

Die „Experten“ vom *Science Media Centre* stellen die Ergebnisse falsch dar und verstehen sie falsch – 21.12.2016

Daten zum Original-Artikel:

Titel: Science Media Centre “experts” misrepresent study findings, get facts wrong

URL: <http://gmwatch.org/news/latest-news/17384-science-media-centre-experts-misrepresent-study-findings-get-facts-wrong>

Veröffentlicht: 21 Dezember 2016

Das *Science Media Centre* [deutsch: Wissenschaftliche Medien Zentrum] weigert sich, seinen Bericht zu korrigieren oder den Autoren der Studie das Recht auf Erwiderung anzubieten

Wie es vorauszusagen war, brachte das britische *Science Media Centre (SMC)* schnell eine Sammlung mit herabsetzenden Zitaten von „Experten“ zu der neuen Studie heraus, die tiefgehende (molekulare) Unterschiede zwischen dem Gen-Mais NK603 und seinem nächsten Nicht-GV-Verwandten aufzeigt, einschließlich eines Anstieges bei zwei möglicherweise giftigen Verbindungen in dem Gen-Mais.

Das Problem ist, daß die vom *SMC* ausgesuchten „Experten“ die Fakten offenbar falsch verstanden haben.

Das ist vielleicht verständlich angesichts der extremen Eile, in der das *SMC* [noch] am selben Morgen, an dem die Studie vom Journal veröffentlicht wurde, die Zitate einsammelte, publizierte und in Umlauf brachte.

Aber das kann man einer Körperschaft nicht entschuldigen, die behauptet, der Öffentlichkeit und den Politikern genaue und auf Evidenz gründende Informationen zu bieten.

Zwei der Autoren der Original—Studie, Dr. Michael Antoniou und Dr. Robin Mesnage, sandten ihre Reaktionen auf die „Experten“-Zitate per Email an das *SMC* und wiesen darauf hin, daß sie faktische Ungenauigkeiten und Fehl-Darstellungen ihres wissenschaftlichen Papiers enthielten.

Sie baten höflich darum, daß das *SMC* die Entgegnungen auf derselben Webpage veröffentlicht, wie die verderblichen Zitate.

Aber Tom Sheldon vom *SMC* weigerte sich, das zu tun.

Er antwortete: „Ich fürchte, wir können sie nicht publizieren“ mit der Begründung, daß „wir als ein Diskussionsforum für Wissenschaftler enden würden, und das sind wir nicht.“

Mit anderen Worten, offenbar einzigartig unter den Websites und allen Arten von Publikations-Herausgebern [engl: publication outlets] verweigert das *SMC* denjenigen irgendein Recht auf Erwiderung, deren wissenschaftliche Arbeit auf ihrer Site falsch dargestellt und verleumdet wird.

Dies bestätigt unsere lange gehegte Ansicht, daß das *SMC* eine nicht zur Rechenschaft zu ziehende Institution ist, die die wissenschaftliche Genauigkeit zugunsten der

Verteidigung und Unterstützung von GVO [gentechnisch veränderte Organismen, bzw. hier: Pflanzen] und den sie begleitenden Pestiziden neben anderen riskanten und kontroversen Industrie-Produkten opfert.

Das ist kaum überraschend angesichts dessen, daß 70 % der Finanzierung des *SMC* von der Industrie kommt.

Für diejenigen Mitglieder der Öffentlichkeit und für Journalisten, die an wissenschaftlicher Genauigkeit und Fairness interessiert sind, gibt es unten die Antworten der Wissenschaftler auf die vom *SMC* gelieferten Zitate. Diese Antworten wurden per Email in weiten Umlauf gebracht und werden mit Erlaubnis der Autoren hier veröffentlicht.

Dr Michael Antoniou and Dr Robin Mesnage antworten auf ‘Expert reaction to multiomics analysis of NK603 GM maize as published in Scientific Reports’* – quotes collected by the Science Media Centre

[zu deutsch etwa:

„Experten-Reaktion auf Multi-Omiks-Analyse des GVO-Mais NK603, wie sie in Scientific Reports veröffentlicht worden ist“ – wobei die Zitate vom *SMC* eingeholt wurden]

[Das Suffix „-omic“ bedeutet, daß die Gesamtheit einer bestimmten Klasse von Elementen bezeichnet, erfaßt oder untersucht wird, etwa des Proteoms, Metaboloms, Transcriptoms oder Genoms]

Dr. Dan MacLean, Leiter der Bio-Informatik am
The Sainsbury Laboratory, sagte:

„Ein großer strittiger Punkt bei dieser Analyse ist, daß die Materialien möglicherweise unter gänzlich unterschiedlichen Bedingungen [ein-]gesammelt wurden. Unterschiedliche Stellen einer Farm, möglicherweise andere chemische Zusammensetzungen des Ackerbodens, unterschiedliche Wasser-Gehalte, unterschiedliche Boden-Erhebungen, Expositionen und Temperaturen. Das Metabolom und Proteom zeigen sich unter beständigen Labor-Bedingungen sehr variabel, und die hier präsentierten Statistiken kommen nirgends der Kontrolle dieser Faktoren nahe.“

„Es gibt eine große Menge an Dingen, die die Expression und die Mengen von allem in diesen Pflanzen beeinflussen könnte, und es werden keine Sondierungs- und Kontroll-Statistiken vorgezeigt.

Die Analyse springt einfach geradewegs in ‚Alles ist gleich, laßt uns Tests durchführen‘, und verwendet anschließend nicht aussagekräftige Tests.

Eine viel bessere Modellierung der Variablen ist erforderlich, um den Untersuchern zu gestatten, irgendwelche Protein/Metabolom-Veränderungen definitiv irgendwelchen experimentellen Variablen zuzuschreiben, die vermutlich getestet werden.“

„Das führt zu der Auswirkung, daß man Entscheidungen darüber trifft, bei welchen Stoffwechsel-Wegen es strittig sei, ob sie sich ändern.

So können keine klaren Schlußfolgerungen erreicht werden, und bestimmt nicht auf der Basis von p-Werten.

Deshalb konnte man, von allen folgenden Analysen nicht erwarten, daß sie irgendwelche eindeutigen Muster zeigen, wegen des beträchtlichen Lärms der [ganzen] Liste von Dingen, die sich verändern.“

Dr. Michael Antoniou und Dr. Robin Mesnage antworten:

Dan MacLean erklärt, daß unterschiedliche Anpflanzungs-Bedingungen für die zwischen den Gen- und den Nicht-Gen-Pflanzen festgestellten Unterschiede verantwortlich seien.

Das legt jedoch nahe, daß er die Studie nicht in genügendem Detail gelesen hat, denn in dem Abschnitt Materialien und Methoden erklären wir, daß alle diese Faktoren sorgfältig kontrolliert wurden und somit die Möglichkeit minimiert wurde, daß sie wesentlich an den in der Gen-Pflanze aufgefundenen Veränderungen beteiligt sind. Der Ackerboden-Typ war auf allen Anbauflächen derselbe, was in den ergänzenden Online-Daten (Additional File 1) aufgezeigt worden ist.

Die Stellen des Landes, auf dem die verschiedenen Pflanzen wuchsen, lagen nicht genügend weit auseinander, um bedeutende Unterschiede der Elevation, des Wasser-Vorkommens, der Expositionen und Temperaturen darzubieten.

Wir minimierten ebenfalls die Möglichkeit, daß verschiedene Anbau-Jahreszeiten für die Unterschiede verantwortlich sein können.

Wie in unserem Artikel erwähnt, „die [zig-]fachen Veränderungen, die in den Vergleichen des mit Roundup gespritzten Mais NK603, des ungespritzten Mais NK603 und des isogenen Kontroll-Mais beobachtet wurden, stimmten zwischen den zwei Bebauungen überein, die während zwei verschiedenen Anpflanz-Saisons durchgeführt wurden.“

Obwohl unser experimentelles Design sogar den Einfluß der Anbau-Saison berücksichtigt, wären weitere Experimente, die unter verschiedenen Umwelt-Verhältnissen durchgeführt werden, erforderlich, um die Bandbreite der Auswirkungen durch den Gentechnik-Transformations-Prozeß auf diese Art von Mais zu bestimmen.

Dan MacLean thematisiert die statistischen Analyse-Methoden.

Jedoch werden diese Methoden seit Jahrzehnten verwendet, um die Signifikanz von Unterschieden zu erforschen, die in der biomedizinischen Forschung gefunden werden.

Es ist weithin bekannt, daß durch die Benutzung von nicht aussagekräftigen Statistiken Fehler gemacht werden können, wenn eine Studie viele Variablen mißt, und das ist der Grund, warum wir die p-Werte festgelegt haben, wobei wir die *Benjamini-Hochberg Multi-Test-Methode* für eine große Zahl von Vergleichen verwendet haben.

Die Untersuchung, die wir unternommen haben, indem wir diese etablierten Methoden für molekulare Profile und statistische Analysen benutzten, beweist solide die biologischen Verschiedenheiten zwischen dem Gen-Mais und seinem Nicht-Gen-Gegenüber, [und zwar] durch die Untersuchung:

- 1) der bio-chemischen Stoffwechsel-Wege, die in den Pflanzen- betroffen sind

- 2) der zwei Mais-Anpflanzungen
- 3) von zuvor veröffentlichten Studien.

Die Ergebnisse dieser Analysen sind hochgradig konsistent und robust.

Es ist unklar, auf welche „experimentellen Variablen, die vermutlich getestet werden“, sich Dan MacLean bezieht, weil tatsächlich nur eine experimentelle Variable zur Untersuchung anstand, [nämlich] der Prozeß der Gentechnischen Veränderung (GV) auf diesen Mais-Typ.

Unser Experiment hat die biologischen Unterschiede zwischen den GV- und den Nicht-GV-Mais-Typen geprüft, einschließlich erhöhter Mengen von zwei möglicherweise giftigen Polyaminen (Cadaverin und Putrescin) im Gen-Mais.

Jedoch liegen die toxikologischen Effekte auf die Konsumenten außerhalb des Umfanges der Studie, wie im Papier [schriftliche Ausarbeitung der Studie, Studententext] erklärt.

Dr. Joe Perry, ehemaliger Vorsitzender des
Gentechnik-Gremiums der EFSA, sagte:

„Im Gegensatz zu den Zusammensetzungs-Analysen, die für jeden Antrag erstellt und von der EFSA berichtet werden und die ordentliche replizierte Feld-Versuche beinhalten, scheint diese Studie nur mit einzelnen nicht replizierten Parzellen durchgeführt worden zu sein.

Deshalb ist es nicht möglich, mit irgendeiner Sicherheit zu sagen, ob die berichteten Unterschiede an den Unterschieden zwischen den Behandlungen oder den Unterschieden zwischen den zwei Feldern (oder zwischen den zwei Parzellen innerhalb der Felder), die benutzt worden sind, liegen.

„Anders gesagt: die Basis-Lehrsätze für den Aufbau [d. h. das Design] von Experimenten scheinen nicht befolgt worden zu sein.

Aus diesem Grund könnte ich dies noch nicht als eine gründliche wissenschaftliche Arbeit bezeichnen.“

„Weitere Details zu der Durchführung des Experimentes wären nützlich, um diesen anfänglichen Eindruck zu bestätigen oder abzuändern.“

Dr. Michael Antoniou und Dr. Robin Mesnage antworten:

Joe Perry behauptet unrichtig, daß unsere Studie mit einzelnen, nicht replizierten Parzellen ausgeführt wurde.

In Wirklichkeit gab es 2 Bebauungen mit Mais über 2 Anpflanzungs-Saisons, und die Ergebnisse waren, wie aufgezeigt, über beide hinweg konsistent.

Die Analysen der Zusammensetzung der Gen-Pflanzen, die von den GVO-Hersteller-Firmen vorgeführt und den Regulierungs-Behörden für die Markt-Zulassung eingereicht

werden, sind extrem oberflächlich, wobei sie größere Elemente untersuchen, wie zum Beispiel die Gesamt-Menge an Proteinen, Kohlenhydraten und Fetten.

Sie untersuchen nicht die Eiweiß-Typen oder die Arten von Stoffwechsel-Produkten [Metabolite], die vorhanden sind, doch diese Faktoren können bestimmen, ob eine Gen-Pflanze substantiell äquivalent mit der Nicht-GV-Pflanze und ob sie sicher für den Verzehr ist.

Wie wir in der Antwort auf Dan MacLean erklärten, wurden die Unterschiede zwischen den Feldern, auf denen die Mais-Varietäten angepflanzt wurden, kontrolliert und waren daher kein bedeutender Faktor für die Erklärung der Unterschiede in dem Gen-Mais.

Prof. Johnjoe Mc Fadden, Professor der Molekular-Genetik an der
Universität von Surrey, sagte:

„Soweit es um die Wissenschaft geht, ist sie gut.

Aber die Analyse hebt nur die Unangemessenheit des ‚Prinzips der substantiellen Äquivalenz‘ hervor.

Wie äquivalent muß es [denn] sein?

Wenn Sie dieses detaillierte Maß bei der Analyse von jeglicher Veränderung [oder: Störung] eines Organismus durchführen, dann werden Sie [auch] diese Menge an Veränderungen herausfinden – Lebewesen sind außergewöhnlich empfindlich, und zum Beispiel werden ähnliche Änderungen erzeugt, wenn sie mit einem Pestizid oder Herbizid behandelt oder wenn sie von Schädlingen angegriffen werden.

„Ich würde erwarten, daß praktisch jede Störung eines Organismus eine Reaktion generieren wird, die von diesen kraftvollen Techniken aufgespürt werden kann – dies ist schließlich das, was das Leben macht.

„Deshalb ist alles, was diese Studie zeigt, daß die Gentechnische Veränderung, [ebenso] wie Pestizide, Herbizide, Trockenheit, Schädlingsbefall oder selbst die Anpflanzung auf einem anderen Feld, eine Reaktion des Organismus hervorrufen wird.

Falls die GV [gentechnische Veränderung] aus diesen Gründen verboten würde, dann müßten das ebenso alle Herbizide, Pestizide und in der Tat alles, was eine Änderung verursacht (wozu dann wohl alles zählt).“

Dr. Michael Antoniou und Dr. Robin Mesnage antworten:

Johnjoe McFadden scheint zu implizieren, daß unsere Analyse zu detailliert sei, aber die eingesetzten Methoden sind sowohl innovativ als auch weit verbreitet in Gebrauch in der Forschung und bei der Diagnose.

Er hat kein Recht, zu implizieren, daß Unterschiede in der Pestizid- oder Herbizid-Benutzung für die Änderungen in dem Gen-Mais verantwortlich sein könnten, weil diese Faktoren berücksichtigt wurden.

Unsere Analyse deckte tatsächlich einen Effekt auf, der aus der Anwendung mit Roundup an dem Roundup-toleranten Gen-Mais herrührt, aber dieser Faktor machte

keinen so großen Unterschied wie der Prozeß der Gentechnischen Veränderung selber (siehe Grafik 2 in unserem Papier).

Zusätzlich führten wir eine detaillierte Analyse der Pestizid-Rückstände im GV-Mais und in dem Nicht-GV-Mais durch (zusätzliche Datei 2) und stellten fest, daß es keine oberhalb der Nachweis-Grenze gab.

Es gab keine Unterschiede bei der Verwendung von Pestiziden oder Düngemitteln zwischen dem Gen- und dem Nicht-Gen-Mais, außer daß das Herbizid Roundup bei einer Anpflanzung mit dem Gen-Mais angewendet wurde, [und zwar] in Übereinstimmung [damit], wie es für diesen Mais vorgesehen ist, daß er angebaut werden soll.

Daher können die in dem Gen-Mais beobachteten Unterschiede nicht auf Unterschiede im Pestizid-Gebrauch – oder dem Vorhandensein [eines Pestizids] zurückgeführt werden.

Sogar, wenn die toxikologische Relevanz der Unterschiede unklar bleibt, ist das Folgende eindeutig, nämlich daß die Verwendung von diesen Werkzeugen für molekulare Profile ein besseres Verständnis der Zusammensetzung der Gen-Pflanzen gestattet und auf diese Weise die Risiko-Einschätzung von den Nebenwirkungen der gentechnischen Modifikation verbessern könnte.

Tatsächlich können Gen-Techniker die Auswirkungen der gentechnischen Veränderung auf Pflanzen nicht kontrollieren oder vorhersagen, und gegenwärtig werden diese Effekte auf der molekularen Stufe nicht gemessen.

Anmerkung:

‘An integrated multi-omics analysis of the NK603 Roundup-tolerant GM maize reveals metabolism disturbances caused by the transformation process’

by Robin Mesnage et al.

veröffentlicht in Scientific Reports am Montag, dem 19. Dezember, um 10 Uhr vormittags britischer Zeit bei:

<http://www.nature.com/articles/srep37855>

----- Ende der Übersetzung

*

Die Übersetzung ins Deutsche erfolgte [mit Anmerkungen] durch die
GenAG/attac-bielefeld – Jan. 2017

Bitte vergewissern Sie sich beim Original über die Korrektheit der Übersetzung.

*

Der britische Gentechnik-Informationendienst GMWatch.org berichtete über die neue Analyse des Gen-Mais NK603 – eine deutsche Übersetzung des betreffenden Artikels finden Sie hier:

http://www.attac-bielefeld.de/fileadmin/user_upload/Gruppen/Bielefeld/Gen-Mais_NK603_ist_nicht_substantiell_aequivalent.pdf

*

Bitte informieren Sie sich zu dem eindeutigen Kenntnisstand über die nicht akzeptablen gesundheitlichen Gefahren für die Konsumenten durch gentechnisch veränderte Nahrungsmittel bei:

http://www.attac-bielefeld.de/fileadmin/user_upload/Gruppen/Bielefeld/attac-warnt-vor-GenFood.pdf

&

http://www.attac-bielefeld.de/fileadmin/user_upload/Gruppen/Bielefeld/Ist_GenFood_ein_Lebensmittel-Sicherheits-Skandal.pdf

&

Steven Druker, der Autor des Enthüllungsbuches <http://alteredgenestwistedtruth.com>, erklärt in diesem kurzen Artikel exemplarisch die Vortäuschung angeblicher Sicherheit sämtlicher bisher zugelassener Gen-Nahrungsmittel:

http://www.attac-bielefeld.de/fileadmin/user_upload/Gruppen/Bielefeld/Wie-das-Vorhaben-mit-GenFood-konstant-von-Taeuschung-abhaengig-gewesen-ist.pdf

*

URL dieses Dokumentes:

http://www.attac-bielefeld.de/fileadmin/user_upload/Gruppen/Bielefeld/Die_Experten_vom_Science_Media_Centre_stellen_die_Ergebnisse_falsch_dar_und_verstehen_sie_falsch.pdf