第三章
基因轉殖植物之生物安全風險評估

基因轉殖植物對目標與非目標生物之影響與風險評估

王清玲[1*]　石信德[2]　林鳳琪[1]　林俊義[3]
行政院農業委員會農業試驗所

摘　要

風險評估的結果，是決定某一基因轉殖植物得否自試驗室釋出之重要依據，藉由評估的過程，可瞭解所有可能發生之損害與發生機率以及後果，並且做好釋出後之損害預防措施，降低實際的環境風險。對目標與非目標生物的風險分析包括有利與有害雙方面之考慮，含有毒或抗生物質的基轉植物與不含此類毒物的基轉植物對環境中生物的影響不同，需依受評估個案的特性加以檢討。本文綜合探討於分析環境安全風險時，對於目標與非目標生物可能產生影響之一些評估內容。抗病基轉植物之大面積栽植，可能反而產生新病原或病害；或導致次要病害發生；或是損害有益微生物。抗蟲植物之栽植也可能使目標害蟲產生抗性；使原先次要害蟲大發生；或是不利於天敵、土壤昆蟲、授粉昆蟲、甚或保育類昆蟲等有益昆蟲之生存。病原與昆蟲是生物多樣性之重要組成份，基轉植物對於生物多樣性之影響，亦普遍受到國際間重視。

關鍵詞：基因轉殖植物、目標生物、非目標生物、風險評估

前　言

栽種作物常受到病蟲害問題的困擾甚或造成巨大損失，利用基因轉殖技術可以改善此一狀況，目前栽種的基因轉殖植物中總數約有 30% 係以抗蟲或抗病為目的，其中又以抗蟲為主，主要有蘇力菌內毒素、凝集素、酵素抑制物與酵素等四類（王等, 2004）。以 2004 年幾個基轉植物栽種國家為例，如西班牙抗蟲玉米的種植面積比 2003 年增加 80％以上；印度抗蟲棉花面積比 2003 年增長 400%，達到 500000 公頃；中國大陸抗蟲棉花比 2003 年增加三分之一，占全國棉花總面積 66%（國際農業探索, 2004），由此可見抗蟲植物，尤其是

* 通訊作者（電子信箱: clwang@wufeng.tari.gov.tw; 聯絡電話: 886-4-23302301-601; 傳真:886-4-23338162）
1.行政院農業委員會農業試驗所應用動物組。
2.行政院農業委員會農業試驗所植物病理組。
3.行政院農業委員會農業試驗所所長。

抗蟲玉米與抗蟲棉花面積增加之趨勢。隨種植面積的擴大，這類抗病蟲植物對環境生態之影響普遍受到重視，風險評估的結果遂成為決定該植物得否釋出之一重要資料。

環境風險評估

經過轉殖特定基因之植物能產生抗病蟲之機制，雖可減少栽種時所遭遇的病蟲害問題，卻也可能因為植物具有此一新殖入之性狀，造成對於周圍環境生態的某種衝擊。基轉植物於釋出田間種植之前，需經過周詳的安全性評估，世界各國因國情不同，對於某種基轉植物是否需進行環境風險評估，以及風險評估的標準或有寬緊不一的情形，但是評估的步驟大約是一致的，根據歐盟公布之風險評估原則(Directive 2001/18/EC)，環境風險評估之進行步驟包括：1. 辨識可能對環境產生不利影響之特性（Identification of characteristics which may cause adverse effects），2. 評估可能產生之後果（Evaluation of the potential consequences），3. 評估每一負面影響實際發生之可能性(Evaluation of ikelihood of the occurrence of each adverse effect)，4. 估計風險性（Estimation of risk），5. 風險管理措施（Risk management strategies），6. 判定總風險（Determination of the overall risk）等步驟。環境安全評估通常要考慮：該植物轉變為雜草的可能性(weediness potential)、基因外流(gene flow)的可能性、對目標與非目標生物(target and non target organisms)的影響、對生物多樣性(biodiversity)的影響等。尤其是以抗病蟲為主的基轉植物，當進行環境安全評估時，該植物對於目標與非目標生物之影響，是整體風險評估中極為重要的一個項目。

目標生物是指當初進行基因轉殖時，所欲影響之生物，因為基因轉殖技術之進步，範圍可能會包括各種細菌、真菌、病毒、線蟲、昆蟲等等。在改善作物病蟲害方面，如抗病毒木瓜能夠減少 PRSV 病毒對寄主植物之作用，則此 PRSV 即是次項轉殖之目標生物;抗 PVY 病毒之煙草，則 PVY 即屬目標生物;對於抗 CaMV 病毒煙草，CaMV 是目標生物；對於 Bt 抗蟲玉米、棉花則玉米穗蟲、棉鈴蟲等就是目標生物。非目標生物是指一些與轉殖目的無關，但是可能因為取食基轉植物之活體或殘渣，或是與目標生物有棲所競爭、食物鏈等關係，因而受連帶影響之生物，環境中所有可能受影響的動物、植物、微生物等，均在評估範圍之內。

評估基轉植物對於目標或非目標生物的影響，應以全面性、整體性之環境影響為基礎，評估時應包括各項有利的或不利的；直接的或間接的；立即的或慢性的因子，以達到公正客觀的評估結果。

風險評估的目的

對於基因轉殖作物進行環境安全評估，可藉以瞭解可能產生損害之種類與性質，該損害發生機率之高低，發生後可能造成之後果等，藉由此種風險評估可以因而研擬並採取適當方法與手段，以降低該基因轉殖作物之環境風險，其中包括：

1. 決定是否釋出

經評估後認為該植物釋出於一般田間種植會對環境造成不利結果，且無法以釋出後之管理方式避免該危害產生，則可採取暫不釋出之決定，以避免該植物於環境中產生風險之可能性。

2. 釋出後之風險管理方法與執行

根據風險評估時瞭解到該植物於釋出後可能產生之風險，包括危害之形式、造成損失之大小、可能發生之機率等，並據以擬定減少或避免該危害產生之策略與管理方法，使得在適當之管制之下，基因轉殖植物仍然可以釋出種植，達到減少病蟲之目的，並且無損於對自然環境生態之維護。

病蟲抗性管理　栽種抗蟲的 Bt 作物時，為避免昆蟲對蘇力菌產生抗性，抗性管理(insect resistance management)成為重要的配套措施，是對農民推廣教育工作的主要項目。美國是全球種植 Bt 作物最多的國家，為杜絕或延緩抗藥性的發生，EPA 與 USDA 曾經提出的主要對策為 1. 保護植物(refuge)：栽種抗蟲轉殖作物田區附近一定距離內，必須種植一定比率的非轉殖的同種作物，使來自抗蟲與非抗蟲植物上所生長發育的成蟲，得以相互交配，而產生非抗性的子代。2. 高毒性(high toxicity)：抗蟲基因轉殖作物所表現的毒性成份需足夠，殺蟲效果必須達到使絕大多數目標害蟲致死的程度，降低抗性蟲的族群密度，以減少互相交配而產生抗性後代的情形(EPA, 1999)。

預防次要病原菌或害蟲之大發生　抗病蟲基因轉殖作物將目標病蟲族群密度壓制之後，受到同一寄主植物上昆蟲族群改變之影響，次要病害蟲族群密度的變化值得重視。次要病害蟲密度也許維持原先之水平，但也有上升的可能，完全視作物與病、蟲各別的適應情況而異。當次要害蟲成為主要害蟲時，其所造成作物的損害、對於週邊作物及對天敵族群的影響等，需加以長期觀察偵測，如發生次要害蟲崛起危害的情形，則需針對該次要害蟲發展適當防治方法，以免作物受害。這類屬於環境中不同病蟲族群生態消長之變化，通常需較長期觀查研究，並於實際栽種作物田間進行調查，以獲得較為確切之結論。

據以進行釋出後之長期監控　以人類目前有限的知識，對於生態系影響之長期預測仍有相當困難，因而基因轉殖植物即使通過評估而釋出種植，其對於環

境生態系之長期影響，仍需要做持續的追蹤監控，一旦發現有不利於環境生態的情形，立即採取管制或禁止之措施，才可能使基因轉殖植物對環境產生破壞之風險降至最低。希望能在獲取現代科技所衍生利益的同時，盡量避免對環境生態造成任何負面影響。

對目標與非目標生物的風險評估

I. 基轉作物對環境生態有利的影響

抗蟲基因轉殖植物的發展，有利於環境主要是減少化學殺蟲劑的使用，原本用於防治病蟲害所施用的殺蟲與殺菌藥劑，會對環境中其它生物造成損害，現在因為疫病與害蟲已經得以控制，故而不須施用或是減少施用。

例如棉花鱗翅目害蟲，如 *Helicoverpa* spp.、*Pectinophora gossypiella* (Saunders)等為害嚴重時，由於其中有些幼蟲有鑽食新芽或穗中習性，所以藥劑難以到達其藏身隱匿處，此外因害蟲已經對許多殺蟲劑產生抗性而防治困難，造成農民很大損失，為防治此類害蟲必須於作物生長全期持續施用大量強效殺蟲劑，因而對環境造成污染。在改種抗蟲基因轉殖棉花後，因蟲害減少，也減少廣效性殺蟲劑的用量。以美國為例，根據 USDA ERS 之統計，於 1995-1998 年全美棉花生產地區減少用殺蟲劑二百萬磅以上(Gianessi and Carpenter, 1999)，轉殖 Bt 的棉花田的殺蟲劑使用比一般棉花田減少一半以上。在中國大陸北方傳統棉花田為防治鱗翅目害蟲，每季需噴施殺蟲劑 15-20 次，Bt 棉花田則幾乎不必為防治鱗翅目害蟲噴藥，廣效性殺蟲劑的消耗量減少 60-80%(Xia et al, 1999)。

由於廣效性殺蟲劑噴施量減少，使得田間自然存在的天敵昆蟲族群密度上升，所增加的天敵可以抑制次要害蟲的發生，並且使其他主要害蟲密度下降，減少週邊其它作物的蟲害損失。此外減少殺蟲劑用量，也減少附近水源或食物中以及土壤中殺蟲劑殘存的毒性，有助於自然環境生態之維護與發展。

II. 含有毒或抗生物質的基轉植物對環境生態不利的影響

1. 病原方面

可能產生新病原或病害　實驗室研究發現ß-lactamase轉殖馬鈴薯基因可以經由基因水平移轉至軟腐病菌(*Erwinia chrysanthemi*)(Schlüter *et al.* , 1995)。外鞘蛋白(coat protein, cp)抗病毒轉殖植物所被關切議題是其對於非防治目標病毒是否會引起病毒的異源包被或轉移包被的可能性。這意味著當有其他病毒侵染抗病毒轉殖植物時，入侵病毒的核酸可能會被抗病毒轉殖植物所具有的外鞘蛋白所包被，因而改變植物病毒的寄主範圍。對於作物產生新的危害，例如花椰菜花葉病毒(CaMV)基因從轉殖植物中獲得一段核苷酸序列，與外源花椰菜花

葉病毒重組後可擴大感染其他寄主範圍的能力(Schoelz and Wintermantel, 1993)。AMV-cp 轉殖苜蓿則可發生嚴重的胡瓜嵌紋病毒病害。

次要病害發生　AMV-cp 轉殖苜蓿則可發生嚴重的胡瓜嵌紋病毒病害。蚜蟲是傳播 Plum pox 病毒 (PPV)的媒介昆蟲，而南瓜黃化嵌紋病毒(Zucchini yellow mosaic virus, ZYMV)無法經由蚜蟲傳播，研究發現 ZYMV 若先以人工接種感染 PPV 外鞘蛋白基因轉殖植物，ZYMV 也可以轉變為蚜蟲傳播(Jacquet et al., 1998)。在台灣，於農業試驗所基因轉殖專用隔離田進行基因轉殖木瓜試驗發現轉殖木瓜發生次要的木瓜畸葉嵌紋病毒(papaya leaf distortion mosaic virus, PLDMV)(林等, 2004)。此外，我們也發現基因轉殖普魯南醣酶（amylopullulanase; APU）水稻容易罹患水稻胡麻葉枯病菌(*Bipolaris oryzae*)(石等, 2004)，這些評估所發現的結果有助於未來商業化栽種轉基因作物的管理工作。

損害有益微生物　幾丁質分解酵素可以有效抑制病原真菌的生長，然而它也有可能影響土壤中的有益真菌，破壞土壤中的微生物相及生態營養循環系統，因此藉著瞭解這些微生物的消長情形加以評估基因轉殖植物的風險。研究發現轉殖抗蟲毒蛋白(Bt toxin)棉花所產生的 Bt 毒蛋白可以經由根部釋放至土壤，此蛋白至少可在土壤中殘存 234 天(Gebhard and Smalla, 1998)，或許會造成土壤產生微生物相之不確定性變化。然而 Manachini(1999)等人於實驗室與田間試驗探討抗鱗翅目昆蟲的轉基因玉米 CRY1Ab 蛋白，發現對於土壤微生物影響並無顯著差異。

2. 昆蟲方面

害蟲產生抗性　許多昆蟲具有產生抗藥性之能力，基因轉殖作物於種植期間長期產生毒素，昆蟲長期連續的受到此毒素之淘汰，長期的選汰壓，比噴施殺蟲劑更加提高其抗性產生之機率。室內汰選試驗所得數據顯示不少昆蟲對蘇力菌的毒性會產生抗性(Bolin et al,.1999; Tabashnik, 1994)，雖然這並不代表田間結果，但是多少給我們一些可以預測田間發展之基礎。大面積且長期種植轉殖 Bt 作物，可能會重現室內試驗之結果，亦即引起昆蟲對該殖入毒蛋白產生抗性，使轉殖作物失去逃避害蟲侵害之能力，導致作物再度蒙受蟲害損失。當抗性害蟲出現時，不但原先作物之害蟲管理更困難，在轉殖作物周圍種植之一般作物，如有與該轉殖作物相同之害蟲，則其上害蟲可能由原本的一般害蟲轉為抗藥性害蟲，影響範圍可以很大。

目前對昆蟲抗性機制之研究雖多，但是關於抗性的產生原因仍非十分了解，要靠目前有限的知識徹底解決抗性問題，十分困難。隨著生物技術的進步，研究人員需要積極研究如何能夠延遲昆蟲抗性之產生，累積之相關數據與資

料，可能可以使日後轉殖基因作物之抗蟲性管理更趨有效。

次要害蟲發生　抗蟲基因轉殖作物將目標害蟲的密度壓制之後，受到同一寄主植物上昆蟲族群改變之影響，次要害蟲族群密度的變化值得重視。次要害蟲密度也許維持原先之水平，但也有上升之可能，完全視作物與害蟲各別情況而異。當次要害蟲成為主要害蟲時，其所造成作物之損害、對於週邊作物及對天敵族群之影響等，需要加以長期觀察偵測，如發生次要害蟲崛起危害之情形，則需要針對該次要害蟲發展適當之防治方法，以免作物受害。

這類屬於環境中不同昆蟲族群生態消長之變化，通常需要較長期之觀查研究，並且需於實際栽種作物之田間進行，以獲得較為確切之結論。

不利於有益昆蟲之生存　有益昆蟲經常評估的項目包括天敵昆蟲、土壤腐食性昆蟲、授粉昆蟲、保育類昆蟲等。抗蟲基因轉植作物所含抗蟲毒蛋白或酵素等可能直接對非目標的天敵生物產生毒殺作用，間接影響天敵昆蟲搜尋寄主的能力，並對昆蟲天敵個體的生存、發育繁殖等生理及其行為產生影響。蟲基因轉殖作物對目標昆蟲的專一性天敵的影響較大，轉殖作物直接殺死目標害蟲使其獵物或是寄主昆蟲減少或消失，將間接影響天敵的生存。這種對族群動態造成衝擊的因素，包括抗蟲基因轉殖植物、目標害蟲及自然天敵等三方面的相互作用機制。根據以往相關轉殖植物對其害蟲的天敵族群動態影響的調查研究顯示，對天敵所產生的影響可能與抗蟲基因轉殖植物的表現作用互為拮抗或是加成((Budenberg, 1990; Vet and Dicke, 1992; Schuler et al, 1999 Budenberg, 1990; Thibout, et al, 1993)。

某些轉基因植物根部釋出分泌物，進入土壤中後，可能對土壤中棲息昆蟲之生存產生影響(Crecchio and Stotzky, 1998; Donegan et al, 1997)。目前有許多評估的例子是以土壤中腐食性昆蟲如跳蟲，作為評估對土壤生物影響之指標昆蟲。

一般都以蜜蜂做為測試昆蟲，基因轉殖植物除了因含昆蟲有毒物質而對授粉昆蟲產生毒性外，尚可能因花朵形態、花朵數目、花蜜含量、花蜜品質等之改變，而對授粉昆蟲有間接的不利影響。

3. 其它動物方面

包括魚類、鳥類、鼠、兔等其它小型動物，也在非目標生物田間評估之列，需視植物種類與生育特性，釋出後將會栽種之地域與當地環境生態，而決定是否需要逐一加以個別詳細評估。

III. 不含有毒或抗生物質的基轉植物對環境生態不利的影響

有許多基因轉殖植物並非以抗病蟲為目的，殖入新的基因並不會產生新的

抗生物質，這類植物大多是屬於本身所含有營養成分或是其代謝反應速率等等之生理性改變。一般而言，此類植物對環境中非目標生物產生影響之可能性較低，通常在評估環境風險時，與具有抗生物質植物分別歸屬不同之類別中，所需進行之對非目標生物風險評估項目也大為減少。

蜜蜂、花虻等授粉昆蟲多依靠視覺與嗅覺刺激而尋找蜜源植物，若是經過基因轉殖後導致花朵顏色或散發出來的氣味改變，就有可能改變授粉昆蟲之訪花行為；而植物花粉與花蜜數量與性質之改變，也可能關係著授粉昆蟲之生長與發育，因而影響授粉昆蟲族群密度發展，進而影響該植物或其它植物成功授粉與結籽之機率，這些均是需加以評估之項目。

非抗生性植物所含營養成分改變，亦可能連帶影響其上所依附生存之病原菌或植食性昆蟲之生育，此時對於其可能產生之影響，亦有加以評估之必要。

IV 基轉植物與生物多樣性之關係

基轉植物對目標與非目標生物的影響，所衍生之後果則可能會影響生物多樣性的維護，因此進行評估時亦將對生物多樣性的影響列入考慮。人類經濟發展以及科技進步，對於自然資源過度開發利用，使居於生存弱勢的物種正以比以往更快的速度滅絕，物種的減少將使整個自然生態系統受到影響，此一趨勢若不設法遏止，更將危及人類本身之生存，因此生物多樣性的研究很受重視。聯合國於 2000 年通過「卡塔赫納生物安全議定書」，更加強國際間於生技產品風險評估時對生物多樣性影響之重視。

環境中某一元素改變，即可能在生態上將衍生一連串的作用，且其間相互因子甚為複雜，對於可能造成的後果須加以審慎評估。一種抗病蟲基因轉殖植物釋出後，本地微生物與昆蟲多樣性將會受到何種程度的影響，是屬於暫時性或是永久性影響，均需投注人力與物力加以研究判斷。與傳統生態學相較，生物多樣性為新興學門，在某一區域內的物種數目、互相間作用關係等，均為研究題材，對於物種數目的估算有多種理論與估計方法，這方面的研究仍有待充分發展。室內試驗通常難以充分反映自然界中可能發生的情況，時間、季節、地理分佈等不同，均可能造成不同的結果，因此對多樣性評估尚不易達到科學性的精確估算，通常僅能做理論上的分析。

自然界中一些因素對於生物族群變動的反映，通常需要相當長久的時間才會穩定呈現，目前只能靠少許的研究，盡最大努力做理論上的分析推測，此方面亟需建立一套公認可行的制度，以評估基因轉殖植物對於生物多樣性的影響。

參考文獻

王清玲、林鳳琪、林俊義。2004。抗蟲基因轉殖植物之類別與其對環境中昆蟲類之影響。植物保護學會會刊 46:181-209。

石信德、丁孟宜、陳殿義、謝麗娟、林俊義。2004。基因轉殖普魯南醣酶水稻對病害及病原相之影響評估。植物病理學會刊 13：350-351。

林俊義、劉邦基、王清玲、簡宣裕、石信德、陳邦華。2004。抗輪點病毒(PRSV)基因轉殖木瓜對生態影響及環境安全之評估。中華農學會報 5: 374-392。

國際農業生物技術探索服務公司。生物技術轉基因作物商業化的全球狀況：2004。 www.isaaa.org

Bolin, P. C., Hutchison, W. D., and Andow, D. A.1999. Long-term selection for resistance for *Bacillus thuringiensis* Cry1Ac endotoxin in a Minnesota population of European corn borer. J. Econ. Entomol. 92:1021-1030.

Budenberg, W. J. 1990. Honeydew as a contact kairomone for aphid parasitoids. Entomol. Exp. Appl. 55: 139-148.

Crecchio, C., and Stotzky, G. 1998. Insecticidal activity and biodegradation of the toxin from *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* bound to humic acids from soil. Soil Biol. Biochem. 30: 463-470.

Donegan, K. K., Seidler, R. J., Fieland, V. J., Schaller, D. L., Palm, C. J., Ganio, L. M., Cardwell, D. M., and Steinberger, Y. 1997. Decompositiomn of geneticalluy engineered tobacco under field conditions: persistence of the proteinase inhibitor I product and effects on soil micrtobial respiration and proptzoa, nematode and micrtoarthropod popiloatioms. J. Appl. Ecol. 34: 767-777.

EPA. 1999. EPA and USDA position paper on insect resistance management on *Bt* crops. www.epa.gov/pesticides/biopesticides/otherdocs/bt_position_paper_618.htm.

Gebhard P, Smalla K. 1999. Monitoring field releases of genetically modified sugar beets for persistence of transgenic plant DNA and horizontal gene transfer. FEMS Microbiology and Ecology Research. 28: 261-272.

Gianessi, L. P., and Carpenter, J. E. 1999. Agricultural Biotechnology: Insect Benefits. National Center for Food and Agricultural Policy, Washington, DC. www.bio.org/food&ag/

Manachini B., Agosti M. and Rigamonti I., 1999. Environmental impact of Bt-Corn on non target entomofauna: synthesis of field and laboratory studies. In: Proceedings of the XIth Symposium on Pesticide Chemistry. Cremona, Italy,

pp. 11–15.

Jacquet C., Delecolle B., Raccah B., Lecoq H., Dunez J. and Ravelonandro M. 1998.Use of modified plum pox virus coat protein genes developed to limit heteroencapsidation-associated risks in transgenic plants. Journal of General Virology. 79:1509-1517

Schluter, K., Futterer, J. & Potrykus, I. 1995. Horizontal gene-transfer from a transgenic potato line to a bacterial pathogen (*Erwinia chrysanthemi*) occurs, if at all, at an extremely low-frequency. Bio/Techology. 13: 1094-1098.

Schoelz, J. E., and Wintermantel W. M. 1993. Expansion of viral host range through complementation and recombination in transgenic plants. Plant Cell 5:1669-1679.

Schuler, T. H., Poppy, G. M., Kerry, B.R., and Denholm, I. 1999. Potential side effects of insect-resistant transgenic plants on arthropod natural enemies. Trends in Biotechnology 17:202-216.

Schuler, T. H., Poppy, G. M., Kerry, B.R., and Denholm, I. 1999. Potential side effects of insect-resistant transgenic plants on arthropod natural enemies. Trends in Biotechnology 17:202-216.

Tabashnik, B. E. 1994. Evolution of resistance to *Bacillus thuringiensis*. Annu. Rev. Entomol. 39: 47-79.

Thibout, E., Guillot, J. F., and Auger, J. 1993. Microorganisms are involved in the production of volatile kairomones affecting the host seeking behaviour of *Diadromus pulchellus*, a parasitoid of *Acrolepiopsis assectella*. Physiol. Entomol. 18: 176-182.

Vet, L. E. M., and Dicke, M. 1992. Ecology of infochemical use by natural enemies in a tritrophic context. Annu. Rev. Entomol. 37: 141-147.

Xia, J. Y., Cui, J. J., Ma, L. H., Dong, S. X., and Cui, X. F. 1999. The role of transgenic Bt cotton in integrated insect pest management. Acta Gossypii Sinica 11: 57-64.

Environmental Impact Assessment of Transgenic Plants to Target and Non-targent Organisms

C. L. Wang[1]*, H. D. Shih[2], F. C. Lin[1], and C. Y. Lin[3]
Agricultural Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan, Taiwan, ROC

Abstract

The decision of whether to release a transgenic plant from laboratory to open field is closely associated with the results of environmental impact assessment. By realizing the risks and the consequences through the process of the assessment, harm to environment can be avoided by developing approaches to prevent or manage these risks. The possible impacts from transgenic plants with or without toxic or antibiotic substances are different. The assessment should be conducted case by case. Cultivation of transgenic plants may cause the occurrence of new diseases and insect pests, the outbreak of minor diseases or insects, or may harm the beneficial organisms. This paper describes some important assessment items.

Key words: transgenic plant, target organism, non-target organism, environmental impact assessment

*Corresponding author（E-mail: clwang@wufeng.tari.gov.tw; Tel: 886-4-23302301-601; Fax: 886-4-23338162）

1.Divison of Applied Zoology, Agricultural Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan, Taiwan, ROC.

2.Divison of Phytopathology, Agricultural Rsearch Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan, Taiwan, ROC.

3.Director-general, Agricultural Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan, Taiwan, ROC.

轉殖水稻的環境風險分析

曾清山　賴明信　顏信沐　陳治官*
行政院農業委員會農業試驗所農藝組

摘　要

在基因轉殖系統尚未成熟與應用前，為了擴大遺傳變異，全球多種重要農作物與其近緣植物雜交的可能性是多數農作物育種家夢寐與求的事，曾幾何時，基因轉殖生物的基因流佈(gene flow)卻被視為洪流猛獸，參與環境風險評估者莫不戰戰兢兢，唯恐轉殖基因擴散至其它物種而天下大亂，自己將蒙上把關不力的惡極之罪。

物種間基因的流佈在自然界中原本存在，只是因物種間的各種生殖隔離，使這個現象不容易發生，且一但發生，因雜種染色體配對異常而不稔，是以過去基因流佈可能引起的問題只存在想像力豐富的科幻小說裡。但現代的基因轉殖系統已跨越這個界限，理論上，物種間的基因幾乎可無限制轉殖，引出的問題也可能超乎吾人智能。

然，目前技術所產生之基因轉殖生物有其基本特性，了解這些特性或有助於吾輩評估其對環境風險時之作為。首先，相對於被轉殖生物之基因數，轉殖入之基因是絕對少數；其次，基因轉殖系與被轉殖生物間的差異表現，主要為該轉殖基因的表現，另外，轉殖基因插入被轉殖生物 DNA 的位置可能造成少數原基因表現失常及組織培養再生轉植系的自然突變等，也可能產生變異。最後，實際應用上，被選拔出來之轉基因系將會是與被轉殖生物最大相似之轉殖基因表現系。

一物種之基因轉殖一但成功(指可穩定表現該基因功能者)，此基因在該物種內之所有品(變)種內都有最大可能的流佈，即使是自交作物。所以，同一物種內其它所謂傳統育種產生之品(變)種被轉殖系花粉污染的可能性，就現況作為言，幾乎無法避免。同理，對於近緣植物基因流佈的可能性，就是該作物與其近緣植物雜交與後裔成活的機率。

因此，基因轉殖植物基因流佈的問題應該不是評估重點，主要的風險將會是該轉殖基因的表現與產物對生態環境可能的影響。

關鍵詞：基因流佈；導入雜交；轉殖水稻；環境風險
Key words: gene flow ; introgression ; transgenic rice ; environmental risk

---

* 通訊作者（電子信箱: cgchern@wufeng.tari.gov.tw; 聯絡電話：886-4-23302301-102；傳真：886-4-23338162）

前　言

自古以來人類就不斷對農作物進行品種改良，以獲取最大經濟效益。隨著生物科技進步，近年來應用基因轉殖技術所培育出之轉殖作物，其種類及栽培面積逐年上升。根據 International Service for the Acquisition Agri-Biotech Application 統計(Clive 2004)，全球轉殖作物種植面積在 2004 年達到 8100 萬公頃，較 1996 年的 170 萬公頃增加近 50 倍，其增長速度可謂極為快速。在 1996 至 2004 年期間，全球轉殖作物種植面積累積為 3.85 億公頃，相當於美國或中國土地總面積的 40%，是英國土地總面積的 15 倍。在 1996 至 2004 年的九年期間，耐除草劑的轉殖作物一直占市場的主導地位，在 2004 年對除草劑有耐性的轉基因大豆、玉米、油菜和棉花，占了全球生物技術作物種植總面積 8,100 萬公頃的 72%。其次是具有抗蟲性狀的轉殖作物佔 19%。同時具有除草劑耐性和抗蟲性的轉殖作物，種植面積持續增加，達到 9%。

水稻是世界上最重要的糧食作物之一，全球超過 50％的人以稻米為主食，在亞洲稻米的消費量和水稻的種植面積，均占全球總量的 90%。在台灣水稻的栽培面積達二十五萬公頃(吳，2002)，是種植面積最廣的作物，過去數十年利用傳統育種方式已培育出許多優良的水稻品種。水稻是應用轉基因技術進行品種改良的作物之一，近年來利用基因轉殖技術培育而成的轉殖水稻越來越多，包括抗病、抗虫、抗病毒、抗除草劑、抗逆境（耐旱、耐鹽）等基因已分別被轉殖到不同的水稻品種，在台灣利用基因轉殖技術培育而成的轉殖水稻包括轉殖質酸酵素(*phytase*)水稻、轉殖澱粉普魯楠糖(*amylopullulanase*)水稻及轉殖豬乳鐵蛋白(*lactoferrin*)水稻，未來將會有更多的轉殖水稻育成。

轉殖水稻釋放的環境風險

傳統的育種技術是透過植物種內或近緣種間的雜交將優良性狀組合在一起，從而創造產量更高或品質更佳的新品種。此技術對本世紀農業生產的飛速發展做出了巨大貢獻，但其基因重組範圍大多限制在物種之內，小部分發生在物種之間，很難滿足農業生產在 21 世紀持續高速發展的要求。轉殖作物是使用遺傳工程或分子生物等技術，將轉殖基因轉入植物細胞中，產生基因重組現象，使其表現具轉殖基因特性。此一技術克服了植物有性雜交的限制，基因間的重組範圍無限擴大，可將從植物、動物或微生物的基因導入受體植物，所以其應用前景十分廣闊。因此產生遺傳變異之方式已經超越物種自然演化過程與透過雜交或誘變等方法有所不同。由於這種方式在自然界是不可能發生的，因此人們對於異於傳統育種方法而產生的轉殖作物釋入環境後到底會發生什麼問題充滿疑慮。

轉殖水稻釋放對於生態環境的影響主要從三個方向加以考量。第一、轉殖水稻演變成有害植物之可能性。目前商業化之轉殖水稻，主要改良性狀包括抗病、抗蟲、耐除草劑、延遲老化及軟化、營養成分改變等等，轉殖水稻在獲得這些新的基因後，其生存競爭力有可能會改變。如果其生長勢、田間自然競爭力、越冬能力或種子產量等方面比非基因轉殖植株強許多，就可能會演化成雜草，進而改變自然的生物種群，打破生態平衡。第二、轉殖水稻透過基因流佈(gene flow)將轉殖基因轉入近緣野生種的可能。在自然生態條件下，有些作物會和周圍生長的近緣野生種發生天然雜交，從而將自身所帶的轉殖基因轉入野生種。如果所轉殖的是一個耐除草劑基因，就會使野生雜草獲得抗性，增加了雜草控制的難度，特別是多個抗除草劑基因同時轉入一個野生種時，將會帶來無法預期的後果。第三、對自然生物族群的影響。通常所轉殖的基因大都與抗病或抗蟲有關，對標的或非標的生物皆可能造成影響，如大面積和長時期使用，將可能破壞生態平衡及生物多樣性。

轉殖水稻基因流佈的要件

轉殖水稻將轉殖基因傳播至自然界中，必須滿足以下三個要件：(1)在空間上轉殖水稻和非轉殖水稻或野生近緣種分布重疊，相鄰生長。野生近緣種的存在和同地分布是決定轉殖基因能否以花粉形式逃逸的基礎。沒有野生近緣種或野生近緣種與轉殖作物不是同地存在，則轉殖基因從轉殖作物逃逸的風險是可以忽略。稻在分類學上屬於禾本科(gramineae)、稻屬(*Oryza L.*)，稻屬約有二十三種分佈在世界各地，具有多種基因組（genome），不同基因組稻種間有非常嚴格的生殖隔離，其遺傳關係也相對較遠，很難發生天然雜交。台灣野生稻 *O. rufipogon* Griff. (Chang 1976)為多年生型，屬於 AA 基因組，早期分布於桃園至新竹縣若干池塘中。1929 年 9 月，首先在竹南附近池塘中發現，至 10 月間陸續在桃園八德附近數個池塘中發現。1957 年日本學者岡彥一教授調查桃園八德一帶野生稻，當時還有 3 個分族群存活，各約 1,000 株，後可能與雜草李氏禾(*Leersia hexandra*)競爭而衰退，至 1980 年前後完全滅絕。因此在台灣轉殖水稻沒有機會在自然生態環境下透過導入雜交(introgression)，將轉殖基因轉入野生稻。

(2) 在時間上轉殖水稻和非轉殖水稻或野生近緣種花期相遇。水稻開花習性隨栽培時間、環境因子（溫度、濕度光及強度）和種植品種(如感光、感溫型)的不同而有較大的差異。一般開花時間從早上 10：00 到下午 1：00 (Adair, 1934)，在早上 8：00 前或下午 4：00 後沒有開花，開花後第二及第三天最旺盛。若當天環境為高溫、高濕及充足陽光時水稻會提早開花。水稻開花時其內外穎會打開，花藥伸長裸露在外面，開花後約 46-70 分鐘即關閉。水稻花

粉活力一般約可維持 5-10 分鐘。柱頭活力可以維持比較久時間約 2 至 4 天。與花粉相比，水稻柱頭對於溫度有較高的忍受力，在水溫 40-44℃或 0-6℃中，整個水稻花序組織將受到傷害，其花粉活力受到破壞，但不影響柱頭活性(Jodon, 1938)。水稻為自花授粉作物，在開花前就完成了授精過程，柱頭接受的外來花粉授精的成功率很低，族群間的基因流佈機率相當的低，他花授粉的機會小於 1%(盧，1994)，轉基因以花粉形式逃逸的風險較小。然而如果水稻本身由於某些因素而造成花粉沒有活力或無法產生花粉，以致於影響水稻的自花授粉，就有機會接受外來花粉以完成授精。水稻不稔發生在抽穗前 10-16 天連續低溫（16℃）可能會導致花粉發育不完全（Lin *et al.,* 1974）。雖然水稻並不依賴昆蟲授粉，但有些水稻育種家(David 2003)觀察到當蜜蜂存在時會增加授粉機會。由此推論，如果轉殖水稻和非轉殖水稻花期相遇，包括一年之內的開花時期和一天之內的開花散粉時間一致，就有機會將所帶有的轉殖基因導入非轉殖水稻中。

(3) 在生物學上轉殖水稻與非轉殖水稻或野生近緣種有一定的雜交親合性且雜種後代可以正常繁殖。全世界有 2 個栽培稻即亞洲栽培稻(asian rice , *Oryza sativa*)和非洲栽培稻(african rice , *Oryza glaberrima*)，均為二倍體（2n=24），屬於 AA 基因組，與相同基因組的野生稻種雜交，普遍均有較高的雜交稔實率，雜交種子發育正常，一般均能順利獲得雜交的 F_1 植株。若與基因組不同的野生稻雜交，成功率相當低，且其雜種後代仍具有不同程度的繁殖障礙或異常分離的現象。因此理論上只有含 AA 基因組的野生稻才有可能成為轉殖基因逃逸的對象。在水稻的農田內或周圍常常會有一些與該作物親緣關係較遠的植物種類，即非近緣種，如禾本科的稗屬(*Echinochloa*)植物。Song *et al.,* (2002)利用轉 bar 基因水稻與稗草雜交以瞭解二者之間的雜交親和性，結果顯示轉殖水稻花粉無法在稗草柱頭上正常萌發生長，亦無法穿過稗草柱頭。另外將轉殖水稻花粉授在去雄稗草上，同樣無法獲得雜交種子。Song *et al.,* (2003)又利用不同方法(紫外光照射，反復凍融，黑暗放置) 誘導轉殖水稻花粉於稗草柱頭上萌發。結果顯示在所有誘導花粉條件下，轉殖水稻的花粉在稗草柱頭上雖能萌發，但花粉管扭曲成各種形狀而無法進入稗草柱頭。由此推論轉殖水稻與稗草間基因漂移的可能性極小。

因此瞭解栽培稻及其野生近緣種的地理分布、開花習性、親緣關係和基因流佈等資料對於預測和掌控轉殖基因的逃逸非常必要。

轉殖水稻基因流佈的途徑

轉殖水稻的轉殖基因向自然生態環境逃逸及其可能導致的生態風險是一個值得人們長期關注的問題，因為其可能引起的生態安全問題很難在短時期內

表現而被監測。但是一旦轉基因逃逸引起生態危害得以表現，並在生態系統中得到累積，可能會帶來較大的損失而短期內難以修復。

轉殖水稻轉殖基因流佈途徑主要有二個途徑：一、透過花粉傳播在空間上逃逸。轉殖水稻花粉的傳播是轉殖基因在空間上逃逸的主要途徑，也是轉殖水稻與其野生近緣種間基因流佈的主要原因。在自然狀態下攜帶轉殖基因的花粉透過風媒或蟲媒傳布，一旦在環境中找到受體並形成可孕或不孕的雜交後代就完成了轉殖基因向環境中的擴散過程，此即稱之為基因流佈。關於轉殖水稻的傳粉距離，已有一些研究成果，在這些研究中是藉由轉殖水稻花粉與非轉殖水稻種植在不同方向的不同距離上，調查二者間雜交的頻率，藉以探討花粉飛散程度。結果顯示雜交的頻率隨著距離的增加而降低，雜交率介於 0.01%~0.7% (Estorninos *et al.,* 2002；Zhang *et al.,* 2003, Messeguer *et al*.,2001；Chen *et al.,* 2002)。藉由花粉傳播而產生的基因流佈受族群間的距離(Manasse, 1992)、族群大小(Farris and Mitton, 1984)、過程的長短(Klinger and Ellstrand, 1999)，和新基因適應上的優勢(Arnold and Hodges, 1995; Arriola and Ellstrand, 1997)，以及植物本身形態特性包括交配系統(Govindaraju, 1988a,b)、授粉模式(Govindaraju, 1988a; Hamrick *et al.,* 1979)和花的結構(Ellstrand and Elam, 1993) 、開花的時間和花粉親和性(Jarvis and Hodgkin 1999)等因素所影響，另外氣候條件如風向、風速、溫度和濕度也容易影響花粉的飛散，因此不同地區所調查的結果也不同。

另一個途徑是透過種子在時間上逃逸。包括田間的管理措施及收穫後稻穀處理。轉殖水稻收穫不完全，穀粒散落遺留在田間或一些種子殘留在稻株上，若對殘株處理不嚴或不當時，容易形成自生苗(volunteers)，開花後與其野生、近緣種雜交，攜帶有選擇優勢性狀的自生苗也有可能成為雜草。另外轉殖水稻稻穀收穫後，在調製與運送過程中，遺漏在農機具、穀袋、穀倉、路邊時，都有可能與非轉殖水稻發生混雜而導致轉殖基因汙染(gene Contamination)。

結　語

儘管有關轉殖水稻種間親緣關係、花粉飛散、基因流佈等方面的研究可預測轉殖基因逃逸的風險，但對於轉殖基因的生態風險問題，還有許多的科學問題需要深入研究。包括轉殖水稻與野生近緣種若發生導入雜交，其雜種及後代是否比雙親具有更高的適應性？轉殖基因若導入到野生近緣種，是否能在其雜種及其後代中正常表達？攜帶轉殖基因的野生稻雜種是否會成為轉殖基因向其他野生物種逃逸的橋樑？如何對風險進行有效的評估和管理？等等。從目前的研究來看，轉殖水稻的轉殖基因在時空上的逃逸仍無法避免，為減少轉殖水稻在釋放過程中轉殖基因逃逸的現象，需要較好的技術方法來控制和管理轉殖

水稻的基因流佈，例如(1) 轉殖水稻種植的區域周圍設立足夠距離的隔離區。(2) 利用有效的栽培技術使轉殖水稻與鄰近水稻的開花期相互避開。(3) 用沒有親緣關係的植物在轉殖水稻種植區域周圍栽植沒有親緣關係的植物建立隔離區。(4) 可採用雄不稔水稻對轉殖水稻種植區域進行隔離。(5) 對轉殖水稻的種子等相關產品的運輸、出入境及儲藏嚴格管理。然而無論規範如何地完善，能否嚴格地執行將是控制轉殖水稻基因污染的關鍵環節。

參考文獻

吳志文。2002。稻作改良年報 P.351。

盧英權。1994。水稻。作物學 P.82-163。國立編譯館。

Adair, C. R. 1934. Studies on blooming in rice. Agron. J. 26:965-973.

Arnold, M.L., and S.A. Hodges. 1995. Are natural hybrids fit or unfit relative to their parents ? Trends Ecol. Evol. 10:67-71.

Arriola, P.E., and N.C. Ellstrand. 1997. Fitness of interspecific hybrids in the genus Sorghum: Persistence of crop genes in wild populations. Ecol. Applic. 7:512–518.

Chang, T.T., 1976. The origin, evolution, cultivation, dissemination, and diversification of Asian and Afirican rices. Euphytica 25:425-441.

Chen, L. J., H. S. Suh, D. S. Lee, W. Y. Gang, J. Y. Jung, and S. S. Kim. 2002. Field assessment of herbicide resistance gene flow to weedy rice (*Oryza sativa*) [abstract]. In International Rice Congress; September 16–20, 2002; Beijing, China. P. 273.

Clive James. 2004. Global Status of Biotech Crops in 2004. ISAAA Briefs 32.

David R. G., DONNA H. M., and J. N. RUTGER. 2003. Gene Flow Between Red Rice (Oryza sativa) and Herbicide-Resistant Rice (O. sativa): Implications for Weed Management. Weed Technology. 17:627-645.

Ellstrand, N.C., and D.R. Elam. 1993. Population genetic conse- quences of small population size: Implication for plant conservation. Annu. Rev. Ecol. Syst. 24:217-242.

Estorninos, L. E., Jr., D. R. Gealy, T. L. Dillon, F. L. Baldwin, R. R. Burgos, and T. H. Tai. 2002. Determination of hybridization between rice and red rice using four microsatellite markers. Proc. South. Weed Sci. Soc. 55:197-198.

Farris, M.A., and J.B. Mitton. 1984. Population density, outcrossing rate, and heterozygote superiority in ponderosa pine. Evolution 38: 1151-1154.

Govindaraju, D.R. 1988a. Relationship between dispersal ability and levels of gene flow in plants. Oikos 52:31-35.

Govindaraju, D.R. 1988b. A note on the relationship between outcrossing rate and gene flow in plants. Heredity 61:401-404.

Jarvis DI, Hodgkin T. 1999. Wild relatives and crop cultivars: detecting natural introgression and farmer selection of new enetic combinations in agroecosystems. *Molecular Ecology* 8: 159-173.

Jodon, N. E. 1938. Experiments on artificial hybridization of rice. Agron. J. 30:294-305.

Klinger, T., and N.C. Ellstrand. 1999. Transgenic movement via gene flow:Recommendations for improved biosafety assessment. p. 129-140. In K. Ammann et al. (ed.) Methods for risk assessment of transgenic plants: III. Ecological risks and prospects of transgenic plants. Birkhäuser Verlag, Basel, Switzerland.

Lin, S. S., M. L. Peterson, and D. B. Jones. 1974. Low temperature induced floret sterility in rice. In Proceedings of the Fifteenth Rice Technical Working Group. College Station, TX: Texas Agricultural Experiment Station. Pp. 22-23. Marchezan, E., F. M.

Manasse, R.S. 1992. Ecological risks of transgenic plants: Effects of spatial dispersion on gene flow. Ecol. Applic. 2:431-438.

Messeguer, J., C. Fogher, E. Guiderdoni, V. Marfa, M. M. Catala, G. Baldi, and E. Mele. 2001. Field assessments of gene flow from transgenic to cultivated rice (*Oryza sativa L.*) using a herbicide resistance gene as tracer marker. Theor. Appl. Genet. 103:1151–1159.

Singh, R. J. and G. S. Khush. 2000. Cytogenetics of rice. In J. S. Nanda, ed. Rice Breeding and Genetics-Research Priorities and Challenges. Enfield, NH: Science Publishers. Pp. 287-311.

Son X.L., Qiang S. and Sun M.Z. 2003. Gene Flow Between Herbicide Resistant Transgenic Rice and *Echinochloa crusgalli var. mitis* Under Mentor Pollen Inducement. Chinese J Rice Sci 17 (3) :191-195

Song Ge, Tao Sang, Bao-Rong Lu, and De-Yuan Hong. Phylogeny of rice genomes with emphasis on origins of allotetraploid species. PNAS 1999 96: 14400-14405.

Song X.L., Qiang S., Liu L.L. and Xu Y.H. 2002 Assessment on gene flow through detection of sexual compatibility between transgenic rice with bar and

Echinochloa crusgalli var. mitis. Acta A gric Sin. 35(10) :1128-1131.

Zhang, N., S. Linscombe, and J. Oard. 2003. Outcrossing frequency and genetic analysis of hybrids between transgenic glufosinate herbicide-resistant rice and the weed, red rice. Euphytica. 130:35-45.

Zhang, N.Y., Linscombe, S. and Oard, J. 2003. Out-crossing frequency and genetic analysis of hybrids between transgenic glufosinate herbicide-resistant rice and the weed, red rice. Euphytica 130: 35-45, 2003.

基因轉殖植物雜草風險研究與評估

蔣慕琰*　袁秋英
行政院農業委員會農業藥物毒物試驗所公害防治組

摘　要

雜草性是基因轉殖植物之主要環境關切議題。轉殖植物之風險評估均涵蓋基因流佈、雜草性、非目標生物效果及抗性衍生等關鍵風險因子。目前所有雜草風險評估均屬相近轉殖與非轉殖植物之定性比較。主要評估指標包括種子發芽、幼苗生長勢、營養生長、種子產量、繁殖體散佈、休眠性、耐逆境（生物/非生物）、成活率及淨代換率等。部份指標也用於表示轉殖植物之入侵性、長存性、競爭性或生態適應性。理想風險評估需探討風險可能性與風險後果，由此兩部份資料訂定之風險等級，再用做為風險管理與管制之依據。此文檢視國際文獻所提出風險評估差異處理之方法，這些方法包括使用階層系統及風險等級歸類。並介紹美國及澳洲轉殖玉米、油菜及棉花風險評估個案。台灣已投入可觀人物力資源，發展轉殖植物之上游研究，但環境評估架構與程序之發展仍在起步階段，情勢非常不利轉殖植物之合法推出。此文以雜草為重心，檢討台灣轉殖植物環境安全之情勢，並提出未來走向與因應方式之看法。
關鍵字：雜草性、基因轉殖植物、基改作物、風險評估、環境安全

前　言

1980 年代後期，基因轉殖植物進入田間試驗階段，此新技術克服種間基因交換之障礙，其所培育之作物或其他生物，在食用安全及環境衝擊之負面影響引起各界高度關切。1990 年代以來，基因轉殖之番茄、大豆、玉米、棉花、油菜、木瓜等作物已大規模栽培生產。而有關環境之爭論不斷，並與政經利益與價值觀糾纏不清，成為基因轉殖植物發展之主要負荷。

基因轉殖植物潛在環境風險直接或間接與雜草有關者，為作物野化為雜草、轉基因之有性散佈及對非目標生物之影響。1980 年代，轉殖植物尚在研發階段，雜草已被視為重要問題；1989 年之專書『Field Testing Genetically Modified Organisms: Framework for Decisions』即以特別章節『Enhanced weediness: a major environmental issue』介紹相關之問題（NRC 1989）。過去十

* 通訊作者（電子信箱: myc@tractri.gov.tw; 聯絡電話: 886-4-23302101-602; 傳真: 886-4- 23323073）

餘年來有大量文獻檢視轉殖植物之雜草問題，各國轉殖植物之管理上，也將雜草特列為環境安全必須審核之項目。目前大規模生產之基因轉殖作物約 80%帶有抗除草劑之基因與特性（Agbios 2005）。非選擇性除草劑嘉磷塞（glyphosate）及固殺草（glufosinate）之廣泛使用，也衍生雜草抗藥性問題及間接對生物多樣性之衝擊。

本文利用文獻資料，檢視轉殖植物之雜草問題，環境安全測試與評估體系，並討論環境風險對台灣之意涵。

一、雜草簡介

（一）雜草相關用語及意涵

通俗用語中雜草泛指農地、庭園、居住環境附近發生，不為人所喜歡，具有負面作用之植物。中文及漢字使用地區因『草』字之出現，多半將雜草與草本植物關連，而英文對應之 weed 則無『草』之意涵。英語世界中，weed 一般所指為引起問題而不受歡迎之植物（包含草及其他類別之植物），並無廣為各界所接受之定義，也不具分類上明確身份與位階。美國雜草學會曾視雜草為於生長所在地不受歡迎之植物（ A plant growing where it is not desired ）（Randall 1997）。Randall 主張將雜草與棲地關連，在農作物之田區、 牧場及自然環境之範圍中，分別使用農業雜草（agricultural weeds）、牧地雜草（range weeds）與環境雜草（environmental weeds 或 （natural-area weeds）。水生雜草、水田雜草、旱地雜草、草地雜草、草坪雜草、果園雜草、森林雜草等都是以棲地區分之用語。雖然廣義之雜草可涵蓋各類環境之不受歡迎植物，狹義之雜草主要是指農地或其他經常受人類干擾環境中之植物；很多重要雜草研究及文獻，均係針對狹義之雜草而言。

植物之價值經常因人、時、地而有差異，同一種植物，有人視為必須除掉之雜草，也有人看中其可利用之優點；例如農田中主要雜草龍葵及鴨舌草，也可是可口之野菜。在雜草防治、檢疫、植物保護等領域中，宜將『雜草』一詞與植物之負面特性相關連，並採取與國際相類似之『雜草』定義，包括草以外其他植物，以減少溝通上之混亂。如果涉及同種植物之優良特性時，則使用『野草』、『有用植物』、『野生植物』等語彙。

（二）雜草之重要特性

生物及植物特性之掌握，有利於雜草發生預測及管理，相關研究一直是農業及生態領域上重要之課題。最為廣泛引用之雜草特性包括涉及發芽、營養生長及繁殖等 12 項性狀（Baker 1965, 1974，表一）。很多基因轉殖植物之環境評估，均以雜草之植物特性為依據。Baker 所列舉者為一概念性之性狀，各類

植物均帶有部份性狀，很少植物可具備所有之條件。所列性狀原本針對如農田之干擾棲地（disturbed habitat），但有部份特性也適用於自然棲地（Hancock and Hokanson 2001）。Keeler（1989） 之研究顯示全球最嚴重 17 種雜草、一般植物與農作物所具有 Baker 雜草特性之平均比率分別為 85.6、59 及 42%。Baker 所列雜草性狀約半數由單一基因所控制（Keeler 1989），快速生長、種子休眠性及競爭力等特性多屬數量性狀（quantitative trait）（Basu *et al* 2004）。

雜草在不同環境之發育生存與其可用資源之分配息息相關。資源分配之代表為 r-selected 及 k-selected 種，前者將大部分資源分配到生殖部份，具有生長期短、快速生長進入繁殖期、高繁殖力及高度移動性之繁殖體等特性。後者僅將少數資源分配生殖部份，具生命期長、植體大及競爭力強等特性（Booth *et al* 2003, Rodosevich and Booth 1984）。環境經常受干擾之棲地如農田、路邊、溝邊所發生之雜草多為 r-selected。能侵入自然棲地之種類多為 k-selected 或另外一類為環境逆境忍耐種（stress tolerator）。很多雜草在農作栽培過程中，演變得特別適應栽培之環境。台灣之兩作水稻田中，水稻栽培期短且管理集約，雜草需要能在很短期間完成生命週期，才能在台灣水田存活。主要雜草如球花蒿草（*Cyperus diffomis*）及旱田之香附子（*Cyperus rotundus*） 雖然也可在自然環境中發生，但其發生頻率與生物量均遠較農地者為少。

（三）雜草與作物之關連

作物與雜草（野生植物）之相互關係可分以下三類： 1. 野生植物馴化為作物、2. 作物野化為雜草、3. 兩者之雜交演變為雜草（Ammann *et al* 1996, De Wet and Harlan 1975）。

農作物均是人類馴化野生植物所得。在採集、選拔、育種及栽培之過程中，很多野生植物族群中特性以及相關之基因被有意或無意淘汰。人類偏好之植物性狀如發芽整齊、同時開花結實、高含量成分（澱粉、油份、蛋白質）、口感及風味等往往不利作物之自然繁衍。

高度馴化之作物多僅存活於人類刻意維護之農田中。以台灣而言，雖然大面積栽培水稻、玉米、花生、大豆、甘薯各類菜蔬及果樹，除了少數可短暫在後作及田區周邊發生外，很少在非栽培環境中看到這些作物。低度馴化之栽培植物，則容易野化為雜草；很多早年被引入台灣為觀賞、地被、牧草、藥草及加工之外來植物，已逃離栽培之區域，四處散佈為危害環境之雜草（蔣等 2003）。以全球之尺度而言，大多數作物均有其類緣相近之野生種，13 種大面積栽培作物中有 12 種均可與其野生近緣種雜交。此類近緣雜交可產生危害潛力相當高之雜草植物。各地已發現之實例包括裸麥（*Secale cereale*）、甜菜（*Beta vulgaris*）、油菜（*Brassica napu*） 等（Ellstrand *et al* 1999, NRC 1989,

Ammann *et al* 1996）。

二、轉殖植物之環境風險及評估

轉殖植物環境風險因子可概分為下列四類：轉入基因之流佈（花粉至近緣植物之有性轉移、基因至其他不相干物種之無性轉移）、活體作物（雜草化）、非目標生物（有利種、有害種、土壤微生物、保育物種、生物多樣性）及害物抗性衍生。

風險因子之認定（hazard identification）常具有主觀之色彩，亦受環境差異、研究新發現與法規之影響。由文獻及經驗可建構風險因子之清單（表二），再針對這些因子行進一之評估，對新產生而所涉複雜之轉殖植物而言，有些風險因子可能被忽略，較理想之方式為採用 logic Tree Analysis (Fault-Tree/Event-Tree) 有系統的找出所涉之因子（Koivisto *et al* , 2001NRC 2002, Hayes 2004）。

（一）環境風險評估之原則及架構

科學基礎（science-based）、個案（case by case）及比較性（comparative）是一般強調之原則。現代高產與高效率之農業及作物栽培，本質上即不利於自然環境與生態（Ammann 2004），農耕系統中，任何一主要成員（農藥、肥料、灌溉、作物、農機）之改變，均可導致影響與衝擊。因此轉殖植物之風險評估，不是對轉殖植物影響之絕對性探討，而是轉殖與非轉殖植物之比較及是否改變了風險之程度（NRC 2002）。卡塔赫納生物安全議定書（Cartagena Protocol on Biosafety, CBD 2005）所強調之預防原則（precautionary principle）則已為被歐聯及日本所採用（Gray 2002, Hayashi 2004, European Commission 2001）。此原則之採用，可能導致轉殖生物環境風險評估所涉範圍之擴大，使整個過程更為複雜。

理想之風險評估（risk assessment）包含風險因子認定（hazard identification）、可能性（likelihood, probability）分析、後果（consequence）分析、風險推估（risk estimate）及不確定與顯著性分析等單元；完整之風險分析（risk analysis）尚包含與評估相關連之風險管理與風險溝通（Hayes 2004）。試驗數據、流行病分析（epidemiological analysis）、理論模式、專家判裁及管制性判裁（regulatory judgement）等均常用於轉殖生物之風險評估及管理；轉殖植物商業栽培前之評估主要依據測試數據、專家及管制判裁。栽植後之監測與管理常利用理論模式所預測之情況及流行病分析（NRC 2002）。

化學物（農藥、污染物、毒物質及有害化學物）之環境風險分析有相同之架構，其方法過程多已成型。一般是依據控制變數實驗、實際調查及理論推估

取得劑量反應（dose-response）與暴露量（exposure）資料，再行風險計算（risk calculation），最常用者由環境暴露量除毒性量所得之風險係數（risk quotient ＝exposure/toxicity）(EPA 1998)。這是可信度及再現性均較佳之量化評估（quantitative assessment）。生物體因具繁殖力，在環境中之變化遠較化學物複雜。由於變數多且不易掌握，病、蟲、草等害物與基因改造生物之量化評估相當困難，風險評估體系多為比較性之定性評估（qualitative assessment）。

歐美學者曾對轉殖植物風險發生可能性（likelihood）及後果（consequence）歸類，這可用於處理不同作物之測試需求，風險小者可採較簡單之評估過程，類別化分之依據包括基因距離（Ervin and Welsh 2003）、基因作用（Hancock 2003）、散佈指標（Ammann 1996）等。

澳大利亞為已建立轉殖植物環境風險分析完整體系之少數國家。其轉殖生物所用之評估架構，可能性及後果各分四級，再由關連之 16 個組合情況設定四類風險等級（可忽略-negligible、低-low、中-moderate、高-high）（表三），風險等級則進一步用以為風險管理之參考與依據（Hayes 2004, OGTR/Australia 2005）。

（二）環境風險評估利用

轉殖生物之環境風險評估最主要目的在提供管制依據，管制措施之合法及合理性需建立在風險評估之基礎上（NRC 2002）。對風險因子（hazard）之敏感程度隨人而異，文獻上可看到很多依主觀意識所建立之各種風險評估架構與理論，其複雜程度差異很大。而實際管制用之風險評估，則需平衡當地環境特殊性與產業發展之需求。

國際間對基因轉殖植物之研發存有相大的差異，美加是支持轉殖植物發展之主力，歐洲各國是主要反對力量。前者對風險評估及管理採取之標準較後者為寬鬆。以美國為例，申請者可向主管當局農部之 APHIS 請准（permit）或較簡單之通知（notification）之方式，即可控制性釋放（control release）進行田間測試； 1987 至 2004 年田間試驗已超過 11000 次（點），涉及之植物超過 80 種。1992-2004 間，以來正式提出非管制身份（non-regulated status）有 103 案，其中 67 案（含 15 種作物）已取得商業栽培之許可（APHIS 2005）。美洲以外地區，實際通過風險評估，取得商業栽培之個案不多，主要在南非、澳洲等國（Agbios 2005）。

三、轉殖植物之雜草問題及安全評估項目

轉殖植物雜草問題之關鍵，在導入基因是否會增強作物或近緣植物之雜草性，（weediness）、競爭力（competitive ability）、長存性（persistence）或生態

適應性（ecological fitness）。這均屬概念及總和之特性，單一植物性狀及農藝特性指標與此雜草特性之關連性不高，因此很難用預測方法來決定，必須經由試驗數據來判斷。轉殖植物除表現原預期之基因效果外，也可能產生不易掌握之多重效果（pleiotropic effect），由基因特性之預測也有其侷限。

（一）外來入侵植物與轉殖植物之比較

外來入侵植物及轉殖植物均需行雜草風險評估，檢疫用針對可能入侵植物及雜草之風險評估，以境外文獻資料為主要依據，由於管制對象多尚未在本地發生，很少進行在地之實際測試。轉殖植物因需要在本地栽植或利用，其評估則以測試數據為主，但觀察測試之項目與外來入侵植物評估者有很多相近。

入侵外來植物風險評估依靠植物特性、環境配合及分類關連等三方面之訊息。植物性狀（trait）：包括植物形態、發育、生理、生態等特性，如生命週期短、繁殖力強、繁殖體小易散佈、抗環境逆境等。美國農部動植物健康檢查署（APHIS）所用雜草風險評估中有關擴散潛力之評估，即依據種子休眠、發芽率、逆境忍受力等 10 項植物特性(APHIS 2004)。環境配合(climate-matching, environmental compatibility）：依據植物已知分布範圍之環境與氣候條件，來預估其可能之侵入與擴散區域；也以棲地之環境條件，推測能侵入植物之種類與危害程度。分類關連：根據植物各地生態與危害之文獻記錄，歸納特定分類群（taxon）或屬性相近植物風險性之高低及可能之散佈範圍。不少學者認為依據分類關連之預測，仍是目前最可靠者（蔣等 2004，Groves *et al* 2001）。

各種方式均有其侷限性，很難以單一方法行可靠之預估。目前實際使用之雜草風險評估，均為納入多種方式之複合式預測體系。評估方法用於預測之可靠性，可以導入實際資料加以檢定，可靠性高者所得到之正反面誤判（false positive/false negative）較少（蔣等 2004）。

目前檢疫雜草風險評估均屬比較性之定性（qualitative）評估。評估者針對所設計之多組問題選答，由答案之累計計分決定風險程度。澳洲雜草檢疫風險評估：此方法針對植物之馴化/栽培（domestication/cultivation）、氣象與分布（climate and distribution）、其他地區雜草（weed elsewhere）、受排斥特性（undesirable traits）、植物型（plant type）、繁殖（reproduction）、散佈機制（dispersal mechanisms）與持久屬性（persistence attributes）等八大項設計有 49 個選題，每題需依據該題之說明，選擇『是』、『否』或不作答。各題之答案屬雜草與非雜草特性者分別得+1 與-1 分，未作答者不計分。累計分數越高者其風險愈大。評估對象植物依計分歸為 3 類，計分為負數（<0）者屬低風險允許輸入，計分大於 6（>6）者為高風險禁止輸入，計分落於 0-6 者需以栽培觀察進一步評估 （蔣等 2004，Biosecurity Australia 2005）。

有不少學者主張外來入侵種之模式可用於評估轉殖植物釋放（release）之風險。Hancock and Hokanson（2001） 認為外來植物之預測涉及不熟習外來植物全部基因之表現，而轉殖植物多半僅改變已熟知植物之單一或少數基因，故轉殖植物之環境影響之評估遠較入侵種者為單純且可靠。

（二）基因轉殖植物之雜草評估

測試項目：基因轉殖植物雜草風險因子主要為作物本身及自然雜交後代。競爭性（competitiveness）、持久性（persistence）、入侵性（invasiveness）、適應力（fitness）均是轉殖雜草評估之經常用語，可概括以雜草性（weediness）來代表。雜草性之實際評估可包括多項植物體及其繁殖體特性：如種子休眠性、種子活力、種子發芽、種子散佈、fitness component(survival, pollen, viability, competitive ability, seed quality, growth rate, time of flowering, flower production, visitation rate of pollinators）等（表二）。有些項目可在轉殖植物基本農藝性狀調查時取得，休眠性等資料則需特別進行測試以取得數據。

1. 多地點測試：可以對農田及農田以外環境造成影響。在農田環境繁衍之雜草需要具有可忍受人類活動高度干擾之特性，農田以外之環境則變異更大。如考慮對半自然及自然環境之衝擊，則需在實際可能入侵之環境中做測試。我國目前之環境安全評估只限制於農試所、中興大學及亞洲蔬菜研究發展中心等指定而合乎規定之場所實施。由於這些場所之環境代表性受限，在對入侵性之評估上先天即不適宜。
2. 階層測試（tier system）：完成所有涉及項目之測試相當費時且耗費資源。美國APHIS早在1980年代即提出依據對轉殖植物之熟習度（familiarity）採行階段起動之評估過程。對已熟知之作物及表現特性行較簡潔之流程（NRC 2002）。歐美學者陸續提出之之差異處理方式包括 Rissler and Mellon在1993年提出3階、丹麥所採行之5階系統（Kjær *et al* 1999），此兩系統之簡要訊息見表四。
3. 風險等級（risk level）：也有學者主張依風險程度行差異性處理。瑞士學者（Ammann 1996）所主張之系統是依據文獻或測試資料將花粉、繁殖體（diapores）及植物體之散佈特性，分別劃分以代號表示之6個等級，所組合之散佈指標（dispersal index）用以劃分植物之雜草風險等級。Hancock（2003）依據對轉殖作物之入侵潛力（potential invasiveness）分為6等級，轉入基因對作物生態適應衝擊（fitness impact）分為5等級（1-中性基因如marker genes、2-不利基因包括雄不孕、改變纖維品質、果實成熟及儲藏性、3-抗除草劑基因、4-抗病毒、真菌及害蟲之基因、5-有利基因涉及耐冷、乾旱、重金屬、改變養分取得、改變發育），再由植物體與基因等級之組合

（crop-transgene combination），決定轉殖植物風險程度（表五）； Hancock 認為不具風險者不必再測試，低風險者僅行簡單探討，風險高者才需要嚴謹之評估。

4. 長期及大規模評估：美國之管理體系中，風險評估依據隔離設施與小規模田間測試，就設定風險因子比較轉殖植物及最接近之未轉殖植物品系之差異，所取得之資料如顯示轉殖植物未較對照品系之風險高，即可通過風險評估。小規模測試有其先天之侷限性，不適於偵測轉殖植物之複雜生態後果。長期及大規模之評估屬於轉殖植物商業栽培後（post-marketing）之風險管理（risk management）。

美國雖是轉殖植物之主要栽培國家，但找不到規模評估文獻，農業科技協會（Council for agricultural Science and Technology, CAST）出版物『Comparative Environmental Impacts of Biotechnology-derived and Traditional Soybean, Corn, and Cotton Crops』為分析相關文獻之報告，其主要結論包括生物科技產生之大豆、玉米、棉花未構成特殊與傳統育種所得之作物有別之環境風險（Carpenter *et al* 2002）。長期及大規模之實地評估主要見於源自英國之探討。Crawley 等之研究涉及轉殖作物在自然棲地長期表現（4 作物-12 棲地-前後 10 年），發現為轉殖作物之入侵性與久存性均未高於對照之傳統作物（Crawley *et al* 2001）。英國政府所主導之農地規模評估（farm scale evaluations）開始於 1999 前後 5 年，涉及 3 種耐除草劑轉殖作物在全國各地 266 田間測試，此評估主要研究對雜草、昆蟲及鳥類等生物多樣性組成物種之影響。此耗費 600 萬英鎊研究發現，除草劑使用之差別是導致生物多樣性差異之主因（Heard *et al* 2003, Defra 2005）。

四、基因轉殖植物雜草評估案例

美國是基因轉殖植物栽培之最主要國家，1992 年 Calgene 之轉殖番茄（Flavr Savr）首先取得商業栽培許可，至 2004 年為止農部動植物健康檢查署（APHIS）核准商業栽培之個案（取得 non-regulated status）已有 67 個。商業栽培核准之前，申請者需提出包含環境風險在內之完整之文件供審核。這些文件多半可自該局之網頁取得（APHIS 2005），澳洲之相關文件也均放在基因技術局（The Office of the Gene Technology Regulator）之網路資料庫（http://www.ogtr.gov.au/gmorec/）。這些文件均可用以一窺國際上轉殖植物安全性評估之實際內容。

（一）早期個案比較

Parker and Kareiva (1996)曾利用審核文件，比較 1992-1995 年間核准之部

份個案有關雜草之評估。比較之作物有番茄、南瓜、棉花、大豆、油菜及馬鈴薯等。這些個案所提出之主要資料，為基於文獻之文字歸納與論證，所呈現之文字資料包括：1. 列出 Baker 之雜草特性（表一）並指出轉殖作物僅具有少數雜草性狀，轉入基因不至改變雜草性狀、2. 文獻未報導此植物及相關之雜交種為雜草、3. 此作物容易防治及管理。田間測試所取得之數量化資料不足，直接針對雜草性（weediness）之試驗數在個案間差異大（0-5 次）。生態學者常不滿這些資料之貧乏，Parker and Kareiva (1996)認為這多少與缺乏明確可供遵循之風險評估準則有關。

（二）代表性案例簡介

近年已核准之案件已遠較個 1990 年代中期為多。但案件間對評估內容仍然存在明顯差異，資料審核單位顯然不要求報告呈現資料之一致性，差異之現象亦可視為風險評估基於科學基礎及『case by case』之結果。

玉米（美國）：1996 年 Monsanto 公司含 *Bt* 基因（Cry1 Ab）抗蟲玉米 MON 810 之相關資料，被 Agbios 列為環境風險之標準案例（Agbios 2001），這份報告中雜草及近緣種雜交部份各有三頁，雜草部份唯一呈現之數量資料為發芽率之比較（MON 810 與對照之平均發芽率分別為 87.1 及 90.6，發芽率範圍分別為 71.1-94.3 及 78.9-98.3），其他均為取材自文獻有關雜草特性、種子散佈及種子發芽之文字描述。2003 年 Dow 公司之 Line 59122 抗蟲（Cry34/35Ab1）耐除草劑（*pat* 基因）玉米，提出報告中雜草及近緣種雜交部份各僅一頁之文字描述。2004 年 Monsanto 之 MON88017 抗蟲（Cry3Bb1）耐除草劑（CP4 EPSPS）玉米玉米報告，雜草及近緣種雜交部份含不足兩頁之描述，但在表現型與生態評估部份（超過 10 頁）有涉及雜草相關資料如發芽率、種子休眠性、花粉活力及農藝競爭力性狀等，這些資料實際取材自 2 年 20 餘次田間測試（http://www.aphis.usda.gov/brs/not_reg.html）。

油菜（美國）：1997 年由 AgrEvo 公司（已併入 Bayer）之耐除草劑油菜 Event T45 所提出之報告（515 頁），列有詳盡雜草評估資料（超過 70 頁），支持無雜草風險之評估之項目包括發芽、種子生產、淨代換率、競爭力（株數及生物量）、侵略指數（aggressivity index）、農藝性狀、抗病蟲力、環境逆境反應、種子發芽（室內測試、田間自生族群）、殘留效力及對其他除草劑敏感度（化學休耕狀況）等。這些項目中僅少數測試地點之轉殖油菜有成熟期延長之現象，其於均與對照系統無差異或更不具雜草性（http://www.aphis.usda.gov/brs/not_reg.html）。

棉花（澳洲）：2002 年 Monsanto 公司含 *Bt* 基因（Cry1 Ab）抗蟲棉花 INGARD event 531 向澳洲基因技術管制辦公室（Office of the Gene Technology Regulator,

OGTR）申請商業栽培（commercial release）之主文件計 121 頁（DIR 056/2004 - Application for licence for dealings involving an intentional release into the environment Risk Assessment and Risk Management Plan - http://www.ogtr.gov.au/gmorec/ir.htm#table ）。雜草部份有 6 頁包含以下單元之說明：1.傳統棉花之雜草性、2.棉花種子環境散佈、3.環境中棉花自生株（volunteers）之發生、4. INGARD 棉花之雜草潛力、5.INGARD 棉花之選擇性優勢。此報告之數量資料（種子散佈、發芽、存活、繁殖力、入侵力）主要依據另一份完成於北領地（Northern Territory）之田間測試報告『Evaluation of the Potential Weediness of Transgenic Cotton in Northern Australia』（Eastick 2002）。

結語－轉殖植物環境風險之台灣意涵

美國是基因轉殖植物最主要研發及生產國，代表美國科技主流觀點之美國國家科學院（The National Academy of Sciences）主張轉基因過程不引出新風險（The transgenic process presents no new categories of risk），而傳統育種或轉殖育種所產生之特殊性狀（trait）則均可導致特定之風險（NRC 2002）。由於長遠來之安全經驗，人們對傳統育種產物已深具信心，國際間甚少對傳統育種產物行風險評估及管理。基因技術研發間短，潛在問題尚未被充分掌握；轉殖植物之安全性則均需藉風險評估來確認。具國際約束力之『生物安全議定書』（Protocol on Biosafety）對活體改造生物（living modified organism）之利用及風險評估等訂有明確之原則性規範（CBD 2005）。台灣雖非締約國，但亦宜遵循其規範，以利國際來往互動。

商業生產之轉殖作物均需通過環境風險評估，過去十餘年實際案例顯示，不同轉基因或相異轉殖作物，其所評估方法與探討項目差異相當大。學術理論及實務均顯示，風險評估需要以個案處理（case by case）方式進行。不宜將缺乏彈性之評估框架套用於所有轉殖植物。台灣應建立適合在地環境之階層（tier）測試体系，由科學文獻及早期測試之農藝性狀資料，設計差異性評估流程。對潛在風險高之轉殖植物，行嚴謹而針對性評估；屬低風險類植物，則採簡捷流程，使其儘快通過管制，取得商業栽培許可。

全球基改作物（genetic modified crops, GMCs）2004 年栽培面積已達 8.1 千萬公頃，美國佔 4.75 千萬公頃（James 2005）。美國農業科技協會（CAST）之環境衝擊報告（Carpenter *et a*l 2002）顯示，轉殖大豆、玉米、棉花在美國之大面積栽培，有助於穩定生產、降低成本、水土保育及有益昆蟲族群。對轉殖油菜、馬鈴薯、玉米及甜菜前後 10 年之研究顯示，這四種轉殖作物均不具

雜草性（Crawley *et al* 2001）。英國對耐除草劑油菜、玉米及甜菜之農地規模評估（farm scale evaluations）試驗，亦未發現三種轉殖作物對生物多樣性之直接負面影響；玉米田昆蟲增加與另兩種作物田雜草減少（可能影響鳥類取食）均為除草劑使用改變之影響（Heard *et al* 2003, AgBioView 2003, Defra 2005）。立場偏激團體利用此結果，對基改作物大肆韃閥（http://www.greenpeace.org.au/）。而奇詭的是造成影響的是除草劑，過度除草之影響，可輕易由降低劑量而改進；減少用藥反而對環境有益。

基因轉殖植物多僅涉及單一或少數基因之改變，其對環境可能影響遠低於外來入侵植物（alien invasive plant），任何入侵植物均可將其體內全部基因引入環境（Hancock and Hokanson 2001）。台灣入侵植物問題非常嚴重，低海拔地區肆虐之種類近百種，菊科即有小花蔓澤蘭、銀膠菊、香澤蘭、大花咸豐、豬草、美洲闊苞菊、翼莖闊苞菊、掃帚、加拿大蓬、紫花藿香薊等種類（蔣等 2003），經由侵佔棲地/排擠弱勢植物/改變關連物種等作用，造成高度危害。精耕農地以外之棲地中，滿目所見多為入侵植物。台灣目前研發之轉殖植物如木瓜、水稻、番茄、甘藍菜、菊花、瓜類等多屬高度馴化或野生力弱之種類；外來入侵植物相較之下，基改作物之雜草風險即顯得微不足道。至目前為止，台灣尚未建立有效評估與管理入侵種之体系。

轉殖植物是台灣農業生物技術研發之重要項目，上游研發已投入可觀人物力資源，發展之對象涉及十餘種農園藝植物，其中部份已進入田間測試階段。但是關連之環境安全工作，到最近兩年才開始被注意（郭及周 2004，李及徐 2004），『基因轉殖植物田間試驗管理辦法』也在最近才公布（農委會 2005），在無適當規範及人物力缺乏情況下，環境安全工作多在艱辛中摸索前行，還需承接造成產業發展瓶頸之壓力。而台灣對境外農產物有高度依賴，很多進口農產品為具環境風險之活體改造生物（袁及蔣 2002，袁等 2003，郭及周 2004），而未要求輸入境內活體產物（如玉米及大豆，均具發芽力）之環境風險評估，也未執行相關之管理。這種差別處理非常不利國內農業生技之發展。

已公告之法規對田間試驗之規範顯示，台灣對轉殖植物之採行之標準較接近歐聯及日本，而遠較美國為嚴謹。具實質意義之環境風險評估，常需依靠不同環境條件之測試結果。目前田間試驗機構設置所設定之標準，幾無可避免的限制了可能測試之場所及環境，增高環境評估之困難度並延緩其完成之期程。農業生物技術整體規劃及管理亟需調整，研發投資才可能有相當之產出與報酬。

參考文獻

李國欽、徐慈鴻。2004。GMO/GMF 風險評估與風險管理方法。郭華仁、牛惠之（編輯）基因改造議題-從紛爭到展望：82-99。行政院農業委員會動植物防疫檢疫局。

袁秋英、蔣慕琰。2002。 進口大豆抗嘉磷塞除草劑之測定及其基因特性之探討。台灣農業化學與食品科學。40:119-128。

袁秋英、謝玉貞、蔣慕琰。2003。台灣市售飼料玉米抗固殺草基因特性研究及相關基改產品檢測。植保會刊 45:329-342。

郭華仁、牛惠之（編輯）2004 基因改造議題-從紛爭到展望。行政院農業委員會動植物防疫檢疫局。

郭華仁、周桂田。 2004。基改作物的全球經驗。郭華仁、牛惠之（編輯）基因改造議題-從紛爭到展望：120-157。行政院農業委員會動植物防疫檢疫局。

農委會。2005。基因轉殖植物田間試驗管理辦法。全國法規資料庫。http://law.moj.gov.tw/

蔣慕琰、徐玲明、袁秋英、蔣永正。 2003。台灣外來植物之野化與生態。 2003 植物生物多樣性與植物資源永續利用研討會論文集：47-65 東海大學。

蔣慕琰、徐玲明、袁秋英、蔣永正。 2004。 雜草及外來植物風險評估介紹。行政院農業委員會農業藥物毒物試驗所技術專刊第 133 號。

Agbios 2001. Principles and Practice of Environmental Safety Assessment of Transgenic Plants. Agriculture and Biotechnology Strategies (Canada) Inc. http://64.26.172.90/docroot/articles/esam.pdf

Agbios 2005. Global status of approved genetically modified plants. http://64.26.172.90/dbase.php?action=Synopsis

AgBioView 2003. Today's AgBioView (November 11, 2003) http://www.agbioworld.org

APHIS 2004. Weed Risk Assessment Guidelines (version 5.3). Animal and Plant Health Inspection Service (USDA APHIS), http://www.aphis.usda.gov/ppq/weeds/wra.pdf

APHIS 2005. Petitions of Nonregulated Status Granted or Pending by APHIS. Animal and Plant Health Inspection Service (USDA APHIS), http://www.aphis.usda.gov/brs/not_reg.html

Ammann, K. 2004. Biodiversity and Agricultural Biotechnology – A Review of the Impact of Biotechnology on Biodiversity. Botanical Garden, Berne, Switzerland.

http://www.botanischergarten.ch/Biotech-Biodiv/Report-Biodiv-Biotech3.doc

Ammann K, Y. Jacot and R. Al Mazyard 2000. Weediness in the light of new transgenic crops and their potential hybrids J. Plant Dis. 17: 19-29.

Ammann, K., Y. Jacot, P. Mazyad and P. Rufener 1996. Field release of transgenic crops in Switzerland – An ecological risk assessment of vertical gene flow. In: "Gentechnisch Veranderte Krankheitsund Schadlingsresistente Nutzpflanzen". vol. 1 Chapter: 3 pp. 1-157. http://www.botanischergarten.ch/debate/techdef5a.pdf

Baker, H.G. 1974 . The evolution of weeds. Annu. Rev. Ecol. Syst. 5: 1-25.

Baker, H.G. 1965. Characteristics and modes of origins of weeds. Pages 147-172 in Baker, H.G., and G.L. Stebbins, eds., The Genetics of Colonizing Species. Academic Press.

Basu C, M.D. Halfhill, T.C. Mueller, C.N. Stewart 2004. Weed genomics: new tools to understand weed biology. Trends Plant Sci. 9(8):391-398.

Biosecurity Australia 2005. The Weed Risk Assessment. Department of Agriculture, Fisheries and Forestry, Australia. http://www.affa.gov.au/content/output.cfm?ObjectID=D2C48F86-BA1A-11A1-A2200060B0A04014

Booth, B.D., C.J. Swanton, S.D. Murphy 2003. Weed ecology in natural and agricultural systems. Oxford University Press/CAB International Press.

Carpenter, J., A. Felsot, T. Goode, M. Hammig, D. Onstad, S. Sankula. 2002. Comparative Environmental Impacts of of Biotechnology-derived and Traditional Soybean, Corn, and Cotton Crops. Council for Agricultural Science and Technology CAST: I-189. http://www.talksoy.com/ComparativeStudy/default.htm#

CBD 2005. Cartagena Protocol on Biosafety. Convention on Biological Diversity. http://www.biodiv.org/biosafety/protocol.asp

Crawley, M.J., S.L. Brown, R.S. Hail, D.D. Kohn, and M. Rees 2001. Biotechnology: Transgenic crops in natural habitats. Nature 409: 682-683.

Custers, R.(ed.) 2001. Safety of Genetically Engineered Crops. VIP publication (Flanders Interuniversity Institute for Biotechnology). http://www.vib.be/NR/rdonlyres/FDA6861D-5E31-40EB-A500-5108D538AD6F/0/TASOreport_finaalpdf.pdf

Defra 2005. The Farm Scale Evaluations. Department for Environment Food and Rural Affair, United Kingdom. http://www.defra.gov.uk/environment/gm/fse/index.htm

De Wet, J.M.J., and J.R. Harlan 1975. Weeds and domesticates: Evolution in the man-made habitat. Economic Botany 29:99–107.

Eastick, R. 2002. Evaluation of the Potential Weediness of Transgenic Cotton in

Northern Australia. Report No. Technical Bulletin no. 305, Northern Territory Government and Australian Cotton Cooperative Research Centre. http://cotton.pi.csiro.au/Assets/PDFFiles/TB3051.pdf

Ellstrand, N.C., H.C. Prentice and J.F. Hancock 1999. Gene flow and introgression from domesticated plants into their wild relatives. Annu. Rev. Ecol. Syst. 30:339-363.

EPA 1998. Guidelines for Ecological Risk Assessment. U.S. Environmental Protection Agency, Risk Assessment Forum, Washington, DC, EPA/630/R095/002F. http://cfpub.epa.gov/ncea/cfm/recordisplay.cfm?deid=12460

Ervin, D. and R. Welsh 2003. Environmental effects of genetically modified Crops: differentiated risk assessment and management. In J.H.H Wesseler (ed.) Proceedings of the Frontis Workshop on Environmental Costs and Benefits of Transgenic Crops. Pp 7-29. Wageningen. http://library.wur.nl/frontis/transgenic_crops/02a_ervin.pdf

European Commission. 2001. Directive 2001/18/EC of the European Parliament and of the Council of 12 March 2001 on the deliberate release into the environment of genetically modified organisms and repealing Council Directive 90/220/EEC. Official Journal of the European Communities 17.4.2001: L 106:1–38.

Gray, A.J. 2002. Risk assessment for LMOs: a European Perspective. In: C.R. Roseland (Ed). LMOs and the Environment. Proceedings of an International Conference. Pp 47-54. OECD. http://www.oecd.org/dataoecd/40/56/31526579.pdf

Groves, R. H., F.D. Panetta and J.G. Virtue (eds.) 2001. Weed Risk Assessment. CSIRO Publishing, Collingwood, Australia. 244p

Hayashi, K. 2004. Revised regulatory framework for GMOs in Japan: new regulatory systems and approval process for environment and food safety. 2004 International Symposium of Safety Assessment of GM Crops and Foods. http://agsearch.snu.ac.kr/haksul/seminar/pds/2004_symposium/pdf/Article_KenichiHayashi.pdf

Hayes, K.R. 2004. Best practice and current practice in ecological risk assessment for genetically modified organisms. http://www.deh.gov.au/settlements/publications/biotechnology/ecological-risk/pubs/ecological-risk.pdf

Hancock, J.F. 2003. A framework for assessing the risk of transgenic crops.

BioScience 53:512-519.

Hancock, J.E. and K.E. Hokanson 2001. Invasiveness of transgenic vs. exotic plant species: how useful is the analogy? In S.H. Strauss and H.D. Bradshaw (eds.) Proceeding of the First International Symposium on Ecological and Societal Aspects of Transgenic Plantations. pp 187-192. http://www.fsl.orst.edu/tgerc/iufro2001/eprocd_29.pdf

Heard MS, C. Hawes, G.T. Champion, S.J. Clark, L.G. Firbank, A.J. Haughton, A.M. Parish, J.N. Perry, P. Rothery, R.J. Scott, M.P. Skellern, G.R. Squire and M.O. Hill 2003. Weeds in fields with contrasting conventional and genetically modified herbicide-tolerant crops. 1. effects on abundance and diversity. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B 358: 1819-1832.

James, Clive 2005. Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2004, International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications. http://www.isaaa.org/

Keeler, K. 1989. Can genetically engineered crops become weeds? Bio/technology 7:1134-1139.

Kjær, C., C. Damgaard, G. Kjellsson, B. Strandberg, and M. Strandberg 1999. Ecological risk assessment of genetically modified higher plants (GMHP) – Identification of data needs. NERI Techical Report, No. 303, National Environmental Research Institute, Denmark.

Koivisto, R.A., K.M. Törmäkangas, and V.S. Kauppinen 2001. Hazard identification and risk assessment procedure for genetically modified plants in the field -GMHAZID. Environ. Sci. Pollut. Res. 8:1–7.

NRC (National Research Council) 1989. Field Testing Genetically Modified Organisms: Framework for Decisions. National Academy Press, Washington, DC.

NRC (National Research Council) 2002. Environmental Effects of Transgenic Plants: The Scope and Adequacy of Regulation. National Academy Press, Washington, DC.

OGTR/Australia 2005. Risk Analysis Framework. Office of the Gene Technology Regulator, Australia. http://www.ogtr.gov.au/pdf/public/raffinal2.2.pdf

Parker, I.M. & P. Kareiva 1996. Assessing the risks of invasion for genetically engineered plants: acceptable evidence and reasonable doubt. Biological Conservation 78, 193-203.

Purrington, C. B., and J. Bergelson 1995. Assessing weediness of transgenic crops:

Industry plays plant ecologist Trends Ecol. Evol. 10:340-342.

Radosevich S.R. and J.S. Holt 1984. Weed ecology: Implication for Vegetation Management. Wiley.

Randall, J.M. 1997. Defining weeds of natural areas. pp. 18-25 In J. Luken AND J. Theiret (eds.) Assessment and management of plant invasions. Springer.

Rissler, J. and M. Mellon. 1993. Perils amidst the promise: ecological risks of transgenic crops in a global market. Union of Concerned Scientists. Cambridge, MA. http://www.bdt.fat.org.br/binas/Library/ucs/

表一、理想雜草特性（weed characteristics）（Baker 1956, 1974）

1. Germination requirements fulfilled in many environments
   不同環境下可發芽
2. Discontinuous germination (internally controlled) and great longevity of seed
   種子壽命長且不連續發芽
3. Rapid growth through vegetative phase to flowering
   快速生長至開花期
4. Continuous seed production for as long as growing conditions permit
   連續種子生產
5. Self-compatible, but not completely autogamous or apomictic
   自交親和
6. When cross-pollinated, unspecialized visitors or wind utilized
   風力或非特定授粉者雜交
7. Very high seed output in favorable environmental circumstances
   適宜環境下極高種子生產
8. Produces some seed in wide range of environmental conditions; tolerant and plastic
   具耐性及塑性不同環境下產生種子環境
9. Has adaptations for short- and long-distance dispersal
   短距及長距散佈
10. If a perennial, has vigorous vegetative reproduction or regeneration from fragments
    強勢營養繁殖或再生力
11. If a perennial, has brittleness, so not easily drawn from ground
    具脆斷性不易拔除
12. Has ability to compete interspecifically by special means (rosette, choking growth, allelochemics)
    具種間競爭力

表二、轉殖植物雜草風險評估項目之文獻列舉

文獻	雜草特性及雜草性（weediness）風險評估項目	附註
Calgene (1994)	seed germination (from various depths), dormancy (baseline, heat-induced, cold-induced), seed bank decay (2 years), seedling vigor, stand establishment, pest susceptibililty, winter survival, pollen movement, hybridization with wild relatives	Calgene 公司油菜商業栽培之測試項目
Purrington (1995)	seed viability, seed dormancy, seed production, seed dispersal, growth rate, growth period, clonal reproduction, lifetime survivorship, competitiveness, geographic range, pollen flow, pollen performance, fitness of hybrids with other cultivars, fitness of hybrids with wild species	文獻整理列舉實際雜草風險測試所採用之項目
Eastick (2002)	seed germination, dispersal, survivorship(plant numbers), fecundity (seed production, seedlings recruitment), invasiveness (population growth rate)	棉花商業栽培之雜草風險評估
Hayes (2003)	density dependant threshold, fitness and competitive ability, intrinsic rate of increase, pollen dispersal, pollen viability, seed dispersal, seed dormancy and replacement, hybridization and introgression, gene flow, horizontal gene flow, spread, establishment	列舉雜草風險相關測試項目
Heard (2003)	seed banks, seed rains, weed densities, weed biomass	大規模田間評估之項目

表三、澳大利亞轉殖生物風險程度之劃分，風險等級（high, moderate, low, negligible）由風險可能性（likelihood）及後果（consquences）之組合所決定。（OGTR/Australia 2005）

Consequences / Likelihood	Marginal	Minor	Intermediate	Major
Highly likely	Low	Moderate	High	High
Likely	Negligible	Low	High	High
Unlikely	Negligible	Low	Moderate	High
Highly unlikely	Negligible	Negligible	Low	Moderate

表四、歐美學者對轉殖植物環境風險階層測試（tier test）之重點內容

階層	雜草性（weediness）評估 (Rissler 1993)	一般性環境評估 (Kjær et al 1999)
Tier 1	親本之雜草性（文獻資料顯示具雜草性者進入次階，否則行簡單測試）	受體植物及表現特性基本資料
Tier 2	基因轉殖作物之生態表現（進行族群代換（population replacement)試驗：淨代換率大於 1 者屬高風險，進入次階評估，小於 1 者屬低風險，不需再評估）	受體植物進一步評估（繁殖力、雜交可能性）
Tier 3	基因轉殖作物之雜草性（進行決定雜草性之特別試驗，決定風險是否可接受）	實驗室及小規模測試（生態適應性改變測試、雜交率與自然回交評估）
Tier 4	-	田間評估（入侵性評估）
Tier 5	-	區域及地景效果評估

表五、Hancock(2003)對轉殖作物雜草風險評估架構之簡要訊息，實際測試之需求因轉基因（TA-TE）與植物類別（S1-S6）之組合而定。

A：植物類別及相關特性

植物類別	作物之雜草性狀	自然環境長存性 (persistent)	本地近緣植物
S1	雜草性狀少(低於40%)	不長存	無近緣植物
S2	具中等數量之雜草性狀	不長存	無近緣植物
S3	具多數雜草性狀	可逸出栽培環境長存	無交配親和之野生近緣種
S4	少數雜草性狀	可逸出栽培環境不長存	有交配親和之野生近緣種
S5	具中等數量之雜草性狀，近緣種 不擴散	可逸出栽培環長存	具親和性之野生近緣種
S6	具多數雜草性狀，近緣種強勢擴散性	可逸出栽培環境長存	具親和性之野生近緣種

B：轉基因類別及環境適應

轉基因類別	相關基因	適應性衝擊（fitness impact）
TA	標記基因	中性-不影響環境適應
TB	雄不育, 纖維品質, 果實成熟, 果實儲藏	不利環境適應
TC	抗除草劑	受作物與近緣種入侵性影響而異
TD	病毒、真菌、害蟲抗性	受生物防治水準而異
TE	抗逆境（寒、乾、金屬），改變養分吸收, 改變發育	有助環境適應

C：轉基因/植物類別組合之測試需求

轉基因類別/植物類別組合	進一步評估之項目
TA/S1-S6; TB/S1-S3, S5,S6; TC/S1,S2,S4,S5; TD/S1,S2; TE/S1	可釋放（release）不需再測試
TB/S4, S5, S6	確認不危及野生種
TC/S3, S6	確認野生種可被防治
TD/S1, S2	確定野生族群含有相似表現型，否則需測度生物防治水準，測試當地環境轉殖作物及雜交植物之適應性
TE/S1	確定野生族群含有相似表現型，否則測試當地環境轉殖作物及雜交植物之適應性

Weed risk of transgenic plants: research and assessment

Mou-Yen Chiang* and Chiou-Ing Yuan
Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute

Abstract

Weediness is the major environmental concern of transgenic plant. It is covered along with other major hazards such as gene flow, non-target and evolution of resistance for most environmental risk assessment of genetic modified plants. Currently, all weed risk assessment of genetic modified plants are qualitative in nature, and based on comparative evaluation of modified plant with the appropriate un-modified counterpart. Major parameters for weediness evaluation are seed germination, seedling vigor, vegetative growth, seed production, proprogule dispersal, dormancy, seed bank, stress tolerance (biotic/non-biotic), survival rate and net replacement rate. Subset of these parameters is used to characterize invasiveness, persistence, competitiveness or ecological fitness of transgenic plant. Ideally, assessment needs to deal with likelihood and consequence of risk, and risk level determined by interaction of these two components is subsequently used for management and regulatory decision. Based on literature review, we present expert-proposed approaches for differential treatment of risk assessment covering tier systems and category systems on risk level. Case studies on weed risk assessment presented cover transgenic produced maize, canola and cotton. In Taiwan, considerable resources are allocated for development of transgenic plants and related upstream research. However, framework and procedures of environment assessment are still at the enfant stage of development. This would slow down the eventual commercialization of transgenic plant. We introduce current situation on environment safety of transgenic plants in Taiwan with emphasis on weed, and propose future direction and approaches suitable for local condition.

Key words：Weediness, GMT, GMC, Risk Assessment, Environmental Safety

*（corresponding author; E-mail: myc@tractri.gov.tw; Tel: 886-4-23302101-602; Fax: 886-4- 23323073）

基因轉殖植物對田間土壤微生物相之影響及毒性釋出之分析

羅致逑[*1] 簡宣裕[2] 張明暉[2] 廖慶樑[2] 陳淑娟[1]
[1]行政院農業委員會農業藥物毒物試驗所生物藥劑組
[2]行政院農業委員會農業試驗所農業化學組

摘 要

基因改造植物在田間種植後，由於作物的農事操作，或植物老化，腐化或花粉傳播，使轉殖的 DNA 與基改蛋白進入環境中，就有可能產生基因移轉，或影響土壤生態，或對人畜，與非目標生物造成毒害。因此本文僅就基改植物對土壤微生物相之影響及毒性作一綜合性報導，並對在藥試所與農試所進行之基改作物對土壤微生物之影響提出報告。

關鍵詞：基改作物、水稻、馬鈴薯、青花椰菜、玉米、基因水平移轉、微生物族群、及毒性。

前 言

自 1983 年以來，利用生物技術來生產對農業與人類有用的生物，即成了一種新興的科技。藉由分子生物的方法，把重組的 DNA 轉殖至一特定的細胞中，改變細胞或分子的遺傳物質，再藉由組織培養技術使該轉型細胞發展成一個個體。例如含殺蟲蛋白的基改玉米，抗殺草劑的基改大豆，抗病毒的基改木瓜等。基因改造植物在田間種植後，其所攜帶的轉殖 DNA 就有可能因花粉的散佈，或因作物的農事操作收成而使轉殖的 DNA 進入與其相近的植物中，或隨部份植體進入土壤中，使得轉殖的基因在土壤中有機會影響土壤的生態，而基改植物本體的生長亦有可能對根圈生物造成影響（圖一）。消費大眾對這些經由生物技術得到的基因改造植物（Genetically modified plants, GMP）的食用安全性，及對環境與生態的安全性非常關切，因此本文僅就基改植物之基因移轉及對環境微生態影響提出報告與討論。

基因水平移轉是自然界中常見的現象，對於真核生物與原核生物上的演化，基因水平移轉是一個重要的機制。而在基改作物上所轉殖的抗藥性基因是

本論文部份資料登載於 2005 年 7 月刊行之農業藥物毒物試驗所技術專刊
[*]通訊作者(聯絡電話：04-23302101 轉 825；電子信箱：lcc@tactri.gov.tw；傳真：04-23323073

否可能與土壤中微生物進行基因水平移轉，特別是對人，畜致病，且需使用抗生素來治療的病原性細菌間的基因移轉也是要注意的（表一）。

英國在 1996 年不同意 Ciba-Geigy 基改抗蟲玉米用於動物飼料的申請，因這基改玉米含有完整的 β-lactamase 基因及來自 pUC18 載體的啟動子與複製起點（*ori*），不同於在自然界中常見的載體（在一個細胞中可產生 4 至 18 個複本）。本品系使用之載體可在一個細胞中產生超過 600 個複本，因此英國農部（MAFF）認為這種基改玉米對人畜與環境的安全是有一定程度的風險。

世界衛生組織與聯合國農糧組織（World Health Organization/Food and Agriculture Organization, WHO/FAO）在 2000 年發表數篇報告對於基改作物中使用的抗生素基因有一個原則上的建議：對這些抗藥性基因的橫向移轉至環境中病原性微生物上，及可能在臨床上的意義是必須評估的。因 DNA 無論其來自基改植物或來自環境進入勝任細菌中的機會均相近，而基改植物上的其他物種 DNA 較一般基因更可能進入勝任細菌中（Meier and Wackernagel, 2003）。

美國環保署（USEPA）在基改作物審查初期時並不主動要求廠商提供有關微生物間的基因移轉報告，因早期認為 DNA 在土中不殘留，容易為環境中所分解。但由於新的研究報告指出煙草（*Nicotiana tabacum*）及馬鈴薯（*Solanum tuberosum*）的轉殖基因在土中可殘存至少 40 天以上（Widmer *et al*., 1996）。基因甜菜（*Bata vulgaris*）的轉殖基因可在土中殘存至 18 個月以上（Gebhand and Smalla, 1999）。而這些殘留在土中的轉基因，仍具活性可進入原核生物的基因組中，造成基因水平移轉鏈。在美國如農藥殘留在土中的半生期（Half-life）超過 30 天以上，環境衝擊指數就進入有害的領域。所以美國環保署近年來開始要求廠商提供有關轉殖基因在環境中的宿命的報告，並建議對進入土壤中的轉殖基因進行環境監控與評估可能的衝擊。

基改植物標示基因

基改作物使用的標示基因中以具抗生素抗性的基因最常用，約有 84%的基改作物使用可使抗生素卡那黴素（Kanamycin），新黴素（Neomycin）失效的 *npt II* 基因（Neomycin phosphotransferase gene）。

標示基因的目的為供確認細胞是否成功轉入目標基因。使用的標示基因主要有兩種：選擇基因（Selection gene, 或 Selectable marker gene）及報告基因（Reporter gene）。外來基因的移轉雖可藉由農桿菌轉型（Agrobacterium-mediated transformation），粒子槍（Particle gun），微量注射（Microinjection），或原生質轉型（Protoplast transformation）等技術進行基因移轉，但這些基因轉殖的成功率不是非常高。為了提高獲得已成功完成基因轉殖的細胞株的效率，通常在做基因轉殖的同時也殖入了另一組特定的基因（Co-introduced with the

gene-of -interest)，這一組特定基因就是標示基因。它的目的就是將經完成轉型的基改細胞（Transgenic cell）培養於含抗生素或抗殺草劑的選擇性培養基中培養，篩選存活的細胞，以簡便快速的自大量未完成基因移轉的細胞（無抗性）中挑選數量微少但已完成基因移轉事件的細胞（具抗性）。因殖入的特定基因可使完成基因移轉事件的細胞或植物在此選擇性的環境中表現，存活及增殖，而未完成基因移轉事件的細胞在這一特定的環境中不能生存。例如抗固殺草（Glufosinate）的基改甜菜，其目標基因為 *bar* 基因，選擇基因為 *nptII* 基因。抗木瓜輪點病毒的基改木瓜，其目標基因為木瓜輪點病毒鞘蛋白基因 *PRSV CP*，選擇基因為 *nptII*（圖二）。

標示基因又因其作用可再細分成四種（表二，Nap *et al*., 1992）。第一種為具抗生素抗性的選擇基因，最常用的是使抗生素失效酵素基因，如可使卡那黴素（Kanamycin），新黴素（Neomycin），及 Geneticin（抗生素 G418）失效的酵素 Aminoglycoside-3'-phosphotransferaseⅡ【APH(3')Ⅱ,又稱 *NPTII*】基因 *nptⅡ*。使氨比西林（Ampicillin）失效的 *bla* 基因。第二種為對廣效性殺草劑具抗性的基因，例如可抗固殺草（Glufosinate）及畢拉草（Bialaphos）的 *bar* 基因與 *pat* 基因，及可抗嘉磷塞（Glyphosate）的 *epsps* 基因。抗殺草劑的基因有時也是基改作物設計時的目標基因。第三種為代謝性基因，殖入的基因與植物的代謝相關。第四種為報告基因。報告基因是為了監控基因是否成功地完成移轉至受體基因組上而設計的，報告基因通常會導致受體宿主內增加一種酵素活性，而這酵素活性原本是不存在於受體宿主內的。對於比較不容易轉移基因的植物而言，加入報告基因就有助於基因移轉的確認，目前較常用的報告基因是 *uidA*（*gus*）及 *gfp*。

依經濟合作暨開發組織（Organization for Economic Cooperation and Development, OECD）的報告指出最常用的標示基因前三名為 *aphA2*(*nptII*)，次為 *bar*，其次為 *pat*。其中又以 *aphA2* 基因最常用於基改作物上，約有 84%基因植物使用此選擇基因（Flavell *et al*.,1992），WHO 的報告則指出基改植物中約有 70%會是使用 *npt II* 基因作為選擇基因的（de Vries and Wackernagel, 1998）。Hemmer（1997）報告指出已核准的基改作物 28 種中使用 *nptII* 基因的有 17 種（60.7%），使用 35S 啟動子基因的有 22 種（78.6%），使用 *nos* 終結子基因有 16 種（57.1%）。而 *nptII* 基因也被証實可有效篩檢轉入卡那黴素抗藥性基因的基改細胞（Nielsen *et al*., 1997）。

nptII 基因成為最常用的抗藥性選擇基因，最主要的條件是這個抗藥性基因在環境中有的背景值很低，在土壤本身原生的族群中不太可能發現 *nptII* 基因序列及 Tn5 DNA 序列。在 Smalla 等人的研究報告中（1993）亦指出，在不同棲息環境中，篩選出對卡那黴素具抗藥性（Kan-R）的革蘭氏陰性菌株共有

355 株，其中來自荷蘭與德國的農地土壤中的抗藥性細菌 150 株均不含 *nptII* 基因。此結果顯示 *nptII* 基因在土壤環境中的零背景值。

抗藥性基因水平移轉

在環境中基因水平移轉有下列四種：(1) 經由植物花粉轉入另一種植物，(2) 由微生物轉入不同種類微生物，(3) 微生物轉入植物，及(4) 由植物或動物轉入微生物。其中轉型的機制對植物 DNA 進入微生物，特別是細菌很重要。例如枯草桿菌及單棲氮固菌可吸收與其本身 DNA 序列無關的 DNA 碎片（Lorenz and Wackernagel,1994）。

對於基改作物使用的抗藥性基因 *bla*，*nptII* 及 *aacC1* 水平移轉至細菌的研究自 1995 年開始。雖然基因移轉頻率低（Gebhard and Smalla, 1998；Nielsen *et al*., 2000；Lo *et al*., 2005）。然而在一般土中微生物的含量約為 10^7/克土，如移轉頻率為 10^{-12}，則在每克土中就可能有 10^{-5} 轉型成功的微生物，如移轉頻率為 10^{-6}，則在每克土中，就可能有 10^1 轉型成功的微生物。再經過一個演化時間後，就可能對環境產生了影響，這也是與毒性表現不同的地方。在評估對環境安全性時，時間單位需要很長。而評估食用安全性時，可在一定時間內得到對特定生物是否具有毒性的資料，再依此推估對人類的毒性。

基改植物的管理目前可分成三個階段，第一個階段是基改植物本身的遺傳特性，表現與食用安全。第二個階段是基改植物對環境的安全性。第三個階段是產品上市後的安全追蹤（食用安全與環境安全）。藥試所自 2002 年即開始進行抗藥性轉基因在環境中的安全性評估試驗（圖三），目前試驗仍在進行。

基改植物對土壤微生物的生態影響

自 1999 年以來，有一些報告指出基改植物可對土壤微生態造成一些影響，僅以數例來說明基改植物對土壤群落變化的影響。

1. 凝集素：例如 Griffiths 等人（2000）研究可生產凝集素 Lectins（Con A），及 Agglutinia（GNA）的基改馬鈴薯對土壤群落的影響調查，顯示基改馬鈴薯可以對根圈微生物群落的生理特性造成改變。但當基改馬鈴薯收穫後，此種影響就消失了。
2. 抗嘉磷塞的基改油菜：Siciliano 及 Germida 等人（1998）報告指出抗嘉磷塞的基改油菜其根圈微生物群落與非基改油菜的群落有不同。
3. 基改煙草：Donegan 等人（1997）報告指出基改煙草的葉子會影響土壤中線蟲的族群密度，此表示基改煙草與非基改煙草在碳含量組成上就可能有不同。因葉子成份不同，土壤微生物就發展了可利用該特殊組成的微生物群落，導致落葉影響了土壤微生物的變化，進而造成線蟲族群的變化。

4. 幾丁質基改植物：含幾丁質酵素之基改煙草對土壤病原真菌與共生真菌的影響(Vierheilig et al., 1993)：Vierheilig 等人研究發現基改煙草(*Nicotiana sylrestris*)轉入來自煙草(*Nicotiana tabacum*)的幾丁質酵素，可降低根系病菌 *Rhizoctonic solani* 對煙草的致病力，但根系共生菌 *Glomus mossease* 仍正常形成菌落而無影響。
5. 生產 Opine 的基改植物 *Lotus corniculatvs*（Oger, P. *et al*., 1997）：以 7 種選擇性培養基來調查比較生長在種植基改植物與非基改植物土壤細菌的變化，結果發現在基改植物根區附近有較多的 Opine 利用細菌，顯示 Opine 基改作物確可影響土中細菌族群。

但由於實驗觀察的時間也很短，因此對於連續大量長期種植所造成的影響就不清楚了。

加拿大對基改玉米之環境安全評估項目中則要求對土壤微生物中之病原微生物與有益微生物要進行風險評估，其中土壤病原菌則列出 11 種指標生物作為調查對象。例如 *Gibberella zeae*，*Fusarium* spp.，*Pythium* spp.，*Rhizoctonia* spp.，*Setosphaeria turcicum*，*Ustilago maydis*，*Colletotrichum graminicola*，*Puccinia sorghi*，*Sphacelothecia reliana*，*Erwinia stewartii*，及 *Pseudomonas syringae* 等。對土壤病原菌及有益菌的分析調查，可因基改植物的特性，生長溫度與農地的環境不同而有改變。不同國家可設定不同的指標微生物來進行環境生態的影響調查，這不能僅依基改植物生產國的條件來進行。如期望產品外銷，則要依產品輸入國家的標準來執行，美國雖很反對這項建議，並在 WTO 中指出是一種貿易障礙，但最後也必需配合尊重各國的主權與自主性。

基改植物對台灣農地微生物相影響之調查

種植抗輪點病毒(PRSV)之基改木瓜及同源性非基改木瓜之農試所土壤，分析溶磷細菌、蛋白分解菌、總細菌與真菌族群數目之結果顯示，隨種植時間(10-38 星期)而互有消長（林俊義等人，2004）。在北溝試驗土壤之進行纖維分解細菌之影響，初步分析在種植同源性非基改木瓜之土壤中可多得到兩種細菌。

在種植轉乳鐵蛋白基改水稻之農試所試驗田土壤上亦出現相同的微生物消長現象(6-18 星期)。在種植轉殖植酸酵素基改馬鈴薯之農試所試驗田土壤中發現溶磷細菌、固氮細菌、總細菌與真菌族群數皆比種植非轉基改馬鈴薯者少(20 星期)。而基改青花椰菜不同品種之土壤中族群數目和種植非基改青花菜的土壤也有差異(16 星期)，但經統計後差異均為不顯著。

基改玉米由於進口時為具有生命力之完整顆粒，因此有可能因非故意性散佈或農友特意栽種而發育成株，經以選擇性培養基比較種植基改玉米及非基改

玉米三星期後對土壤中之氨化菌、硝化菌、及硫化菌菌落之影響，顯示在氨化菌、硝化菌，及硫化菌菌落外觀上無差異（表三）。

基改植物毒性釋出之分析

生物技術是一個新興的科技，且研發成果多樣化，使得政府管理的措施不易配合。美國環保署初期比照農藥管理的方式進行，但隨即面臨到一個問題，就是不易得到足量的有效成份進行各項安全測試。例如農藥是一個簡單明確的分子，可大量取得。而基改植物的有效成份則是一種蛋白質，以微量方式存在植物體內，例如 B.t.k.HD-1 蛋白在每克基改作物上的含量約為 11.4 μg（11.4 ppm, w/w），Bt Cry1F 約在 22.4 μg 以下。因此不易得到足量純化的蛋白質進行與農藥般相同規格的毒性安全與環境安全測試（表四）。

一般基改蛋白在 1 克植株之含量約為 20μg，約佔所有蛋白的 0.01%。以農桿菌 *Agrobacterium* sp. Strain CP4 產生的 EPSPS 蛋白之胺基酸序列與其他生物產生的 EPSPSs 蛋白胺基酸序列與枯草桿菌最接近（100%，一般性＋相似性），其次為酵母菌（84%），大腸桿菌（78%），大豆（77%），玉米（73%）。因此實質等同應用在基改蛋白質及其胺基酸也會引起一些爭議。有人認為平常就吃大豆，玉米，因此對人沒有傷害性（Hazard），如無傷害性風險也就不存在了。對老鼠進行口服急毒性測試，以最高劑量進行時（572mg/kg，自微生物純化之 CP4 EPSPS 蛋白），也不見效果，因此無效劑量 NOEL（No effect level）定為 572mg/kg（Harrison 等人，1996）。

基改植物之毒性風險評估較農藥之毒性風險評估困難，因基改植物之蛋白以微量存在植物體，純化不易，而農藥則結構簡單，且主要為外來之化學合成物。對於農藥毒性風險評估一般是以下列方式估算

風險 ＝ 毒性 × 曝露劑量 或 ＝ 傷害 × 可能性 × 結果

其中毒性數值可由動物實驗中得到無效劑量 NOEL 或 NOAEL（No observed adverse effect level），再由此得到 RfD 值（Reference dose），與 PAD 值（Population adjusted dose）。曝露劑量則可藉由在食物中的農藥殘留來計算消耗量（Residue consumption）。但是由於目前的毒性測試方法得不到基改植物最低的有害劑量（LOAEL，Lowest observed advese effect level），及無效或無害劑量（NOEL 或 NOAEL），以致經常以動物試驗之最大劑量作為無效或無害劑量（NOEL 或 NOAEL）之估算值。例如對 Btk HD-1 最大口服急毒急性測試劑量為 4000mg/kg，測試結果與對照組無差異，因此無效劑量（NOEL 或 NOAEL）定為 4000mg/kg。由此可知生物技術的食物安全性風險評估不易執行。再加上有時標準的測試動物也會在個體上出現差異，造成結果的不同，此種偽真的現象（False positive）造成在毒性（Toxicity）或傷害性（Hazard）上

判斷的困難，也常造成政府管理單位、學者專家與生技公司間的爭議。

如以微生物方法產製以得到大量的表現蛋白，又不一定為各方面接受。兩者蛋白是相同（Identical），相近（實質等同，Substantially equivalent），或不同？例如某公司生產的基改作物在進行昆蟲毒性測試時發現，以兩種不同來源之毒蛋白進行對昆蟲的急毒性測試時，出現二組結果。對昆蟲 A，B，C 而言，兩種來源之蛋白毒性相同，但對昆蟲 D，E 而言卻有相差近 3 倍的急毒性值（表五）。這結果顯示，對 A，B，C 三種昆蟲而言，來自微生物增量的毒蛋白與來自基改植物的毒蛋白是相同的，但對 DE 兩種昆蟲而言是不同的，為何昆蟲對這些毒蛋白的反應有不同？但如把急毒性由相對毒性來看，則昆蟲對兩種不同來源之急毒性反應比較又是相同的，致死性強度均為 A>B≒C>D>E。因此以毒性反應比較來看是等同的，但是以毒性劑量來看，對 DE 而言就不等同了。因此引申了問題，即不同來源的毒蛋白對人類或其他哺乳類的毒性測試要如何知道結果之正確性？以免這些差異造成基改植物管理上的不確定性。

因此在基改植物管理上的有效成份（基改蛋白）的確認在國際上形成了很多的討論，也同時由於有不同的意見，導致對隨後的食用安全，環境安全的評估也有了不同的結論。有人接受，有人存疑。以對管理制度上有多年經驗的農藥為例，有些農藥也是有相同的爭議。例如 DDT，有人認為對人類的貢獻很大，但有更多的人認為 DDT 對為環境生態的污染性要更注意（表六），由此可知安全性評估不是件容易的事，角度不同看法就不同。有些農藥的禁用也是在使用了 51 年後才找到適當的指標項目（Indicator）予以禁用（表六）。

結　語

基改植物的管理自第一個基改蕃茄在 1991 年 8 月 12 日向美國藥物食品檢驗所（USFDA）申請許可使用於食品後，迄今美國的基改作物的管理經驗進入第 14 年，與農藥登記審查的近 60 年經驗相比（1947－2005，59 年）仍有許多需改善的。因此藉由一件一件的個案（Case by case）累積經驗，及邊作邊修改是必然的。

例如對食用安全性之評估項目中過敏原的鑑定，早期是以在人工消化液中穩定的時間長短作為過敏原的依據。但此原則對某些生技公司的產品不利，經再討論後，則改以更多的測試項目來評估過敏性。早期環境安全的評估著重在基改蛋白在環境中之宿命，現在則增加基改基因在環境的宿命調查。早期的食用安全，有些僅對成熟的果肉進行分析，現在則因一些國家會作為生食沙拉的材料，因此在這些國家就又增加了對於青果中一些毒性物質的分析，如此使得特定成份分析項目往往超過 86 個以上。

對環境安全性之評估項目，在評估環境風險與生態毒性時就又複雜一些，因不容易有廣為接受的指標生物。在美國選定的指標生物，往往到了第二個國家就會被要求增減或替換指標生物，而且會被要求需在當地重作環境安全評估，導致申請的時間延長，經費大幅增加（表七）。

台灣對於基改植物的管理才剛起步，在可預見的將來仍需投入更多人力，更高的經費（表七），及工作項目。但只要持續去做，終將會整理出比現在更好的指標項目群（Indicators），及更適當的評估技術與更為國內外接受的結論。如此台灣所生產的基改產品才有機會外銷出去，否則以台灣有限的農地與市場，要完全承接自身快速發展的基因改造植物與產品會有實際上的困難。

基改生物的安全管理本身是一個技術應用，工作量大，學術價值不易突出的服務工作。國際上對基改作物進行的各種測試也會因時、因地、因植物、因基因而調整。指標項目調查的結論也經常是基改與非基改間無顯著差異；有改變，但為暫時性；或此改變無顯著差異。參與執行這項工作的人員要先有這種認知。但隨著指標項目群的增加，累積的經驗愈多，基改植物的安全性試驗與評估結論也就會愈完整。

參考文獻

林俊義、劉邦基、王清玲、簡宣裕、石信德、陳邦華。2004。抗輪點病毒（PRSV）基因轉殖木瓜對生態影響及環境安全之評估。中華農學會報 5(4)：374-392。

Cheng, Y.H., Yang, J.S. and Yeh, S.D.（1996） Efficient transformation of papaya by coat protein gene of papaya ringspot virus mediated by Agrobacterium following liquid-phase wounding of embryogenic tissues with caborundum. *Plant Cell Reports*. 16:127-132.

Lo, Chi-Chu, Chen, Shu-Chuan, Wang, Chi-Shiou, Chen, Hui-Lien. (2005) Evaluation of the transformation of *Acinetobacter* sp. BD413 by transgenic papaya DNA containing functional *nptII* gene in soil microcosms. *Annals of Microbiol* (Accepted).

de Vries, J., and Weackernagel, W. (1998) Detection of *nptⅡ* (kanamycin resistance) gene in genomes of transgenic plants by marker-rescue transformation. *Mol. Gen. Genet.* 257:606-613.

Donegan, K.K.; Seidler, R.J.; Fieland, V.J.; Schaller, D.L.; Palm, C.J.; Ganio, L.M.; Cardwell, D.M.; Steinberger, Y. (1997) Decomposition of genetically engineered tobacco under field conditions: persistence of the proteinase

inhibitor I product and effects on soil microbial respiration and protozoa, nematode and microarthropod populations. *J. Appl. Ecol.* 34:767-777.

Flavell, R.B., Dart, E., Fuchs, R.L. and Fraley, R.T. (1992) selectable marker genes: safe for plants? *BioTech.* 10:141-4.

Gebhard, F. and Smalla, K. (1998) Transformation of *Acinetobacter* sp. strain BD413 by transgenic sugar beet DNA. *Appl. Environ. Microbiol.* 64:1550-1554.

Gebhard, F., and Smalla, K. (1999) Monitoring field releases of genetically modified sugar beets for persistence of transgenic plant DNA and horizontal gene transfer. *FEMS Microbiol. Ecol.* 28:261-272.

Griffiths, B.S., Geoghegan, I.E.; Robertson, W.M. (2000) Testing genetically engineered potato, producing lectins GNA and Con A, on montaaget soil organisms and proasses. *J. Appl. Ecol.* 37:159-170.

Harrison, L., Bailey, M., Naylor, M., Ream, J., Hammond. B., Nida, D., Burnette, B., Nickson, T., Mitsky, T., Taylor, M., Fuchs, R., and Padgette, S. 1996. The expressed protein in glyphosate-tolerant soybean, 5-enolypyruvyshikimate-3-phosphate synthase from *Agrobacterium* sp. Strain CP4, is rapidly digested in vitro and is not toxic to acutely gavaged mice. *J. Nutr.* 126:728-740.

Lorenz, M.G. and Wackernagel, W. (1994a) Bacterial gene transfer by natural genetic transformation in the environment. *Microbiol. Rev.* 58:563-602.

Meier, P. and Wackernagel, W. (2003) Monitoring the spread of recombinant DNA from field plots with transgenic sugar beet plants by PCR and natural transformation of *Pseudomonas stutzeri*. *Transgenic Res*. 12:293-304.

Myhr A.I. and Traavik T.（2003）Genetically modified (GM) crops: precautionary science and conflicts of interests. *J. of Agricultural and Environmental Ethics.* 16:227-247.

Nap, J-P., Bijvoer, J., and Stiekema, W. J. (1992) Biosafety of kanamycin-resistant transgenic plants.*Transgen. Res.* 1:239-249.

Nielsen, K. M., Bones, A. M., and van Elsas , J. D. (1997) Induced natural transformation of *Acinetobacter calcoaceticus* in soil microcosms. *Appl. Environ. Microbiol.* 63:3972-3977.

Oger, P., Petit, A., Dessaux, Y. (1997) Genetically engineered plants producing opines alter their biological environment. *Nature biotechnology*. 15:369-372.

Siciliano, S.D., Theoret, C.M., De Freitas, J.R., Hucl, P.J., Germida, J.J. (1998) Differences in the microbial communities associated with the roots of different

cultivars of canola and wheat. *Can. J. of Microbiol.* 44:844-851.

Smalla, K., van Overbeek, L.S., Pukall, R., and van Elsas, J.D. (1993) Prevalence of *npt II* and Tn5 in kanamycin-resistant bacteria from different environments. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 13:47-58.

Vierheilig, H., Alt, M., Neuhaus, J., Biller, T., Wiemken, A. (1993) Colonization of transgenic Nicotiana sylvestris plants, expressing different forms of Nicotiana tabacum chitinase by he root pathogen Rhizoctonia solani and by the mycorrhizal symbiont Glomus mosseae. *Mol. Plant-Microbe Interact*. 6:261-264.

Widmer, F., Seidler, R.J., and Watrud, L.S. (1996) Sensitive detection of transgenic plant marker gene persistence in soil microcosms. *Mol. Ecol.* 5:603-613.

表一、基改作物中使用的抗藥性標示基因及其作用的抗生素[a]

Table 1. Antibiotic resistance marker genes used in genetically modified plants, and the related antibiotic used in human health.

抗藥性基因	抗生素	用　途
nptII	Kanamycin	全身性發炎，為小兒科用藥，毒性較 Neomycin 低很多，作為 Gentamycin 替代藥。也使用於嚴重性的系統感染，且其他抗生素無效時。
	Neomycin	第一線用藥，作用與 Kanamycin 相同，但毒性較強，亦為畜牧用藥。
bla	Ampicillin	第一線用藥，廣泛用於呼吸道，胃腸道，尿道，敗血症，細菌性腦膜炎。亦為畜牧用藥。

[a]：基改作物含抗藥性標示基因作可向美國申請許可，但向歐盟申請許可會有困難。

表二、用於基因轉殖植物的選擇基因及報告基因

Table 2. Selected marker genes and reporter genes used in transgenic plants

基 因	酵 素	選擇藥劑或物質
1. 選擇基因：抗生素抗性		
-*aphA1* (*npt I*) *aphA2* (*npt II*) *aphA3* (*npt III*)	Aminoglycoside-3'-phosphotransferase, APH(3')I,II ,及 III, NPTI, II,及 III	Kanamycin 及其他胺基配醣體（Aminoglycosides）。
-*aacC1* *aacC3* *aacA* (*6'gat*)	Gentamicin-acetyltransferase, AAC(3')I, III 及 IV ,AAC(6')	Gentamicin 及其他胺基配醣體
-*hpt* (*aphIV*)	Hygromycin phosphotransferase, HPT	Hygromycin B（主要為動物用藥）
-*spt*	Streptmycin phosphotransferase, SPT	Streptomycin
-*aadA*	Aminoglycoside-3" – adenyltransferase, AAD(3")	Streptomycin Spectinomycin
-*ble*	與藥物接合的蛋白質	Bleomycin，Phleomycin
-*dhfr*	Dihydrofolate reductase, DHFR	Methotrexate,抗葉酸藥物
-*bla*	β-lactamase	Ampicillin（Bt11）
-*bsr*	Blasticidin S deaminase, BSR	Blasticin S
-*sulI*	Dihydropteroate synthase, DHPS	Sulfonamides
2. 選擇基因：除草劑抗性		
-*bar* *pat*	Phosphinothricin-*N*-acetyltransferase, PAT 來自 *Streptomyces hygroscopicus*	Glufosinate（固殺草）, bialaphos（畢拉草）, phosphinothricin（Basta,Finale）

-*epsps* *epsps* 5	來自植物的 5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase, EPSPS	Glyphosate（嘉磷塞）
-*aroA*, aro*A*(*sm1*), and aro*A*(*cp4*)	來自微生物的 5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase, EPSPS	Glyphosate（嘉磷塞）
-*gox* *bxn*	Glyphosate oxidoreducatase, GOX Bromoxynil nitrilase, BXN	Glyphosate（嘉磷塞） Bromoxynil
-*tfdA*	2,4-Dichlorophenoxyacetate monooxygenase	2,4-D
-*als*（*ahas*）, *csr1-1,-2*, *suRB-S4-hra*	Acetolactate synthase, ALS Acetohydroxy acid synthase, AHAS	Sulfonylureas Imidazolines Triazolpyrimidines Pyrimidylbenzoates
3. 選擇基因：代謝		
Tdc	Tryptophan decarboxlase, TDC	4-Methyltryptophan
dhps , *dhps-r1*	Dihydrodopicolinate synthase, DHPS, DHDPS	*S*-Aminoethyl-L-cysteine(AEC)
ak	Aspartate kinase,AK	Threonin 及 Lysin
badh	Betaine aldehyde dehydrogenase, BADH	Betaine aldehyde
manA	6-Phosphomannose isomerase, PMI	Mannose
aprt	Adenine phosphoribosyltransferase, APRT	Azaserine, alanosine, 及 Adenine
4. 報告基因		
uidA (*gus*)	β-Glucuronidase, GUS	β-Glucuronides
luc	Firefly luciferase, LUC	Luciferin, ATP 及氧
luxA and *luxB*	細菌性的 Luciferase, LUC	Decanal, $FMNH_2$ 及氧
lacZ	β-Galactosidase, β-GAL	Galactosides
cat	Chloramphenicol acetyltransferase, CAT	Chloramphenicol
gfp	綠色螢光蛋白質（Green fluorescent protein, GFP）	需氧

表三、藥試所與農試所對基改作物於土壤微生物的生態影響調查

Table 3. Investigation the influences of transgenic crops in soil microorganisms by TACTRI and TARI

基改植物	對土壤微生物的影響	執行單位
木瓜	種植基改木瓜及非基改木瓜土壤之溶磷細菌，固氮細菌，及蛋白分解細菌族群數於試驗期間變動不大，均無顯著差異。而種植基改木瓜土壤的總真菌數，總細菌數比種植非基改木瓜之土壤總菌數低。	農試所
	以 *Acinetobacter* sp. BD413(pFG4Δ*npt*II)測試基改木瓜抗藥性基因之水平移轉，結果顯示在土壤微生態試驗中無抗藥性基因移轉現象。	藥試所
水稻	種植含乳鐵蛋白基因之基改水稻土壤於試驗第 6 週時，溶磷細菌、固氮細菌族群數較種植非基改水稻者少。於第 12 週時，固氮細菌族群數則較非基改水稻者多；在第 18 週時固氮細菌、溶磷細菌及蛋白分解細菌族群數較非基改水稻者少。	農試所
青花椰菜	基改青花椰菜及非基改青花椰菜對土壤之溶磷酸鈣菌、蛋白質分解菌、游離固氮細菌、總真菌與細菌族群數之影響並不顯著。	農試所
馬鈴薯	種植非基改馬鈴薯之土壤之溶磷細菌、游離固氮細菌及真菌族群數皆高於含植酸酵素基因之基改馬鈴薯者。種植基改馬鈴薯土壤之蛋白質分解菌族群數與總細菌族群數多於種植非基改馬鈴薯土壤者，但差異均不顯著。	農試所
玉米	種植非基改玉米土壤及基改玉米土壤，經數種不同培養基培養比較，發現主要菌落均為乳白色不透明及黃色不透明細菌。而亞硝酸菌，氨化菌，硫化菌，及纖維素分解菌等菌相在兩種土壤中無明顯差異。其中種植基改玉米之土壤可得到細菌 *Leifsonia poae, Chryseobacterium gleam* 及 *Paenibacillus* sp.（新菌種），而種植非基改玉米之土壤，可得到 *Chryseobacterium* sp.（新品種）。	藥試所

表四、化學農藥與基改蛋白在生物安全測試的比較

Table 4. Comparisons between pesticides and transgenic proteins used in bosafety test

項　　目	化　學　農　藥	基 改 植 物 表 現 蛋 白
1. 組成	物質簡單，明確，可大量取得	基改蛋白微量存在植物體內，不易取得
2. 高劑量	高劑量可造成效應	最大劑量不易明確，且未必與效應相關
3. 吸收量	容易估算	不易估算
4. 急毒性	容易判斷毒性程度	不易產生或判斷
5. 營養	與營養無關	與營養相關
6. 代謝途徑	途徑特殊容易了解	複雜
7. 殘留	可以，如化學農藥為非自然物	不易，因表現蛋白與自然蛋白理化性接近。
8. 因果關係	相當明確	複雜

表五、微生物產製的蛋白與基改植物表現的基改蛋白對昆蟲之急毒性(ng/cm^2)

Table 5. Acute toxicity of insects treated with microbial derived protein and punified transgenic plant expressed protein

來　源 / 昆　蟲	微生物產製蛋白	基改植物表現蛋白
A	0.5	0.5
B	2.0	2.0
C	2.5	2.5
D	50	15（最大劑量）
E	70	25

（本表數據經修改）

表六、部份農藥的使用與販售在台灣禁用之時間(農委會)

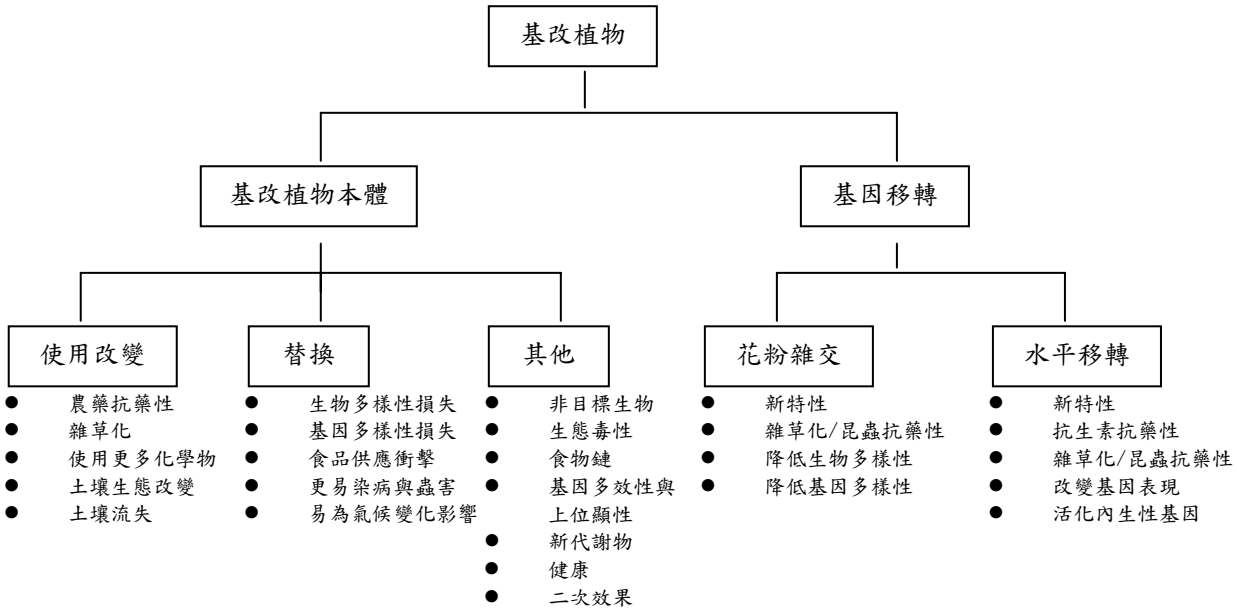
Table 6. List of some selected pesticides whose consumption and sale have been banned in Taiwan (Council of Agriculture)

農　藥	使 用-禁用 合計	禁 用 指 標 項 目
滴滴涕 (DDT)	1944-1972 28	長效性環境污染
克氯苯 (Chlorobenzilate)	1952-1983 31	致癌性
亞拉生長素 (Daminozide)	1962-1990 28	致腫瘤性
巴拉松 (Parathion)	1946-1997 51	極劇毒，致癌性 C 級
一品松(EPN)	1949-1998 49	極劇毒，遲發性神經毒

表七、美國 EPA 對基改植物的登記之費用估算

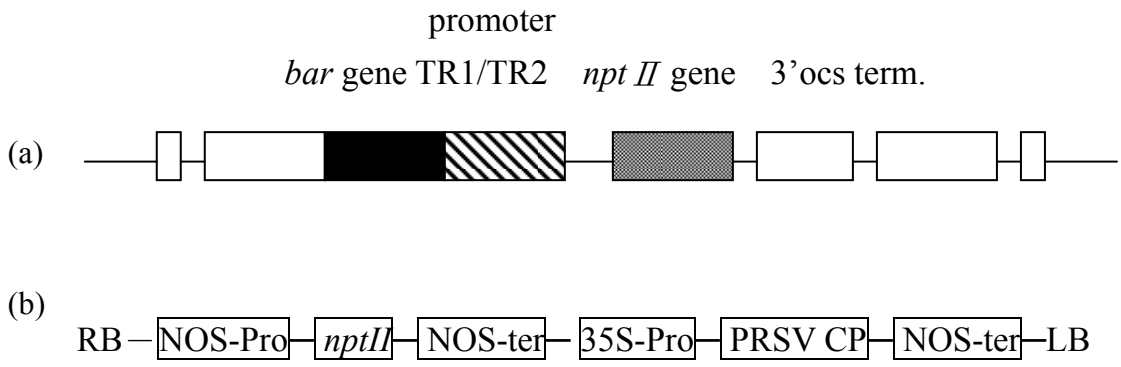
Table 7. Cost for transgenic plant registration estimated by USEPA

項　　目	估算美金	台幣（1：32）
基本資料 （殘留，宿命，急毒性，消化等）	20,000	640,000
環境宿命	735,000	23,520,000
人類安全與哺乳類急毒性	1,667,000	53,344,000
非目標生物	411,000	13,152,000
合　　計	2,833,000	90,656,000



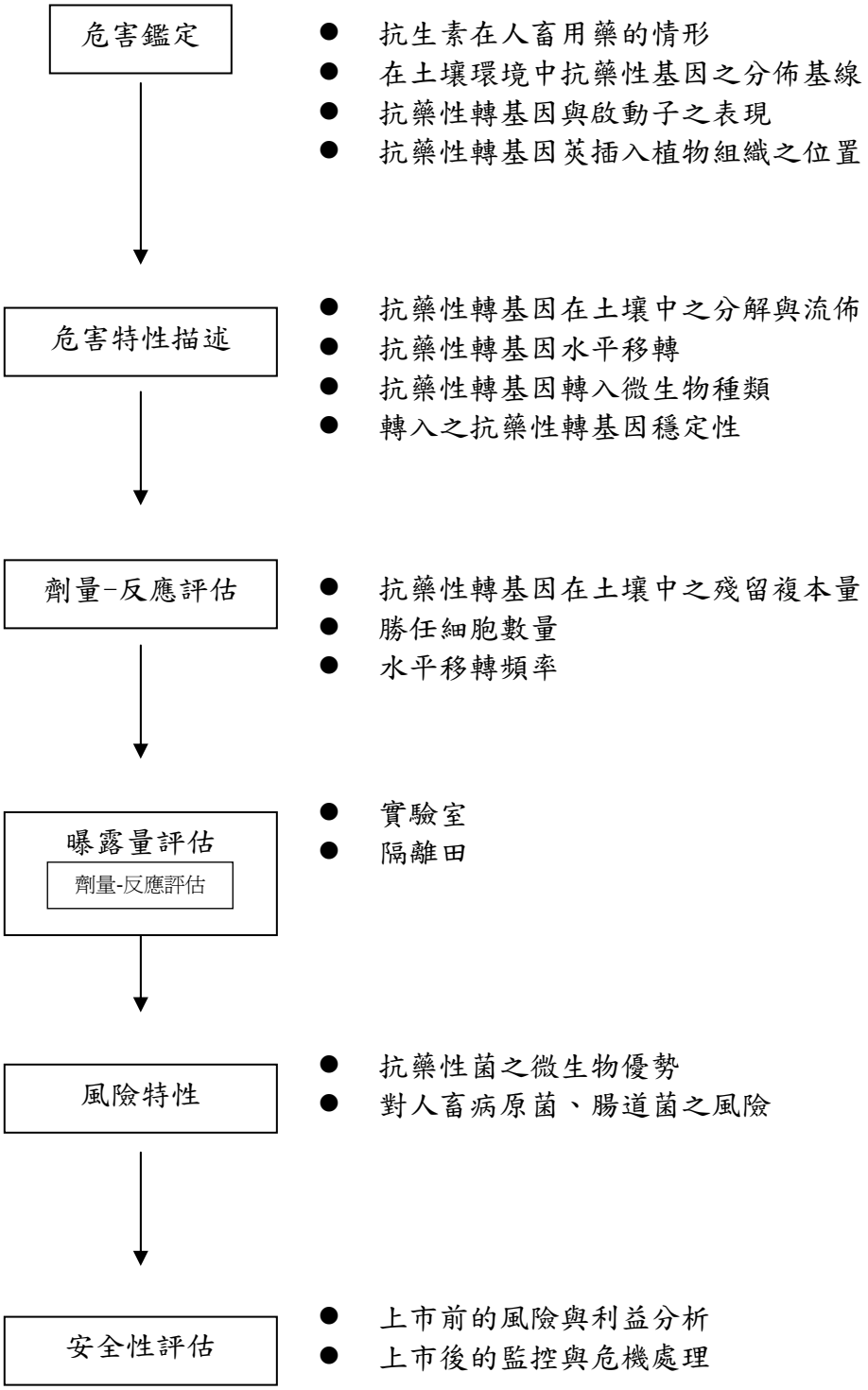
圖一、基改植物的使用與釋放對生態的可能影響（Myhr and Traavik， 2003）

Fig. 1. Potential ecological effects from transgenic plants use and relase（Myhr and Traavik，2003）



圖二、基改甜菜（a）及基改木瓜（b）基因構築簡圖。

Fig. 2. Gene constracts of transgenic sugar beet (a) and papaya (b).



圖三、藥試所對抗藥性基因在環境之安全性評估流程

Fig. 3. Environmental safety assessment of antibiotic resistance genes by TACTRI.

Influence in Soil Microorganisms and Toxic Effects from Transgenic Plants

Chi-Chu Lo[*1], Chiuan-Yuh Chien[2], Ming-Huei Jhang[2], Ching-Liang Liao[2], Shu-Chuan Chen[1]

Abstract

Transgenic plant materials and transgenic DNA can be released into the environment from agricultural practices, from senescent or rotting plant material, or from pollens. The persistence of transgenic DNA and transgenic proteins in soil have raised many concerns on potential gene transfer, influence on soil ecology, toxicity to animal and human health, and to non-target organisms. Therefore, this report is focused on the possible influence of transgenic plants on soil microorganisms, and toxicity (human, and insects), some data from Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute (TACTRI) and Taiwan Agricultural Research Institute (TARI) were reported.

Key words: transgenic crops, rice, potato, cauliflower, corn, horizontal gene transfer, microorganism community, toxicity

* (Corresponding author; Phone：+886-4-23302101 ext. 825；Fax：+886-4-23323073；E-mail：lcc@tactri.gov.tw)

[1]Division of Biopesticide, Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute.

[2] Division of Agricultural Chemistry, Agricultural Research Institute.