarbe durch Dihydroflavonol 4-Reduktase
VI-14	dgat2A	Gen aus <i>U. ramanniana</i> erhöht den Ölgehalt in der Sojabohne
VI-15	gbss (antisense)	veränderte Stärkezusammensetzung
VI-16	Gm-Fad2-1	Veränderter Fettsäuregehalt durch omega-6 fatty acid desaturase
VI-17	GmFATB1A	Verringerung des Linolensäuregehalts in der Sojabohne
VI-18	HvNAS1, HvNAAT-A, APRT	Toleranz gegenüber Eisenmangel
VI-19	modified Nc. Fad3	verstärkte Produktion von Stearidonsäure
VI-20	modified Pj. D6D	Pj.D6D kodiert für eine delta-6 desaturase. Diese sorgt für die Umwandlung von gesättigten Fettsäuren in ungesättigte Fettsäuren
VI-21	OASA1D	Modifizierte Anthranilate Synthase Alpha aus Reis (<i>O. sativa</i>)
VI-22	OsGA2ox1	GA2-Oxidase aus Reis (<i>O. sativa</i>)
VI-23	PG, Polygalakturinase (<i>Tomate</i>)	Polygalakturinase-Gen wurde in Antisense-Orientierung eingebracht und verhindert dadurch die Genexpression von Polygalakturinasen
VI-24	Ph Cytochrome b5	Cytochrom b5 – katalysieren die Hydroxylierung von Flavonole und Dihydroflavonole, was zur Bildung von Delphinidin führt und damit zur Änderung der Blütenfarbe
VI-25	F3'5'H	Flavonoid 3 '5' hydroxylase: Produktion von Delphinidin, was zu einer Änderung der Blütenfarbe führt
VI-26	phyA2 (<i>A. niger</i>)	phyA als Vertreter der Phosphatase-Phytasen aus <i>Aspergillus niger</i> – hydrolysieren Phytat
VI-27	sam-k	S-Adenosylmethionin (SAM)-Hydrolase: baut SAM ab, das als Vorstufe für Ethylen dient. Ethylen fördert den Reifeprozess

Nachweis von nicht zugelassenen gentechnisch veränderten Organismen (GVO); Weltweite
Ermittlung, Importanalyse und Entwicklung von Nachweis-Methoden

Selektionsmarker (SE)		
SE-1	uidA	uidA (mittlerweile gusA genannt) kodiert für eine β -Glucuronidase. Diese wandelt das farblose X-Gluc in einen blauen Farbstoff um
SE-2	pmi	die Phosphomannoseisomerase erlaubt die Nutzung von Mannose als Kohlenstoffquelle
SE-3	nos	Nopalinsynthase – führt zur Produktion des Opins Nopalin
SE-4	spc	Streptomycin-Resistenz

**Bayerisches Landesamt für
Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL)**

Telefon: 09131 6808-0
Telefax: 09131 6808-2202
E-Mail: poststelle@lgl.bayern.de
Internet: www.lgl.bayern.de

91058 Erlangen
Eggenreuther Weg 43

85764 Oberschleißheim
Veterinärstraße 2

80538 München
Pfarrstraße 3

97082 Würzburg
Luitpoldstraße 1