

转基因油菜的基因流及生态风险*

唐桂香 宋文坚 周伟军**

(浙江大学农业与生物技术学院农学系,杭州 310029)

【摘要】 综合评述了转基因油菜的基因流及其生态风险. 油菜作为最早的转基因作物之一目前已在加拿大和澳大利亚大面积商业化应用. (常)异花授粉作物油菜的天然异交率可达 30 % 左右,也易与其它芸苔属作物杂交,因此转基因油菜的生态风险已引起各国科学家的高度重视. 转基因油菜主要通过与其野生近缘种的花粉交换和与非转基因油菜的花粉交换两种方式进行花粉的输出. 基因可能逃逸到相关野生近缘种,但在大田环境下能够得到杂种的可能性很小;由于基因的漂流在油菜田块间确实存在,因此在种植转基因油菜的过程中必须考虑其间隔距离.

关键词 转基因油菜 基因流 生态风险

文章编号 1001 - 9332(2005)12 - 2465 - 04 中图分类号 S565.4 文献标识码 A

Gene flow and its ecological risks of transgenic oilseed rape (Brassica napus). TANG Guixiang, SONG Wenjian, ZHOU Weijun (Department of Agronomy, College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China). - Chin. J. Appl. Ecol. ,2005,16(12) :2465 ~ 2468.

Transgenic oilseed rape *Brassica napus*, one of the first genetically modified crops, has now been released to commercial use in Canada and Australia. As a cross-pollinating crop, its natural crossing rate is 30 %, and it is liable to cross with other *Brassica* species. The ecological risk of transgenic oilseed rape has been concerned by the scientists all over the world. There are two ways for the pollens flow of transgenic oilseed rape, one takes place between transgenic oilseed rape and other related wild species, and the other occurs between transgenic and non-transgenic oilseed rape. The gene may flow to other related wild species, but it is unlikely to get hybrids in field. Because the gene can really flow to the conventional oilseed rape, it is necessary to have a sufficient isolation distance in cultivating transgenic oilseed rape.

Key words Transgenic oilseed rape, Gene flow, Ecological risks.

1 引言

我国是世界上油菜面积和总产量最大的国家,常年种植面积约 $7.0 \times 10^6 \text{ hm}^2$, 约占我国油料作物面积的 1/3,总产量约 $10.0 \times 10^6 \text{ t}$ [39]. 目前我国食用油的一半以上来自油菜. 因此,油菜育种特别是优质油菜的育种引起了我国政府和科研工作者的重视. 分子生物技术的飞速发展给油菜育种赋予了新的活力. 与禾谷类作物相比,油菜较易进行基因转化和再生. 自 1985 年 Holbrook 等 [17] 报道了农杆菌能够侵染甘蓝型油菜并形成冠瘿瘤以来,转基因油菜的研究有了长足的发展 [12, 13, 22], 在国内外广泛开展了一系列的研究工作. 抗病、抗虫、耐除草剂及高产、高含油量的转基因油菜相继诞生,部分品种已进入商业化或大田试验阶段. 本文试图对转基因油菜的基因流及所带来的生态风险作一综述,以更有利于转基因油菜的应用和健康发展.

2 转基因油菜的生态风险

1992 年,中国首先在大田种植转基因抗病毒烟草,揭开了全球转基因作物商业化的序幕;1994 年,美国农业部批准转基因油菜进入市场,转基因油菜的种植面积飞速增长. 最新报道表明,2004 年转基因甘蓝型油菜 (Canola) 达到 $23.0 \times$

10^6 hm^2 (占全世界油菜种植面积的 19 %), 比 2003 年的种植面积上升了 16 % (James Clive. 2005. Global review of commercialized transgenic crops. ISAAA. In: <http://www.isaaa.org>). 对除草剂的耐性一直是商业化转基因油菜最主要的特性,其次是抗虫性 [31]. 与其它自花授粉作物不同,油菜属十字花科芸苔属油料作物,是一种 (常) 异花授粉作物,其天然异交率可达 30 % 左右,油菜也易与别的芸苔属作物杂交;且油菜在收获时大约有 1 % ~ 10 % 的种子会落在泥土里. 这些种子由于诱导了次生休眠 [25], 能在土壤中存活数年至 10 年,因而在后作中会出现自生油菜. 由于自生油菜在空间上可通过花粉、在时间上可通过土壤存活 (即出苗时间长) 等传播,与野生芸苔属植物间潜在杂交危险 [11]; 据报道,加拿大的田间已出现了能够抗 3 种除草剂的自生油菜,因此转基因作物的生态风险已引起各国科学家的高度重视 [18, 28, 38].

转基因植物及其产品的风险主要包括两方面的内容:转基因植物及其产品是否危害人类健康和生态环境 [5, 6, 41]. 关于转基因作物是否危害人类健康,国内外众说纷纭. 转基因植物对生态环境的影响主要有两个方面. 一是转基因植物对

* 国家自然科学基金项目 (30471023) 和浙江省科技厅重点资助项目 (2004C22013, 2005C22004).

** 通讯联系人. E-mail: wjzhou @zju. edu. cn
2005 - 03 - 03 收稿, 2005 - 07 - 15 接受.

农田生物种群(包括动物和植物)的影响,即转基因作物的基因漂流到农田杂草和近缘野生种的可能性,产生新杂草的可能性;同时,农田生态环境的变化可能会影响农田昆虫的数量和种类。二是对土壤环境微生物的影响,即外源基因对土壤微生物种类和活性的影响。转基因植物对农田生物种群的影响主要是由基因漂流引起的,基因漂流是自然界的一个普遍现象,与普通植物相似进行有性传播的植物都能与之近缘植物种杂交,转基因植物也可与近缘植物种杂交,产生杂种。在一定的条件范围内,转基因作物的大规模释放可能使转入的外源基因流向其近缘植物^[15]。一些转基因作物可通过这种基因流动逐渐在野生种群中建立多成员家族,使得作物的野生近缘种获得潜在选择优势的可能性^[20]。

关于转基因作物对自然界野生动植物种群的影响,1999年英国政府耗时5年花了600万英镑在全英国范围内涉及266块试验地研究了5种耐除草剂转基因作物(Genetically modified herbicide tolerance, 简称为GMHT)对大田环境野生动植物种群如杂草、田间小昆虫、蜜蜂和蝴蝶等的影响,其中包括GMHT冬油菜和春油菜^[8]。结果表明,在种植GMHT冬油菜田块与普通油菜田块相比,田间杂草密度相似,但杂草的种类不同,在GMHT田块中有较多的禾本科杂草,而阔叶的、能开花的杂草要少得多。另外,在GMHT田块中蝴蝶和蜜蜂的数量减少,而跳虫的数量却增加,因为蝴蝶和蜜蜂是以阔叶的、能开花的杂草为食物,而跳虫的食物则是腐烂的植物;其它的昆虫和小动物没有很大差别。但研究者强调,种植GMHT冬油菜和普通冬油菜田间野生动植物种群的差别并不是由于种植转基因作物引起的,而是由于种植GMHT作物采用的除草剂不同所致。也有人认为,种植GMHT作物会对大田野生动植物种群有中期和长期的影响,但这种影响目前还无法预测^[8]。

基因可以通过转化、转导和结合的方式将外源基因整合到土壤微生物中,从而影响土壤中微生物的种群^[23]。许多报道表明,耐除草剂转基因油菜对田间微生物没有影响,但同时耐草甘膦和草丁膦的油菜与普通油菜相比会影响根际周围的细菌群落^[10,14]。根际微生物的这种变化可能与种植耐除草剂油菜所采用的广谱除草剂有关,但与植物生长阶段对根际微生物的影响相比微不足道。在油菜衰老期间,与普通油菜相比,转基因耐除草剂油菜根际蔗糖酶、碱性磷酸酶和脲酶的活性大大增强。这可能与转基因油菜无意识地改变了植物根系分泌,导致根际微生物群体结构和酶活性的变化有关^[35]。但种植耐除草剂转基因玉米却对根际微生物种群没有影响^[34]。

本文重点评述转基因油菜的花粉漂流,即基因在油菜种内和种间的花粉流动的可能性。转基因油菜基因逃逸主要有两种方式:一是芸苔属种间的基因流,即转基因油菜与其近缘种通过花粉进行种间杂交的可能性;二是芸苔属种内的基因流,即转基因油菜与非转基因油菜之间的花粉交换^[3]。

3 芸苔属种间的基因流

转基因作物与其野生近缘种间杂交的可能性依赖于许

多因素:作物和其野生近缘种必须长在同一地点,需要在同一时间开花并且它们之间必须有传粉的途径,其中有性生殖中孢子间的亲和性是特别重要的一个方面^[4]。十字花科(Cruciferae)芸苔属(*Brassica*)植物类型众多,主要有基本种和复合种两大类型组成^[22]。基本种包括黑芥(*B. nigra*, $n = 8$, b)、甘蓝(*B. oleracea*, $n = 9$, c)、白菜型油菜(*B. campestris* syn. *B. rapa*, $n = 10$, a);复合种包括埃塞俄比亚芥(*B. carinata*, $n = 17$, ab)、芥菜型油菜(*B. juncea*, $n = 18$, bc)和甘蓝型油菜(*B. napus*, $n = 19$, ac)。甘蓝型油菜是双二倍体($2n = 38$, 染色体组 AACC),是从白菜型油菜($2n = 20$, AA)与甘蓝($2n = 18$, CC)杂交进化而成。目前某些白菜型油菜已成为农田杂草,特别是油菜田主要杂草。

自20世纪80年代后期以来,转基因油菜基因逃逸到相关野生近缘种中的可能性一直在研究中^[11]。当甘蓝型油菜与杂草白菜型油菜按1:1混种时,白菜型油菜产生13%杂种种子,油菜为9%。这表明油菜中的抗性基因通过杂交与回交可导入白菜型油菜杂草中,通常经过杂交与回交两个世代便可实现^[3]。Downey等^[7]把对草甘膦敏感的甘蓝型油菜和白菜型油菜种植在耐草甘膦甘蓝型油菜和白菜型油菜田块的附近,从敏感型田块的最边缘到相配对的耐除草剂田块之间0~100 m的距离进行取样。每个点随机取900粒种子,播种在温室中并在幼苗期喷洒2倍浓度的草甘膦。结果发现大于16 hm²的推广田块异型杂交率较低,但在1 hm²的田块上还能得到一些结实的种子。

对油菜生产地区来说,种植转基因油菜最大的担心在于基因是否会转移到十字花科杂草如野生芥菜(*Sinapis arvensis*)中。以甘蓝型油菜作母本和野生芥菜作父本的杂交机会很低,且一外源基因被整合到野生芥菜基因组中的概率很低。从大田筛选380万粒田芥菜种子发现其中并无杂种产生^[21]。Momotaz等^[26]也有相似的结果。他们用野生芥菜作母本,甘蓝型油菜作父本,采用胚珠培养方法结果只得到一个杂种,且这一杂种花粉的存活率只有15%。由此可知,杂种与野生芥菜的回交率要比产生杂种的比率低得多。Moyes等^[27]从英国采集了102种不同生态条件生长的田芥菜(*Sinapis arvensis*)与6个不同遗传背景的甘蓝型油菜,在温室中研究它们之间的亲和性,结果发现,以田芥菜作母本,不同甘蓝型油菜作父本,采用人工授粉而不借助胚拯救和胚珠培养,得不到田芥菜和甘蓝型油菜的杂种;只有当以甘蓝型油菜作母本,田芥菜作父本时,才能得到其间的杂种,但杂种率很低,不同组合间为0~0.0049%。这一杂种经流式细胞仪(Flow-cytometer)检测表明,染色体数目为28,且这一杂种与田芥菜回交时没有得到回交后代。但是如果甘蓝型油菜和田芥菜这两个种之间有足够的同源性,则甘蓝型油菜基因会转移到田芥菜中。有证据表明,田芥菜和甘蓝型油菜染色体能够配对,但哪一条染色体能配对是未知的^[24]。然而,若一个耐除草剂基因被插入到芥菜型油菜中,则这个基因可能会通过黑芥(*B. nigra*)迁移到田芥菜。在加拿大西部黑芥非常稀少,芥菜型油菜大规模的生产也主要集中在加拿大西部和

印度次大陆区^[21]。由此可知,耐除草剂油菜基因能逃逸到田芥菜中,然而能够得到杂种的可能性很小。

Riege 等^[31]认为,甘蓝型油菜和野生小萝卜 (*Raphanus raphanistrum*) 种间易于杂交。甘蓝型油菜与野生小萝卜杂种回交 4 个世代,随着世代的增加,染色体数目逐渐减少,由原来的 28 条染色体(杂种染色体数目)逐步减少到 $2n = 18$ 条(野生小萝卜的染色体数目)。在这个过程中,每一世代植株的可育性在不断增加。Lefol 等^[21]证明,甘蓝型油菜和灰芥 (*Hirschfeldia incana*) 间也存在自然种间杂交。而 Darmency 等^[7]报道,它们的种间杂种与灰芥回交,并使后代处于耐除草剂选择条件连续的回交,后代几乎不结实,只有第 3 代回交后代中有一粒种子结实,且发育成对除草剂敏感的植物。这些研究表明,要把灰芥基因整合到 3 个杂草中,杂草群体和灰芥间存在着一定程度的自然障碍。Lefol 等^[21]采用人工杂交产生了甘蓝型油菜、白菜型油菜和狗芥子杂草 (*Erucas-trum gallicum*) 的 F1 属间杂种,但这个杂种非常脆弱,以致于在自然界中不能生存,而且,当 F1 杂种用狗芥子杂草花粉授粉,回交后代的竞争力弱,且所有后代好象又回到狗芥子杂草。这些暗示甘蓝型油菜的染色体丢失了。这些资料表明,基因从甘蓝型油菜转移到狗芥子杂草中可能性是很低的。另一方面,白菜型油菜狗芥子杂草的杂种是有活力的和可育的,白菜型油菜狗芥子杂草 F1 代杂种,得到 67 粒自交种子;白菜型油菜 F1 得到回交种子 690 粒及 14 粒反交种子。当狗芥子杂草作为母本时则不结实。1998 年大田杂交试验出人意料地产生狗芥子杂草白菜型油菜的杂种。目前的资料显示,基因从白菜型油菜转移到狗芥子杂草是真实可行的,还必须考虑到杂种后代的生存能力及基因整合到狗芥子杂草难易程度^[9]。

4 油菜种内的基因流

油菜种内的基因流主要指转基因油菜和非转基因油菜之间的花粉流动。油料作物的花粉可通过风和昆虫传播较长的距离,因此这种花粉的流动与转基因油菜的释放面积及转基因油菜和非转基因油菜之间间隔的距离有关。Scheffler 等^[32]在 9 m 直径范围内的大田中央种了 1.1 hm^2 带有 bar 基因的转基因油菜品种 Westar,四周种植传统油菜品种,并放养了蜜蜂,有利于油菜的传粉。结果发现,在 1 m 处花粉传播的杂交频率为 1.5%,而到离转基因油菜样方 12 m 处陡然降至 0.02%;在 47 m 处,107 粒非转基因油菜种子只有 33 粒种子携带转基因。在另一个研究中,Scheffler 等^[33]研究了 200 m 和 400 m 的隔离距离对转基因油菜和非转基因油菜杂交频率的影响,在 200 m 处杂种形成的频率为 0.156%,而到了 400 m 处,杂种形成的频率降为 0.0038%。Timmons 等^[37]注意到,种植面积为 10 hm^2 ,离转基因油菜方块 360 m 处的花粉只有种植边缘的 10%,但在 1.5 ~ 2.5 km 处能检测到 $22 \text{ 粒} \cdot \text{m}^{-3}$ 花粉。而 Raney 和 Falk^[29]发现,从 0.4 hm^2 高芥酸白菜型油菜花粉流出,到附近低芥酸双低油菜直到 260 m 处才产生异型杂交。为了评价除草剂抗性基因

在大规模商业化应用油菜大田间的花粉流动,Rieger 等^[30]采集了占澳洲总油菜面积一半以上,且包含种植在不同地理环境的转基因油菜田附近的 63 块田的种子(这些转基因田块和传统油菜面积均在 $25 \sim 100 \text{ hm}^2$ 之间),在传统油菜田里至少取了 10 万粒种子,在 0 ~ 3 000 m 范围内,63% 的田块种子出现了除草剂的抗性,绝大部分田块除草剂抗性频率为 0 ~ 0.197%,极少数的田块除草剂抗性频率超过 0.03%。这一结果表明,基因能通过花粉在油菜各田块间漂流,尽管漂流率较低,在转基因田块边缘花粉漂流率不到 1%,当两者距离达到 3 000 m 以上时检测不到除草剂抗性的种子。他们还检测了 70 万株的油菜幼苗,除草剂抗性频率最高为 0.07%,指出大面积油菜田块之间花粉漂流的边际效应是较低的,没有显示出对授粉的影响。这与前人的研究不一致^[32,33,36]。因此,他们认为在靠近转基因田块的杂交授粉频率较高。然而田块内样本的比较并没有证明这一点。在离除草剂抗性田不足 100 m 的 3 个地点均有相似的抗性频率。一些田块确实存在由于距离的增加而抗性频率下降的趋势,但是大多数田块(特别与转基因田块远的)则呈可变性。由此可知,基因漂移是一个复杂的过程,受很多因素的影响,如环境条件、植物品种、昆虫的行为以及植物密度。基因的漂流在油菜田块间确实是存在的,在种植转基因油菜的过程中考虑两者的间隔距离是必须的。

5 结 语

尽管转基因作物的种植引起人们对生物安全性的担心,但转基因作物能提高作物的生产能力,对全球的粮食、饲料和纤维的安全做出贡献。2004 年,全球有 17 个国家 825 万农民种植生物技术作物(Biotechnology crop,即转基因作物),特别是 90% 的受益农民来自于发展中国家和资源匮乏地区。他们通过种植生物技术作物增加的收入,帮助他们实现脱贫,解决营养不良与饥饿问题做出了人道主义的贡献(James Clive, 2005. Global review of commercialized transgenic crops, ISAAA. In: <http://www.isaaa.org>)。在我国,经过专家们科学、严谨的分析和试验,转基因油菜对人类食用和动物饲料消耗的安全性得到了肯定,生物技术研发商孟山都公司和拜耳农业科技公司分别获得了由我国农业部颁发的 7 个转基因油菜品种的进口安全证书。我国目前还没有大宗粮食、油料作物和其它食用的转基因作物获得生产许可,一些科研单位开始进行油菜抗虫、抗病等转基因研究,如 Bt 毒蛋白基因、TA29 核酸酶基因、反义 FAD₂ 基因等转化甘蓝型油菜的研究^[13,16,40],且已获得转化成功,目前正进行生物安全性研究。同时,陈锦清等^[2]在国际上首次从光合产物分配的角度,提出了利用反义 PEP 基因提高油菜种子含油量的技术路线,并利用农杆菌介导途径将反义 PEP 基因导入油菜基因组,获得了多批反义 PEP 基因油菜植株,最高含油量达 49.54%。

应该看到,花粉在基因间的交换是不可避免的^[19],花粉的传播确实会引起从转基因作物到非转基因作物之间的基

因漂流,或从转基因作物到杂草的基因漂流.我们不应该因为基因的漂流而一味地拒绝转基因作物,因此在是否赞成种植转基因作物之前应采取慎重的态度.应用科学的态度看待转基因作物,采取一些措施有效地预防这种花粉交换引起的基因漂流,正确评价基因漂流的数量和方向,更好地控制它.同时,生产转基因作物的生物技术公司与科学家们应大力加强研究转基因逃逸后的命运及其对生态系统的影响,使转基因作物的负面影响减少到最低限度,更好地为人类服务.

参考文献

- Chadoeuf R, Darmency H, Maillet J, et al. 1998. Survival of buried seeds of interspecific hybrids between oilseed rape, hoary mustard and wild radish. *Field Crops Res*, **58**:197 ~ 204
- Chen J-Q (陈锦清), Lang C-X (朗春秀), Hu Z-H (胡张华), et al. 1999. Antisense PEP gene regulates to ratio of protein and lipid content in *Brassica napus* seeds. *J Agric Biotechnol* (农业生物技术学报), **7**(4):316 ~ 320 (in Chinese)
- Chilvre AM, Eber F, Renard M, et al. 1999. Gene flow from oilseed rape to weeds. Proceedings of Gene Flow and Agriculture Symposium No. 72-University of Keele, U.K. British Crop Protection Council, 125 ~ 130
- Dale PJ. 1992. Spread of engineered genes to wild relatives. *Plant Physiol*, **100**:13 ~ 15
- Dale PJ. 1999. Public reactions and scientific response to transgenic crop. *Curr Opin Biotech*, **10**:203 ~ 208
- Daniell H. 1999. GM crops: public perception and scientific solutions. *Trends Plant Sci*, **4**(12):467 ~ 469
- Darmency H. 1996. Potential disadvantages of herbicide-resistant crops in weed resistance management. In: Second International Weed Control Congress, 427 ~ 433. Denmark.
- Dewar AM, May MJ, Woitwod IP, et al. 2003. A novel approach to the use of genetically modified herbicide tolerance crops for environmental benefit. *Proc R Soc Lond B*, **270**:335 ~ 340
- Downey RK. 1999. Risk assessment of outcrossing of transgenic brassica, with focus on *B. rapa* and *B. napus*. The 10th International Rapeseed Congress, Canberra, Australia.
- Dunfield KE, Germida JJ. 2001. Diversity of bacterial communities in the rhizosphere and root interior of field-grown genetically modified *Brassica napus*. *FEMS Microbiol Ecol*, **38**:1 ~ 9
- Frello S, Hansen KR, Jensen J, et al. 1995. Inheritance of rapeseed (*Brassica napus*) specific RAPD markers and a transgene in the cross *B. juncea* × (*B. juncea* × *B. napus*). *Theor Appl Genet*, **91**:236 ~ 241
- Fu T-D (付廷栋) ed. 2000. The Usage and Breeding of Hybrid Oilseed Rape. Wuhan: Hubei Agricultural Science and Technology Press. (in Chinese)
- Guan C-Y (官春云). 2002. Advances of transgenic breeding on rapeseed (*Brassica napus*). *Eng Sci* (中国工程科学), **4**(8):34 ~ 39 (in Chinese)
- Gyamfi S, Pfeifer U, Stierschneider M, et al. 2002. Effects of transgenic glufosinate-tolerant oilseed rape (*Brassica napus*) and the associated herbicide application on eubacterial and Pseudomonas communities in the rhizosphere. *FEMS Microbiol Ecol*, **41**:181 ~ 190
- Hancock JF, Grumet R, Hokanson SC. 1996. The opportunity for escape of engineered genes from transgenic crops. *Hort Sci*, **31**:1080 ~ 1085
- He Y-H (何业华), Xiong X-H (熊兴华), Guan C-Y (官春云), et al. 2003. Studies on the transformation of TA29 Bamase using *Agrobacterium tumefaciens* in *Brassica napus*. *Acta Agron Sin* (作物学报), **29**(4):615 ~ 620 (in Chinese)
- Holbrook LA, Miki BL. 1985. *Brassica* crown gall tumorigenesis and *in vitro* transformed tissue. *Plant Cell Rep*, **4**:329 ~ 332
- Joaquima M. 2003. Gene flow assessment in transgenic plants. *Plant Cell Tiss Organ Cult*, **73**:201 ~ 212
- Karveva P, Morris W, Jacobi CM. 1994. Studying and managing the risk of cross-fertilization between transgenic crops and wild relatives. *Mol Ecol*, **3**:15 ~ 21
- Keeler KH. 1996. Movement of crop transgenes into wild plants. In: Dake SO ed. *Herbicide Resistant Crops: Agricultural, Economic, Environmental, Regulatory and Technological Aspects*. Boca Raton FL, USA: CRC Press. 303 ~ 330
- Lefol E, Danielou V, Darmency H. 1996. Predicting hybridization between transgenic oilseed rape and wild mustard. *Field Crops Res*, **45**:153 ~ 161
- Liu H-L (刘后利). 2000. Oilseed Rape Genetics and Breeding. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press. (in Chinese)
- Lorenz G, Wackernagel W. 1994. Bacterial transfer by natural genetic transformation in the environment. *Microbiol Rev*, **58**:563 ~ 602
- Mizushima U. 1980. Genome analysis in *Brassica* and allied genera. In: *Brassica crops and Wild Allies: Biology and Breeding*. Tokyo: Japan Scientific Societies Press.
- Momoh EJJ, Zhou WJ, Kristiansson B. 2002. Variation in the development of secondary dormancy in oilseed rape genotype under conditions of stress. *Weed Res*, **42**:446 ~ 455
- Momotaz A, Kato M, Kakiyama F. 1998. Production of intergeneric hybrids between *Brassica* and *Sinapis* species by means of embryo rescue techniques. *Euphytica*, **103**:123 ~ 130
- Moyes CL, Lilley JM, Casais CA, et al. 2002. Barriers to gene flow from oilseed rape (*Brassica napus*) into populations of *Sinapis arvensis*. *Molecular Ecol*, **11**:103 ~ 112
- Nie C-R (聂呈荣), Wang J-W (王建武), Luo S-M (骆世明). 2003. Effect of transgenic plants on biodiversity of agroecosystem. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), **14**(8):1369 ~ 1373 (in Chinese)
- Raney JP, Falk KC. 1998. Outcrossing in turnip rape (*Brassica rapa* L.). 11th International Crucifer Genetics Workshop, Montreal PQ. Book of Abstracts, 36
- Rieger MA, Michael L, Christopher P, et al. 2002. Pollen-mediated movement of herbicide resistance between commercial fields. *Science*, **296**:2386 ~ 2388
- Rieger MA, Preston C, Potter T, et al. 1999. Gene flow from transgenic canola to wild radish - A model system to determine the risks. In: Proceedings of Gene Flow and Agriculture Symposium No. 72. University of Keele, British Council, U.K. 131 ~ 136.
- Scheffler JA, Parkinson R, Dale PJ. 1993. Frequency and distance of pollen dispersal from transgenic oilseed rape (*Brassica napus*). *Transgenic Res*, **2**:356 ~ 364
- Scheffler JA, Parkinson R, Dale PJ. 1995. Evaluating the effectiveness of isolation distance for field plots of oilseed rape (*Brassica napus*) using a herbicide-resistance transgene as a selectable marker. *Plant Breed*, **114**:317 ~ 321
- Schmalenberger A, Tebbe CC. 2002. Bacterial community composition in the rhizosphere of a transgenic, herbicide-resistant maize (*Zea mays*) and comparison to non-transgenic cultivar Bosphore. *FEMS Microbiol Ecol*, **40**:29 ~ 37
- Sessitsch A, Gyamfi S, Tschirko D, et al. 2004. Activity of microorganisms in the rhizosphere of herbicide treated and untreated transgenic glufosinate-tolerant and wildtype oilseed rape grown in containment. *Plant Soil*, **266**:105 ~ 116
- Staniland BK, McVetty PBE, Friesen LF, et al. 2000. Effectiveness of order areas in confining the spread of transgenic *Brassica napus* pollen. *Can J Plant Sci*, **80**:521 ~ 526
- Timmons AM, O'Brien ET, Charters YM, et al. 1995. Assessing the risks of wind pollination from fields of genetically modified *Brassica napus* ssp. *oleifera*. *Euphytica*, **85**:417 ~ 423
- Wang J-W (王建武), Feng Y-J (冯远娇), Luo S-M (骆世明). 2002. Effects of transgenic crops on soil ecosystem. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), **13**(4):491 ~ 494 (in Chinese)
- Zhang D-X (张冬晓). 2001. The development and prospect of rapeseed production in China. *Chin J Crop Sci* (中国油料作物学报), **23**(4):79 ~ 81 (in Chinese)
- Zhang H-Y (张海燕), Tian Y-C (田颖川), Zhou Y-H (周奕华) et al. 1998. Transfer the anti-virus protein (PAP) cDNA into *Brassica napus* to get the transformation plants. *Chin Sci Bull* (科学通报), **43**:2534 ~ 2537 (in Chinese)
- Zhu Z (朱 祯), Liu X (刘 翔). 2000. Genetically modified crops: Frankenstein or Savior. *J Agric Biotechnol* (农业生物技术学报), **8**(1):1 ~ 5 (in Chinese)

作者简介 唐桂香,女,1966 年出生,博士,副教授.主要从事油菜分子育种工作,发表论文 20 余篇. E-mail: tanggx@zju.edu.cn