

## Bt 棉不同种植年限土壤中 Bt 基因及其蛋白的残留测定

沈 平<sup>1,2</sup>, 张永军<sup>1\*</sup>, 陈 洋<sup>1</sup>, 吴孔明<sup>1</sup>, 彭于发<sup>1</sup>, 郭予元<sup>1</sup>

(1. 中国农业科学院植物保护研究所, 植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100094; 2. 农业部科技发展中心, 北京 100026)

**摘要:**从 16 个多年种植 Bt 棉花的田块抽取土壤样本。采用 PCR 和 ELISA 方法测定了土壤试样中 Bt 基因序列片段和杀虫蛋白的残留和累积效应。结果表明, 以土壤总 DNA 为模板不能扩增出棉花内标准基因和 *cry1A* 基因预期大小片段。连续种植 Bt 棉花可以在土壤中低剂量残留 Bt 杀虫蛋白, 但不会导致 Bt 毒蛋白在土壤中累积。

**关键词:**Bt 棉花; 土壤; Bt 杀虫蛋白; 残留

**中图分类号:**S435.622      **文献标识码:**A

**文章编号:**1002-7807(2008)01-0079-03

## Detection for Persistence of *Bt* Gene and *Bt* Insecticidal Proteins in Soil after Multiple Years of *Bt* Cotton Planting

SHEN Ping<sup>1,2</sup>, ZHANG Yong-jun<sup>1\*</sup>, CHEN Yang<sup>1</sup>, WU Kong-ming<sup>1</sup>, PENG Yu-fa<sup>1</sup>, GUO Yu-yuan<sup>1</sup>

(1. State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China; 2. Technology and Development Center of MOA, Beijing 100026, China)

**Abstract:** Soil samples were collected from within sixteen fields where insect-resistant transgenic cotton encoding the *cry1A* gene had been grown and subsequently incorporated into soil by post-harvest tillage for multiple years. The *cry1A* gene sequence fragments and Bt insecticidal protein in these samples (collected after the last season tillage) were explored using PCR amplification and enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) method, respectively. Soil total DNA could be gotten in high quality, but we could not get any PCR amplification result of cotton internal standard gene or *cry1A* gene. The results from ELISA indicated that repeated agricultural using of transgenic Bt cotton expressing *Cry1A* insecticidal protein could persist extremely low levels of Bt protein in soil. However, the persistence of Bt protein in soil did not result in accumulation by post-harvest tillage in multiple seasons.

**Key words:** transgenic Bt cotton; soil; Bt insecticidal protein; persistence

Bt 作物大规模商业化种植过程中, 植株残体、根系分泌物和花粉等不断向土壤系统释放外源 Bt 基因序列片段和杀虫蛋白, 这样可能会使转基因成分在土壤生态系统中富集, 从而影响土壤某些生物种群、功能类群以及土壤生物多样性和土壤生态过程<sup>[1]</sup>。为了更好地发挥 Bt 棉花的抗虫优势, 延长其使用寿命, 于 2005 年对 Bt 棉花种

植过程中 Bt 基因序列片段和杀虫蛋白在土壤中的残留与累积进行了检测, 以期为我国转基因抗虫棉花生态安全监管提供科学依据。

### 1 材料和方法

#### 1.1 供试棉田土壤样品的采集和前处理

供试棉田分别设在新疆库尔勒普惠农场、新

收稿日期:2006-12-14

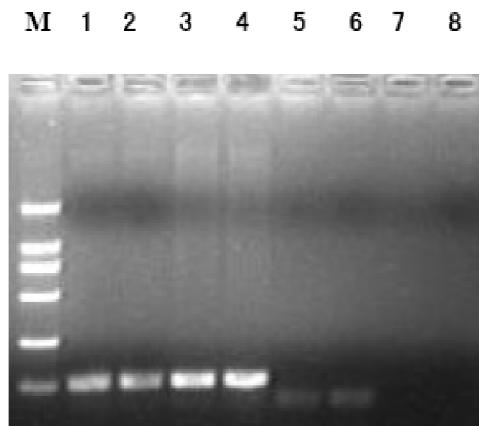
作者简介:沈 平(1966—),女,副研究员; \* 通讯作者, yjzhang@ippcaas.cn

基金项目:国家重点基础研究发展规划项目(001CB109004)

疆库尔勒包头湖农场、新疆喀什农场、中国农业科学院廊坊中试基地、河南省新乡七里营新植原种场、山东省夏津县农业局实验田、湖北天门市试验基地。在棉花秋季收获后,每个田块5点取样,每点按照30 cm×30 cm规格掘取地表至向下20 cm深处富含棉花根系的土壤,分别装入无菌自封袋,带回室内置于-20℃保存至后续检测。

### 1.2 *cry1Ac* 基因、*cry1Ab* 基因以及 *cry1Ac* 与 *cry1Ab* 融合基因序列的 PCR 扩增

按照土壤 DNA 分离纯化试剂盒提供的方法提取土壤总 DNA 作为扩增模板<sup>[2]</sup>。棉花内标准基因 *Sad1* 上游引物: 5'-CCAAAGGAGGTGC-CTGTTCA-3', 下游引物: 5'-TTGAGGTT-GAGTCAGAATGTTGTTTC-3', 扩增产物片段 108 bp。*cry1Ac* 基因、*cry1Ab* 基因、以及 *cry1Ac* 与 *cry1Ab* 融合基因(文中简称 *cry1A* 基因)序列通用上游引物: 5'-GAAGGTTGAG-CAATCTCTAC-3', 下游引物: 5'-CGAT-CAGCCTAGTAAGGTCGT-3', 扩增产物片段 301 bp。每个样品设 3 次重复。扩增结束后, 反



M 分子量标记(DL2000),1~2 阳性对照, 3~4  
阴性对照, 5~6 空白对照, 7~8 土壤样品

图 1 棉花内标准基因 *Sad1* PCR 扩增

Fig. 1 PCR amplification of *Sad1*

### 2.2 土壤中残留 Bt 杀虫蛋白的监测

由表 1 可以看出,所有种植 Bt 棉花的田块土壤样品中均能够检出 Bt 杀虫蛋白,但含量都低于 1 ng·g<sup>-1</sup>。在连续 3 年(含)以上种植 Bt 棉花的田块土壤试样中,编号 16 的样品的 Bt 杀虫蛋白含量显著高于其它样品外,编号为 1, 6, 7, 8, 9 和 13 的试样中 Bt 蛋白的残留量差异不显著。2005 年当年种植 Bt 棉,之前种植常规棉的田块土壤样品编号分别为 3, 5, 10, 11, 14 和 15 的 Bt 蛋白含量差异没有达到显著水平。另外,2005 年

应产物经 2% 琼脂糖电泳分析。

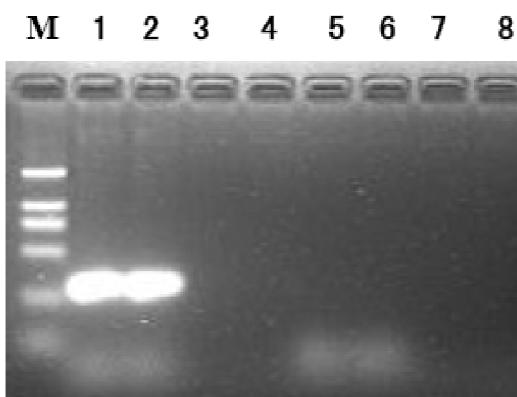
### 1.3 土壤中 Bt 杀虫蛋白的测定

采用美国 EPA 指定的 ENVIROLOGIX 公司 ELISA 定量检测试剂盒(检测极限为 0.1 ng·g<sup>-1</sup>)进行检测,每处理重复 3 次。根据标准曲线求出 Bt 蛋白含量,换算成每克干重 Bt 蛋白含量,用 ng·g<sup>-1</sup> 表示。

## 2 结果与讨论

### 2.1 土壤中目标基因的检测

由图 1 可以发现,阳性对照和阴性对照总 DNA 均能够扩增出内标准基因 *Sad1* 预期大小片段(108 bp),而所有供试土壤样品总 DNA 都不能够扩增出 *Sad1* 预期大小片段。阳性对照总 DNA 能够扩增出 *cry1A* 基因预期大小片段(301 bp),而阴性对照和所有测试的土壤样品总 DNA 均未能够扩增出 *cry1A* 基因预期大小片段(图 2)。



M 分子量标记(DL2000),1~2 阳性对照, 3~4  
阴性对照, 5~6 空白对照, 7~8 土壤样品

图 2 *cry1A* 基因的 PCR 扩增

Fig. 2 PCR amplification of *cry1A*

当年种植常规棉,之前种植 Bt 棉花编号为 2 和 12 土壤试样中 Bt 蛋白残留量也没有显著差异。同一省的土壤样品中 Bt 蛋白的残留量差异不显著,如新疆、河南、山东和河北省。但不同省间的土壤样品,如编号为 4 的样品与编号为 6, 7, 9, 10, 14, 15 和 16 的样品 Bt 蛋白的残留量有一定的差异。可见,连续种植 Bt 棉花可以造成土壤中 Bt 杀虫蛋白低剂量残留,但不会导致 Bt 蛋白累积。不同种植区土壤特性的差异可能会导致 Bt 杀虫蛋白残留量有所变化。

表 1 土壤试样 Bt 杀虫蛋白含量  
Table 1 Content of Bt insecticidal proteins in soil samples

样品编号	采样地点	备注	Bt 杀虫蛋白含量 (ng · g <sup>-1</sup> )
1	新疆库尔勒普惠农场	2005 年种植中棉所 41(GFMcry1A/CpTI 双价基因), 1999—2002 年种植高抗 5 号(cry1Ac 基因), 2003—2004 年种植 20B(GFMcry1A 基因)	0.49 ± 0.01 abc
2	新疆库尔勒包头湖农场	2005 年种植中棉所 43(常规棉), 2002—2004 年种植中棉所 41	0.47 0.09 bc
3	新疆喀什农场	2005 年种植 SGK321(GFMcry1A/CpTI 双价基因), 2005 年以前种植常规棉花	0.59 0.15 bc
4	新疆喀什农场	2005 年种植中棉所 35(常规棉), 2003—2004 年种植中棉所 41	0.46 0.06 ab
5	河南省新乡七里营新植原种场	2005 年种植新植 1 号(GFMcry1A 基因), 2005 年以前种植常规棉花	0.49 0.12 abc
6	河南省新乡七里营新植原种场	2002—2005 年种植高抗 5 号	0.40 0.02 c
7	河南省新乡七里营新植原种场	2000—2005 年种植高抗 5 号	0.38 0.02 c
8	山东省夏津县农业局实验田	2000—2005 年种植鲁棉研 18(GFMcry1A 基因)	0.51 0.13 abc
9	山东省夏津县农业局实验田	2000—2005 年种植中棉所 45(GFMcry1A/CpTI 双价基因)	0.38 0.03 c
10	山东省夏津县农业局实验田	2005 年种植中抗 6 号(Bt 基因来源不详), 2005 年以前种植常规棉花	0.38 0.02 c
11	中国农业科学院廊坊中试基地	2005 年种植 SGK321(GFMcry1A/CpTI 双价基因), 2005 年以前种植常规棉花	0.47 0.07 abc
12	中国农业科学院廊坊中试基地	2005 年种植中 12(常规棉), 2004 年种植 SGK321	0.47 0.01 abc
13	中国农业科学院廊坊中试基地	2005 年种植晋棉 26 号(GFMcry1A 基因), 2003—2004 年种植 Nucton33B(cry1Ac 基因)	0.45 0.02 bc
14	中国农业科学院廊坊中试基地	2005 年种植 GK12(GFMcry1A 基因), 2005 年以前种植常规棉花	0.38 0.04 c
15	中国农业科学院廊坊中试基地	2005 年种植 Nucton33B, 2005 年以前种植常规棉	0.37 0.06 c
16	湖北天门市试验基地	2005 年种植 DP120B(cry1Ac 基因), 2003—2004 种植 DP1560B(cry1Ac 基因)	0.64 0.24 a

注: 表中数据为平均值±标准误, 同列数据后有相同字母表示差异不显著( $P>0.05$ , 新复极差法)。

#### 参考文献:

- [1] STOTZKY G. Persistence and biological activity in soil of the insecticidal proteins from *Bacillus thuringiensis*, especially from transgenic plants. (Special Issue: Impact of genetically modified organisms) [J]. Plant and Soil, 2004, 266: 77-89.
- [2] 马 轩, 杜雄明. 提取棉花基因组 DNA 的一点探讨 [J]. 棉花学报, 2004, 16(1): 10-13. ●