

Kleine Anfrage

der Abgeordneten Dr. Christel Happach-Kasan, Daniel Bahr (Münster), Rainer Brüderle, Angelika Brunkhorst, Jörg van Essen, Ulrike Flach, Hans-Michael Goldmann, Ulrich Heinrich, Michael Kauch, Gudrun Kopp, Sibylle Laurischk, Harald Leibrecht, Dirk Niebel, Hans-Joachim Otto (Frankfurt), Eberhard Otto (Godern), Gisela Piltz, Dr. Hermann Otto Solms, Jürgen Türk, Dr. Wolfgang Gerhardt und der Fraktion der FDP

Natürlich in der Milch vorkommende Nucleotidsequenzen

Nach der gegenwärtig geltenden Gesetzgebung der EU besteht keine Verpflichtung, Milch- und Fleischprodukte von Tieren zu kennzeichnen, die mit Futtermitteln gefüttert wurden, die von gentechnisch veränderten Pflanzen stammen. In Beantwortung der Kleinen Anfrage der Abgeordneten Dr. Christel Happach-Kasan, weiterer Abgeordneter und der Fraktion der FDP „Bt-Präparate und Bt-Mais, zwei vergleichbare Anwendungen desselben Wirkstoffprinzips“ (Bundestagsdrucksache 15/2712) hat die Bundesregierung festgestellt: „Für bestehende Zulassungen ist festzustellen, dass kein signifikanter Unterschied in den Inhaltsstoffen und der Qualität von Lebensmitteln tierischer Herkunft erkennbar waren, wenn Futtermittel aus transgenen Pflanzen im Vergleich zu isogenen Pflanzen verabreicht wurden.“ Es hat im Sommer eine Diskussion über eine Untersuchung von Milch-Proben eines hessischen Landwirts der TU Weihenstephan gegeben, der transgene Pflanzen an seine Kühe verfüttert hatte. Prof. Heinrich H. D. Meyer von der TU-Weihenstephan hatte dazu festgestellt: „Eine Veröffentlichung (dieser Ergebnisse) war ausgeschlossen, da die gesamte Qualitätssicherung bei Milchgewinnung, Probennahme, Aufbewahrung und Transport nicht den erforderlichen Standards für die Spurenanalytik entsprach.“

Wir fragen die Bundesregierung:

1. Welche wissenschaftlichen Kenntnisse gibt es über das Vorhandensein von Nucleotidsequenzen („Genschnipsel“) aus den an die Kühe verfütterten Pflanzen in der Milch?
2. Trifft es zu, dass Nucleotidsequenzen aus dem von der Kuh gefressenen Futter natürliche Bestandteile von Milch sind und nur mit spurenanalytischen Methoden nachweisbar sind?
3. Sind die Nucleotidsequenzen einsträngig oder zweisträngig, werden sowohl RNS- wie auch DNS-Sequenzen gefunden, wie viele Basen beziehungsweise Basenpaare umfassen die Sequenzen, stammen sie aus dem Zellkern der Futterpflanzen, aus den Chloroplasten, aus den Mitochondrien?
4. Sind Proben, wie sie im Rahmen der üblichen Milchkontrolluntersuchungen gezogen werden, für spurenanalytische Untersuchungen von Nucleotiden in der Milch geeignet, und wenn nein, warum nicht?

5. Wie hoch ist der Gehalt der Milch an Nucleotidsequenzen?
6. Wie wahrscheinlich ist es, dass bei solchen Untersuchungen gerade Teile der Sequenz gefunden werden, die mit einem gentechnischen Verfahren in das Genom eingefügt wurden?
7. Trifft es zu, dass die Nucleotidsequenzen in der Milch genauso wie vollständige Gene in Nahrungsmitteln beim Verzehr von Milch und Milchprodukten natürlicherweise verdaut werden und keine weitere biologische Wirksamkeit entfalten?

Berlin, den 1. Dezember 2004

Dr. Christel Happach-Kasan
Daniel Bahr (Münster)
Rainer Brüderle
Angelika Brunkhorst
Jörg van Essen
Ulrike Flach
Hans-Michael Goldmann
Ulrich Heinrich
Michael Kauch
Gudrun Kopp
Sibylle Laurischk
Harald Leibrecht
Dirk Niebel
Hans-Joachim Otto (Frankfurt)
Eberhard Otto (Godern)
Gisela Piltz
Dr. Hermann Otto Solms
Jürgen Türk
Dr. Wolfgang Gerhardt und Fraktion