

转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻对稻田底栖动物群落的影响*

桂芳艳¹ 刘雨芳^{1**} 莫书银¹ 孙丽川¹ 孙远东¹ 刘文海¹ 戈峰^{2**}

(1. 湖南科技大学生命科学学院园艺作物病虫害治理湖南省重点实验室 湘潭 411201;

2. 中国科学院动物研究所/农业虫鼠害综合治理研究国家重点实验室 北京 100101)

摘要 转 *Bt* 基因抗虫水稻的成功研发, 为有效控制鳞翅目害虫对水稻的危害提供了一条最为有效、经济的途径。稻田底栖动物群落是转 *Bt* 基因抗虫水稻的重要非靶标生物。为了解转 *Bt* 基因水稻对稻田底栖动物群落的安全性, 以转 *Cry1Ab/Ac* 基因抗虫水稻‘华恢 1 号’(缩写为 HH1)为材料, 以其非转基因亲本‘明恢 63’(缩写为 MH63)为对照, 以稻田底栖动物群落为指示生物, 运用群落学方法, 通过连续 2 年在江西南昌的大田试验, 研究了转 *Cry1Ab/Ac* 基因抗虫水稻对稻田底栖动物群落的影响。结果显示: 2012 年在 HH1 与 MH63 的稻田中分别采集到底栖动物 22 种与 25 种, 其中两生境中相同物种 19 种, 两群落物种组成相似度为 0.808 5, 有 7 种优势种, 优势种相似度为 0.833 3。2013 年在 HH1 与 MH63 稻田中分别采集到底栖动物 26 种与 28 种, 两类稻田相同底栖动物 22 种, 两群落物种组成相似度为 0.814 8, 有 6 种优势种, 优势种相似度为 1.000 0。2012 年与 2013 年群落总体分析与时间动态分析均显示, 两类稻田中底栖动物的物种丰富度、个体数量、多样性指数、均匀性指数及优势集中性指数变化趋势相似, 且均无显著差异。结果表明: 连续种植 2 年转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻 HH1 对南昌稻田底栖动物群落无明显的负作用。

关键词 转基因水稻 *Cry1Ab/Ac* 基因 底栖动物 稻田 水生生态系统

中图分类号: Q958.12 文献标识码: A 文章编号: 1671-3990(2015)09-1178-07

Effects of transgenic *Cry1Ab/Ac* rice on zoobenthos communities in paddy fields

GUI Fangyan¹, LIU Yufang¹, MO Shuyin¹, SUN Lichuan¹, SUN Yuandong¹, LIU Wenhai¹, GE Feng²

(1. College of Life Science, Hunan University of Science and Technology / Hunan Province Key Laboratory for Integrated Management of Pests and Diseases on Horticultural Crops, Xiangtan 411201, China; 2. Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences / State Key Laboratory of Integrated Management of Pest Insects & Rodents, Beijing 100101, China)

Abstract Transgenic *Bt* rice has been developed successfully and has provided an effective and economical control on lepidopterous pests in rice field. Zoobenthos in paddy fields is an important non-target organism for transgenic *Bt* rice. To understand the safety of transgenic *Bt* rice on zoobenthos community in paddy fields, the effects of transgenic *Cry1Ab/Ac* rice on zoobenthos community were studied in paddy fields using the community method. The experiment was conducted in 2-consecutive-year field of transgenic *Cry1Ab/Ac* rice ‘Huahui No. 1’ (HH1 for short) in Nanchang, Jiangxi Province. The non-transgenic parent rice ‘Minghui 63’ (MH63 for short) was used as control treatment. Benthic animal community in paddy fields was used as bio-indicator. In 2012, some 22 and 25 species of benthic animals were respectively collected in HH1 and MH63 paddy fields. There were 19 species in common and 7 dominant species in zoobenthos communities in HH1 and MH63 paddy fields. The similarity of all the species and the dominant species of zoobenthos communities in HH1 and MH63 habitats were 0.808 5 and 0.833 3, respectively. In 2013, 26 and 28 species of benthic animals were collected in paddy fields planted respectively with HH1 and MH63, comprising of 22 common and 6 dominant species. The similarity of all the species and the dominant species of zoobenthos communities in HH1 and MH63 paddy fields were respectively 0.814 8 and 1.000 0. Analyses of both total and temporal dynamics of community parameters such as the indexes of species richness, individual number, diversity, evenness and dominance in HH1 and MH63 paddy fields in 2012 and 2013 displayed similar rates and trends and with no observed significant difference. Analysis of HH1 field (with 2 consecutive years of

* 转基因生物新品种培育重大专项(2012ZX08011002)资助

** 通讯作者: 刘雨芳, 主要从事农业生态学与环境安全评价研究, E-mail: yfliu2011@126.com; 戈峰, 主要从事动物生态学研究, E-mail: gef@ioz.ac.cn

桂芳艳, 研究方向为水生生物与转基因作物安全性评价。E-mail: fygui2015@163.com

收稿日期: 2015-04-01 接受日期: 2015-06-29

cultivation) in Nanchang suggested that transgenic *Cry1Ab/Ac* rice had no obvious adverse effect on benthic animal community.

Keywords Transgenic rice; *Cry1Ab/Ac* gene; Zoobenthos; Paddy field; Aquatic ecosystem

(Received Apr. 1, 2015; accepted Jun. 29, 2015)

转 *Bt* 基因抗虫水稻的成功研发, 为有效控制鳞翅目害虫对水稻的危害提供了一条最为有效、经济的途径^[1-2]。与此同时, 转 *Bt* 基因抗虫水稻的潜在生态安全引起了广泛关注并成为科学研究的热点之一^[3]。目前有关转 *Bt* 基因抗虫水稻对非靶标生物的评价研究多见于地上节肢动物^[4-6]以及土壤生物^[7-12]等, 如刘志诚等^[4]、季香云等^[5]研究了转 *Bt* 基因水稻对稻田节肢动物群落结构的影响, Bai等^[6]研究了转 *Bt* 基因水稻对休耕期稻田地上部分非靶标节肢动物群落的影响, 及转 *Bt* 基因水稻对稻田土壤微生物群落的影响^[7-12]、转 *Bt* 基因水稻对稻田水生藻类的安全性评价研究等^[13]。这些研究均表明转 *Bt* 基因抗虫水稻对环境中非靶标生物群落无明显影响。水生动物作为水陆食物网中的节点与食物源, 对稻田生境中各类营养物质的循环及生物多样性的维持起着重要作用。转 *Bt* 基因水稻表达的 *Bt* 蛋白可通过根际分泌物、花粉和作物残体等途径进入其周围水生生境, 从而使其中的水生动物接触到 *Bt* 蛋白^[14-15]。因此, 水生动物是转 *Bt* 基因抗虫水稻的另一类重要非靶标生物, 但转 *Bt* 基因抗虫水稻对稻田环境中水生动物的影响研究较少。

底栖动物是稻田中水生动物的重要组成部分, 具有翻动水体底部底质、营养循环以及向高营养级传递能量等生态学功能, 且其对生态和环境的变化敏感, 常用作环境监测的指示生物^[16-17]。本文以底栖动物为指示生物, 以转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻‘华恢1号’为材料, 通过连续2年在江西南昌的大田种植试验, 研究了转基因水稻田中底栖动物群落的变化, 以期了解转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻的大田种植对稻田底栖动物群落的影响, 为补充与完善转 *Bt* 基因抗虫水稻的生态安全性评价提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 供试水稻品种

供试水稻为转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻品种‘华恢1号’(简称为HH1)及对照非转基因亲本水稻品种‘明恢63’(简称为MH63)。两稻种均由华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室提供。

1.2 试验地点、田间种植与管理方法

试验地点位于江西省南昌县广福镇江西省农业科学院水稻研究所试验基地, 位于115°55′49.7″E, 28°21′91.4″N, 属亚热带湿润季风气候区, 年均降水量1 807.8 mm, 年均日照1 872.3 h, 4—10月月均日

照近200 h, 年均气温17.6 °C, 无霜期278 d。基地周围设有围墙。试验田为水稻土, 全氮含量1.36 g·kg⁻¹、全磷含量0.97 mg·kg⁻¹、全钾含量22.34 mg·kg⁻¹、pH 5.77~6.55。分别于2012年、2013年的6—10月单季种植。6个样区, 每样区面积约320 m², HH1与MH63各种植3个样区, 即设3次重复, 两品种种植样区间隔排列。

2012年5月20日播种, 6月19日人工双本移栽, 水稻移栽前不施肥, 移栽后第9 d按每公顷225 kg尿素、262.5 kg氯化钾及1 800 g苯丁混合撒施, 作为水稻追肥及杂草的防除, 其他生长期均不施用任何化学杀虫剂和除草剂; 2013年5月18日播种, 6月20日人工双本移栽, 水稻移栽前不施肥, 移栽后第8 d按每公顷225 kg尿素、225 kg氯化钾及1 800 g苯丁混合撒施, 用以水稻追肥及杂草的防除, 9月2日施用乐斯本和吡蚜酮的混配剂防治褐飞虱, 其他生长期均未施用任何化学杀虫剂和除草剂。水稻整个生育期的其他农事操作均相同且同当地常规操作。

1.3 取样时间与方法

水稻移栽后15 d开始进行底栖动物采样, 约隔1月采样1次, 每年共采样3次。具体采样时间为: 2012年7月5日、8月5日、9月5日, 2013年7月4日、8月10日、9月8日。底栖动物样品采集使用底泥样框法, 每小区随机选取3个样点, 且样点离小区边缘不少于1 m。采集时, 将长×宽×高=25 cm×25 cm×10 cm的采样框置于采样点, 将采样框嵌入水底表层泥5 cm, 并取采样框中的表层水用40目手网过滤, 收集滤渣, 放入样品袋, 然后取采样框内表层泥5 cm, 用40目的网筛冲洗去泥后, 放入样品袋, 每样点表层水过滤得到的样品与表层泥水洗后得到的样品合并成1个样品, 保存于80%的酒精中, 带回实验室。在室内用白色瓷盘选出底栖动物, 用80%的酒精保存, 在体视显微镜下分类、计数和鉴定。

1.4 群落参数及计算公式

本文采用群落中物种丰富度(S)、个体数量(N)、Shannon-Wiener 多样性指数(H')、均匀性指数(J)、Simpson 优势集中性指数(C)、Berger-Parker 优势度指数(D)与优势种对底栖动物群落的结构与时间动态进行分析。并用 Czekanowski 群落相似系数(C_s)分析底栖动物群落物种组成的相似性。以上指数的计算公式^[18]如下:

$$H' = -\sum_{i=1}^S P_i \ln P_i \quad (1)$$

$$J = \frac{H'}{\ln S} \quad (2)$$

$$D = \frac{N_{\max}}{N} \quad (3)$$

$$C = \sum_{i=1}^s \left(\frac{n_i}{N}\right)^2 \quad (4)$$

$$C_s = \frac{2A}{a+b} \quad (5)$$

式中: S 为群落物种丰富度; P_i 为群落中物种 i 的个体数占群落总个体数的比例; n_i 为物种 i 的个体数量; N 为群落总个体数量; N_{\max} 表示优势种的种群数量; A 为两群落 a 与 b 的共有物种数, a 、 b 分别为群落 a 与群落 b 各自有的物种数。当物种优势度 $D \geq 0.1$ 时, 为优势种; $0.01 \leq D < 0.1$ 时, 为常见种; $D \leq 0.01$ 时, 为稀有种^[18]。

1.5 数据计算与统计分析

用 Excel 2003 与 SPSS 13.0 Version 统计软件对试验数据进行计算与统计分析, 通过独立样本 t 检

验(Independent-Sample t Test)对 HH1 和 MH63 稻田底栖动物群落组成与特征进行差异显著性分析。

2 结果与分析

2.1 转基因水稻 HH1 对稻田底栖动物群落物种组成与时间动态的影响

2012 年在转基因水稻 HH1 与对照非转基因水稻 MH63 两类稻田生境中, 共采集到底栖动物 28 种(类), 隶属 17 科, 其中水生昆虫 4 目 13 科 22 种(类)、环节动物 2 科 4 种、软体动物 2 科 2 种。在种植 HH1 与 MH63 的稻田中分别采集到底栖动物 22 种、25 种, 两类稻田中同时采集到的底栖动物为 19 种, 两群落物种组成相似度为 0.808 5。在 3 次采样中, 两稻田生境均出现的高频次底栖动物有 8 种; 7 个优势种中, 在两类稻田生境中均为优势种的有 5 种; 各次采集到的底栖动物群落的物种组成相似度均 ≥ 0.75 , 优势种相似度为 0.833 3(表 1)。

表 1 转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻(HH1)与非转基因亲本水稻(MH63)稻田底栖动物群落物种组成及时间动态(南昌, 2012)
Table 1 Species composition and their temporal dynamics of zoobenthos communities in paddy fields both planting transgenic *Cry1Ab/Ac* rice (HH1) and no-transgenic parent rice (MH63) in Nanchang in 2012

目(门) Order (phylum)	科 Family	种 Species	调查时间(月-日) Investigation date (month-day)					
			07-05		08-05		09-04	
			HH1	MH63	HH1	MH63	HH1	MH63
双翅目 Diptera	摇蚊科 Chironomidae	摇蚊 <i>Tanytus stellatus</i>	+++	+++	++	++	++	++
		摇蚊 <i>Chironomus ochreateus</i>	+++	+++	+++	+++	++	++
		摇蚊 <i>Apedilum</i> sp.	++	++	++	++	+++	+++
		摇蚊 <i>Kiefferulus</i> sp.	++	+		+	+	+
		摇蚊蛹 Pupa of Chironomidae	++	++	++	+++	++	+
	蚊科 Culicidae	按蚊 <i>Anopheles</i> sp.	+	+	+	+	+	+
		库蚊 <i>Culex</i> sp.	+	+			++	++
		伊蚊 <i>Aedes</i> sp.		+			++	++
		蚊蛹 Pupa of Culicidae		+		++	++	++
		长足虻科 Dolichopodidae	锥长足虻 <i>Rhaphium</i> sp.					+
		虻科 Tabanidae	虻 <i>Tabanus</i> sp.		+			
		沼蝇科 Sciomyzidae	长角沼蝇 <i>Sepedon</i> sp.					+
		蠓科 Ceratopogonidae	贝蠓 <i>Bezzis</i> sp.		+			
蜻蜓目 Odonata	犀轔科 Chlorocyphidae	犀轔 <i>Chlorocyphidae</i> sp.					+	++
		黄腹洵轔 <i>Megalestes</i> sp.						+
	腹轔轔科 Euphaeidae	腹轔轔 <i>Euphaeidae</i> sp.				+		
半翅目 Hemiptera	宽尾蝓科 Veliidae	尖钩宽尾蝓 <i>Microvelia horvathi</i>			++	++	++	+
鞘翅目 Coleoptera	水龟虫科 Hydrophilidae	水龟虫 <i>Hydrophilus</i> sp1.	+					
		水龟虫 <i>Hydrophilus</i> sp3.	+	+				
	小粒龙虱科 Noteridae	小粒龙虱 <i>Suphisellus</i> sp.		+				
	龙虱科 Dytiscidae	龙虱 <i>Matus</i> sp.	+	+	+	+	+	+
	长角泥虫科 Elmidae	狭溪泥甲 <i>Stenelmis</i> sp.	++	+++	++	++	+	++
环节动物门 Annelida	颤蚓科 Tubificidae	苏式尾颤蚓 <i>Branchiura sowerbyi</i>	++	++	++	++	+	
		霍甫水丝蚓 <i>Limnodrilus hoffmeisteri</i>	+++	+++	+++	+++	++	++
		癞颤蚓 <i>Spirosperma carolinensis</i>	+				+	
	石蛭科 Herpobdellidae	巴蛭 <i>Barbronia</i> sp.			++	+	++	++
软体动物门 Mollusca	扁卷螺科 Planorbidae	扁旋螺 <i>Gyraulus compressus</i>	+		++	++	+++	+++
		泉膀胱螺 <i>Physa fontinalis</i>			+		++	++
两生境共有物种数 Number of common species in both habitats			12		12		17	
群落相似度指数 Index of community similarity			0.750 0		0.857 1		0.871 8	

“+++”代表优势种, “++”代表常见种, “+”代表稀有种。表 2 同。“+++” means dominant species; “++” means common species and “+” means rare species. The same as the table 2.

2013 年在上述两类稻田生境中, 共采集到底栖动物 32 种(类), 隶属 22 科, 其中水生昆虫 4 目 14 科 23 种(类)、环节动物 4 科 5 种、软体动物 3 科 3 种。在种植 HH1 与 MH63 的稻田中分别采集到底栖动物 26 种、28 种, 两类稻田中同时采集到的底栖动物为 22 种, 两群落物种组成相似度为 0.814 8。在 3 次采样中, 两稻田生境均出现的高频次底栖动物有

10 种; 6 个优势种在两类稻田生境中均采集到; 各次采集到的底栖动物群落的物种组成相似度均 $\geq 0.666 7$, 两类稻田中的优势种完全相同(表 2)。

对 2012 年、2013 年两种稻田生境的底栖动物群落结构进行相似性分析, 结果显示两年 HH1-MH63 两群落的相似性均大于 0.80, 其中任何两个群落的组合比较, 其相似性均高于 0.71(表 3)。

表 2 转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻(HH1)与非转基因亲本水稻(MH63)稻田底栖动物群落组成及时间动态(南昌, 2013)
Table 2 Species composition and their temporal dynamics of zoobenthos communities in paddy fields both planting transgenic *Cry1Ab/Ac* rice (HH1) and no-transgenic parent rice (MH63) in Nanchang in 2013

目(门) Order (phylum)	科 Family	种 Species	调查时间(月-日) Investigation date (month-day)					
			07-04		08-10		09-08	
			HH1	MH63	HH1	MH63	HH1	MH63
双翅目 Diptera	摇蚊科 Chironomidae	摇蚊 <i>Tanytus stellatus</i>	++	++	+		++	++
		摇蚊 <i>Chironomus ochreateus</i>	+++	+++	+++	+++	++	++
		摇蚊 <i>Apedilum</i> sp.	+	+	++	++	+++	+++
		摇蚊 <i>Kiefferulus</i> sp.	+++	+++	++	++	+	+
		摇蚊蛹 Pupa of chironomidae	+++	+++	+		++	+
	蚊科 Culicidae	按蚊 <i>Anopheles</i> sp.			+		+	+
		库蚊 <i>Culex</i> sp.	+				+	+
		伊蚊 <i>Aedes</i> sp.						+
		蚊蛹 Pupa of Culicidae			+		+	+
		蠓科 Ceratopogonidae	贝蠓 <i>Bezzis</i> sp.	+	+	++	++	+
长足虻科 Dolichopodidae	锥长足虻 <i>Rhaphium</i> sp.			+	+	+		
	水蝇科 Ephydriidae	稻水蝇 <i>Ephydra</i> sp.		+				
蜻蜓目 Odonata	犀蝗科 Chlorocyphidae	犀蝗 <i>Chlorocyphidae</i> sp.				+		
	腹鳃蝗科 Euphaeidae	腹鳃蝗 <i>Euphaeidae</i> sp.			+			
半翅目 Hemiptera	宽尾蝽科 Veliidae	尖钩宽尾蝽 <i>Microvelia horvathi</i>	+	+	++	++	+	+
	田鳖科 Belostomatidae	田鳖 <i>Lethocerus</i> sp.				+		
鞘翅目 Coleoptera	水龟虫科 Hydrophilidae	水龟虫 <i>Berosus</i> sp.	+				+	
		水龟虫 <i>Hydrophilus</i> sp3.	+	+	+			
	长角泥虫科 Elmidae	狭溪泥甲 <i>Stenelmis</i> sp.	++	++	++	++	+	+
	龙虱科 Dytiscidae	龙虱 <i>Dytiscidae</i> sp.	+	+		+	+	+
		龙虱 <i>Matus</i> sp.	+					
		象甲科 Curculionidae	象甲 <i>Curculionidae</i> sp.		+			
	圆花蚤科 Scirtidae	圆花蚤 <i>Cyphon</i> sp.			+			
环节动物门 Annelida	颤蚓科 Tubificidae	霍甫水丝蚓 <i>Limnodrilus hoffmeisteri</i>	++	++	++	++	+++	+++
		苏式尾鳃蚓 <i>Branchiura sowerbyi</i>	+	+	+	++	+	++
	单向蚓科 Haplotaxidae	单向蚓 <i>Haplotaxis</i> sp.	+		+		+	+
	石蛭科 Herpobdellidae	巴蛭 <i>Barbronia</i> sp.	+	+	++		+	++
	扁蛭科 Glossiphonidae	扁蛭 <i>Glossiphonidae</i> sp.						+
软体动物门 Mollusca	扁卷螺科 Planorbidae	扁旋螺 <i>Gyraulus compressus</i>	+	+	+	++	++	++
	田螺科 Viviparidae	中国圆田螺 <i>Cipangopaludina chinensis</i>	+		+	+	+	+
		膀胱螺科 Physidae	泉膀胱螺 <i>Physa fontinalis</i>	+	+			
线虫动物门 Caenorhabditis			++	++	+++	+++	+++	+++
两生境共有物种数 Number of common species in both habitats			16		12		19	
群落相似度指数 Index of community similarity			0.820 5		0.666 7		0.904 8	

2.2 转基因水稻 HH1 对稻田底栖动物群落结构特征参数的总体影响

2012 年种植转基因水稻 HH1 稻田中底栖动物的物种丰富度(S)、个体数量(N)、Shannon-Wiener 多样性指数(H')、Simpson 优势集中性指数(C)均略低于对照非转基因亲本 MH63, 其均匀性指数(J)略高于对照非转基因亲本 MH63; 2013 年转基因水稻 HH1 种植稻田中底栖动物的个体数量(N)、Simpson 优势集中性指数(C)均略低于对照非转基因亲本 MH63, 其物种丰富度(S)、Shannon-Wiener 多样性指数(H')、均匀性指数(J)均略高于对照非转基因亲本 MH63。但经差异显著性分析, 两年各指标均无显著性差异 ($P>0.05$)(表 4)。

表 3 转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻(HH1)与非转基因亲本水稻(MH63)稻田底栖动物群落组成的相似性

Table 3 Similarity of species composition of zoobenthos communities between paddy fields planting transgenic *Cry1Ab/Ac* rice (HH1) and no-transgenic parent rice (MH63)

年-水稻品种 Year-rice variety	2012-HH1	2012-MH63	2013-HH1	2013-MH63
2012-HH1	—	0.191 5	0.250 0	0.240 0
2012-MH63	0.808 5	—	0.254 9	0.283 0
2013-HH1	0.750 0	0.745 1	—	0.185 2
2013-MH63	0.760 0	0.717 0	0.814 8	—

对角线左下方数据为相似性指数, 右上方为对应的相异性指数。Data on the left below diagonal are the similarity indexes and those on the right above diagonal are dissimilarity indexes.

表 4 转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻(HH1)与非转基因亲本水稻(MH63)稻田底栖动物群落结构特征参数比较(平均值 \pm SE, $n=3$)

Table 4 Comparison of parameters of zoobenthos communities between paddy fields planting transgenic *Cry1Ab/Ac* rice (HH1) and no-transgenic parent rice (MH63) (mean \pm SE, $n=3$)

群落参数 Parameter of community	2012			2013		
	HH1	MH63	$P_{HH1-MH63}$	HH1	MH63	$P_{HH1-MH63}$
物种丰富度(S) Species richness	16.00 \pm 2.08	17.00 \pm 1.16	0.696	21.00 \pm 0.00	18.00 \pm 1.73	0.158
个体数量(N) Individual number	78.95 \pm 27.15	79.40 \pm 21.54	0.990	256.71 \pm 147.87	293.42 \pm 176.09	0.881
Shannon-Wiener 多样性指数(H') Shannon-Wiener diversity index	1.79 \pm 0.02	1.84 \pm 0.07	0.589	1.68 \pm 0.06	1.57 \pm 0.10	0.409
均匀性指数(J) Evenness index	0.66 \pm 0.03	0.63 \pm 0.03	0.622	0.55 \pm 0.02	0.54 \pm 0.02	0.783
Simpson 优势集中性指数(C) Simpson concentrated index	0.23 \pm 0.02	0.24 \pm 0.01	0.638	0.29 \pm 0.04	0.31 \pm 0.04	0.689

$P_{HH1-MH63}$ 为 HH1 和 MH63 的独立样本 t 检验的 P 值, 表 5 同。 $P_{HH1-MH63}$ is P value of Independent-Sample t Test between HH1 and MH63. The same as the table 5.

2.3.2 群落多样性指数、均匀性指数与优势集中性指数时间动态比较

2012 年 HH1 与 MH63 的稻田底栖动物, 除 Shannon-Wiener 多样性指数(H')的变化趋势略有差异外, 均匀性指数(J)与 Simpson 优势集中性指数(C)的变化趋势一致, 但两群落的同一指数值均无显著差异(图 1 左)。2013 年 HH1 与 MH63 的稻田底栖动物, Shannon-Wiener 多样性指数(H')、均匀性指数(J)与 Simpson 优势集中性指数(C)的变化趋势均相同, 且两群落的同一指数值也均无显著差异

2.3 HH1 与 MH63 稻田底栖动物群落结构特征参数的时间动态比较

2.3.1 物种丰富度与个体数量时间动态比较

2012 年调查结果显示, 在水稻生长前期与中期, 种植转基因水稻 HH1 稻田中底栖动物的物种丰富度、个体数量均略低于对照 MH63; 而在水稻生长中后期, 转基因水稻 HH1 种植稻田中底栖动物的物种丰富度、个体数量均略高于对照 MH63; 但除 9 月 5 日个体数量的调查结果呈现显著差异外 ($P<0.05$), 其余各次调查两品种间的两特征参数均无显著差异 ($P>0.05$)。2013 年调查结果显示, 在整个调查期, 种植转基因水稻 HH1 稻田中底栖动物的物种丰富度均略高于对照 MH63, 个体数量略低于对照 MH63, 经差异显著性分析, 各次调查均无显著差异 ($P>0.05$) (表 5)。

(图 1 右)。

3 讨论与结论

底栖动物作为稻田水生动物的重要组成部分, 同时也是转 *Bt* 基因水稻的重要非靶标生物, 可能通过根际分泌物、飘落的花粉和作物残体^[19]而接触或浸润在被转 *Bt* 基因水稻释放到稻田水体环境中的 *Bt* 毒蛋白, 或通过食物链传递获得 *Bt* 毒蛋白, 因此转 *Bt* 基因水稻对稻田底栖动物的安全性受到广泛关注。本研究连续 2 年在江西省南昌县种植转 *Bt* 基因

表 5 转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻(HH1)与非转基因亲本水稻(MH63)稻田底栖动物物种丰富度、个体数量动态(平均值±SE, n=9)
Table 5 Temporal dynamics of species richness and individual number of zoobenthos communities in paddy fields planting transgenic *Cry1Ab/Ac* rice (HH1) and no-transgenic parent rice (MH63) (mean±SE, n=9)

群落参数 Community parameter	稻系 Rice line	调查日期(年-月-日) Investigation date (year-month-day)					
		2012-07-05	2012-08-05	2012-09-05	2013-07-04	2013-08-10	2013-09-08
物种丰富度(S) Species richness	HH1	7.22±0.68	5.63±0.94	10.33±0.67	11.78±0.70	8.00±0.82	10.38±0.68
	MH63	8.13±0.95	6.89±1.05	10.00±0.75	11.50±0.57	6.38±0.78	10.38±0.71
	<i>P</i> _{HH1-MH63}	0.446	0.389	0.743	0.766	0.173	1.000
个体数量(N) Individual number	HH1	86.78±18.77	28.50±6.40	121.56±12.05	545.33±71.74	56.56±7.27	168.25±32.25
	MH63	115.88±23.57	41.33±10.28	81.00±8.16	641.88±72.92	67.38±18.01	172.25±18.40
	<i>P</i> _{HH1-MH63}	0.345	0.320	0.013	0.361	0.569	0.916

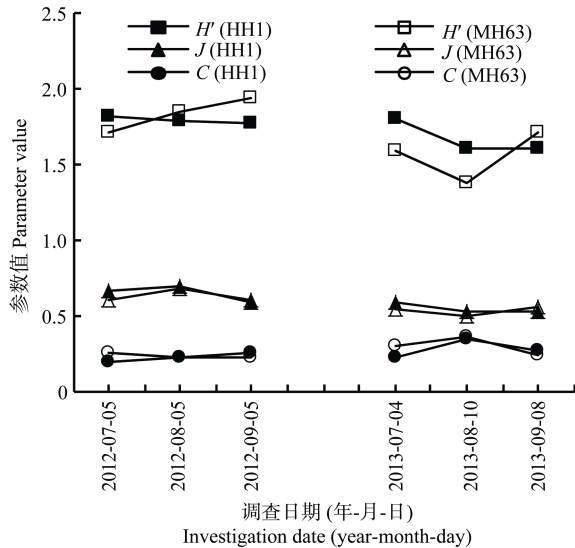


图 1 转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻(HH1)与对照非转基因亲本水稻(MH63)稻田底栖动物群落多样性指数(*H'*)、均匀性指数(*J*)与优势集中性指数(*C*)时间动态比较

Fig. 1 Comparison of dynamics of indexes of diversity (*H'*), evenness (*J*) and dominant concentration (*C*) of zoobenthos communities in paddy fields planting transgenic *Cry1Ab/Ac* rice (HH1) and no-transgenic parent rice (MH63)

水稻 HH1 与其非转基因亲本对照 MH63, 其结果显示: 在群落水平上, HH1 与 MH63 两类稻田生境中底栖动物群落的物种组成、优势种组成相似性高, 物种丰富度、个体数量、多样性指数、均匀性指数及优势集中性指数的年度总体分析均无显著差异, 各参数的时间动态趋势一致, 也无显著差异。说明 HH1 对稻田底栖动物群落没有产生明显的影响。这与转 *Bt* 基因抗虫水稻对田间水生生物群落的物种组成及其数量无显著影响^[20], 转 *Bt* 基因稻‘华池 B6’对稻田摇蚊与鞘翅目甲虫均无显著影响^[21], 以及水体中低含量的转融合基因 *Cry1Ab/Ac* 水稻 HH1 稻秆粉对稻田泥鳅的生长与生理酶活性没有明显影响^[22]等研究结果一致。

虽然有文献认为转 *Bt* 基因水稻表达的 *Bt* 蛋白可通过根际分泌与土壤吸附、花粉与作物粉尘、作

物残体及其分解物进入水体环境^[19], 但在大田种植试验过程中, 在 HH1 各生长期的稻田水体中并未检测到相应的 *Bt* 蛋白, 或 *Bt* 蛋白低于可检测浓度。本研究虽从群落水平上证明了转 *Cry1Ab/Ac* 基因抗虫水稻 HH1 对稻田底栖动物未表现出明显的田间生态安全问题, 对 HH1 对稻田底栖动物的生态安全性评价有一定的科学意义, 但这仅是基于连续 2 年的试验观察数据进行统计分析得到的短期结论, 长期的环境影响则有待进一步深入连续地研究。

参考文献

[1] 陈浩, 林拥军, 张启发. 转基因水稻研究的回顾与展望[J]. 科学通报, 2009, 54(18): 2699–2717
Chen H, Lin Y J, Zhang Q F, et al. Review and prospect of transgenic rice research[J]. Chinese Science Bulletin, 2009, 54(18): 2699–2717

[2] 傅强, 赖凤香, 陈洋, 等. 抗虫转基因水稻对非靶标生物的生态安全性研究进展[J]. 植物生理学报, 2013, 49(7): 655–663
Fu Q, Lai F X, Chen Y, et al. A review of the ecological safety of the insect-resistant transgenic rices to non-target organisms[J]. Plant Physiology Journal, 2013, 49(7): 655–663

[3] 卢宝荣, 夏辉. 转基因植物的环境生物安全: 转基因逃逸及其潜在生态风险的研究和评价[J]. 生命科学, 2011, 23(2): 186–194
Lu B R, Xia H. Environmental biosafety of transgenic plants: Research and assessment of transgene escape and its potential ecological impacts[J]. Chinese Bulletin of Life Sciences, 2011, 23(2): 186–194

[4] 刘志诚, 陈洋, 田俊策, 等. 转 *cry1Ab* 基因粳稻对稻田节肢动物群落的影响[J]. 生物安全学报, 2011, 20(1): 69–76
Liu Z C, Chen Y, Tian J C, et al. Impact of transgenic *cry1Ab* japonica rice on the arthropod community of rice paddies in China[J]. Journal of Biosafety, 2011, 20(1): 69–76

[5] 季香云, 徐雪亮, 蒋杰贤, 等. 转 *Bt* 基因水稻‘赣绿 1 号’对田间节肢动物群落的影响[J]. 应用昆虫学报, 2014, 51(3): 827–833
Ji X Y, Xu X L, Jiang J X, et al. Impact of transgenic *Bt* rice ‘Ganlv 1’ on an arthropod community[J]. Chinese Journal of

- Applied Entomology, 2014, 51(3): 827–833
- [6] Bai Y Y, Yan R H, Ye G Y, et al. Field response of aboveground non-target arthropod community to transgenic *Bt-Cry1Ab* rice plant residues in postharvest seasons[J]. Transgenic Research, 2012, 21(5): 1023–1032
- [7] Oliveira A P, Pampulha M E, Bennett J P. A two-year field study with transgenic *Bacillus thuringiensis* maize: Effects on soil microorganisms[J]. Science of the Total Environment, 2008, 405(1/3): 351–357
- [8] Lu H H, Wu W X, Chen Y X, et al. Decomposition of *Bt* transgenic rice residues and response of soil microbial community in rapeseed-rice cropping system[J]. Plant and Soil, 2010, 336(1/2): 279–290
- [9] 李修强, 陈法军, 刘满强, 等. 转基因水稻 *Bt* 汕优 63 种植两年对土壤线虫群落的影响[J]. 应用生态学报, 2012, 23(11): 3065–3071
Li X Q, Chen F J, Liu M Q, et al. Effects of two years planting transgenic *Bt* rice (*BtSY63*) on soil nematode community[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2012, 23(11): 3065–3071
- [10] Fang H, Dong B, Yan H, et al. Effect of vegetation of transgenic *Bt* rice lines and their straw amendment on soil enzymes, respiration, functional diversity and community structure of soil microorganisms under field conditions[J]. Journal of Environmental Sciences, 2012, 24(7): 1259–1270
- [11] Yuan Y Y, Xiao N W, Krogh P H, et al. Laboratory assessment of the impacts of transgenic *Bt* rice on the ecological fitness of the soil non-target arthropod, *Folsomia candida* (Collembola: Isotomidae)[J]. Transgenic Research, 2013, 22(4): 791–803
- [12] 戚琳, 刘满强, 蒋林惠, 等. 基于根际与凋落物际评价转 *Bt* 水稻对土壤线虫群落的影响[J]. 生态学报, 2015, 35(5): 1434–1444
Qi L, Liu M Q, Jiang L H, et al. Influences of rhizosphere and detritosphere of *Bt* rice on soil nematode communities[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(5): 1434–1444
- [13] 蓝瑾瑾. 转 *Bt* 基因抗虫水稻对稻田藻类生物多样性的影响[D]. 杭州: 浙江大学, 2012
Lan J J. Effects of transgenic *Bt* rice on algae biodiversity in paddy field[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2012
- [14] Viktorov A G. Transfer of *Bt* corn byproducts from terrestrial to stream ecosystems[J]. Russian Journal of Plant Physiology, 2011, 58(4): 543–548
- [15] Carstens K, Anderson J, Bachman P, et al. Genetically modified crops and aquatic ecosystems: Considerations for environmental risk assessment and non-target organism testing[J]. Transgenic Research, 2012, 21(4): 813–842
- [16] Karatayev A Y, Burlakova L E, Zanden M J V, et al. Change in a lake benthic community over a century: Evidence for alternative community states[J]. Hydrobiologia, 2013, 700(1): 287–300
- [17] 李岩, 王武, 马旭洲, 等. 稻蟹共作对稻田水体底栖动物多样性的影响[J]. 中国生态农业学报, 2013, 21(7): 838–843
Li Y, Wang W, Ma X Z, et al. Effect of rice-crab culture system on zoobenthos diversity in paddy field[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2013, 21(7): 838–843
- [18] 刘雨芳. 稻田生态系统节肢动物群落结构研究[D]. 广州: 中山大学, 2000: 1–188
Liu Y F. Study on the community structure of arthropods in rice ecosystem[D]. Guangzhou: Zhongshan University, 2000: 1–188
- [19] 陈秀萍, 王加美, 朱昊俊, 等. 转 *Bt* 基因作物对水生生态系统的影响研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2013, 19(4): 569–574
Chen X P, Wang J M, Zhu H J, et al. Progress in effects of transgenic *Bt* crops on the aquatic ecosystem[J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2013, 19(4): 569–574
- [20] 陈晓娟, 何树林, 程开禄, 等. 转 *Bt* 基因抗虫水稻对稻田生物群落的影响[J]. 四川农业大学学报, 2003, 21(2): 185–186
Chen X J, He S L, Cheng K L, et al. Effect of *Bt*-transgenic rice on organism community in paddy-field[J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2003, 21(2): 185–186
- [21] 白耀宇, 蒋明星, 程家安. *Bt* 稻 *Cry1Ab* 杀虫蛋白在水体中的残留和 *Bt* 稻田三类水生昆虫数量调查[J]. 四川农业大学学报, 2006, 24(1): 25–28
Bai Y Y, Jiang M X, Cheng J A. Residues of *Cry1Ab* insecticidal protein in water released from *Bt* rice tissue litter and surveying of three aquatic insect groups in *Bt* rice fields[J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2006, 24(1): 25–28
- [22] 孙远东, 刘雨芳, 李菲, 等. 泥鳅生长及抗氧化-解毒酶系统对水体中转 *Cry1Ab/Ac* 基因水稻残遗物的响应[J]. 中国生态农业学报, 2015, 23(1): 95–101
Sun Y D, Liu Y F, Li F, et al. Responses of growth and activities of antioxidant and detoxification enzymes of *Misgurnus anguillicaudatus* to transgenic *Cry1Ab/Ac* rice residues in water[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2015, 23(1): 95–101