

转基因植物的生态风险

张永军, 吴孔明*, 彭于发, 郭予元

(中国农业科学院植物保护研究所, 北京 100094)

摘要:转基因植物已在很多国家大规模商业化种植, 并且取得了显著的经济效益。同时有关转基因植物潜在的生态风险已引起广泛的关注。本文从转基因植物入侵危害、对非靶标有益生物直接和间接的影响、害虫对抗虫转基因植物产生抗性、抗病毒转基因植物带来的潜在风险等方面论述了转基因植物可能潜在的生态安全性问题。

关键词:转基因植物; 生态风险; 入侵危害; 非靶标生物; 害虫抗性

The Ecological Risks of Genetically Engineered Plants

ZHANG Yong-Jun, WU Kong-Ming, PENG Yu-Fa, GUO Yu-Yuan (Institute of Plant Protection, CAAS, Beijing 100094). *Acta Ecologica Sinica*, 2002, 22(11): 1951~1959.

Abstract: Genetically engineered plants (GEPs) have been cropped on large scale so far in many countries, which plays a great role in creating economic benefits. While the same time, an increasing attention had also been paid for the ecological risks brought about by the release of GEPs.

It was difficult to predicate the occurrence and extent of long-term environmental effects when GEPs are introduced into ecosystems. Through genetic engineering, GEPs may potentially create changes that enhance an organism's ability to become aggressive weeds or invasive in natural habitats. They are possible to spread wildly in ecosystems and caused unintended degradation of natural ecosystem. It was reported recently that transgenic oil-seed rapes change into weed in Canada. Gene flow between GEPs and their wild relatives is also a potential invasive risk. By pollen transfer or other ways, the introgression of transgene into natural related species might occur. As lots of transgene disperse into wild gene pool, which may have a harmful effect on the genetic diversity of wild relatives. The release of GEPs into environments where weedy relatives exist should be carefully assessed.

Plants engineered to produce proteins with pesticidal properties, such as *Bacillus thuringiensis* (Bt) toxin, may have both direct and indirect effects on populations of nontarget organisms. Laboratory experiments suggest that adverse effects may occur when monarch butterfly larvae ingested Bt corn pollen on host plants. Bt toxin protein has no acute effect on honeybees, transgenic Bt rice pollen has no significant toxin effect on silkworm, but certain concentration cowpea trypsin inhibitor (CpTI) has deleterious effects on honeybees. The influences of GEPs on nontarget insects should not be ignored. GEPs may have indirect impact on populations of species that depend on the pests controlled for survival or reproduction. Population models suggested that more effective control of weed by using herbicide-tolerant crops could lead to lower food availability for seed specialists. Interactions of natural enemies and insect-resistant transgenic plants act as antagonism, additive action and synergism in controlling pests. To some degree, transgene protein might transfer from host plants to nontarget pest or from nontarget pests to

基金项目: 国家重点基础研究发展规划项目“973”(001CB1090)和“863”(2001AA212261)资助。

收稿日期: 2001-12-03; 修订日期: 2002-04-24

* 通讯作者 Author for correspondence

作者简介: 张永军(1970-), 男, 河北张家口人, 博士, 助理研究员。主要从事植物抗虫、害虫与寄主植物的关系及转抗虫基因植物生物安全性方面的研究。

natural enemies.

Some GEPs affect soil ecosystem. The Cry1Ab protein can not only release from Bt corn root into rhizosphere soil, but also has acute toxin to tobacco horn-worm *Manduca sexta*. Those indicate that GEPs may decline species diversity of soil micro-organism, in some cases, can cause lower community diversity and productivity above ground.

insect-resistant transgenic plants plays a great role in integrated pest management (IPM). However, pests could develop resistance to insect -resistant transgenic plants, and then decrease the effect and application value of insect -resistant transgenic plants against pests. High dose expression, refuges, multiple gene and other tactics could delay the evolution of insect resistance. But there is no any strategy can prevent insects to express resistance to insect -resistant transgenic plants. To delay the resistance of insects to transgenic plants, resistance managing tactics should be devised before insect -resistant transgenic plants are widely and intensively deployed.

Under laboratory conditions viruses with new biological characteristics could potentially arise in transgenic viral-resistant plants through recombination and heteroencapsidation. New viral strains can evolve through recombination between closely related strains, and transference of transgenic sequences can occur. As occurs in other plant viruses, closely related viruses can exchange coat proteins, and coat proteins produced by transgenic virus-resistant plants encapsulated a related virus that subsequently altered its transmissibility. For these reasons, strategies to reduce the biological risk of recombination and heteoencapsidation in transgenic viral-resistant plants need to be investigated.

In this paper, the ecological risks of GEPs and recent works in this area are reviewed, including risk of invasiveness, direct and indirect nontarget effects on beneficial organism, resistance of insect pests to transgenic plants and new viral disease, and some strategy of the ecological risks assessment are also proposed.

Key words:genetically engineered plants; ecological risks; risk of invasiveness; nontarget organism; insect resistance to transgenic plants

文章编号:1000-0933(2002)11-1951-09 中图分类号:Q943.2;S332.2 文献标识码:A

基因工程技术是近 20a 发展起来的一门高新技术。从 20 世纪 80 年代世界上第 1 例转基因植物诞生,到目前 2780 万 hm² 的转基因作物,基因工程技术为植物育种开创了一个崭新的途径。这种技术不仅能加速应用同种植物间的优良性状的基因,而且使完全不同来源的基因组合到一个植物中成为可能。目前,各国转基因植物田间试验正在迅速增加,一些转基因植物获准环境释放,并进行了商品化生产,产生了巨大效益,显示出诱人的前景^[1]。由于基因工程技术应用的基因超出了传统育种家应用常规有性杂交基因库的基因,人们很难预测基因进入一个新的遗传背景会产生什么样的后果。所以,各国科学家在注重转基因植物环境释放带来的效益的同时也一直关注转基因植物潜在的生态风险和可能带来的环境问题,有关转基因植物的入侵危害、抗性监测、对非靶标有益生物等安全性评价已有大量研究报道^[2~4]。这些研究表明转基因植物在生态学方面主要的潜在风险:一是转基因植物本身带来的潜在的风险;二是转基因植物通过基因漂移对其他物种带来影响,从而给整个生态系统带来危害。本文仅就转基因植物入侵危害、对非靶标有益生物直接和间接的影响、害虫对抗虫转基因植物产生抗性、抗病毒转基因植物带来的潜在风险等方面的研究进展作一介绍。

1 转基因植物入侵危害

1.1 转基因植物可能会成为杂草

美国杂草科学委员会将杂草简单定义为:“对人类行为或利益有害或有干扰的任何植物。”杂草往往生长迅速并且具有强大生存竞争力,能够生产大量长期有活力的种子而且这些种子具有远、近不同距离的传

播能力,甚至能够以某种方式阻碍其它植物的生长。由于杂草具有以上这些特征,所以常常给世界农业生产造成巨大损失。一个物种可能通过两种方式转变为杂草:一是它能够在引入地持续存在;二是它能够入侵和改变其它植物的栖息地^[5]。很难预测释放转基因植物进入生态系统中会发生什么样的后果以及长期的环境影响。转基因植物通过基因工程手段可潜在提高其生存能力从而可能成为入侵性杂草。虽然只是转入了短片断的 DNA,但产生的新性状可能会导致生态系统中关系链的新变化。理论上许多性状的改变都可能增加转基因植物杂草化趋势。植物在获得新的基因后在生长势、越冬性、种子产量和生活力等方面可能比非转基因植株强,可能提高其入侵其他植物栖息地的能力并占据栖息地,破坏自然种群平衡,影响生物多样性,产生严重的经济和生态上的后果^[6]。从目前玉米、棉花、水稻、马铃薯、油菜、大豆等转基因植物田间试验结果来看,转基因植物的生存竞争力并没有明显比常规植物增加^[7]。不过最近有报道,加拿大转基因油菜在麦田中已经变成了杂草,而且难以治理^①。所以那些原本具有杂草特性的植物如向日葵、油菜、草莓等在进行基因遗传转化时,应该重视可能出现的杂草化问题^[8]。

1.2 转基因植物通过基因漂移对近缘物种潜在的威胁

基因漂移是指基因通过花粉授精杂交等途径在种群之间扩散的过程。转基因植物基因通过花粉向近缘非转基因植物转移,使得近缘物种有获得选择优势的潜在可能性,使这些植物含有了抗病、抗虫或抗除草剂基因而成为“超级杂草”。这样会促使大量化学农药的再次应用,造成严重的环境危害^[9]。另外随着转基因植物不断释放,大量转基因漂移进入野生植物基因库,进而扩散开来,可能会影响基因库的遗传结构,给生物多样性造成危害。2001年,David等^[10]报道了转基因玉米对墨西哥玉米起源中心的基因污染问题。位于墨西哥偏远南部山区的奥斯卡萨卡从未种植过转基因玉米作物,离它最近的转基因玉米生产地也在100km之外。但是,美国加州大学伯克利分校的研究人员从奥斯卡萨卡采集的6份当地玉米样本中,4份带有常用于转抗虫基因作物的相关基因。这个报道在国际上引起了广泛的关注。

随着转基因植物的大量环境释放,不断有研究证实这些不同来源的转基因通过花粉向相关近缘物种转移的事实。现在已证实在油菜、甘蔗、莴苣、向日葵、草莓、马铃薯和禾谷类作物中均可以发生向相关近缘杂草自发基因转移。研究表明转基因油菜在自然条件下,通过花粉或种子传递,转基因可转入几个近缘野生种中,如野生萝卜、白芥和芜菁中^[11]。花粉通过风、昆虫、鸟和一些野生动物传播飘飞是导致基因漂移的主要途径之一。大量研究集中在现有转基因植物花粉飘飞距离、花粉量、不同传播媒体等方面。研究以在田间试验为主,较典型的试验是在同一块试验田中分别种植转基因植物和非转基因植物,监测转基因漂移的范围、数量等。Losey等^[12]报告指出转基因玉米花粉能够随风漂流至少60m远。Pleasant等^[13]研究了转Bt基因玉米(下简称Bt玉米)花粉落在玉米田间及农田附近马利筋草 *Aasclepias curassavica* 上的密度,结果显示Bt玉米田中马利筋草上的花粉平均为170.06粒/cm²而距玉米田边2m远的马利筋草上的花粉平均为14.2粒/cm²。在研究转基因油菜花粉在大田中的扩散距离的过程中,Lavigne等^[14]发现约一半的花粉落在3m以内,花粉的授精机率随距离增加呈指数下降。Saeglitz等^[15]利用细胞质雄性不育技术监测抗病毒病转基因甜菜的基因漂移,发现在隔离带200m后的细胞质雄性不育甜菜中检测到了转基因甜菜的后代。沈法富等^[16]报道在离转基因棉花不同距离选取样点,采集非转基因棉花种子,利用标记选择基因、Dot-ELISA和PCR扩增检测Bt基因漂移。结果表明:在0~6m内陆地棉品种间显示较高频率的基因漂移,随着距离的增加Bt基因漂移降低,最大可达36m;海岛棉与陆地棉品种间Bt基因漂移较陆地棉品种间低,但Bt基因流随着距离的增加下降幅度小,最远达72m。张常青等^[17]研究表明,在距抗2.4-D转基因棉花1、5、10、20、50m处的抗性株率(即抗性基因tfdA通过花粉传播靶的漂移频率)分别为11.2%、0.61%、0.16%、0.09%和0.03%,100m和150m处的传粉率均为零。由此看来,随着距离的增加,花粉漂移的频率降低。另外,转基因植物释放的面积可能会影响到传粉距离。在转基因油菜的研究中,释放的转基因油菜的面积只有75m²时,47m处转基因传粉频率为0.00033%^[18];面积为400m²时,200m处的传粉频率为0.0156,

——万方数据——

① GM Seeds blowin' in the wind. 2002 (http://cbc.ca/news/CBC_Manitoba)

400m 处为 0.0038^[19]。而在一次较大规模的释放中(面积达 10hm²)，360m 处花粉密度只降到释放地边缘花粉密度的 10%，在 1.5km 处，仍记数到 22 粒/m³ 的花粉^[20]。显然释放的规模是传粉距离的一个决定因素。Whitton 等^[21]研究了在自然界野生向日葵种群内，含有栽培品种基因的野生向日葵经过 5 代杂交后的基因遗传情况，证实了栽培品种基因可在野生植物种群中保存下来。有的学者研究了转基因植物花粉与非转基因同种植物花粉授粉杂交特性的差异性^[22]，还有的研究人员探索了模型模拟技术在自然种群中转基因植物基因漂移、竞争等方面应用的可能性，以及预测其对未来生态环境的影响^[23]。为了避免转转基因向野生种中漂移，从而切断转基因逃逸之路。Gray 等^[24]提出了一个在叶绿体染色体上转入抗除草剂基因的技术。樊龙江等^[25]则建议建立植物转基因漂移状况国家和省级地理信息系统。目前还没有转基因植物花粉漂移到近缘物种改变远缘杂交的习性的报道。Wolfenbarger 等^[26]对转基因入侵危害进行了重点论述。他们认为在非农业生态系统(即自然种群中)中有关转基因漂移和潜在的生态后果的研究尚处于空白；由于生物入侵的复杂性，环境和时空的变化不确定性都使转基因入侵危害的生态风险评价困难重重。

2 对非靶标有益生物直接和间接的影响

由于不同类型 Bt 杀虫蛋白有不同的杀虫谱，因而转基因植物中不同 Bt 基因表达必然对鳞翅目、鞘翅目、双翅目、膜翅目等许多非靶标昆虫产生影响^[27]。这种影响取决于昆虫对 Bt 杀虫蛋白的敏感程度及转基因植株中 Bt 杀虫蛋白的表达浓度。有报道指出大多数 Bt 玉米杂交种在花粉中表达 Bt 毒素^[28]，转基因植物的花粉可能会对非靶标昆虫具有不利效应。实验室研究表明在马利筋叶片上撒转 Bt 玉米花粉，观赏昆虫——黑脉金斑蝶 *Danaus plexippus* 幼虫取食后长的慢，4d 后幼虫死亡率达 44%，而对照(饲喂不撒 Bt 玉米花粉的叶片)无一死亡^[12]。这个报道引起各国科学家的极大关注，并展开了广泛的研究。Richard 等^[29]发现在实验室中无论将 Bt 玉米花粉直接撒在马利筋叶片上还是把带 Bt 因玉米花粉的花丝放在马利筋叶片上，黑脉金斑蝶幼虫取食后生长发育和体重增加都受到显著影响，但他认为在田间 Bt 玉米花粉对黑脉金斑蝶幼虫没有急性中毒作用。还有的科研人员研究了黑脉金斑蝶幼虫生长发育和 Bt 玉米花粉时空相遇的程度，指出在整个繁殖期间农田中的黑脉金斑蝶幼虫都在取食马利筋叶片，由于朝南方向的 Bt 玉米花粉释放早，所以幼虫与花粉时空相遇的频率北方向较南方向高。研究结果认为 Bt 玉米花粉对黑脉金斑蝶幼虫的影响程度有赖于其在农田栖息地的方位^[30]。2001 年末加拿大和美国科学家联合研究指出，不同的 Bt 玉米品种不同部位组织中杀虫蛋白含量差异很大，而花粉中杀虫蛋白含量很低；黑脉金斑蝶幼虫在田间接触的 Bt 玉米花粉的量较少，不会产生急性中毒作用；此外只有很少一部分黑脉金斑蝶幼虫取食玉米田间和田埂边的马利筋叶片。两年的结果表明 Bt 玉米花粉对该昆虫的影响是微不足道的^[31]。科学家们还研究了 Bt 玉米花粉对另外一种非靶标昆虫——香芹黑凤蝶 *Papilio polyxenes* 的影响，室内试验证明幼虫在取食撒有 1000 粒/cm² 花粉的寄主叶片时没有急性中毒现象，而在田间撒落的花粉密度平均只有 200 粒/cm²，据此认为田间 Bt 玉米花粉对该昆虫影响很小^[32]。Zangerl 等^[33]则发现田间 Bt 玉米“176”花粉对香芹黑凤蝶幼虫有亚致死作用，尽管雨水冲掉了寄主叶片上的部分花粉，但幼虫生长发育显著受到影响，研究指出 Bt 玉米品种的选择对非靶标昆虫影响十分重要。转入杀虫蛋白基因的植物，如果毒蛋白在花蜜中表达，是否会对蜜蜂等传粉昆虫产生影响呢？Arpaia^[34]等将 Bt 毒素混在补饲糖浆中饲喂蜜蜂，浓度是转 Bt 基因植物在花粉中表达量的 400 倍和 1000 倍，结果对蜜蜂幼虫没有毒性效应，对蛹重也没有显著影响，据此推测转 Bt 基因植物花粉对蜜蜂没有不良影响。但是 Belzunces^[35]等报道大豆胰蛋白酶抑制剂(SBTI)浓度高时对蜜蜂有明显的毒害作用，认为转胰蛋白酶抑制剂基因植物可能对蜜蜂有威胁。室内研究发现家蚕幼虫取食撒有转 Bt 基因水稻花粉的桑叶时体重受到影响，但对致死率无明显影响，在实际稻桑共作环境下家蚕接触水稻花粉的量较小，转 Bt 基因水稻花粉对家蚕生长发育可能不会造成大的影响^[36]。Manachini 等^[37]经过 2a 的调研证实 Bt 玉米对田间的禾谷缢管蚜 *Rhopalosiphum padi* 的种群数量没有影响。同样的报道指出转抗除草剂基因的大豆对田间的豆叶甲和马铃薯叶蝗的种群数量没有影响^[38]。也有不同的报道，在进行转 Bt 基因马铃薯地块中节肢动物生物多样性的研究中，发现尽管转 Bt 基因马铃薯田块中节肢动物的数量较**为丰富**，多样性却远远低于对照地块^[39]。

在田间环境下有许多天敌生物(特别是天敌昆虫)，它们或以有害生物为食，或以有害生物作为寄主。

转基因植物在对靶标和非靶标生物直接作用的同时,也可能间接的影响到天敌生物的生存和繁殖。大规模种植转基因植物是否影响农业生态系统中有益天敌生物的种类和种群数量已经成为各国科学家关注的焦点。种群模拟模型指出转耐除草剂基因的植物,由于很好的控制了杂草,却减少了以杂草种子为食的云雀的食物来源,当地的云雀种群数量受到较大影响^[40]。种植转抗马铃薯叶甲基因的马铃薯田块中的天敌明显减少^[41]。Hilbeck^[42]用 Bt 玉米饲喂欧洲玉米螟,并以它作为天敌草蛉的饲料,结果发现草蛉取食转基因玉米饲喂的欧洲玉米螟后死亡率较高、发育历期延长。瓢虫取食转基因马铃薯叶片饲喂的蚜虫后生长发育也明显受到影响^[43]。研究人员发现取食含大豆胰蛋白酶抑制剂饲料的番茄夜蛾 *Lacanobia oleracea* 幼虫血淋血淋中很快检测到了该抑制剂,而大豆胰蛋白酶抑制剂对番茄夜蛾幼虫的寄生性姬蜂 *Eulophus pennicornis* 的生长发育有抑制作用,据此认为转豆胰蛋白酶抑制剂基因的番茄可能对寄生蜂有间接影响^[44]。随后的报道发现尽管转豇豆胰蛋白酶抑制剂(CpTI)的番茄能够显著降低寄生性姬蜂的寄生成功率,但对寄生性姬蜂后代发育没有影响^[45]。Johnson^[46]等发现 Bt 基因烟草显著延长了烟蚜夜蛾幼虫的发育历期,使之易受姬蜂的攻击。瓢虫的捕食行为可降低马铃薯叶甲对转 Bt 基因马铃薯的适应速率。另外有研究报道转雪花莲凝集素(GNA)基因的马铃薯能够明显提高寄生性姬蜂对番茄夜蛾幼虫的寄生率,表明转雪花莲凝集素基因的植物和寄生性天敌是相容的^[47]。不过室内将含 0.1%GNA 的饲料饲喂被蚜小蜂 *Aphenlinus abdominalis* 寄生的蚜虫,用 West-blotting 技术检测到蚜小蜂排泄物中有 GNA,而且小蜂的死亡率增加^[48]。由此看来,GNA 对不同的寄生性天敌的作用也可能是有差异的。Raps 等^[49]用 ELISA 方法检测 Bt 杀虫蛋白,结果发现取食 Bt 玉米茎韧皮部的禾谷缢管蚜体内和排出的蜜露中没有 Bt 毒素,但在取食叶片的蚜虫体内和粪便中检测到了 Bt 杀虫蛋白,这可能预示 Bt 玉米对蚜虫的寄生性天敌有影响,Bt 杀虫蛋白可能会在食物链中传递和累积。吴孔明^[50]经过多年的研究证实种植转 Bt 基因棉花(下简称 Bt 棉)的田块中的瓢虫类、草蛉类和蜘蛛类捕食性天敌的数量较常规棉田大幅度增加,这些天敌的增加有效的控制了棉田棉蚜的发生为害。

一些转基因植物可能会影响土壤生态系统,降低植物的自然分解率,影响土壤的肥力,影响土壤内和地面上物种的生物多样性。美国的研究人员撰文报告,他们种下 Bt 玉米 25d 后发现,Bt 杀虫蛋白能够通过根部渗出物进入周围的土壤,且保持了很强的活性,仍能够杀死烟草天蛾幼虫。而且含 Bt 杀虫蛋白的根部渗出物能够与根表面土壤颗粒结合,Bt 毒素不易被生物降解^[51]。在特定土壤中纯化的 Bt 毒素能够持续保持杀虫活性 234d,高密度和低 pH 土壤有利于 Bt 毒素的持久性^[52]。另外还有报道指出转菜豆凝集素基因的首蓿能够提高根部被固氮根瘤菌侵染的能力^[53]。这些研究表明转基因植物可能会对土壤中非靶标生物(包括土壤微生物,土壤中昆虫及软体动物)产生负面效应,对土壤环境的生态平衡产生长远的影响。由于目前科研人员采用的试验方法有一定的差异,得出的结果往往有所不同,甚至于相左。加之转基因植物尚属于新生事物,其对非靶标生物生态风险的评价体系及评价标准还需长期的科学实践来完善。

3 害虫对转抗虫基因植物产生抗性

由于 Bt 基因在植物体内的持续表达,使得害虫在整个生长周期都受到 Bt 杀虫蛋白的选择,可促使害虫对转抗虫基因植物产生相应的抗性。害虫对转基因植物的抗性发展,能够削弱转基因植物本身的效益,对环境产生负面影响,可能会导致杀虫剂的再次大量使用。田间的小菜蛾 *Plutella xylostella* 已经对喷洒的 Bt 杀虫剂产生抗性。至少 10 种蛾类、2 种甲虫和 4 种蝇类在实验室对 Bt 毒素产生抗性^[54]。梁革梅等^[55]报道在实验室经过 16 代筛选,棉铃虫对 3 种 Bt 杀虫物质均产生抗性,抗性上升的快慢顺序是 Bt 杀虫剂>Bt 杀虫蛋白>Bt 棉。Gould 等^[56]研究证明,目前应用的 Bt 棉品种能够 100%杀死烟蚜夜蛾的敏感个体和抗性杂合子,但并不能 100%杀死美洲棉铃虫的田间种群,因此在 Bt 棉存活下来的棉铃虫并不一定是抗性个体。从多个地区采集 Bt 棉上存活的美洲棉铃虫幼虫进行检测,也均未发现抗性个体。实际上,棉铃虫对 Bt 棉花抗性上升的速度与棉铃虫的生物学特性、自然种群抗性个体的初始频率、抗性的遗传方式和稳定性、抗性个体的适合度、抗性和敏感个体的基因交流程度、寄主植物的种类和时空分布等多种因素有密切的关系。各国科学家均根据抗性治理模型来估计害虫对转 Bt 基因植物的抗性频率。模拟显示,按照现有的抗性治理方案,烟蚜夜蛾对 Bt 棉产生抗性的时间为 10a 以上,而美洲棉铃虫可能只需 3~4a^[57]。计算机模型分

析表明,害虫对转双价抗虫基因植物的抗性发展速度显著慢于转单价基因植物^[58]。目前,抗性治理的策略主要包括转基因高剂量表达和庇护所等。事实证明庇护所能够有效减缓抗性发展,但不能阻止抗性的产生。另外增加外源基因的多样性,即利用与主转基因无关且不会产生交互抗性的抗虫基因,也能够提高杀虫活性并延缓抗性的产生和发展。不过,表达多毒素基因的植物也应该与敏感寄主植物搭配种植才更有益于延缓害虫抗性发展速度。美国孟山都公司已经培育出能够同时表达二个 Bt 基因的棉花,我国的转双价抗虫基因(Bt +CpTI)棉花也已经大面积推广种植。抗性治理特别是害虫对转基因植物的抗性治理是目前科学家关注的焦点之一。

4 抗病毒转基因植物可能潜在的生态风险

大多数植物病毒是单链 RNA 病毒,虽然很少发生 RNA-RNA 之间的重组,但并非不可能发生。病毒之间的重组,或相似核苷酸之间的交换,都可导致新病毒产生。在抗病毒转基因植株中,会发生转入的病毒外壳蛋白(CP)基因与感染病毒的相关基因之间重组核苷酸或异源外壳转移,可能产生新的病毒。Greene^[59]等发表文章指出对抗病毒转基因植物进行风险评估时,应考虑到 RNA 的重组问题,认为 RNA 的重组有可能引起新病毒的产生。但也有相反的观点,如 Falk 和 Breuning 认为转基因植株中的 RNA 与野生病毒 RNA 基因组之间重组率很低。即便是发生了重组,新的重组病毒在整个病毒侵染周期的一系列过程中,也不会有更高的生活力^[60]。已经有研究报道,在室内花椰菜花叶病毒(CaMV)与转基因萝卜基因组中的 CaMV 基因发生了重组^[61]。目前还没有田间转抗病毒基因植物引起新病毒产生的报道。植物病毒间交换外壳蛋白,发生异源包装(一种病毒的部分或全部核酸被另一不同种的病毒产生的外壳蛋白包裹)可能使寄主范围扩大。在自然条件下,不同病毒(株系)间异源包装现象是存在的。Rochow^[62]发现当 BYDV MAV 株系与 RPV 株系共同侵染时,RPV 的核酸被 MAV 的外壳蛋白包被,使原来麦长管蚜不能传播的 RPV 变得能够被传播。Chen 和 Francki^[63]曾报道,黄瓜花叶病毒(CMV)的衣壳蛋白包装烟草花叶病毒(TMV)基因组,结果原先不能被昆虫传播的 TMV 可以被昆虫传播,引起烟草花叶病发生。Jarvis 等^[64]报道,含一种马铃薯 Y 病毒组病毒的衣壳蛋白基因的转基因烟草,被另一种马铃薯 Y 病毒组病毒感染后,转基因作物上出现了 2 种病毒类型;除正常的感染病毒外,还有一种是由转基因植物合成的衣壳蛋白包装的病毒。另外病毒间的协同作用可能会使病毒病变得更加严重。两种植物病毒共同侵染产生的协同危害作用早就被注意到,如 PVX 和 PVY 共同侵染马铃薯时产生的症状比两者单独侵染时严重得多。而且原来不能系统侵染植物的一种病毒,在植物受到另一种病毒侵染后变得能够系统侵染,如 Tallansky 等^[65]报道番茄不孕病毒(TAV)单独侵染黄瓜时仅局限在接种的叶片,但在 CMV 存在的情况下就能够系统侵染,造成这种现象的原因是 CMV 的 CP 基因介导了 TAV 的系统侵染。Vance 等^[66]发现任何一种 PVY 属病毒的辅助成分——蛋白酶(HC-Pro)基因均能够与 PVX 发生协同作用。因此,转抗病毒基因植物中病毒基因产物与其它病毒或病毒产物之间的相互作用,可能会加速病毒病的发展,或者产生病毒的协同作用。此外有的研究指出在利用卫星 RNA 的抗病毒基因工程中还存在毒性突变性的危险以及一种转抗病毒基因植物具有 2 种以上的病毒源基因时可能发生基因间的相互干扰作用,从而导致抗病性的丧失^[67]。

5 结束语

转基因植物有着能够减少化学农药对环境的影响、提高作物产量、改善品质和保持水土等多方面潜在的优势,同时有关转基因植物的生态安全性评价在国际上也引起极大的争议。目前,国内外关于转基因植物生态环境安全性的研究已经获得了一些科学试验数据和评价管理经验,但也存在许多未知的或认识不充分的问题,有时甚至要靠逻辑推论,缺乏科学研究的基础,不能确切的预测转基因植物的生态风险。针对目前转基因植物的研究现状,应该对商业化大面积释放转基因植物的生态风险进行长期的监测研究;风险评估要经过合理的试验设计和严密抗性科学的试验程序,积累足够多的数据。同时发展能够快速准确检测转基因植物生态风险的新方法和新技术,建立转基因植物生态安全性评价的技术体系。这样,才能够充分发挥转基因技术在农业生产上的巨大应用潜力,同时将转基因植物的生态风险降低到最低水平。

参考文献

万方数据

[1] James C. Global review of commercialized transgenic crops. In: ISAAA Briefs. ISAAA, Ithaca, 1998. 8~9.

- [2] Mikkelsen T R. The risk of crop spread. *Nature*, 1996, **380**(6569): 31.
- [3] Qian Y Q(钱迎清), Ma K P(马克平). Progress in the study on genetically modified organisms, and the impact of its release on the environment. *Acta Ecologica Sinica* (in Chinese)(生态学报), 1998, **18**(1): 1~9.
- [4] Hancock J F, Grumet R, Hokanson S C. The opportunity for escape of engineered gene from transgenic crops. *Hortscience*, 1996, **31**(7): 1080~1085.
- [5] James K. Could transgenic supercrops one day breed superweeds. *Science*, 1996, **274**(5285): 180~181.
- [6] Qian Y Q(钱迎清), Wei W(魏伟), Tian Y(田彦), *et al.* Application and potential problems of transgenic crops. *Chin. J. Appl. Environ. Biol.* (in Chinese)(应用与环境生物学报), 1999, **5**(4): 427~433.
- [7] Crawley M J, Brown S L, Hails R S, *et al.* Transgenic crops in natural habitats. *Nature*, 2001, **409**: 682~683.
- [8] Fan L J(樊龙江), Zhou X P(周雪平), Hu B M(胡秉民), *et al.* Gene dispersal risk of transgenic plants. *Chinese Journal of Applied Ecology* (in Chinese)(应用生态学报), 2001, **12**(4): 630~632.
- [9] Chevre A M, Eber E, Renard M. Transgenic rape and environmental hazards. *Biofutur*, 1998, **172**: 44~48.
- [10] David Q, Chapela I H. Transgenic DNA introgressed into traditional maize landraces in Oaxaca, Mexico. *Nature*, 2001, **414**: 541~543.
- [11] Ford L B. Transgenic risk is not too low to be tested. *Nature*, 1998, **394**(6695): 715.
- [12] Losey J E, Rayor L S, Carter M. Transgenic pollen harms monarch larvae. *Nature*, 1999, **399**: 214.
- [13] Pleasants J M, Hellmich R L, Dively G P, *et al.* Corn pollen deposition on milkweeds in and near cornfields. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2001, **98**(21): 11919~11924.
- [14] Lavigne C, Klein E k, Vallee P, *et al.* A pollen-dispersal experiment with transgenic oilseed rape. Estimation of the average pollen dispersal of an individual plant within a field. *Theoret. Appl. Genetics*, 1998, **96**(6): 886~896.
- [15] Saeglitz C, Pohl M, Bartsch D. Monitoring gene flow from transgenic sugar beet using cytoplasmic male-sterile bait plants. *Mol. Ecol.*, 2000, **9**(12): 2035~2040.
- [16] Shen F F(沈法富), Yu Y J(于元杰), Zhang X K(张学坤), *et al.* Bt gene flow of transgenic cotton. *Acta Genetica Sinica*(in Chinese)(遗传学报), 2001, **28**(6): 562~567.
- [17] Zhang C Q(张长青), Lu Q Y(吕群燕), Wang Z X(王志兴), *et al.* Frequency of 2,4-D resistant gene flow of transgenic cotton. *Sci. Agric. Sin.* (in Chinese)(中国农业科学), 1997, **30**(1): 92~93.
- [18] Scheffler J A, Parkinson R, Dale P J. Frequency and distance of pollen dispersal from transgenic oilseed rape (*Brassica napus*). *Trans. Res.*, 1993, **2**: 356~364.
- [19] Scheffler J A, Parkinson R, Dale P J. Evaluating the effectiveness of isolation distances for field plots of oilseed rape (*Brassica napus*) using a herbicide-resistance transgene as a selectable marker. *Plant breeding*, 1995, **114**: 317~321.
- [20] Timmons A M, O'Brien E T, Charters Y M, *et al.* Assessing the risks of wind pollination from fields of genetically modified *Brassica napus* ssp. *oleifera*. *Euphytica*, 1995, **85**: 417~423.
- [21] Whitton J, Wolf D E, Arias D M. The persistence of cultivar alleles in wild populations of sunflowers five generations after hybridization. *Theoret. Appl. Genetics*, 1997, **95**(1~2): 33~40.
- [22] Hokanson S C, Hanciock J F, Grument R. Direct comparison of pollen mediated movement of native and engineered genes. *Euphytica*, 1997, **96**(3): 397~403.
- [23] Raamsdonk L R, Schouten H J, Van Raamsdonk L W D. Gene flow and establishment of transgenes in natural plant population. *Acta. Bot. Neerlandica*, 1997, **46**(1): 69~84.
- [24] Gray A J, Raybould A F, Daniell H. Reducing transgene escape routes. *Nature*, 1998, **392**(6678): 653~654.
- [25] Fan L J(樊龙江). GIS for plant transgene escape: a proposal. *Biotechnology Information*(in Chinese)(生物技术通报), 2001, **3**: 1~3.
- [26] Wolfenbarger L L, Phifer P R. The ecological risks and benefits of genetically engineered plants. *Science*, 2000, **290**: 2088~2093.
- [27] Stotzke **万方数据** and biological activity in soil of insecticidal proteins from *Bacillus thuringiensis* and of bacterial DNA bound on clays and humic acids. *J. Environ. Qual.*, 2000, **29**: 691~705.

- [28] Fearing P L, Brown D, Vlachos D, *et al.* Quantitative analysis of CryIA(b) expression in Bt maize plants, tissues, and silage and stability of expression over successive generations. *Mol. Breed*, 1997, **3**(3): 169~176.
- [29] Richard L H, Blair D S, Mark K S. Monarch larvae sensitivity to *Bacillus thuringiensis*- purified proteins and pollen. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2001, **98**(21): 11925~11930.
- [30] Oberhauser K S, Prysby M D, Mattila H R, *et al.* Temporal and spatial overlap between monarch larvae and corn pollen. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2001, **98**(21): 11913~11918.
- [31] Mark K S, Richard L H, Diane E S. Impact of Bt corn pollen on monarch butterfly populations: A risk assessment. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2001, **98**(21): 11937~11942.
- [32] Wraight CL, Zangerl AR, Carroll MJ, Berenbaum MR. Absence of toxicity of *Bacillus thuringiensis* pollen to black swallowtails under field conditions. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2000, **97**(14): 7700~7703.
- [33] Zangerl A R, McKenna D, Wraight CL, *et al.* Effects of exposure to event 176 *Bacillus thuringiensis* corn pollen on monarch and blackswallowtail caterpillars under field conditions. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2001, **98**(21): 11908~11912.
- [34] Arpaia S. Ecological impact of Bt-transgenic plants; 1. Assessing possible effects of CryIIIB toxin on honey bee (*Apis mellifera* L.) colonies. *J. Genetics and Breeding*, 1997, **50**(4): 315~319.
- [35] Burgess E, Malone L A, Christeller J T. Effects of two proteinase inhibitors on the digestive enzymes and survival of honey bees (*Apis mellifera*). *Journal of Insect Physiology*, 1996, **42**(9): 823~828.
- [36] Wang Z H(王忠华), Ni X Q(倪新强), Xu M K(徐孟奎), *et al.* The effect on the development of silkworm larvae of transgenic rice pollen with a synthetic cry1Ab gene from *Bacillus thuringiensis*. *HEREDITAS* (in Chinese)(遗传), 2001, **23**(5): 463~466.
- [37] Manachini B, Agosti M, Rigamonti I, *et al.* Environmental impact of Bt-corn on non target entomofauna. In: synthesis of field and laboratory studies. Human and environmental exposure to xenobiotics. Proceedings of the XI Symposium Pesticide Chemistry, Cremona, Italy. 1999, 873~882.
- [38] Buckelew L D, Pedigo L P, Mero H M, *et al.* Effects of weed management systems on canopy insects in herbicide-resistant soybeans. *J. Econ. Entomol.*, 2000, **93**(5): 1437~1443.
- [39] Daly J C. Ecology and resistance management for *Bacillus thuringiensis* transgenic plants. *Biocontrol Science and Technology*, 1994, **4**: 563~571.
- [40] Watkinson A R, Freckleton R P, Robinson R A, *et al.* Predictions of biodiversity response to genetically modified herbicide-tolerant crops. *Science*, 2000, **288**(5454): 1412~1414.
- [33] Zangerl A R, McKenna D, Wraight CL, *et al.* Effects of exposure to event 176 *Bacillus thuringiensis* corn pollen on monarch and blackswallowtail caterpillars under field conditions. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2001, **98**(21): 11908~11912.
- [34] Arpaia S. Ecological impact of Bt-transgenic plants; 1. Assessing possible effects of CryIIIB toxin on honey bee (*Apis mellifera* L.) colonies. *J. Genetics and Breeding*, 1997, **50**(4): 315~319.
- [35] Burgess E, Malone L A, Christeller J T. Effects of two proteinase inhibitors on the digestive enzymes and survival of honey bees (*Apis mellifera*). *Journal of Insect Physiology*, 1996, **42**(9): 823~828.
- [36] Wang Z H(王忠华), Ni X Q(倪新强), Xu M K(徐孟奎), *et al.* The effect on the development of silkworm larvae of transgenic rice pollen with a synthetic cry1Ab gene from *Bacillus thuringiensis*. *HEREDITAS* (in Chinese)(遗传), 2001, **23**(5): 463~466.
- [37] Manachini B, Agosti M, Rigamonti I, *et al.* Environmental impact of Bt-corn on non target entomofauna. In: synthesis of field and laboratory studies. Human and environmental exposure to xenobiotics. Proceedings of the XI Symposium Pesticide Chemistry, Cremona, Italy. 1999, 873~882.
- [38] Buckelew L D, Pedigo L P, Mero H M, *et al.* Effects of host plant resistance and natural enemies of *Heliothis virescens* (Lepidoptera: Noctuidae) in tobacco. *Environ. Entomol.*, 1992, **21**: 586~597.
- [47] Fitches E C, Marris G C, Bell J, *et al.* Transgenic GNA expressing potato plants augment the beneficial biocontrol

- of *Lacanobia oleracea* (Lepidoptera: Noctuidae) by the parasitoid *Eulophus pennicornis* (Hymenoptera: Eulophidae). Transgenic. Res., 2001, **10**(1): 35~42.
- [48] Couty A, Vina G, Clark S J, et al. Direct and indirect sublethal effects of *Galanthus nivalis* agglutinin (GNA) on the development of a potato-aphid parasitoid, *Aphelinus abdominalis* (Hymenoptera: Aphelinidae). J. Insect. Physiol., 2001, **47**(6): 553~561.
- [49] Raps A, Kehr J, Gugerli P, et al. Immunological analysis of phloem sap of *Bacillus thuringiensis* corn and of the nontarget herbivore *Rhopalosiphum padi* (Homoptera: Aphididae) for the presence of CryIAb. Mol. Ecol., 2001, **10**(2): 525~533.
- [50] Wu K M(吴孔明). IPM in Bt cotton. In: Jia S R(贾士荣), Guo S D(郭三堆), AN D C(安道昌) ed, Transgenic Cotton. Beijing: Science Press. 2001. 218~224.
- [51] Saxena D, Florest S, Stotzky G. Insecticidal toxin in root exudates from Bt corn. Nature, 1999, **402**: 480~481.
- [52] Tapp H, Stotzky G. Persistence of the insecticidal toxins from *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* in soil. Soil Biology & Biochemistry, 1998, **30**: 471~476.
- [53] Van R P, Fujishige N A, Lim P O, et al. Sugar-binding activity of pea lectin enhances heterologous infection of transgenic alfalfa plants by *Rhizobium leguminosarum* biovar *viciae*. Plant Physiol., 2001, **126**(1): 133~44.
- [54] Tabashnik B E. Evolution of resistance to *Bacillus thuringiensis*. Annu. Rev. Entomol., 1994, **39**: 47~7.
- [55] Liang G M(梁革梅), Tan W J(谭维嘉), Guo Y Y(郭予元). Studies on the resistance screening and cross-resistance of cotton bollworm to *Bacillus thuringiensis* (Berliner). Sci. Agric. Sin. (in Chinese)(中国农业科学), 2000, **33**(4): 46~53.
- [56] Gould F, Anderson A, Jones A, et al. Initial frequency of alleles for resistance to *Bacillus thuringiensis* toxins in field populations of *Heliothis virescens*. Proc. Natl. Sci. USA, 1997, **94**: 3519~3523.
- [57] Moar W J, Smith R H. Bt resistance monitoring of tobacco budworm and cotton bollworm in Alabama cotton. In: let's get everyone involved. Proceedings Beltwide Cotton Conferences, San Diego, California, USA, 1998, 1054~1056.
- [58] Roush R T. Two toxin strategies for management of insecticidal transgenic crops: can pyramiding succeed where pesticide mixtures have not? Philosophical transactions of the Royal Society of London. 1998, **35**: 1777~1786.
- [59] Greene A E, Allison R F. Recombination between viral RNA and transgenic plant transcripts. Science, 1994, **263**: 1423~1425.
- [60] Falk B W, Bruening G G. Will transgenic crops generate new viruses and new diseases? Science, 1994, **263**: 1395~1396.
- [61] Gal S B, Pisan T, John N, et al. Agroinfection of transgenic plants leads to viable cauliflower mosaic virus by intermolecular recombination. Virology, 1992, **187**: 525~533.
- [62] Rochow W F. Barley yellow dwarf virus: phenotypic mixing and vector specificity. Science, 1970, **167**: 875~878.
- [63] Chen B, Francki R I B. Cucumovirus transmission by the aphid *Myzus persicae* is determined solely by the viral coat protein. J. General Virology, 1990, **71**: 939~944.
- [64] Jarvis T C, Kirkegaard K. Poliovirus RNA recombination: mechanistic studies in the absence of selection. The EMBO Journal, 1992, **11**: 3135~3145.
- [65] Tallansky M E, Garcia A F. Role of cucumovirus capsid protein in long distance movement within the infected plant. Journal of Virology, 1995, **69**: 916~922.
- [66] Vance V B, Berger P H, Carrington J C, et al. 5' Proximal potyviral sequence mediate potato virus X potyviral synergistic diseases in transgenic tobacco. Virology, 1995, **206**(1): 583~590.
- [67] Wang X F(王锡锋), Peng Y F(彭于发), Zhou G H(周广和). The ecological risks of transgenic plants for resistance to virus disease. Acta Phytopathologica Sinica (in Chinese)(植物病理学报), 2001, **31**(3): 14~19.