



刘悦,李青超,兰英,等.农业基因工程微生物及其安全性风险评价[J].黑龙江农业科学,2023(7):122-126,136.

农业基因工程微生物及其安全性风险评价

刘悦,李青超,兰英,赵秀梅,刘洋,王立达,闫锋,韩业辉

(黑龙江省农业科学院 齐齐哈尔分院,黑龙江 齐齐哈尔 161006)

摘要:随着分子生物学等技术手段的发展,具有特定功能的基因工程微生物被不断深入研究,基因工程微生物的安全性问题逐渐成为全球研究的焦点,风险评价在基因工程微生物的安全性分析及研究过程中至关重要。本文对农业基因工程微生物的分类,包括基因工程微生物农药(杀虫微生物、防病微生物)、基因工程微生物肥料及其发展现状进行概述;同时从基因工程微生物自身特点、基因转移、扩散及对生态环境影响等方面存在的安全性风险进行综述;另外也从受体微生物、基因操作过程及对基因改造后遗传工程菌的安全性风险评价方面开展了讨论,以期为基因工程微生物的安全管理提供可靠依据。

关键词:基因工程微生物;安全性风险;风险评价

微生物在生态系统中扮演着至关重要的角色,有些是可用来生产酸奶、面包等食品的有益微生物,有些是影响人类身体健康的有害微生物^[1]。农业生产安全与人类健康密切相关,随着生物技术的快速发展,基因工程微生物被广泛应用于农业生产^[2]。单长辉^[3]将 *Bt* 杀虫蛋白基因进行红色荧光蛋白标记后转入荧光假单胞菌中构建重组菌株 BioP8R,菌株 BioP8R 能有效定殖大豆根部,促进大豆生长,同时对大豆胞囊线虫有明显抑制作用。另有研究用电击转化法将苏云金杆菌杀虫蛋白基因 *cryIA(c)* 片段转入荧光假单胞菌中,重组菌株对小麦全蚀病抑菌作用良好,同时能有效抑制玉米螟的发生^[4]。

基因工程微生物的出现推动了农业生产的发展,大部分基因工程微生物在人们掌控范围内繁殖并与植物产生良好互作,但也存在基因转移、突变等因素从而对生态环境造成不良影响^[5]。基因工程微生物具有易繁殖、抗药性能力,易受到周围环境因素的影响,微生物的数量也呈动态变化形式,同时基因工程微生物与寄主及环境的互作等因素决定了它在风险评价中的特殊性^[6],因此对基因工程微生物安全性风险进行评价是必不可少的。基因工程微生物风险评价是对转基因微生物在研

究过程、投入生产使用、转运等环节进行评价^[7],从技术上分析可能会发生的对人类身体健康以及生态环境的潜在危险,应用风险评价手段对已知或潜在的有害因素进行分析,从而能更好地预测风险^[8]。本文对农业基因工程微生物的发展现状及存在的安全性风险进行综述,同时也对基因工程微生物风险评价方面开展了讨论,为后期安全管理提供可靠依据。

1 农业基因工程微生物的发展现状

基因工程微生物主要包括植物用基因工程微生物、动物用基因工程微生物等。动物用基因工程微生物主要有两种,一是用于疾病预防和控制的基因工程疫苗;二是用于动物食用的饲料用基因工程微生物^[9]。农业生产中植物用基因工程微生物已显示出良好的应用前景,按用途主要分为基因工程微生物肥料及基因工程微生物农药两类^[10]。

1.1 基因工程微生物肥料

基因工程微生物肥料是指使用基因工程技术手段对微生物进行遗传改良,从而使改良后的微生物具有改善植物对养分的吸收、促进植物生长的作用^[11]。其中有关固氮基因工程微生物的研究已不断深入,是绿色农业生产的新途径。闫春玲^[12]将固氮斯氏假单胞菌进行基因改造,发现重组菌株 A115 对水稻有明显的促进作用。另有研究发现,联合共生固氮工程菌 UB37 的施用可以增加玉米穗重,提高玉米产量^[13]。严建民等^[14]研究表明联合固氮工程菌能减轻水稻植株的盐害。同时李永兴等^[15]发现联合固氮工程菌 E7 对玉米的增产效果随土质不同会有很大差异。另有研究将

收稿日期:2023-03-12

基金项目:齐齐哈尔市科技局农业攻关项目(CNYGG2023027);黑龙江省省属科研院所科研业务费项目(CZKYF2023-1-B012, CZKYF2021-2-C016);齐齐哈尔市科学技术计划重点项目(ZDGG-202207);中国科学院战略性先导科技专项子课题(XDA28130504)。

第一作者:刘悦(1995—),女,硕士,研究实习员,从事植物保护研究。E-mail:2563522180@qq.com。

固氮工程菌 E7 广泛施用于蔬菜上,其定殖固氮效果良好^[16]。

另外经基因工程改造后的植物生长促生菌(PGPR)也能被更好地应用于田间。常慧萍^[17]将发光酶基因 *luxAB* 导入小麦促生根际细菌 N2106 中,从而进一步研究菌株 N2106 在小麦根部的吸附机理。任晶^[18]从黄瓜根际分离出的 PGPR 菌株 *Bacillus amyloliquefaciens* SQR9,研究发现吡啶乙酸合成关键基因 *ysnE* 能增强菌株 SQR9 的定殖和促生能力。另有研究通过基因工程技术构建高产吩嗪类化合物的绿针假单胞菌优势小基因组菌株,从而能更好地发挥其生防效果^[19]。同时也有经基因工程改造的用于增加植物营养的解磷、解钾、参与铁载体运输等作用的细菌,杨晓玫等^[20]挖掘了植物根际促生菌 *Bacillus mycoides* Gnyt1 与铁载体分泌相关基因,为定位优良植物促生菌株的功能基因奠定良好基础。

1.2 基因工程微生物农药

微生物农药是指应用生物活体及其代谢产物制成的具有生防作用的制剂,如微生物杀虫剂、微生物杀菌剂、微生物除草剂等。基因工程技术在微生物农药资源挖掘方面应用广泛,Mora 等^[21]应用 PCR 技术手段在 184 个芽孢杆菌分离株中检测到了抗菌肽(AMP)生物合成基因,这些 AMP 基因标记的使用有助于在后续研究中快速筛选植物病害的生物防控因子。另有研究通过基因工程技术从 *Bacillus thuringiensis* 中挖掘到了 Vip1/Vip2 二元毒素,此毒素对蛱蝶幼虫具有高毒性^[22]。同时利用基因工程技术手段对微生物进行基因改造,也能使其更好地在田间发挥杀虫、防病作用,为农业微生物在田间的应用注入新的力量。有研究通过基因工程技术改造哈茨木霉 T39 菌株,使其能有效防治黄瓜枯萎病、水稻立枯病、灰霉病等病害^[23]。熊国如等^[24]对枯草芽孢杆菌 HAS 中 *TasA* 基因进行克隆和分析,从而进一步研究其对甘蔗黑穗病菌的抑制机理。另有研究运用染色体步移等技术研究枯草芽孢杆菌 NCD-2 菌株发现,该菌株 *PhoR* 基因与其降解卵磷脂能力相关,能更有效防治棉花黄萎病^[25]。杀虫、防病转基因微生物的施用是农业绿色防治的重要发展方向。

1.3 基因工程杀虫微生物

1.3.1 苏云金芽孢杆菌 苏云金芽孢杆菌(*Bt*)是杀虫细菌中的研究热点,其杀虫成分主要是伴

孢晶体(*cry* 基因)^[26]。具有杀虫活性的 *Bt* 基因被广泛用于防治农作物多种害虫。张聪冲等^[27]应用 *Bt* 工程菌 WG-001 对小菜蛾进行防治,可有效延缓害虫的抗药性。另有研究通过施用基因工程菌 WG-001 有效防治新疆二代棉铃虫^[28]。宋福平等^[29]在 Btc001 菌株 *cry* 基因型基础上构建 *cry1Cb2* 基因,其表达产物对鳞翅目害虫小菜蛾有较高活性。另有研究将 *Bt cry3A* 基因转入桑粒肩天牛幼虫肠道优势常驻内生菌中,从而表达杀虫基因^[30]。

1.3.2 昆虫杆状病毒 此外,昆虫杆状病毒也是重要的微生物杀虫剂,利用基因工程手段对其进行重组改造从而提高杀虫效果。O'Reilly 等^[31]构建缺失 *egt* 基因的重组昆虫杆状病毒核型多角体病毒(AcMNPV),研究发现重组病毒对舞毒蛾的致死性增强。另有研究通过 Bac-to-Bac 方法使杆状病毒最大重组率达到 100%,在农业生产中被广泛应用^[32]。

1.3.3 昆虫病原真菌 对昆虫病原真菌进行基因改造已被广泛应用于田间虫害防治。Leger 等^[33]将 *Pr1* 基因插入金龟子绿僵菌基因组中,获得的工程菌攻击的幼虫表现出死亡时间减少 25%,进食消耗减少 40%。裴炎等^[34]利用基因工程技术提高昆虫致病真菌的毒力,使其更适应于田间害虫防治。另有研究通过基因工程改良真菌获得球孢白僵菌高毒力重组菌株,使其在农业生产中更有效地防治害虫^[35]。

1.4 基因工程防病微生物

1.4.1 细菌性杀菌剂 许多微生物能在农作物上很好的定殖并发挥促生防病的功效。瓦雷兹芽孢杆菌 FZB42 是植物促生根细菌的一种,通过基因工程手段对其进行遗传改良,如今已成为商业化产品广泛应用于农业生产^[36-37]。另有研究将棉田棉株根际分离的细菌进行遗传改良,使其对枯萎病菌有较好的防治效果^[38]。陈中义等^[39]通过生物技术手段提高抗菌基因的表达水平从而增强芽孢杆菌的抑菌机制。另外利用土壤农杆菌的载体系统转化外源基因已在植物基因工程中被广泛使用。

1.4.2 真菌性杀菌剂 木霉菌是抑制植物病害被应用最广泛的真菌杀菌剂。陈捷^[40]使用限制性内切酶介导的基因整合技术改良木霉菌,使其防治玉米茎腐病、番茄枯萎病等能力明显增强。赵诤等^[41]通过基因工程技术研究发现,木霉的

HSTF 基因在木霉响应病原菌的胁迫中至关重要。另有研究克隆了脐孢木霉菌 0248 的 *tri* 基因簇,为木霉菌种改良及提高生物防治效果奠定良好基础^[42]。

2 农业基因工程微生物的安全性风险

2.1 基因工程微生物的自身特点

基因工程微生物是指利用基因工程技术将外源基因导入微生物细胞内,改变其原有特性并能稳定表达的微生物^[43]。微生物本身具有个体小、繁殖迅速、变异能力强等特点,基因工程微生物存在成为有害微生物的安全隐患^[44]。如转 *Bt* 基因工程菌及转基因根瘤菌等基因工程微生物已在农业生产上投入应用,但基因工程微生物的释放也会对生物多样性产生影响。曹伟平等^[45]研究发现,转 *Bt* 基因荧光假单胞菌 BioP8 在田间的释放,使田间节肢动物群落丰富度发生变化。Scholz 等^[46]在土壤中接种基因工程微生物后检测发现,土壤中的微生物群落的组成和丰富度都发生明显变化。

2.2 基因转移

另外基因工程微生物由于自身较强的适应性,可能会与环境其他生物发生基因转移,有进化成有害生物的风险。研究发现,大肠杆菌的一部分遗传物质都源于基因转移。韦兵等^[47]向污染土壤中施用含荧光蛋白的假单胞杆菌时,在试验场外也检测到了荧光蛋白基因。同时有研究编码质粒介导的镉、钴和锌抗性的 *czc* 基因从大肠杆菌向 *Alcaligenes eutrophs* 的联合转移时发现,*czc* 基因不仅可以在实验条件下发生转移,在土壤中也发生接合^[48]。

2.3 扩散及对生态环境的影响

同时,基因工程微生物的释放可能会对环境的能量循环、生态平衡等产生影响。李玲等^[49]研

究发现杂草提取物质促进大豆根瘤菌生长,根瘤菌对杂草也有趋化性。周相娟等^[50]研究发现单纯接种根瘤菌不能满足大豆对氮素的需求,大豆的光合作用也会受到影响。此外,转基因固氮菌在提高植物固氮能力的同时,土壤中过量的氮也会使新的杂草种群建立。基因工程微生物也有扩大宿主范围的风险,如基因工程微生物不仅会侵染目标害虫,也有侵染其它昆虫的风险。因此对基因工程微生物进行安全性风险评估至关重要。

3 农业基因工程微生物的安全性风险评价

如今,基因工程微生物的风险评价自身的困难存在于在各个风险评价阶段,在基因工程微生物的安全性风险评价中不能单一去考虑。如基因工程微生物释放产生的影响总是自然或不时发生的,所以在暴露量方面很难控制,并且基因工程微生物的释放影响是双面的。有研究发现,基因工程微生物所携带的质粒会通过土壤等介质转移到其它微生物中,使原有微生物群落组成成分发生变化。因此对基因工程微生物的安全性风险进行有效的评价和管理,使其在农业领域更好地应用与发展。基因工程微生物的安全性风险评价主要包括以下 3 个方面。

3.1 受体微生物的安全性风险评价

对受体微生物的安全性风险评价,包括评价受体微生物自身的生物学特性,如受体微生物的分类学地位、适应生存的环境条件、遗传变异能力及对它动植物影响等方面。也包括对受体微生物的检测技术,其检测方法也是各有利弊(表 1),在使用不同方法检测受体微生物时,应结合受体微生物自身特性采用最适合的检测方法,从而降低检测技术缺点所引起的安全性风险。

表 1 转基因微生物检测方法及优缺点

检测方法	优点	缺点
平板菌落计数法	直观、价廉	依赖性强,菌体需要在培养基上生长观察
免疫荧光抗体法	依赖性低	灵敏度不高
核酸序列分析法	特异性高	操作困难、干扰因素较多
DNA 杂交技术	检测范围广、局限性低	操作复杂、昂贵

3.2 基因操作过程的安全性风险评价

对基因操作过程的安全性风险评价,包括评价目的基因的来源及生物学用途方面;所用载体

的抗性标记及特点、特性结构及安全性等;重组 DNA 的结构及遗传转化所用的技术方法等;目的基因在宿主细胞的相关安全性。如构建放射性土

壤杆菌 K1026 工程菌时,目的基因来源于放射性土壤杆菌 K84 质粒上的编码基因 *tra*,所用到的基因操作手段是同源交换酶切法构建突变体,试验结果表明工程菌株 K1026 与原始菌株 K84 在适应性、生长情况、防病效果等方面无显著差异,构建的工程菌对环境 and 人体健康都相对安全^[51]。

3.3 对基因改造后遗传工程菌的安全性风险评价

对基因改造后遗传工程菌的安全性风险评价,包括基因工程微生物在环境的适应性、变异性等;遗传物质转移到其它非目标群体的能力;基因工程微生物的分子和生物学特征;监测对宿主及非目标生物的影响等。如有研究基因工程微生物(GEMs)对土壤氨化、硝化和反硝化的影响时发现,在接种 GEMs 或其同源无质粒宿主的土壤和未接种的土壤之间,未观察到微生物种群动力有显著变化,对土壤中硝化作用也无明显影响^[52]。

4 结语

如今生物技术已经变得越来越重要,许多研究机构都开始利用生物技术对微生物开展研究,如何利用微生物技术去评估风险和管理风险变得炙手可热,基因工程微生物广泛存在于农业生产领域,它的作用是双面的。在管理基因工程微生物方面,风险评价是整个分析系统的中心内容^[53]。如果要对基因工程微生物的评价更加全面,就应该重视风险评价这一重要步骤,以求将风险降为最低限度。

不过大多数投入农业生产的基因工程微生物都是安全的,对生态环境和人体健康没有显著的不良影响。这些基因工程微生物通常都已经过深入的研究和反复的验证。所用的外源基因的遗传背景和分子生物学特性已深入掌握。同时基因操作步骤及转基因微生物的检测方法也会进一步加强基因工程微生物的安全性。此外,基因工程微生物从研发阶段到投入生产等各个环节都会经过严格的审核和评价,投入农业应用后也会进行长期监测,因此基因工程微生物在农业应用的安全性相对可控^[54]。在今后研究中要进一步加强基因工程微生物的基础研究,创造出更适合投入农业生产的产品,从而推动绿色农业的快速发展。

参考文献:

[1] 董庆利,王海梅,MALAKAR P K,等.我国食品微生物定量风险评估的研究进展[J].食品科学,2015,36(11):221-229.

[2] 张东来,董庆利.食源性致病微生物风险管理与控制[J].食品科学,2016,37(17):281-288.

[3] 单长辉.转基因微生物对土壤线虫的影响[D].保定:河北农业大学,2006.

[4] 张雅昆,赵丹,郭巍,等.对甜菜夜蛾高杀虫毒力苏云金杆菌菌株的筛选及 *cry2A_{h5}* 的克隆表达[J].中国生物防治学报,2016,32(3):414-420.

[5] 王晓红.微生物制药菌渣处理处置技术风险评价研究[D].哈尔滨:哈尔滨工业大学,2012.

[6] 赵彤.食源性致病菌检测现状与食品微生物危险性评估[J].中国卫生标准管理,2019,10(4):7-9.

[7] 国际食品微生物标准委员会.微生物检验与食品安全控制[M].北京:中国轻工业出版社,2012.

[8] 高鹤,赵勇,刘承初.致病微生物应对环境胁迫形成的VBNC状态及其对风险评估的潜在影响[J].微生物学通报,2014,41(1):169-177.

[9] 刘芳.浅谈病原微生物实验室生物安全管理工作中的风险评估的作用[J].中国卫生产业,2017,14(30):22-23.

[10] 白莉,王晔茹,王彝白纳,等.我国食品微生物风险评估的进展和挑战[J].中国食品卫生杂志,2020,32(6):598-603.

[11] DEVERS M, HENRY S, HARTMANN A, et al. Horizontal gene transfer of atrazine-degrading genes (*atz*) from *Agrobacterium tumefaciens* St96-4 pADP1::Tn5 to bacteria of maize-cultivated soil[J]. Pest Management Science, 2010,61:870-880.

[12] 同春玲.斯氏假单胞菌高效固氮工程菌株的构建及其与高光合水稻互作研究[D].北京:中国农业科学院,2003.

[13] 荆晓妹,丁燕,韩晓梅,等.联合固氮菌的合成生物学研究进展[J].微生物学报,2021,61(10):3026-3034.

[14] 严建民,林敏,翟虎渠,等.联合固氮工程菌诱导水稻耐盐性效应研究[J].核农学报,2000,14(4):246-250.

[15] 李永兴,李久蒂,卢林刚,等.玉米联合固氮工程菌 *Enterobacter gergoviae* E7 在田间的接种效应[J].中国农业科学,2000,33(5):72-77.

[16] 李菊艳,周彦武,聂术忱.联合固氮工程菌 E7 在蔬菜上的应用效果[J].现代化农业 2002(8):21.

[17] 常慧萍.PGPR 菌株 N2106 在小麦根部的吸附机理和定殖动态[D].合肥:安徽农业大学,2009.

[18] 任晶.吡啶乙酸合成关键基因 *ysnE* 增强促生菌 SQR9 根际定殖的生物学机制研究[D].南京:南京农业大学,2020.

[19] 沈雪梅.根际促生假单胞菌的比较基因组学研究及绿针假单胞菌优势小基因组菌株的构建[D].上海:上海交通大学,2017.

[20] 杨晓玫,李建宏,姚拓,等.植物根际促生菌 *Bacillus mycoides* Gnytl 铁载体分泌相关功能基因的挖掘[J].微生物学报,2019,59(5):871-880.

[21] MORA I, CABREFIGA J, MONTESINOS E. Antimicrobial peptide genes in *Bacillus* strains from plant environments[J]. International Microbiology, 2011,14(4):213-223.

[22] BI Y, ZHANG Y R, SHU C L, et al. Genomic sequencing identifies novel *Bacillus thuringiensis* Vip1/Vip2 binary

- and Cry8 toxins that have high toxicity to Scarabaeoidea larvae[J]. Appl Microbiology Biotechnology, 2015, 99(2):753-760.
- [23] MOYANO C, RAPOSO R, GÓMEZ V, et al. Integrated *Botrytis cinerea* management in southeastern Spanish greenhouses[J]. Journal of Phytopathology, 2003, 151(2): 80-85.
- [24] 熊国如, 赵更峰, 蔡文伟, 等. 枯草芽孢杆菌 HAS 中 TasA 基因的克隆与分析[J]. 贵州农业科学, 2016, 44(12):53-57.
- [25] 李晶, 郭庆港, 李社增, 等. PhoR/PhoP 双因子调控系统在枯草芽孢杆菌 NCD-2 菌株解磷能力中的功能分析[J]. 中国农业科技导报, 2009, 11(1):55-61.
- [26] 裴晓燕, 郭云昌, 李宁, 等. 2012 年中国食品微生物风险监测概况[J]. 中国公共卫生管理, 2015(1):25-428.
- [27] 张聪冲, 邱浩, 覃春华, 等. Bt 工程菌 WG-001 与化学杀虫剂复配最佳配方筛选及田间防效研究[J]. 应用昆虫学报, 2011, 48(2):313-318.
- [28] 朱天生, 熊仁次, 万传星, 等. 高效基因工程菌 WG-001 防治新疆二代棉铃虫药效试验[J]. 农药, 2008, 47(4):292-293, 296.
- [29] 宋福平, 张杰, 韩岚岚, 等. 对鳞翅目害虫有活性的 *cryIC* 基因的克隆和表达[J]. 植物保护学报, 2003(2):161-165.
- [30] 王中康, 何伟, 彭国雄, 等. 特异性杀虫基因 *Bt cry3A* 在桑粒肩天牛幼虫两种肠道常驻内生菌中的转化和表达[J]. 微生物学报, 2008, 48(9):1168-1174.
- [31] O'REILLY D R. Improvement of a *Baculovirus* pesticide by deletion of the *EGT* gene[J]. Nature Biotechnology, 1991, 9:1086-1089.
- [32] 高炳森, 李宝珠, 于津鹏, 等. 外源基因在昆虫杆状病毒表达系统中的表达[J]. 中国生物工程杂志, 2011, 31(11):123-134.
- [33] LEGER R, JOSHI L, ROBERTS B. Construction of an improved mycoinsecticide overexpressing a toxic protease[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1996, 93(13):6349-6354.
- [34] 裴炎, 方卫国, 张永军. 昆虫病原真菌致病寄主的机制和基因工程改良[J]. 农业生物技术学报, 2003, 11(3):221-226.
- [35] 方卫国. 昆虫病原真菌降解寄主体壁酶基因的克隆及球孢白僵菌高毒力重组菌株的获得[D]. 重庆:西南农业大学, 2003.
- [36] PAUL C S, ANTON H, GAO X W, et al. Biocontrol mechanism by root-associated *Bacillus amyloliquefaciens* FZB42-a review [J]. Frontiers in Microbiology, 2015, 6:780.
- [37] SHEN Q, ZHOU H, DAI G, et al. Characterization of a cryptic NRPS gene cluster in *Bacillus velezensis* FZB42 reveals a discrete oxidase involved in multithiazole biosynthesis[J]. ACS Catalysis, 2022, 12(6):3371-3381.
- [38] 朱江辉. 中国食品微生物风险评估进展与展望[J]. 中国食品卫生杂志, 2016, 28(2):139-143.
- [39] 陈中义, 张杰, 黄大昉. 植物病害生防芽孢杆菌抗菌机制与遗传改良研究[J]. 植物病理学报, 2003, 33(2):97-103.
- [40] 陈捷. 生物防治木霉菌多功能改良技术研究[C]//彭友良, 王振中. 中国植物病理学会 2008 年学术年会论文集. 北京:中国农业科学技术出版社, 2008:566.
- [41] 赵诣, 田桢, 康福思, 等. 木霉菌基因组热激转录因子家族基因特性[J]. 吉林农业大学学报, 2020(6):612-622.
- [42] 詹晓旻, 申屠旭萍, 刘卫平, 等. 脐胞木霉菌 *Trichoderma brevicompactum* 0248 tri5 基因片段的克隆及表达分析[J]. 中国生物防治学报, 2013, 29(4):555-560.
- [43] CHEMAL Y M, SALVAT G. Foodborne disease associated with eggs: microbial hazards and *Salmonella Enteritidis* risk assessment[M]//IMMERSEEL T V, NYS Y, BAIN M. Improving the safety and quality of eggs and egg products, Sawston: Woodhead Publishing Limited, 2011:34-45.
- [44] 李琴, 伍一军. 基因工程微生物的环境监测及生物防御体系研究进展[J]. 生物工程学报, 2008, 111(3):355-362.
- [45] 曹伟平, 王金耀, 冯书亮, 等. 转 *Bt* 基因工程菌 BioP8 在环境中的消长动态及生物学效应[J]. 应用与环境生物学报, 2006, 12(4):476-479.
- [46] SCHOLZ R, MOLOHONK J, NACHTIGALL J, et al. Plantazolicin, a novel microcin B17/streptolysin S-like natural product from *Bacillus amyloliquefaciens* FZB42 [J]. Journal of Bacteriology, 2011, 193(1):215-224.
- [47] 韦兵, 唐欣欣. 假单胞菌 JK45 菌株 lux 基因标记及在土壤中的存活[J]. 农业环境科学学报, 2006, 25(6):1524-1528.
- [48] TOP E, MERGEAY M, SPRINGAEL D, et al. Gene escape model: transfer of heavy metal resistance genes from *Escherichia coli* to *Alcaligenes eutrophus* on agar plates and in soil samples [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1990, 56(8):2471-2479.
- [49] 李玲, 沈宝宇, 张天静, 等. 根瘤菌对生态农业的重要意义及其影响因素[J]. 园艺与种苗, 2019, 39(3):72-75.
- [50] 周相娟. 根瘤菌、铵态氮、光照强度对大豆固氮和光合作用影响的研究[D]. 北京:中国科学院研究生院(植物研究所), 2006.
- [51] 魏艳丽, 杨合同, 李纪顺, 等. 土壤杆菌 K1026 对果树根癌病的生物防治(英文)[J]. 中国生物防治学报, 2017, 33(3):415-420.
- [52] FANG W S, YANG D D, HUANG B, et al. Biochemical pathways used by microorganisms to produce nitrous oxide emissions from soils fumigated with dimethyl disulfide or allyl isothiocyanate [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2019, 132:1-13.
- [53] 袁瑞. 微生物农药在植物病虫害防治中的应用策略探讨[J]. 农业与技术, 2017, 37(10):17.
- [54] 邱小忠, 杨罡, 陈俊, 等. 微生物基因工程与农业产业化发展探究[J]. 南方农业, 2020, 14(32):157-158, 161.

- [13] 谢延波,李丽,朱玲. 杂交玉米优质高产制种技术[J]. 种子科技,2008(5):57-58.
- [14] 胡德成. 杂交玉米制种捏苞带叶去雄技术[J]. 中国种业,2004(8):54.
- [15] 高洪敏,周旭梅,徐娥,等. 基于玉米新品种丹玉 311 选育的种质创新思考[J]. 玉米科学,2022,30(1):33-38.
- [16] 王树刚,王伟,胡亮,等. 玉米新品种京农玉 658 的选育及高产栽培技术[J]. 农业科技通讯,2022(3):241-243.
- [17] 兰海,向勇,李芦江,等. 玉米新品种川单 99 的选育与推广[J]. 玉米科学,2023,31(2):25-29.
- [18] 岳金果. 玉米病虫害的发生与防治[J]. 现代农村科技,2022(12):30.
- [19] 范书华. 玉米新品种牡玉 307 的选育及栽培技术[J]. 黑龙江农业科学,2022(5):120-124.
- [20] 陈永欣,范瑞,翟广谦,等. 国审玉米品种晋糯 20 号及高效栽培技术[J]. 中国种业,2023(1):115-118.

Breeding and Cultivation Technology of New Maize Variety Heikeyu 17 in Cold Region

WU Yao, LI Jinliang, GONG Shuangyin, ZHANG Qifeng, CHEN Haijun, CHEN Fengzhi, WANG Bing, WU Xiaobin

(Heihe Branch, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Heihe 164399, China)

Abstract: In order to promote the promotion and application of the new high-quality maize variety Heikeyu 17, the breeding process, agronomic characteristics, yield performance and supporting cultivation technology of Heikeyu 17 were introduced. Heikeyu 17 was bred by the Heihe Branch of the Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences with the inbred line Suixi 708 as the female parent and the inbred line Bianzi d-2 as the male parent. In 2020, it was approved by the National Crop Variety Approval Committee of the Ministry of Agriculture (Approval number: Guoshenyu 20210157). The average yield of Heikeyu 17 in regional test in 2018—2019 was $10\,701.6\text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, an average increase of 6.6% compared with the control variety Demeiya 1, and the average yield of the production test in 2020 was $9\,666.8\text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, an increase of 3.5% compared with the control variety Demeiya 1. Heikeyu 17 is an ordinary single-cross maize variety with a whole growth period of about 112 days, with excellent performance from excavation ability to seedling growth, high yield, stable yield and excellent quality, and is suitable for planting in areas cold regions with active accumulated temperature of $\geq 10\text{ }^{\circ}\text{C}$ and above $2\,200\text{ }^{\circ}\text{C}$.

Keywords: cold region; maize; Heikeyu 17; variety breeding; cultivation thechology

(上接第 126 页)

Agricultural Genetically Engineered Microorganisms and Their Safety Risk Assessment

LIU Yue, LI Qingchao, LAN Ying, ZHAO Xiumei, LIU Yang, WANG Lida, YAN Feng, HAN Yehui

(Qiqihar Branch, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Qiqihar 161006, China)

Abstract: With the development of molecular biology and other technical means, genetically engineered microorganisms with specific functions have been deeply studied, and the safety of genetically engineered microorganisms has gradually become the focus of global research. Evaluation of risk is crucial in the safety analysis and research process of genetically engineered microorganisms. This article provided an overview of the classification of genetically engineered microorganisms in agriculture, including genetically engineered microbial pesticides (insecticidal microorganisms, disease prevention microorganisms), genetically engineered microbial fertilizers, and their current development status; At the same time, a review was provided on the safety risks of genetically engineered microorganisms in terms of their own characteristics, gene transfer, diffusion, and impact on the ecological environment; In addition, discussions were also conducted on the safety risk assessment of recipient microorganisms, gene manipulation processes, and genetically modified genetically engineered bacteria, in order to provide reliable basis for the safety management of genetically engineered microorganisms.

Keywords: genetically engineered microorganism; security risk; risk evaluation