



Vorstellung der Ergebnisse der
Fütterungsversuche bei Milchkühen mit MON 810-Mais

am 25.03.2009
anlässlich der Sitzung des Ausschusses für Ernährung, Landwirtschaft und
Forsten im Bayerischen Landtag

Ministerialdirigent Friedrich Mayer

Es gilt das gesprochene Wort!

Anrede!

Auf Antrag der SPD Fraktion hat der Bayerische Landtag am 21.04.2005 beschlossen, einen Fütterungsversuch mit Bt Mais durchzuführen. Im Mai 2005 wurde der Fütterungsversuch für das Forschungsvorhaben „Einsatz von transgenen Mais (MON 810) bei Milchkühen“ begonnen. Ursprünglich sollte der Versuch 18 Monate dauern. Aufgrund des Landtagsbeschlusses vom 09.11.2006 (Drs. 15/6771; Antrag verschied. MdL der CSU Fraktion) wurde dieser Versuch um ein halbes Jahr verlängert. Am 12.06.2007 wurde er nach 25 Monaten beendet.

In der nachfolgenden Übersicht (Tab. 1) sind die Fütterungsversuche anderer Autoren mit Bt-Mais aufgeführt. Besonders weisen wir auf die kurze Laufzeit dieser Versuche im Vergleich zum Bayerischen Versuch hin.

Übersicht 1: Fütterungsversuche mit Bt-Mais anderer Autoren

Versuche mit Bt-Maissilage an Milchkühen

Autoren	Bt-Mais, % der TM	Kuhzahl, je Gruppe	Dauer, Tage
Rutzmoser et al., 1999	42	12	70
Barriere et al., 2001	70	24	91
Folmer et al., '00/'02	68	4	21
Calsamiglia et al., 2003	45	4	28
Yonemochi et al., 2003	35	4	35
Donkin et al., 2003	76	6	21
Faust et al., '03/'07	k.A.	10	28
Calsamiglia et al., 2007	45	8	28

Um zu aussagekräftigen Ergebnissen zu kommen, wurde der Fütterungsversuch mit 2 x 18 Milchkühen durchgeführt.

Übersicht 2: Fütterungsversuch bei Milchkühen

Einsatz von transgenem Mais (MON 810) bei Milchkühen



18 Kühe mit isogenem Mais gefüttert



18 Kühe mit transgenem Mais gefüttert

Die oben dargestellte Gruppe wurde mit konventionellem Mais gefüttert, die unten dargestellte Gruppe mit gentechnisch verändertem Mais, der sich nur bezüglich des Bt-Proteins unterscheidet.

Übersicht 3: Tiere und Tieraustausch in den Versuchen

	Isogen gefütterte Gruppe	Transgen gefütterte Gruppe	Gesamt
Kuhzahl zu Versuchs- beginn	18	18	36
davon Jungkühe	9	9	18
mittlere Laktationsanzahl zu Beginn	2,1 ± 1,3	1,8 ± 1,3	-
ausgetauschte Tiere	9	9	18
Anzahl der ausge- werteten Tiere	27	27	54

Folie 3 Fütterungsversuch Grub / Referat L 3 mit LfL und TUM

Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten 

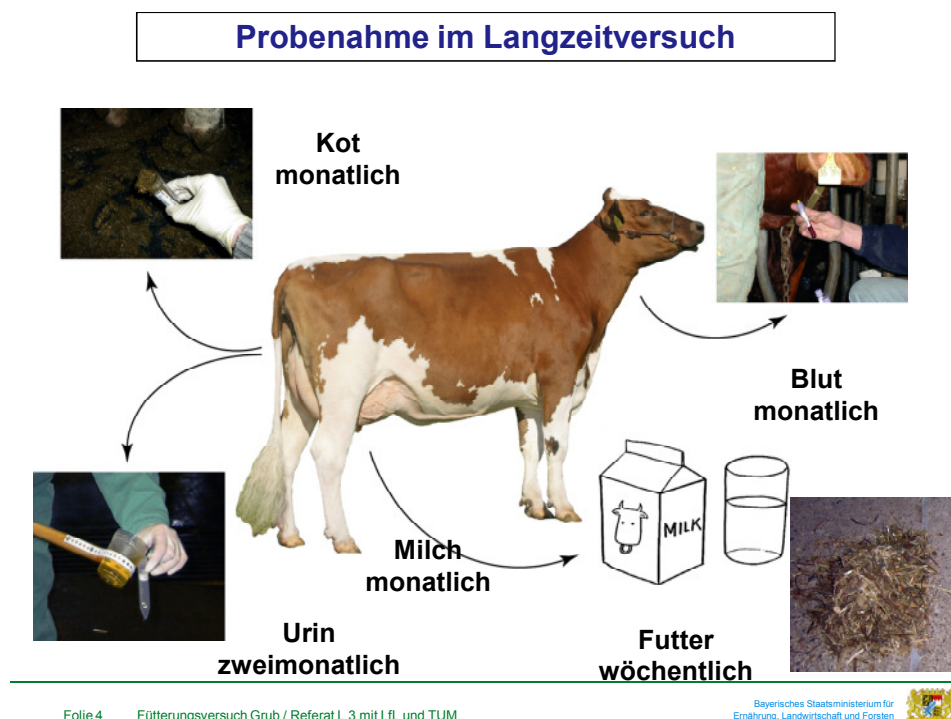
Wegen Krankheit oder Unfruchtbarkeit abgehende Tiere wurden durch Jungkühe ersetzt. In beiden Gruppen wurden je 9 Tiere in den 25 Monaten ausgetauscht. In der Gesamtauswertung wurden jedoch alle Tiere und alle Datensätze berücksichtigt.

Der Anbau der isogenen Maislinie sowie der korrespondierenden transgenen Maislinie und die Futterkonservierung – mit der gesamten dazugehörigen Qualitätssicherung – erfolgte unter der wissenschaftlichen Leitung der LfL an verschiedenen Standorten in Bayern. Dabei wurde beachtet, dass die Bedingungen für die Pflanzenentwicklung, wie Aussaat, Boden, Nährstoffversorgung, Erntezeitpunkt etc, für beide Maislinien jeweils äquivalent waren, um Ernten und Futter gleicher Qualität zu erhalten. Die Belastungen mit Mykotoxinen lagen unter den empfohlenen Orientierungswerten. Die Konservierung erfolgte als Silage, Maiskobs und Körnermais.

Als Futtermittel wurden Körnermais, Kobs und Silomais aus iso- und transgenem, d.h. konventioneller Mais und gentechnisch veränderter Mais, eingesetzt.

Die eingesetzten Maisprodukte unterschieden sich nur in Bt-Protein und der Bt-DNA. Während der Silierung wurden Bt-Protein und Bt-DNA stark abgebaut. Der Eintrag transgener Komponenten in das Futter erfolgte zu einem wesentlichen Teil über die getrockneten Maiskobs.

Übersicht 4: Probeentnahme



Das Forschungsvorhaben hatte zum Ziel einen möglichen Einfluss des gentechnisch veränderten Maises auf

- Tiergesundheit, Fruchtbarkeit und Leistung
- Veränderungen im Verdauungstrakt
- Milchqualität und Milchhaltsstoffe

festzustellen.

Darüber hinaus wurde der Abbau des Bt-Proteins in Maissilage, Kobs, Maiskörnern, Darm und Tier untersucht.

Übersicht 5: Energie- und Nährstoffgehalte:

Energie- und Nährstoffgehalte der einzelnen Maisprodukte

(Angaben je kg TM)

	<u>Maissilage</u> Erntejahre 04/05/06		<u>Maiskobs</u> Erntejahre 04/06		<u>Körnermais</u> Erntejahre 04/05	
	Isogene Gruppe	Transgene Gruppe	Isogene Gruppe	Transgene Gruppe	Isogene Gruppe	Transgene Gruppe
Energie (M NEL)	6,74	6,67	6,99	7,01	8,75	8,81
Rohprotein (g)	80	84	82	83	102	98
Nutzbares Rohprotein (g)	134	134	138	138	169	168
Rohfaser (g)	176	190	170	164	23	21
Rohasche (g)	28	29	33	32	15	15

Übersicht 6: Futterrationen

Fütterung im Gruber GVO-Versuch		
Futtermittel	Isogen gefütterte Gruppe	Transgen gefütterte Gruppe
Maissilage (kg TM)	7,1	7,1 *)
Maiskobs (kg TM)	3,6	3,6 *)
Grassilage (kg TM)	1,9	1,9
Stroh	1,0	1,0
Melasse	0,2	0,2
Ausgleichskraftfutter	3,2 kg	3,2 kg *)
Kraftfuttermischung	nach Leistung ab 22 kg Milch	
*) mit 41 % gentechnisch verändertem Körnermais;		

Beginnend im Mai 2005, wurden die 36 Kühe mit Rationen mit maximal sinnvollem Anteil maisbasierter Futtermittel bedarfsgemäß gefüttert. Neben Strukturträgern (Grassilage, Stroh), Eiweißträgern plus Mineralfutter in gleicher Weise für alle Tiere, erhielten 18 Tiere ausschließlich konventionellem Mais und 18 Tiere erhielten nur gentechnisch veränderten Mais der gleichen Sorte des Typs MON810. In Abhängigkeit vom Laktationsstadium wurden die Rationen bedarfsgemäß zusammen gestellt. Der Maisanteil des Futters lieferte im Mittel etwa 2/3 der Gesamtenergie. Es wurde sichergestellt, dass beide Gruppen mit Futter gleicher Energie sowie auch sonst gleicher Qualität und Zusammensetzung versorgt wurden. Die Überprüfung von rekombinanter DNA und Bt-Protein in den Ausgangsfuttermitteln sowie in den Mischrationen bestätigte durchgehend die korrekte Handhabung der Futtermittel und gewährleistete, dass nach allen Vermahlungen und Mischungserstellungen die jeweiligen Gruppen auch mit dem vorgesehenen Futter versorgt wurden.

Bei einer durchschnittlichen täglichen Futterraufnahme von ca. 16 kg Trockenmasse an Grundration wurden von den Kühen der Gruppe, die mit transgenem Mais gefüttert wurde, täglich ca. 5,3 mg Bt-Protein aufgenommen – hinzu kamen kleinere Mengen aus dem bedarfsgemäß gefütterten Leistungsfutter, das 40 % Körnermais enthielt.

Der zeitliche Ablauf der Untersuchungen und Auswertungen verlief nach Plan. Die Datenaufnahme und Probenziehung konnten im Jahr 2007 abgeschlossen werden.

Die Daten zur Milchleistung und Futterraufnahme wurden komplett erfasst. Die Analysen der zuletzt eingesetzten Futtermittel sind erfolgt. Die Ergebnisse zu den Blut- und Milchuntersuchungen liegen ebenso vor.

Übersicht 7: Einzeltierfütterung



Insgesamt wurden 22 Tiere geschlachtet und beprobt, um einen eventuellen Übergang von Bt-Protein und veränderter DNA zu erfassen. Fünf Tiere wurden während des Versuchs und 17 am Ende geschlachtet. In beiden Varianten wurden während des laufenden Versuchs jeweils neun Tiere ersetzt. Auch der mögliche Übergang von gentechnisch veränderter DNA sowie des Bt-Proteins in Blut und Milch wurde untersucht.

Beteiligte Institutionen

TUM-Weihenstephan, Lehrstuhl für Physiologie:

- Prof. Dr. H. Meyer
- Dr. C. Albrecht
- Dr. S. Wiedemann
- Patrick Gürtler
- Dr. V. Paul

TUM-Weihenstephan, Arbeitsgruppe Tierernährung:

- Prof. Dr. F.J. Schwarz
- Kerstin Steinke

Tiergesundheitsdienst Bayern:

- Dr. A. Hermülheim

Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

- Dr. J. Eder
- Dr. M. Müller

Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierernährung und Futterwirtschaft

- Dr. H. Spiekers
- Dr. W. Preißinger

Ergebnisse

Nach den Ergebnissen sind keine Unterschiede in den oben beschriebenen Untersuchungsfeldern erkennbar.

Übersicht 8: Auswertung über den gesamten Versuchszeitraum

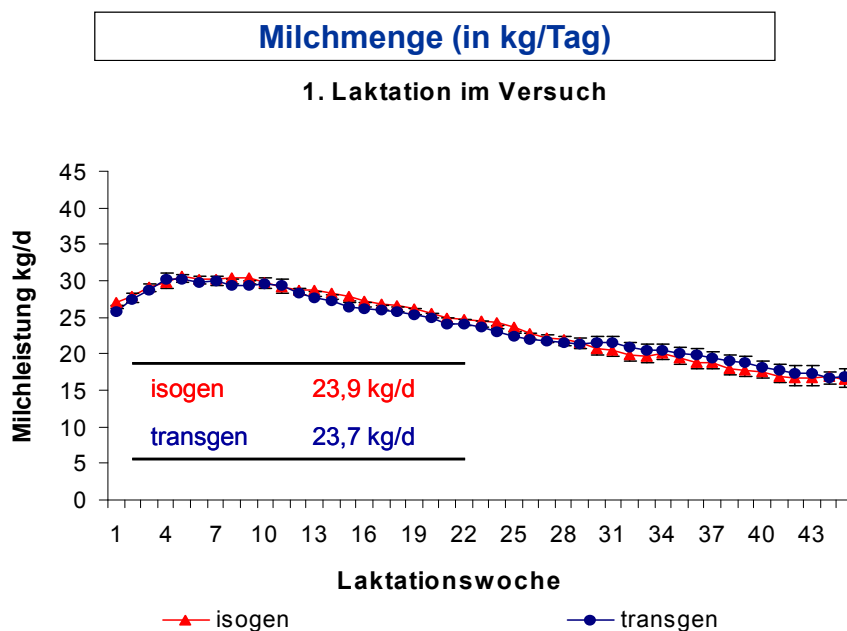
Gruppe	Isogen gefütterte Gruppe	Transgen gefütterte Gruppe
Milchmenge, kg/Kuhplatz & Jahr	7.420	7.460
Fett %	3,9	4,1
Eiweiß %	3,6	3,7
Harnstoff, mg/100ml	16,7	18,0
<u>Futtermittelverbrauch:</u>		
Grundration (kg TM/Tag)	16,1	16,2
Leistungskraftfutter (dt/Kuhplatz & Jahr)	6,6	6,3

Über die gesamte Versuchszeit betrug die Milchleistung ohne die nicht erfasste Biestmilch 7.420 kg Milch je Kuh und Jahr in der isogen gefütterten Gruppe und 7.460 kg in der mit transgenen Maisprodukten gefütterten Gruppe.

In Zusammenschau mit der aufgeführten wissenschaftlichen Literatur ist festzuhalten, dass der Einsatz von Bt-Mais bei Gewährleistung gleicher Maisqualitäten zu keinen Differenzen in der Futteraufnahme und der tierischen Leistung führt. Die angenommene substantielle Äquivalenz (d.h. die transgene Linie ist der isogenen Linie im Wesentlichen gleich) ist aus dieser Sicht somit als gegeben zu erachten.

Dies zeigte sich neben der Futteraufnahme und Milchleistung auch in den Daten zur Lebendmasse und zur Körperkondition. Niveau und Entwicklung waren vergleichbar für beide Tiergruppen. Die Tiere hatten eine für Fleckviehkühe passende Körperkondition und Rückenfettdicke. Insgesamt waren die Tiere beider Gruppen energetisch gut versorgt.

Übersicht 9: Milchmenge im Verlauf der Laktation



Wie die Darstellung zeigt, waren die Mittelwerte und der Verlauf der Laktation gleich. Aus der Untersuchung der insgesamt 900 Milchproben beider Gruppen ergaben sich keine Hinweise auf den Transfer von Bt-DNA oder Bt-Protein. Milch von Kühen nach Verfütterung von isogenem Mais oder transgenem Mais ist zu keinem Zeitpunkt unterscheidbar – auch nicht mit der gegenwärtig besten Technologie.

Mit dem vorliegenden Fütterungsversuch ist es gelungen, langfristig hohe Mengen an Bt-Mais unter vergleichbaren Bedingungen an gut leistende Milchkühe einzusetzen. Durch den Einsatz von Maiskobs und Maiskörnern in Ergänzung zur Maissilage war eine hohe Aufnahme an Bt-Protein und Bt-DNA gewährleistet. Etwaige Beeinträchtigungen im Bereich der Futteraufnahme, Milchleistung, Stoffwechselgeschehen, Gesundheit und Fruchtbarkeit hätten sich somit zeigen können. Trotz der relativ hohen Aufnahme an Bt-Protein waren Veränderungen in der Bt-Maisgruppe unter den gewählten Bedingungen nicht ersichtlich.

Übersicht 10: Milchbefund zu DNA und Bt Protein

DNA und Bt-Protein in Milch

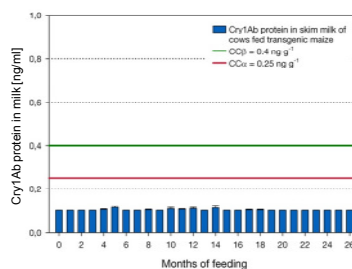
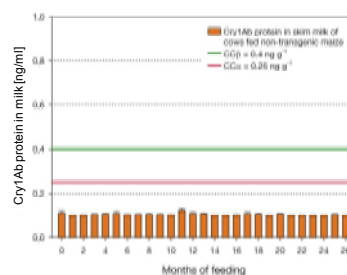
► DNA

- LOD = 100 Kopien *cry1Ab* μL^{-1}
- konventionelle PCR: alle Proben positiv für das Kontrollgen *GAPDH*, negativ für *cry1Ab*
- qPCR: keine Milchproben war positiv für *cry1Ab*

► Protein

- CCa = 0.25 ng g^{-1} , CCb = 0.4 ng g^{-1}
- das Cry1Ab protein wurde in keiner Milchprobe detektiert

► Keine Unterschiede zwischen der Versuchs- und der Kontrollgruppe



Die sehr niedrigen Nachweisgrenzen CCa und CCb werden nicht erreicht. Die Tiere zeigten insgesamt eine gute Leistung, waren energetisch ausgefüttert und stoffwechselstabil. Auf Grund der beschränkten Anzahl der Tiere und dem erforderlichen Tieraustausch über die gewählte lange Versuchsdauer ergeben sich teils Unterschiede in den Leistungsdaten, die aus

den kaum vermeidbaren Unterschieden zwischen Tiergruppen und der normalen Streuung im Versuch erklärbar sind. Für die eigentliche Versuchsfrage der Beeinträchtigung von Leistung, Gesundheit und Stoffwechsel sind diese jedoch von geringer Relevanz.

Neue Entwicklungen in der Analytik

In früheren Fütterungsstudien lag der Schwerpunkt der Analytik auf der Erfassung der transgenen DNA. Ergänzend sollte in dieser Studie die Analytik für das Bt-Protein aufgebaut werden. Weitere Schwerpunkte sollten auf die Validierung der Quantifizierungen sowie auf die Verbesserung der Nachweisgrenze und die Zuverlässigkeit der Methodik gelegt werden.

Für Futtermittel, Blut, Exkrete und für Milch wurden spezielle DNA-Extraktionsverfahren entwickelt. Hier ist zu betonen, dass die DNA-Isolierung jeweils aus dem Gesamtmaterial erfolgte, um Verluste bei einer Vorfraktionierung zu vermeiden. Für die Analyse wurde Vollmilch bzw. Rohmilch eingesetzt.

Die Analytik zur Metabolisierung von Bt-DNA und Bt-Protein wurde wesentlich verbessert bzw. völlig neu entwickelt.

Die hier präsentierten Ergebnisse zu Blut und Milch wurden in hochrangigen, streng referierten (erst nach der Bewertung eines Manuskriptes durch ein Fachkollegium wird der Artikel abgedruckt) wissenschaftlichen Journalen publiziert. Auf der Tagung der „Gesellschaft für Ernährungsphysiologie (GfE)“ wurden die Ergebnisse zur Diskussion gestellt. Die Qualität der Daten ist nach Einschätzung der damit befassten Wissenschaftler als außerordentlich solide zu erachten. Dies unterscheidet die

vorliegenden Ergebnisse erheblich, von den in der Tagespresse immer wieder zitierten Studienergebnissen zur Fütterungsversuchen mit gentechnisch verändertem Mais.

Schlussfolgerungen und Ausblick

- Es gibt keine Unterschiede in der Nährstoffzusammensetzung und dem Energiegehalt der isogenen und transgenen Maiskomponenten (Silage, Kobs und Körnermais) und Rationen
- Die Verfütterung von Bt-Mais (MON810) über einen Zeitraum von 25 Monaten hatte keine beeinträchtigende Auswirkungen auf die Leistungs- und Stoffwechsellparameter der Milchkühe
- Die Studie gibt keinen Hinweis darauf, dass die Verfütterung von Bt-Mais einen Einfluss auf die Tiergesundheit ausübte
- Die vorliegende Langzeitstudie bestätigt die bisherigen publizierten Kurzzeitstudien zum Einsatz von Bt-Mais in der Tierernährung
- Die substantielle Äquivalenz von isogenen und transgenen Mais der Linie MON 810 wird bestätigt
- Die DNA und das Bt-Protein von MON 810 werden durch den Silierungsprozess stark abgebaut
- Nach der Langzeitfütterung von MON810 konnten das Protein und die dazugehörige DNA in Blut, Urin und Milch nicht nachgewiesen werden
- Milch von Kühen, die mit transgenem Mais gefüttert wurden unterscheidet sich nicht von der Milch von Kühen, die mit isogenem Mais gefüttert wurden

Auch bei hoher Beprobungsintensität und extrem sensitiver Nachweisgrenze bis in den ppt-Bereich (Picogramm pro Milliliter) existieren keinerlei Hinweise auf einen Transfer transgener Komponenten in das Lebensmittel Milch. Milch von Kühen nach Verfütterung von isogenem Mais oder transgenem Mais ist zu keinem Zeitpunkt unterscheidbar.

Statistik:

In dieser Studie wurden von den 36 Tieren insgesamt ca. 30.000 Einzelbefunde zu den Themenkomplexen Fütterung, Nährstoffäquivalenz, Milchleistung, Stoffwechsel, Tiergesundheit und Fruchtbarkeit erhoben. Hinzu kommen ca. 8 000 Einzelbefunde zu den Themenkomplexen Metabolisierung von Bt-DNA und Bt-Protein. Die Bewertungen von MON810 basieren somit auf der Gegenüberstellung von jeweils ca. 19 000 Einzelbefunden, die pro Fütterungsgruppe erhoben wurden.

Für das Forschungsvorhaben wurden neben der Eigenleistung der beteiligten Institutionen an Fördermitteln insgesamt 429.750 Euro aufgewendet.