

Genetycznie zmodyfikowane rośliny – z laboratorium do praktycznego wykorzystania w europejskim rolnictwie. Część II*

Anna LINKIEWICZ – Laboratorium Kontroli Genetycznie Modyfikowanych Organizmów, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, Radzików; Zbigniew T. DĄBROWSKI – Katedra Entomologii Stosowanej, Wydział Ogródnictwa i Architektury Krajobrazu, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa; Sławomir SOWA – Laboratorium Kontroli Genetycznie Modyfikowanych Organizmów, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Prosimy cytować jako: CHEMIK 2012, 66, 9, 966-981

Wprowadzenie

Jednym z podstawowych wyzwań XXI wieku jest produkcja żywności w ilości i jakości odpowiedniej do potrzeb rosnącej liczby ludzi, przy jednoczesnym utrzymaniu środowiska przyrodniczego w niezmięnionej formie. Protokół Kartageński, który wynika bezpośrednio z Konwencji o Różnorodności Biologicznej [1, 2], wyraźnie wskazuje, że konieczne jest opracowanie i wdrożenie mechanizmów pozwalających na bezpieczne wykorzystanie osiągnięć nowoczesnej biotechnologii przy zminimalizowaniu potencjalnych zagrożeń dla środowiska i zdrowia ludzi oraz zwierząt. Za konieczne uznano przyjęcie akceptowanych przez międzynarodową społeczność zasad, dotyczących przekazywania, utrzymywania i użytkowania żywych zmodyfikowanych organizmów, zapewniających ochronę środowiska i zdrowia ludzi. Również Komisja Europejska zaleciła państwom członkowskim opracowanie narodowych strategii i najlepszych praktyk na rzecz wspólnienia upraw ulepszonych dzięki biotechnologii, upraw tradycyjnych i upraw ekologicznych (Dyrektywa 2001/18/WE Parlamentu Europejskiego i Rady Europy) wraz z obowiązkiem ich realizacji.

Między innymi od wyników obowiązkowej oceny ryzyka danego GMO dla zdrowia ludzkiego, zwierząt oraz środowiska zależy pozwolenie na jego wprowadzenie do obrotu. Państwa członkowskie Unii Europejskiej powinny ustanowić odpowiednie systemy kontroli i inspekcji, aby zagwarantować właściwą realizację działań na rzecz bezpiecznego stosowania GMO. Muszą istnieć metody pozwalające na jednoznaczny identyfikację i ocenę ilościową genetycznie zmodyfikowanych organizmów dopuszczonych do stosowania w Unii Europejskiej.

Wprowadzanie roślin GM do środowiska jest nie tylko przedmiotem regulacji prawnych, ale również istotną kwestią podlegającą dyskusji społecznej i naukowej. Ocena ryzyka stosowania GMO jest problemem złożonym i obejmuje wiele aspektów. Najważniejsze z nich to: ekspresja transgenów w genomie biorcy, wpływ roślin transgenicznych na organizmy niedocelowe i różnorodność biologiczną, przepływ genów i jego konsekwencje oraz ewolucja GMO. Badanie tych elementów wymaga naukowych metod oceny ryzyka i metod umożliwiających monitoring roślin GM w środowisku. Monitoring środowiska jest jednym z elementów systemu bezpieczeństwa biologicznego, o którym mówi Konwencja.

Oddziaływanie roślin GM na środowisko

Ocena ryzyka związanego z zastosowaniem GMO

Pojęcie ryzyka związanego ze stosowaniem GMO w środowisku należy rozumieć jako zależność zagrożenia ze strony nieoczekiwanych lub niepożądanych zmian i czasu ekspozycji na nie. Ocena ryzyka powinna być rozumiana jako procedura, która ma za zadanie zidentyfikowanie niebezpieczeństwa wywołanego działaniem lub substancją i określenie prawdopodobieństwa, że zagrożenie się pojawi [3]. Zgod-

nie z Dyrektywą 2001/18/WE i art. 6 polskiej ustawy o GMO, operacja polegająca na zamkniętym użyciu GMO, zamierzonym uwolnieniu GMO do środowiska, w tym na wprowadzeniu do obrotu produktów GMO, wymaga przeprowadzenia oceny zagrożeń dla zdrowia ludzi, zwierząt i środowiska oraz zastosowania niezbędnych środków w celu uniknięcia tych zagrożeń.

Korzyści i zagrożenia ze stosowania GMO można z grubsza podzielić na te odnoszące się do zdrowia człowieka i zdrowia zwierząt, oraz te odnoszące się do środowiska. Genetycznie zmodyfikowane rośliny poddawane są indywidualnej ocenie zgodnie z zasadą „case-by-case”, czyli każda modyfikacja osobno. Ocena ryzyka dla środowiska, jakie niesie ze sobą stosowanie danego GMO, jest skomplikowana i wymaga wzięcia pod uwagę wielu czynników, na które wpływ może mieć zmieniona cecha. Na uwagę zasługują między innymi zmienione praktyki agrotechniczne, potencjalna możliwość przepływu genów pomiędzy spokrewnionymi organizmami, możliwe ekologiczne konsekwencje takiego przepływu genów. Pierwszym etapem procesu oceny ryzyka powinno być określenie problemu i wytypowanie elementów środowiska, które powinny być poddane ocenie.

Korzyści i zagrożenia wynikające z uprawy odmian genetycznie zmodyfikowanych zwróciły uwagę szerszego grona naukowców (wykraczającego poza zaprzysięgłych zwolenników i emocjonalnych oponentów) na niezbędne przeprowadzenie analizy ryzyka wykorzystania GMO tylko w **oparciu o solidną wiedzę naukową**. Na konieczność takiego podejścia zwrócili uwagę eksperci krajów członkowskich Unii Europejskiej desygnowani do Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA) jak i europejscy przedstawiciele organizacji związanych z ochroną przyrody [4].

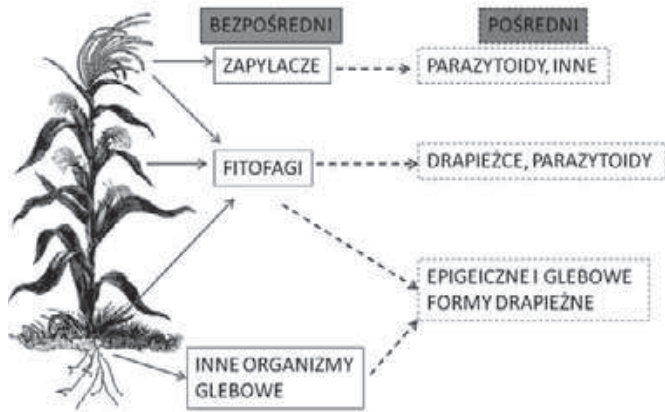
Oceniając potencjalne niekorzystne skutki oddziaływania danego GMO na środowisko należy uwzględnić bezpośredni i pośredni wpływ GMO na środowisko, ale również opóźnione efekty jego działania. Jeśli pojawiają się nowe dane na temat działania GMO, należy określić zmiany i zweryfikować postępowanie w przypadku zagrożenia.

Wybór gatunków do oceny niezamierzonych efektów GMO powinien uwzględniać różne oddziaływania produktu transgeny na organizmy niedocelowe. Organizmy niedocelowe są definiowane jako te gatunki, które pośrednio lub bezpośrednio są ekspozowane na roślinę GM, a nie są celem dla nowo produkowanych w tej roślinie metabolitów. Pod uwagę brane są:

- Efekty niezamierzone przewidywalne (*predictable unintended effects*), np. ze względu na specyfikę oddziaływania toksycznego białka Bt na gąsienice różnych gatunków *Lepidoptera*.
- Efekty niezamierzone nieprzewidziane (*unanticipated adverse effects*), m.in. gdy modyfikacja genetyczna wywołuje zmiany w innych procesach metabolicznych w roślinie.

Postuluje się, aby dla oceny tych oddziaływań uwzględnić powiązania trójtroficzne: roślina – fitofagi – wrogowie naturalni (Rys. 1).

* Część I opublikowana w CHEMIK 2012, 66, 843-849



Rys. 1. Potencjalny wpływ kukurydzy Bt na stawonogi (za J. Twardowski)

W wielu krajach Europy, nie tylko będących członkami Unii Europejskiej, podjęto w ostatnich 10 latach liczne badania nad niezamierzonymi oddziaływaniami odmian transgenicznych na środowisko. Badaniami objęto wpływ różnych odmian i linii kukurydzy, rzepaku i ziemniaków zmodyfikowanych genetycznie, z genami odporności na szkodniki, na wiele grup fitofagów (włącznie ze ślimakami), parazytoidów i drapieżców. Analizowano też wpływ tych odmian poprzez wydzieliny korzeniowe na organizmy glebowe, w tym mikroorganizmy.

Pomiędzy 1995 a 2006 r. przeprowadzono 34 doświadczenia nad oddziaływaniem toksycznych białek CryIAb i Cry3 dla niedocelowych gatunków stawonogów roślinożernych, 32 dla gatunków drapieżców i 6 dla parazytoidów w warunkach laboratoryjnych. W przypadku białka CryIAb o specyficznej toksyczności dla larw z rzędu motyli (*Lepidoptera*) uzyskano niezamierzone, ale przewidywalne negatywne oddziaływanie na rozwój gąsienic takich gatunków, jak: monarcha (*Danaus plexippus*), *Manduca sexta*, błyszczki jarzynówki (*Autographa [Plusia] gamma*), *Papilio polyxenes* (choć w innych testach ci sami autorzy nie stwierdzili negatywnego oddziaływania), bielinka kapustnika (*Pieris brassicae*), bielinka rzepnika (*Pieris rapae*), tantnisia krzyżowiaczka (*Plutella xylostella*), sówki bawełnówki *Spodoptera littoralis* i barciaka większego (*Galleria mellonella*).

Dla znacznej większości drapieżców odżywiających się roślinożercami, żerujących na roślinach GM lub na pożywce zawierającej białko CryIAb, nie stwierdzono negatywnych efektów. Bardzo często przez oponentów odmian GM cytowane są wyniki badań Hilbeck i wsp. [5] i Dutton i wsp. [6] o toksycznym wpływie białka CryIAb na rozwój larw złotooka pospolitego. Inni autorzy nie potwierdzili możliwości bezpośredniej toksyczności białka CryIAb na larwy złotooków, włącznie z badaniami wiązania tych białek przez receptory ich jelita. Pomimo tych rozbieżności w ocenie działania białek Cry na badane gatunki, obecnie raczej uwaga badaczy skupia się na wyjaśnieniu przyczyn tych rozbieżności, niż wydawaniu jednoznacznych sądów. Dobrym tego przykładem jest bezstronna analiza różnic w ocenie oddziaływania białka CryIAb na rozwój złotooka pospolitego [7]. Obecnie jest analizowany przypadek obecności pyłku z kukurydzy MON 810 w miodzie. O ile większość badań wykazała brak toksycznego oddziaływania takiego pyłku na przeżywalność i zachowanie pszczoły miodnej, o tyle nawet niewielkie zawartości pyłku z roślin GM budzą kontrowersje.

Krytyczna analiza przypadku motyla monarcha w USA

Ze względu na liczne informacje krążące w internecie o szkodliwym oddziaływaniu roślin GM na środowisko, postanowiono odnieść się do tych najbardziej sensacyjnych.

Klasycznym przykładem, często podawanym na stronach internetowych przez organizacje proekologiczne, a nawet część naukowców,

jest wykazanie toksyczności pyłku jednej transgenicznej odmiany kukurydzy na gąsienice motyla monarcha w USA. Wyniki uzyskane przez zespół pracowników Katedry Entomologii Uniwersytetu Cornell wykazały, że pyłek linii kukurydzy Bt176 z genem *cryIAb* z bakterii *Bacillus thuringiensis* (Bt) naniesiony na liście trojeści tropikalnej (*Asclepias curassavica*) wpływał na: zmniejszenie intensywności żerowania młodych gąsienic, ich zwolniony rozwój i statystycznie istotnie wyższą śmiertelność [8]. Jednak podjęte badania, jak i krytyczna analiza metodyki doświadczeń zespołu Losey'a przeprowadzona przez inne zespoły badawcze w USA, wykazała szereg nieścisłości:

- podstawową rośliną żywicielską larw monarcha jest powszechnie występujący gatunek trojeści amerykańskiej (pospolitej) (*Asclepias syriaca*), a nie trojeści tropikalnej (*A. curassavica*)
- liście *A. curassavica* obsypywano dowolną ilością pyłku pobranego z transgenicznej linii kukurydzy
- pobierano pyłek tylko z linii kukurydzy Bt176, która istotnie wytwarzała znaczne ilości toksycznego białka CryIAb w pyłku, w stosunku do innych transgenicznych odmian kukurydzy;
- testy z młodymi gąsienicami prowadzono w warunkach „braku wyboru” pokarmu („non-choice bioassay”)
- odmiany kukurydzy z modyfikacją Bt176 były uprawiane tylko na znikomym obszarze 2% w stosunku do ogólnego arealu upraw transgenicznych odmian kukurydzy
- w rejonie masowej uprawy kukurydzy w pasie środkowo-zachodnich stanów („Midwest belt”) USA, tylko w stosunkowo krótkim okresie czasu, pylenie kukurydzy nakłada się na okres żerowania larw monarcha na roślinach żywicielskich
- dane podane przez Losey'a i wsp. [8] o zasięgu rozprzestrzeniania się pyłku kukurydzy z wiatrem na odległość 60 m, nie zostały potwierdzone przez grupy innych badaczy (m.in. University of Guelph czy Iowa State University) [9]. Okazało się, że większość pyłku opada na chwasty rosnące wewnątrz pola, a ilości te gwałtownie się zmniejszają już w odległości 2-3 m od brzegu pola
- przeprowadzono też analizę przestrzennego rozmieszczenia trojeści amerykańskiej (*A. syriaca*) na obszarach masowej uprawy kukurydzy w środkowo-zachodnich stanach USA. Okazało się, że populacja tych roślin rosnących wokół pól kukurydzy stanowi tylko niewielki procent w stosunku do populacji rosnących przy uprawach soi a 85% całej populacji znajdowała się na poboczach dróg. Szczególnie znaczne zagęszczenie *A. syriaca* znajdowano na nieużytkach i obszarach ekologicznych chronionych jak: tereny rekreacyjne czy stanowe parki krajobrazowe.

Opracowano i dokonano połową weryfikację modeli określających synchronizację okresu występowania gąsienic monarcha i dynamiki pylenia kukurydzy [10]. Okres pylenia kukurydzy w środkowo-zachodnich stanach USA przypada głównie na 1-2 tygodnie w lipcu. Na tych terenach monarcha rozwija 2 pokolenia. Składanie jaj 1-go pokolenia przypada głównie na maj i nie nakłada się na okres pylenia kukurydzy. Składanie jaj 2-go pokolenia odbywa się w lipcu i sierpniu i pokrywa się częściowo z pyleniem kukurydzy. Procentowo nakładanie się tych okresów waha się od 5 – 10% na terenach południowych stanu Iowa do ok. 50 – 100% w południowej Minesocie. Jednocześnie wykazano, że zawartość białka CryIAb w pyłku innych uprawianych odmian kukurydzy z genem Bt była znacznie niższa niż w pyłku odmiany Bt176, co też wpływało na znacznie mniejszy negatywny wpływ na gąsienice monarcha. W sumie oceniono, że ryzyko oddziaływania pyłku odmian kukurydzy z genami Bt, obecnie uprawianymi w USA, jest niewielkie [11].

Różnice w interpretacji wyników badań nad wpływem odmian tolerujących herbicydy na różnorodność biologiczną w Wielkiej Brytanii

Europejscy naukowcy specjalizujący się w pracach nad oceną ryzyka wprowadzenia roślin GM do uprawy, często uważają metodykę

zakładania doświadczeń polowych i zbierania danych, zastosowanych w trzyletnich badaniach polowych przeprowadzonych na dużych obszarach w Wielkiej Brytanii, jako modelowe. Program ten miał na celu określenie wpływu odmian transgenicznych tolerujących herbicydy (w skrócie z ang. GMHT) na wybrane elementy agrocenoz i został zainicjowany w Wielkiej Brytanii (WB) w 1999r. – „Badania polowe nad oceną wpływu transgenicznych jarych odmian roślin uprawnych (*The farm scale evaluation of spring-sown genetically modified crops*). Wyniki tych interdyscyplinarnych badań opublikowało The Royal Society [12]. Podkreśla się jednak, że należy oddzielić wnioski wynikające z oceny wyników badań, od reakcji pozarządowych organizacji i decyzji administracji państwowej.

Celem wprowadzenia do uprawy odmian tolerujących herbicydy (GMHT) było uzyskanie korzyści ekonomicznych przez rolnika, możliwości większej elastyczności i skuteczności w zwalczaniu chwastów i zmniejszenie niekorzystnych efektów następczych dla środowiska poprzez ograniczenie stosowania herbicydów. Herbicydy mogą być jednak zarówno wysoce efektywne w ochronie upraw przed chwastami jak też powodować ewentualne zakłócenia w dostarczaniu pokarmu dla innych organizmów, a tym samym przyspieszać obserwowaną w XX w. w Wielkiej Brytanii tendencję spadkową liczebności i różnorodności gatunkowej populacji bezkręgowców i kręgowców w agrocenozach [13].

W badaniach Heard i współpracowników (2003) obserwowane zagęszczenie nasion chwastów w uprawie odmian rzepaku jarego GMHT i buraka cukrowego GMHT było ok. 20% mniejsze niż w uprawie konwencjonalnej [14]. Biomasa chwastów i liczba opadających nasion w uprawach GMHT wahała się pomiędzy 17% a 33% w stosunku do odmian konwencjonalnych. Różnice w liczbie opadających nasion w tych obu gatunkach utrzymywały się w czasie jesiennej analizy banku nasion (*seed bank*). Wpływ uprawy odmian GMHT kukurydzy był odmienny. Zagęszczenie chwastów było wyższe w ciągu całego okresu wegetacyjnego w odmianach GMHT. Biomasa chwastów pod koniec okresu wegetacyjnego była wyższa o 82%, a liczba opadających nasion o 87% wyższa w stosunku do odmian konwencjonalnych. Różnic tych jednak nie udało się potwierdzić przy analizie banku nasion w glebie, ponieważ ogólna liczba wytwarzanych nasion była niska w wyniku uprawy kukurydzy. Różnice w zagęszczeniu chwastów i liczbie wytwarzanych nasion w uprawach odmian GMHT buraków i rzepaku jarego w stosunku do odmian konwencjonalnych, decydowały o ilości pożywienia dla organizmów wyższych poziomów troficznych. Obecność kwitnących chwastów mogła decydować o liczebności owadów zapylających czy pluskwiaków różnoskrzydłych. Istotnie mniej liczne występowanie pewnych grup owadów stwierdzono na części pól z odmianami tolerującymi herbicydy: (a) buraków HT – owadów pszczołowych, motyli i pluskwiaków różnoskrzydłych i (b) rzepaku jarego HT – motyli. Obserwowano więcej skoczogonków (*Collembola*) na części pól kukurydzy z odmianą GM. Zakres obserwowanych wahań w populacjach bezkręgowców wydaje się odpowiadać zmianom obserwowanym przy zmianie gatunku rośliny uprawnej na danym polu. Głównymi czynnikami odpowiedzialnymi za zmiany w populacjach bezkręgowców były: program chemicznego zwalczania chwastów; zabiegi agrotechniczne; płodozmian i wieloletnie interakcje pomiędzy chwastami a bezkręgowcami. Wszystkie te potencjalne oddziaływania zależą w dużym stopniu od danego systemu uprawy i zróżnicowanych ekosystemów krajozrazu otaczającego dane uprawy.

Porównując reakcje populacji badanych grup bezkręgowców na uprawę odmian GMHT opryskiwanych herbicydami, wydaje się, że motyle są grupą najsilniej reagującą na zmiany w składzie gatunkowym roślin, a tym samym spośród nich należy wytypować gatunki wskaźnikowe w przyszłych badaniach nad zmianami w agrocenozach [15].

Decyzje Ministerstwa Środowiska, Żywności i Obszarów Wiejskich (DEFRA) Wielkiej Brytanii

Heard i współpracownicy (2003) wykazali pewne ujemne wpływy na wybrane grupy organizmów roślinnych i zwierzęcych w ramach pola uprawnego z roślinami GMHT i jego otoczeniu. Jeden z ważniejszych wniosków wynikających z tych doświadczeń odnosił się do wyższej efektywności w zwalczaniu chwastów w uprawach GMHT, a tym samym spadku produkcji nasion chwastów. Zaniepokoiło to poważnie towarzystwa związane z ochroną motyli żywiących się kwitnącymi chwastami i ptaków, nie mających jesienią i zimą wystarczającej ilości nasion chwastów jako pokarmu. Obiektywnym wskaźnikiem spadku produkcji nasion przez chwasty był tzw. wskaźnik banku nasion w glebie.

Decyzja Ministerstwa DEFRA była następująca: „Uprawa konwencjonalnych odmian buraków i rzepaku ozimego jest korzystniejsza dla wielu grup naturalnej flory i fauny (*wildlife*) w oryginalnie nie oznacza „dzikich zwierząt” w powszechnym rozumieniu w Polsce) niż uprawianie odmian tych gatunków tolerujących herbicydy (GMHT), gwarantując występowanie większej różnorodności owadów na polach i otoczeniu odmian GMHT, ze względu na większą obecność chwastów”. Uprawa odmian GMHT kukurydzy nie ma natomiast wpływu, lub wykazuje potencjalnie pozytywny wpływ na populację nasion chwastów (szczególnie dwuliściennych). Zdaniem decydentów brytyjskich zrównoważone rolnictwo (*sustainable agriculture*) powinno zabezpieczać również istnienie różnorodności biologicznej chwastów w agrocenozach.

Zmiana systemu zwalczania chwastów a ochrona ptaków

Ponieważ obecnymi priorytetami okazała się ochrona różnorodności biologicznej roślin w agrocenozach Wielkiej Brytanii, dlatego grupa badaczy z Brown's Barn Research Station, Higham w Szkocji postanowiła sprostować temu wyzwaniu i porównać różne programy zwalczania chwastów w uprawie buraka cukrowego. Założyli oni, że herbicyd glifosat można wykorzystać w różny sposób w uprawach buraków tolerujących herbicydy (GMHT) w regulowaniu populacji chwastów, z myślą o korzyściach dla środowiska [16]. Wprowadzono następujące zmiany w programie stosowania glifosatu na polach buraków GMHT: (a) opryskiwania pasowe w rzędach roślin buraków, a nie na całej powierzchni; (b) opóźnienie terminu zabiegu w celu zapewnienia optymalnych warunków dla ptaków gniazdujących na ziemi. Opóźnienie wykonania zabiegu na całej powierzchni pola lub pasowo w rzędach buraków jako pierwszego opryskiwania, pozwoliło na zachowanie chwastów pomiędzy rzędami, co zwiększyło pokrycie pola roślinami i ochronę gniazd ptasich. Ponieważ kulon zwyczajny preferuje tereny suche, otwarte, należy opryskiwać całą powierzchnię pola wiosną. Z kolei optymalnym środowiskiem dla piskląt skowronków jest pokrywa roślinna, stąd korzystniejsze jest opryskiwanie tylko rzędów. Zwiększona populacja roślin stworzyła też lepsze warunki do rozwoju chrząszczy z rodziny biegaczowatych i kusakowatych. Owady te są ważnym źródłem pokarmu dla piskląt gatunków gnieźdzących się na ziemi, w krytycznym okresie ich rozwoju, gdy wysoko białkowa dieta decyduje o przeżywalności potomstwa. Oba systemy można stosować bez obawy o istotny spadek plonu w stosunku do obecnego systemu uprawy i ochrony odmian konwencjonalnych przed chwastami. Przedstawione wyniki wskazują, że technologie związane z uprawą buraków GMHT mogą być elastyczne i można je dostosować do różnych programów ochrony naturalnie występującej flory i fauny, jednocześnie zapewniając rolnikom ekonomiczną produkcję rolną.

Wydaje się, że należałoby znacznie więcej uwagi poświęcić pracom nad integracją zalecanych praktyk w intensywnej produkcji rolniczej z zachowaniem stref ochronnych dla roślin zielnych (w tym gatunków chwastów), owadów i innych organizmów dla stworzenia równowagi pomiędzy priorytetami rolnictwa i środowiska.

Wyniki pierwszych badań nad oddziaływaniem kukurydzy MON 810 na organizmy niedocelowe w Polsce

Badania związane z ryzykiem oddziaływania genetycznie zmodyfikowanej kukurydzy MON810 na organizmy niedocelowe podjęto w Katedrze Entomologii Stosowanej SGGW w 2003 r. [17]. Planując zakres badań brano pod uwagę opinie grup pro-ekologicznych i naukowców, domagających się, aby w badaniach uwzględniać wszystkie potencjalne gatunki stawonogów, wchodzących w interakcje z roślinami kukurydzy i paszą, wytwarzaną z ziarniaków roślin GM. W pierwszym etapie badań prowadzonych w szklarniach i laboratorium, uwzględniono oddziaływania: (a) mąki kukurydzy MON 810 na gąsienicę młkika mącznego (*Ephesia kühniella*) i jej parazytoidea błonkówkę *Venturia canescens*; (b) pyłku MON810 na gąsienicę bielinka rzepnika (*Pieris rapae*) jako przedstawiciela rzędu Lepidoptera (białko CryIAb w kukurydzy MON810 działa na gąsienicę omacnicy prosowianki i innych gatunków motyli drążących korytarze w źdźbłach); (c) kukurydzy MON810 na mszycę czeremchowo-zbożową (*Rhopalosiphum padi*), jej drapieźców jak: biedronkę dwukropką (*Adalia bipunctata*) i złotooka pospolitego (*Chrysoperla carnea*) a także jej parazytoidea – mszycarza szklarniowego (*Aphidius colemani*); (e) przędziorka chmielowca (*Tetranychus urticae*) i jego drapieżcę dobroczyńca szklarniowego (*Phytoseiulus persimilis*).

Uzyskane wyniki potwierdziły, że przędziorek chmielowiec, jako gatunek pobierający białko CryIAb z tkanek kukurydzy MON810, może stanowić potencjalną drogę przekazywania tego białka niedocelowym drapieżcom i powinien być uwzględniany w badaniach nad ekologicznym ryzykiem uprawy roślin z genem *cryIAb*. Genetycznie zmodyfikowana kukurydza MON810 nie ma negatywnego pośredniego wpływu na biologię drapieżnego dobroczyńca szklarniowego, odżywiającego się przędziorkami z roślin MON810 [18].

Nie wykazano istnienia ekologicznego zagrożenia uprawy odmian z cechą MON810 na drapieżne stawonogi odżywiające się mszycą czeremchowo-zbożową. Ten gatunek fitofaga nie stanowi drogi ekspozycji na białko CryIAb dla niedocelowych entomofagów [19, 20].

W doświadczeniach nad oddziaływaniem pyłku kukurydzy MON810 na gąsienicę bielinka rzepnika stwierdzono wysoką wrażliwość na obecność pyłku kukurydzy w diecie gąsienic, niezależnie od odmiany kukurydzy. Dodatkowe testy laboratoryjne przeprowadzone w latach 2010-2011 z wykorzystaniem pyłku z odmiany MON810 potwierdziły jego umiarkowaną toksyczność dla gąsienic bielinka rzepnika.

Zespół badaczy szwajcarskich zajmujących się od wielu lat oceną zagrożeń organizmów niedocelowych przez rośliny GM w swojej ostatniej publikacji, podkreśla trudności prowadzenia odpowiednich testów laboratoryjnych nad oddziaływaniem roślin GM na organizmy niedocelowe i konieczność zachowania ostrożności w wyciąganiu wniosków [21].

Jednocześnie badania prowadzone przez Autorów niniejszej publikacji potwierdziły, że określenie zawartości toksycznego białka CryIAb w testowanych roślinach kukurydzy jest niezbędne przy interpretacji wyników testów laboratoryjnych jak i polowych. W momencie rozpoczęcia tych badań, literatura jeszcze nie podkreślała znaczenia poziomu ekspozycji toksycznych białek w różnych organach roślin GM dla gatunków niedocelowych. Obecnie udokumentowany jest już wpływ warunków uprawy kukurydzy na ekspresję toksycznego białka w poszczególnych tkankach rośliny. Stąd zalecana analiza ryzyka uwzględnia ilościowe dane o ekspresji produktów transgenów w różnych organach rośliny GM.

Pierwsze badania polowe nad oceną wpływu kukurydzy MON810 na organizmy niedocelowe zainicjowano w Polsce w 2008 r. w ramach programu – „Środowiskowe i ekonomiczne aspekty dopuszczenia uprawy roślin genetycznie zmodyfikowanych w Polsce” koordynowanego przez Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB. Szczególną uwagę zwrócono na oddziaływania roślin zmodyfikowanych gene-

tycznie na wybrane gatunki chrząszczy biegaczowatych (*Carabidae*) i kusakowatych (*Staphylinidae*), pełniących ważną rolę w agrocenozie kukurydzy. Analiza wyników trzyletnich doświadczeń polowych wykonanych w okolicach Łańcuta i Wrocławia (gdzie omacnica prosowianka powoduje istotne straty gospodarcze) potwierdziły wnioski z pierwszego roku badań, o braku szkodliwego wpływu uprawy tej zmodyfikowanej odmiany kukurydzy na badane grupy chrząszczy epigenicznych [22]. Wyniki tych badań posłużą również do przeprowadzenia analizy wyboru gatunków wskaźnikowych w oparciu o ich preferencje pokarmowe dla przyszłej oceny oddziaływania odmian kukurydzy z innymi transgenami warunkującymi odporność na szkodniki i tolerancję na herbicydy.

Korzyści i zagrożenia wynikające z uprawy odmian GM dla agrocenoz

Analizując korzyści i zagrożenia wynikające z uprawy odmian GM, należy brać pod uwagę nie tylko potrzeby żywieniowe rosnącej populacji ludzi w skali światowej, ale także potrzeby środowiska i coraz bardziej wyraźne wymagania dla wprowadzenia w życie zasad zrównoważonego rolnictwa.

Uprawy roślin GM odgrywają ważną rolę w zwiększeniu plonów przy jednoczesnym zmniejszeniu nakładów produkcyjnych. James [23] podaje, że korzyści ekonomiczne na poziomie gospodarstw rolnych wynosiły 65 miliardów USD w skali światowej w okresie 1996 – 2009, z tego 45% pochodziło ze zmniejszenia nakładów produkcyjnych (mniej zabiegów agrotechnicznych, orki, mniej zabiegów ochrony roślin i mniejsze nakłady siły roboczej), a 56% z dodatkowych zbiorów równych 229 mln ton. Uzyskane dodatkowe zbiory wyniosły 83,5 mln t soi; 130,5 mln t kukurydzy; 10,5 mln t bawełny; 4,8 mln t rzepaku.

W Chinach w 2010 r. 6,5 mln rolników posiadających gospodarstwo średnio o powierzchni 0,6 ha uprawiało odmiany bawełny odporne na gąsienicę atakującą pąki kwiatowe i owoce bawełny. Obliczono, że uprawa odmian odpornych zredukowała poziom ogólnej populacji tych szkodliwych gąsienic w rejonie uprawy bawełny w stosunku do odmian konwencjonalnych, co ocenia się na dodatkową korzyść wysokości 4,2 mln USD [23].

Podobne obliczenia dokonano dla uprawy odmian kukurydzy Bt z odpornością na omacnicę prosowiankę w Stanach Zjednoczonych wykazując, że w 2010 r. odmiany te uprawiano na obszarze 22,2 mln ha, zajmujące 63% ogólnej powierzchni uprawy kukurydzy. Uznano, że obserwowany ogólny spadek populacji omacnicy prosowianki zarówno na odmianach Bt jak i konwencjonalnych był związany z uprawą odmian odpornych na tego szkodnika. Korzyści z mniejszych ogólnych strat powodowanych przez tego szkodnika w 5 stanach (Illinois, Iowa, Nebraska, Minesota i Wisconsin) w latach 2006-2009 wyniosły 6,9 mln USD, z tego 4,3 mln USD (ok. 62%) z oszczędności strat odmian konwencjonalnych w tych stanach.

Udowodniono, że uprawa odmian odpornych na szkodniki jest mniej kosztowna w stosowaniu, przynosząc oszczędności finansowe dla farmerów, nie niszczy wrogów naturalnych szkodników i zmniejsza zawartość innych szkodliwych produktów, jak np. aflatoksyn wytwarzanych przez patogeniczne grzyby i bakterie, rozwijające się na roślinach uszkodzonych przez szkodniki (Rys. 2). Dzięki tym korzystnym cechom, odmiany Bt tak szybko zostały zaakceptowane przez rolników w USA, a następnie w innych regionach w świecie.

W Polsce omacnicę prosowiankę notowano w latach 1960 – 1975 jako szkodnika sporadycznie powodującego straty ekonomiczne w uprawach kukurydzy na terenie Polski południowo-zachodniej. Obecnie zasięg terytorialny tego szkodnika znacznie się powiększył w kierunku północnym a omacnica powoduje znaczne uszkodzenia nie tylko w rejonach południowych, ale również w Wielkopolsce i woj. lubelskim.



Rys. 2. Uszkodzenia konwencjonalnej kukurydzy spowodowane przez szkodnika - omacnicę prosowiankę (*Ostrinia nubilalis* (Hübner)) (fot. S. Sowa)

Doświadczenia przeprowadzone na terenie Polski południowej, gdzie szkodnik omacnica prosowianka poraża nawet do 70% roślin i stymuluje rozwój patogennych grzybów, wytwarzających wyjątkowo niebezpieczne mykotoksyny. Odmiany kukurydzy z cechą MON810 zapewniają całkowitą ochronę przeciwko temu szkodnikowi [24]. Wyniki doświadczeń polowych prowadzone przez entomologów [25] potwierdziły, że to dzięki niedopuszczeniu do uszkodzeń roślin przez gąsienice omacnicy prosowianki, patogennicne grzyby w mniejszym stopniu mogły porażać ziarniki w kolbach. Obecnie zalecane metody zwalczania omacnicy prosowianki opierają się na opryskiwaniu roślin chemicznymi środkami ochrony roślin, w okresie składania jaj przez motyle. Skuteczność metody biologicznej polegającej na stosowaniu biopreparatów opartych na bakterii *Bacillus thuringiensis* czy wypuszczaniu masowo hodowanego kruszynka, zależy od wielu czynników klimatycznych i biologicznych. W praktyce jest zawodna. W krajach Europy Zachodniej rolnicy mający znaczne obszary uprawy kukurydzy wykonują te zabiegi specjalnymi opryskiwaczami na wysokich kołach (wartość kilkudziesięciu tysięcy Euro). W Polsce o ile wykonują zabieg, to ręcznie w rzędach kukurydzy wysokości w tym okresie 1,5 – 2 m lub zmodyfikowanym chałupniczo opryskiwaczem (bez atestacji i stwarzającym zagrożenia dla pracownika).

Nie powinno się też przeoczyć wielu korzyści wynikających z uprawy odmian tolerujących herbicydy. W badaniach w Wielkiej Brytanii wykazano, że ponad 95% upraw było traktowanych chemicznymi środkami ochrony roślin (ch.ś.o.r. – herbicydów, fungicydów i insektycydów, w WB nadal określanymi jako pestycydy) i regulatorów wzrostu. Powszechną praktyką było stosowanie 6-8 różnych ch.ś.o.r. na zboża (np. 2-3 herbicydy, 3 fungicydy i 1 insektycyd). W przeprowadzonych w Wielkiej Brytanii badaniach na odmianach GMHT buraków i rzepaku ograniczono o 50% liczbę zabiegów ochrony herbicydami,

w stosunku do upraw konwencjonalnych. W uprawie buraków cukrowych i pastewnych stosowano je później i tylko raz na 66% pól. Chwasty na polach GMHT pojawiały się później, były mniejsze i było ich o 23% mniej niż na polach konwencjonalnych. Stąd ich biomasa była mniejsza [26].

Liczba zabiegów ochrony herbicydami w badaniach dotyczących uprawy kukurydzy GMHT i odmian konwencjonalnych, nie różniła się istotnie, ale użyte ilości substancji aktywnej były o ok. 50% niższe w uprawach GMHT. W uprawach badanych odmian rzepaku jarego, ilość użytej substancji aktywnej nie różniła się istotnie w obu typach upraw [27]. Ilość użytej substancji aktywnej na polach rzepaku wynosiła ok. 50% ilości stosowanej w uprawie buraków a 80% – kukurydzy.

W ekspertyzie „Wpływ użytkowania roślin genetycznie zmodyfikowanych na produkcję roślinną w gospodarstwach w Polsce” autorstwa dr G. Brookes'a i prof. A. Anioła [28] podano następujące korzyści z uprawy odmian tolerujących herbicydy w Polsce jak:

- wykazaniu w doświadczeniach krajowych z wykorzystaniem odmiany rzepaku odpornego na herbicyd glifosat, że możliwy jest wzrost plonów rzędu 15 – 20%
- na podstawie wyników doświadczeń polowych przeprowadzonych w Polsce należy oczekiwać dodatkowego wpływu na plon rzędu od 15 do 30% i redukcję kosztów bezpośredniego zwalczania z niższych wydatków na herbicydy.

Autorzy jednocześnie zaznaczają, że nie można wykluczyć możliwości pojawienia się samosiewów i chwastów odpornych na glifosat. W odniesieniu do buraków cukrowych ten problem będzie miał jeszcze mniej istotne znaczenie niż w przypadku rzepaku [28].

Konieczność przestrzegania Dobrych Praktyk Rolniczych

Uprawa odmian GM bez przestrzegania podstawowych zasad dobrego gospodarowania nie jest sama w sobie *panaceum* na problemy w rolnictwie. W ciągu ostatnich 16 lat okazało się, że można uniknąć niekorzystnych następstw masowej uprawy odmian GM poprzez:

- stosowanie płodozmianu (rotacji gatunków roślin uprawnych), ponieważ w przeciwnym przypadku grozi to pojawieniem się odpornych chwastów na stosowany glifosat
- glifosat należy stosować w zalecanych dawkach a nie wyższych, zwiększających presję selekcyjną, również w odmianach roślin tolerujących ten herbicyd
- w przypadku odmian odpornych na szkodniki, zachować ostoje (refugia), czyli do 20% pól obsiewać odmianami konwencjonalnymi (tam ewentualne osobniki odporne szkodnika krzyżują się z populacją wrażliwą)
- prowadzić regularny monitoring pojawienia się osobników odpornych na toksyczne białko w populacji zwalczanego szkodnika. Wieloletnie badania prowadzone w Europie wskazują na bardzo niski poziom aleli, które decydują o przełamaniu odporności. Na podstawie symulacji genetycznych, nawet przy masowej uprawie odmian kukurydzy odpornej na gąsienice omacnicy prosowianki nie przewiduje się pojawienia populacji odpornej w ciągu najbliższych 10 lat w Europie
- wyeliminowanie intensywnej ochrony chemicznej przy pomocy pestycydów o szerokim spektrum działania na gąsienice motyli, na kukurydzy czy bawełnie mogą pojawić się szkodniki tzw. drugorzędne, które do tej pory były eliminowane przy okazji zwalczania tych głównych szkodników. Stąd wskazana jest rotacja insektycydów i monitorowanie wzrostu znaczenia innych grup szkodników.

Rola Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności w ocenie ryzyka GMO

Wymagania odnośnie warunków wprowadzenia roślin GM do środowiska w krajach Unii Europejskiej zawiera Dyrektywa 2001/18/WE [29]. Celem oceny ryzyka dla środowiska naturalnego jest dokonanie

identyfikacji i oceny potencjalnych, niekorzystnych dla zdrowia ludzkiego i środowiska naturalnego skutków uwolnienia GMO do środowiska. Taka ocena jest przeprowadzana indywidualnie dla każdego GMO i uwzględnia zarówno bezpośrednie, pośrednie, natychmiastowe lub opóźnione skutki wynikające z jego wprowadzenia do obrotu. Przeprowadzana ocena może wymagać również wzięcia pod uwagę potencjalnych skutków długoterminowych związanych z oddziaływaniem na inne organizmy i środowisko.

Europejski Urząd ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA) poprzez panel ds. GMO i komisje niezależnych ekspertów desygnowanych z krajów członkowskich opracował szczegółowe wymagania odnośnie danych naukowych zawartych w dossier instytucji lub osób wnioskujących o wprowadzenie GMO do obrotu. Ostatnie zalecenia są zawarte w przewodniku dotyczącym zasad dokonywania analizy ryzyka przy uwalnianiu nowych GMO do środowiska [30]. W przewodniku tym uwzględniono kilkadziesiąt uwag, które wpłynęły od instytucji rządowych, naukowców i niezależnych organizacji społecznych w ciągu 1,5 roku [31].

Zgodnie z tymi zaleceniami określenie potencjalnego ryzyka wprowadzenia roślin GM do środowiska powinno odbywać się poprzez porównanie danej zmodyfikowanej rośliny do jej wyjściowej niemodyfikowanej formy rodzicielskiej. Stwierdzone różnice we właściwościach rośliny GM mogą być efektem wprowadzonego transgeny i jego produktów lub wynikać ze zmian spowodowanych transgenezą. Ocenę tych oddziaływań na organizmy niedocelowe należy odnosić do: (a) **gatunku** i (b) **procesów zachodzących w ekosystemie**, które mogą podlegać negatywnym oddziaływaniom roślin GM a należy je chronić i zachowywać. Wnioskodawca (np. firma biotechnologiczna) przy wyborze gatunków do oceny ryzyka powinna w pierwszym etapie określić najważniejsze procesy związane z biologiczną różnorodnością, występujące w uprawie określonej rośliny GM. Analiza tych procesów powinna przede wszystkim obejmować:

- znaczenie różnych grup agrofagów w łańcuchu pokarmowym w danej uprawie
- oddziaływania wrogów naturalnych na agrofagi
- aktywność zapylaczy
- procesy rozkładu martwej substancji biologicznej i obiegu azotu i fosforu w danej uprawie.

Następnie wybrane gatunki i procesy ekologiczne ważne dla funkcjonowania różnorodności biologicznej należy poddać procesowi oceny w oparciu o analizę wielu zależności [30, 32]. Przykładowo dla organizmów spełniających ważne funkcje dla utrzymania różnorodności biologicznej należy:

- zebrać dostępne informacje dotyczące składu gatunkowego fauny w uprawie danego gatunku rośliny,
- przeprowadzić analizę pod kątem znaczenia tych gatunków dla funkcjonowania ekosystemu
- ustalić kolejności priorytetów dla poszczególnych gatunków zgodnie z ich rolą w środowisku.

Ponadto przy ocenie ryzyka, należy uwzględnić znaczenie ekonomiczne, dużą wartość estetyczną czy kulturową gatunku, jak np. motyle monarcha (*Danaus plexippus* [L.]) w Stanach Zjednoczonych A.P. i gatunki znajdujące się pod ochroną lub zagrożone wyginięciem.

Układając listę priorytetów w analizie ryzyka dla środowiska należy brać pod uwagę następujące powiązania organizmów niedocelowych i roślin GM:

- ekspozycję danego gatunku w warunkach polowych na cechę zmodyfikowaną genetycznie, uwzględniając wszystkie stadia rozwojowe narażone na oddziaływania tej cechy
- wrażliwości danego gatunku i jego stadiów rozwojowych na produkty wprowadzonych genów
- powiązania danego gatunku z gatunkiem docelowym w układach troficznych konkretnej uprawy
- liczebność danego gatunku w agrocenozie

- podatność gatunku na dotychczasowe czynniki stresowe w środowisku (np. zanikające populacje, które dodatkowo mogą ucierpieć pod wpływem nowego czynnika stresowego)
- powiązania danego gatunku z otaczającym środowiskiem, włączając naturalne i semi-naturalne siedliska.

Pomimo licznych badań wykonanych nad oddziaływaniem roślin GM na organizmy niedocelowe w krajach Unii Europejskiej, to szereg organizacji pozarządowych i część środowiska naukowego uważa, że istnieje potrzeba rozszerzenia tych badań przez instytucje finansowane ze środków publicznych.

Podstawy wykrywania GMO – zadania, mechanizmy kontroli i laboratoria referencyjne w Europie

Jednym z warunków dopuszczenia do uprawy w środowisku czy też innego wykorzystania danego GMO w Unii Europejskiej jest posiadanie metody umożliwiającej wykrywanie i monitorowanie takiego organizmu w środowisku.

Prawo Unii Europejskiej nakłada obowiązek znakowania i kontroli produktów GMO (Rozporządzenia 1829/2003 WE i 1830/2003 WE [33, 34]. Regulacje prawne Unii Europejskiej dotyczące GMO, zakładają rozwój wiarygodnych i czułych metod wykorzystywanych do wykrywania i ilościowego oznaczania GMO. Metody detekcji GMO mogą wykrywać sekwencje DNA zmodyfikowanych organizmów, produkty tych genów, czyli transgeniczne białka lub inne związki obecne dzięki modyfikacji (np. kwasy tłuszczowe zmienione na skutek modyfikacji). Niezbędne są nowoczesne metody wykrywania i ilościowego oznaczania GMO w związku z obecnością na rynku autoryzowanych GMO, wprowadzaniem nowych modyfikacji genetycznych i potrzebą wykrywania nieautoryzowanych organizmów transgenicznych. Metody te muszą charakteryzować się wysoką czułością, powtarzalnością i odtwarzalnością. Analizy ilościowe i jakościowe GMO są prowadzone na materiałach, takich jak pasze, nasiona, jak również na materiale silnie przetworzonym jakim jest żywność [35].

Kwasy nukleinowe, a w szczególności DNA, to główny cel jakościowych ilościowych analiz pod kątem genetycznie zmodyfikowanych organizmów. Aby analiza GMO była możliwa, poszukiwane cząsteczki muszą być obecne w stanie niecałkowicie zdegradowanym. Duże znaczenie dla ostatecznego efektu analizy ma dlatego stopień przetworzenia materiału, właściwa metoda izolacji DNA lub białek, oraz dostępność certyfikowanych materiałów odniesienia, które służą jako kontrola pozytywna [36].

Wykrywanie DNA roślin genetycznie zmodyfikowanych przeprowadza się zwykle przy użyciu metody PCR (Reakcji Łańcuchowej Polimerazy), która pozwala na powielenie specyficznych sekwencji transgeny w jednej reakcji enzymatycznej. Test PCR może być zaprojektowany w ten sposób, by wykryć każdy z elementów konstruktów – promotor, gen właściwy, sekwencje terminatorową, gen markerowy, czy sekwencje specyficzne dla zdarzenia transformacyjnego. Aby móc określić zawartość modyfikacji w badanej próbce najczęściej korzysta się z techniki PCR w czasie rzeczywistym (RealTime PCR). Metoda ta polega na analizie przyrostu ilości produktu reakcji w czasie trwania reakcji. Podczas reakcji powielane są specyficzne sekwencje transgeniczne, a ich ilość określana jest w stosunku do endogennego genu referencyjnego mówiącego o zawartości DNA danego gatunku w próbce. System RealTime PCR w oznaczaniu ilościowym GMO wymaga starterów i sond specyficznych dla transgeny i starterów gatunkowo-specyficznych komplementarnych do endogennego genu referencyjnego.

Od 2002 r. w Unii Europejskiej funkcjonuje Sieć Laboratoriów GMO (ENGL- European Network of GMO Laboratories) <http://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/engl/>, która w ramach współdziałania z Komisją Europejską zajmuje się problemami związanymi z GMO w Europie. Jej zadaniem jest między innymi opracowanie nowych metod detekcji i ilościowego oznaczania GMO, oraz walidacja metod zgłaszanych przez firmy starające się o autoryzację GMO w UE.

Kontrola przestrzegania europejskich przepisów i polskiej ustawy o GMO leży w gestii laboratoriów inspekcji państwowych oraz laboratoriów wymienionych w Rozporządzeniu 882/2004/WE [37]. W Polsce są to: Krajowe Laboratorium Pasz w Lublinie, Instytutu Zootechniki – Państwowego Instytutu Badawczego; Laboratorium Zakładu Higieny Pasz, Państwowego Instytutu Weterynaryjnego w Puławach i Regionalne Laboratorium Badań Żywności Genetycznie Modyfikowanej w Inspekcji Sanitarnej w Tarnobrzegu.

Dodatkowo w Rozporządzeniu Komisji 1981/2006/WE [38] wymieniono laboratoria referencyjne państw członkowskich, które wraz z Laboratorium Referencyjnym Unii Europejskiej ds. Genetycznie Zmodyfikowanej Żywności i Pasz (EURL-GMFF) odpowiadają za badanie i uwierzytelnianie metod wykrywania i identyfikacji GMO. Laboratoria te mają obowiązek uczestniczyć w walidacji metod GMO zgłaszanych do autoryzacji przez firmy biotechnologiczne. W Polsce, prócz wyżej wymienionych są to: Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych w Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie i Laboratorium Kontroli Genetycznie Modyfikowanych Organizmów w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB w Radzikowie.

Laboratorium Kontroli GMO w IHAR-PIB od 2004 r. należy do ENGL. Wspiera EURL-GMFF oraz dostarcza naukowych danych Komisji Europejskiej. Laboratorium Kontroli GMO wykonuje analizy materiału roślinnego obejmujące detekcję i ilościowe oznaczenie GMO, prowadzi szkolenia i konsultacje na temat organizmów zmodyfikowanych genetycznie. Realizuje projekty badawcze dotyczące: rozwoju metod jakościowego i ilościowego oznaczania GMO i ich walidacji oraz oceny przyrodniczych i ekonomicznych skutków wprowadzania odmian GMO do środowiska.

Podsumowanie

Podobnie jak w innych krajach Europy, społeczeństwo w Polsce jest podzielone co do korzyści i zagrożeń wynikających z wprowadzenia do uprawy roślin genetycznie zmodyfikowanych. Wśród naukowców przeważająca część postuluje o obiektywną ocenę ryzyka, opartą na niezależnych badaniach naukowych. Tylko 4 członków Wydziału Nauk Biologicznych i Rolniczych wstrzymało się lub było przeciwnych projektowi oficjalnego stanowiska Polskiej Akademii Nauk w sprawie organizmów zmodyfikowanych genetycznie (Uchwała nr. 2/2012 Zebrań Plenarnego II Wydziału PAN, 18. 05. 2012 r.). W dokumencie tym znalazły się następujące uzasadnienia wykorzystania współczesnej biotechnologii w rolnictwie (cyt.):

„Eksperti Komisji Europejskiej, OECD, FAO, Światowej Organizacji Zdrowia, wielu Akademii Nauk z Papieską Akademią Nauk włącznie, uważają za uzasadnione korzystanie z zalet GMO w rolnictwie..... Zmodyfikowane genetycznie rośliny uprawne przyczyniają się między innymi do: 1. zwiększenia produkcji pasz i żywności, 2. pozyskiwania produktów o lepszych walorach odżywczych i zdrowotnych, 3. zmniejszenia energochłonności i chemizacji rolnictwa, 4. wytwarzania bioenergii, biomateriałów i bioleków.”.....

„Inżynieria genetyczna, tak jak każda nowa, przełomowa technologia, jest także postrzegana jako źródło potencjalnych zagrożeń dla środowiska naturalnego i zdrowia człowieka. W Unii Europejskiej powstało szereg instytucji, między innymi *European Food Safety Authority*, których zadaniem jest kontrola żywności i pasz produkowanych z GMO, zapobieganie wszelkim niepożądanym skutkom stosowania GMO. Procedury oceny ryzyka dla nowych organizmów zmodyfikowanych genetycznie są doskonalone i uwzględniają postulaty różnych grup społecznych i obejmują szeroki zakres badań nad oddziaływaniem GMO na środowisko i zdrowie człowieka. Podobnie jest w Polsce”....

„Po 30 latach używania GMO w gospodarce i po piętnastu latach w rolnictwie brak jest sprawdzonych i potwierdzonych dowodów by miały one negatywne skutki uboczne. Dotyczy to również pasz zawierających komponenty roślin zmodyfikowanych genetycznie, takich jak kukurydza, len, soja”

– „Stworzenie racjonalnych podstaw dla rozwoju gospodarki w Polsce wymaga przyjęcia właściwych norm prawnych sprzyjających rozwojowi badań i biogospodarki. Powinna temu także towarzyszyć odpowiednia edukacja społeczna oparta na rzetelnej wiedzy, albowiem nie ma podstaw naukowych aby uznawać modyfikacje genetyczne za szkodliwe same w sobie”.

Autorzy tego artykułu, mający już ponad 10-letnie doświadczenia w pracy z GMO pragną dodać, że w dyskusjach nie można używać argumentów dotyczących organizmów zmodyfikowanych genetycznie jako „jednorodnej całości”. Ocenę ryzyka dla środowiska i zdrowia człowieka dokonuje się dla każdego zdarzenia transformacyjnego oddzielnie. Stąd w Europie jak i w Polsce zasada przezorności decyduje o tym, że w ocenie ryzyka wprowadzenia do uprawy odmian GM buraków i rzepaku bierze się pod uwagę możliwości niekontrolowanego przeniesienia transgeny na gatunki pokrewne tych roślin, a w przypadku kukurydzy jest sytuacja odmienna – na terenie Europy nie rosną gatunki pokrewne kukurydzy.

Publikacja powstała w ramach realizacji grantu Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego PBZ MNiSW 06/1/2007/2.

Literatura

1. Konwencja o różnorodności biologicznej z Rio de Janeiro 5 czerwca 1992 r., ratyfikowana przez Polskę w roku 1996 (Dz.U. z 2002 r. Nr 184, poz. 1532). http://www.mos.gov.pl/arttykul/2498_konwencja_o_roznorodnosci_biologicznej/317_konwencja_o_roznorodnosci_biologicznej.html
2. Protokół Kartageński o bezpieczeństwie biologicznym do Konwencji o różnorodności biologicznej, sporządzony w Montrealu dnia 29 stycznia. Dz.U. 2004 nr 216 poz. 2201. <http://isap.sejm.gov.pl/DetailsServlet?id=W-DU20042162201>.
3. Anioł A., Zimny J., Podyma W., Janik-Janiec B.: Krajowy Program Bezpieczeństwa Biologicznego w Polsce. Narodowy Fundusz Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej na zamówienie Ministra Środowiska 2002.
4. European Commission 2011. Debate on GMO risk assessment and management. Mimeograph, DG Health and Consumers, s. 118.
5. Hilbeck A., Moar W.J., Pusztai-Carey M., Filippini A., Bigler F.: *Toxicity of Bacillus thuringiensis Cry I Ab toxin to the predator Chrysoperla carnea (Neuroptera: Chrysopidae)*. Environmental Entomology 1998, **27**, (5), 1255-1263.
6. Dutton A., Klein H., Romeis J., Bigler F.: *Uptake of Bt-toxin by herbivores feeding on transgenic maize and consequences for the predator Chrysoperla carnea*. Ecological Entomology 2002, **27**, 441-447.
7. Hilbeck A., Jänsch S., Meier M., Römbke J.: *Analysis and validation of present ecotoxicological test methods and strategies for the risk assess, ment of genetically modified plants*. Federal Agency for Nature Conservation 2008, Bonn, Germany, s. 116, 4 Appendices.
8. Losey J.E., Rayor L.S., Carter M.E.: *Transgenic pollen harm monarch larvae*. Nature 1999, **399**, 214.
9. Hellmich R.L., Siegfried B.D. i in.: *Monarch larvae sensitivity to Bacillus thuringiensis- purified proteins and pollen*. PNAS 2001, **98**, (21), 11925-11930.
10. Hellmich R.L., Górecka J.: *Możliwości i wyzwania związane z wprowadzeniem do uprawy odmian zmodyfikowanych genetycznie odpornych na szkodniki*. Kosmos 2007, **56**, (3-4), 255-264.
11. Dively G.P., Rose R., Sears M.K., Hellmich R.L., Stanley-Horn D.E., Calvin D.D., Russo J.M., Anderson P.L.: *Effects on monarch butterfly larvae (Lepidoptera: Danaidae) after continuous exposure to CryIAb-expressing corn during anthesis*. Environ. Entomol. 2004, **33**, (4), 1116-1125.
12. Zeki S.: *The Farm Scale Evaluations of spring-sown genetically modified crops*. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B. 2003, **358**, (1439), 1913.
13. Chamberlain D.E., Fuller R.J., Bunce R.G.H., Duckworth J.C., Shrubbs M.: *Changes in the abundance of farmland birds in relation to the timing of agricultural intensification in England and Wales*. Journal of Applied Ecology 2000, **37**, 771-788.
14. Heard M.S.: *Weeds in fields with contrasting conventional and genetically modified herbicide-tolerant crops. I. Effects on abundance and diversity*. Phil. Trans. R. Soc. B, **358**, 1819-1832.
15. Haughton A.J., Champion G.T., Hawes C. i 24 dalszych autorów: *Invertebrate responses to the management of genetically modified herbicide-tolerant and conventional spring crops. II. Within-field epigeal and aerial arthropods*. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B. 2003, **358**, 1439, 1863-1878.

16. Dewar A.M., Haylock L.A., Garner B.H., Champion G.T., Pigdeon J.D., May M.J.: *Management of weeds to enhance biodiversity in GMHT sugar beet*. Materiały konferencyjne "Ecological impact of genetically modified organisms". Lleida, Catalonia, Spain, 1–3 czerwca 2005, 56.
17. Dąbrowski Z.T., Górecka J.: *Metodyka oceny ryzyka uprawy odmian zmodyfikowanych genetycznie odpornych na szkodniki*. Prog. Pl. Prot./Post. Ochr. Rośl. 2006, **46**, (1), 180–188.
18. Górecka J., Dąbrowski Z.T.: *Effects of MON 810 maize variety on tritrophic relations: Tetranychus urticae (Koch) – Phytoseiulus persimilis (Athias-Henriot)*. IOBC-WPRS Abstracts Talks. 4th EIGMO-Meeting, 14–16 May 2009, Rostock, s. 34.
19. Górecka J.: *Ocena niezamierzonych efektów uprawy odmian transgenicznych na wybrane niedocelowe gatunki stawonogów i na systemy trójtroficzne*. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Warszawa 2010, s. 170.
20. Linkiewicz A., Żurawska-Zajfert M., Dąbrowski Z.T., Sowa S.: *Ekspresja białka CryIAb w odmianach kukurydzy typu MON810 w Polsce – wpływ na organizmy niedocelowe: mszycę zbożową (Sitobion avenae F.) i mszycę czeremcho-zbożową (Rhopalosiphum padi L.)*. Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin 2009, **252**, 263–274.
21. Romeis J., Hellmich R.L., Candolfi M.P., Carstens K., De Schrijver A., Gatehouse A.M.R., Heran R.A., Huesing J.E., McLean M.A., Raybould A., Shelton A.M., Waggoner A.: *Recommendations for the design of laboratory studies on non-target arthropods for risk assessment of genetically engineered plants*. Transgenic Res. 2011, **20**, 1–22.
22. Twardowski J.P., Beres P., Hurej M., Klukowski Z.: *Ground beetles (Col., Carabidae) in Bt-maize – preliminary results from the first large scale field experiment in Poland*. IOBC wprs Bulletin 2010, **52**, 97–102.
23. James C.: *Executive summary*. Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2010. ISAAA Brief 42 2010 <<http://www.isaaa.org>>.
24. Tekiel A., Gabarkiewicz R.: *Reduction of mycotoxin threats to mammals and birds through the cultivation of Bt maize cultivars in Poland*. IOBC wprs Bulletin 2008, **33**, 111–116.
25. Beres P.K.: *Odmiany kukurydzy GM z genami Bacillus thuringiensis i ich wpływ na omacnicę prosowiankę (Ostrinia nubilalis Hbn.) w świetle badań prowadzonych w Polsce*. Kosmos 2007, **56**, (3–4), 293–300.
26. May M.: *Economic consequence for UK farms of growing GM herbicide tolerant sugar beet*. Ann. Appl. Biol. 2003, **142**, 41–48.
27. Champion G.T., May M.J., Benne T.S. i 15 dalszych autorów: *Crop management and agronomic context of thre Farm Scale Evaluation of genetically modified herbicide-tolerant crops*. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B. 2003, **358**, 1801–1818.
28. Brookers G., Anioł A.: *Wpływ użytkowania roślin genetycznie zmodyfikowanych na produkcję roślinną w gospodarstwach rolnych w Polsce*. Biotechnologia 2005, **1**, 7–45.
29. Dyrektywa Parlamentu Europejskiego i Rady 2001/18/WE z dnia 12 marca 2001 r. w sprawie zamierzonego uwalniania do środowiska organizmów zmodyfikowanych.
30. European Food Safety Authority (EFSA) 2010. *Guidance on the Environmental Risk Assessment of Genetically Modified Plants*. EFSA Journal 2010; 8(11):1879: 111 ss.
31. European Food Safety Authority (EFSA) 2009. *EFSA and GMO Risk Assessment for Human and Animal Health and the Environment*. EFSA Meeting Summary Report 4: 203 ss.
32. Hilbeck A., Jänsch S., Meier M., Römbke J.: *Analysis and validation of present ecotoxicological test methods and strategies for the risk assessment of genetically modified plants*. Federal Agency for Nature Conservation 2008, Bonn, Germany, 116 ss., 4 Appendices.
33. Rozporządzenie (WE) nr 1829/2003 Parlamentu Europejskiego i Rady z dnia 22 września 2003 r. w sprawie genetycznie zmodyfikowanej żywności i paszy. Tekst mający znaczenie dla EOG. Dziennik Urzędowy L 268, 18/10/2003 P. 0001–0023. Polskie wydanie specjalne Rozdział 13, Tom 32, P. 432–454.
34. Rozporządzenie (WE) nr 1830/2003 Parlamentu Europejskiego i Rady z dnia 22 września 2003 r. dotyczące możliwości śledzenia i etykietowania organizmów zmodyfikowanych genetycznie oraz możliwości śledzenia żywności i produktów paszowych wyprodukowanych z organizmów zmodyfikowanych genetycznie i zmieniające dyrektywę 2001/18/WE. Dziennik Urzędowy L 268, 18/10/2003 P. 0024–0028. Polskie wydanie specjalne Rozdział 13, Tom 32, P. 455–459.
35. Morisset D., Stebih D., Cankar K., Zel J., Gruden K.: *Alternative DNA amplification methods to PCR and their application in GMO detection: a review*. European Food Research and Technology 2008, **227**, 1287–1297.
36. Linkiewicz A., Wiśniewska I., Sowa S.: *Molekularne metody wykrywania i identyfikacji organizmów genetycznie zmodyfikowanych (GMO)*. Biotechnologia 2006, **3**, (74), 44–53.
37. Rozporządzenie (WE) nr 882/2004 Parlamentu Europejskiego i Rady z dnia 29 kwietnia 2004 r. w sprawie kontroli urzędowych przeprowadzanych w celu sprawdzenia zgodności z prawem paszowym i żywnościowym oraz regulami dotyczącymi zdrowia zwierząt i dobrostanu zwierząt. Dziennik Urzędowy Unii Europejskiej.
38. Rozporządzenie Komisji (WE) nr 1981/2006 z dnia 22 grudnia 2006 r. ustalające szczegółowe zasady wykonania przepisów art. 32 rozporządzenia (WE) nr 1829/2003 Parlamentu Europejskiego i Rady w odniesieniu do wspólnotowego laboratorium referencyjnego dla organizmów zmodyfikowanych genetycznie.

Dr Anna LINKIEWICZ jest absolwentką Wydziału Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie; specjalizacja biotechnologia roślin. Jest doktorem nauk rolniczych. W latach 2001–2003 odbywała staż na Uniwersytecie Kalifornijskim w Davis, USA (projekt: Structure and Function of the Expressed Portion of Wheat Genomem). W latach 2003–2004 pracowała jako adiunkt w Samodzielnej Pracowni Kultury Tkankowych Transformacji w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie. Od 2004 r. kierownik naukowy akredytowanego Laboratorium Kontroli Genetycznie Modyfikowanych Organizmów (IHAR, Radzików). Koordynator oraz wykonawca projektów krajowych i europejskich dotyczących GMO i ich wpływu na środowisko. Wykładowca w wielu szkoleniach i konferencjach dotyczących GMO i biotechnologii roślin. Odznaczona przez Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi honorową odznaką „Zasłużony dla rolnictwa”.
Tel.: (22) 733 45 17, e-mail: a.linkiewicz@ihar.edu.pl

Prof. dr hab. Zbigniew T. DĄBROWSKI jest kierownikiem Katedry Entomologii Stosowanej SGGW w Warszawie. W latach 1969–1970 odbył staż w Katedrze Entomologii Uniwersytetu Kentucky w Lexington, USA. W 1979 r. został kierownikiem międzynarodowego zespołu, który opracował metody selekcji i badań nad mechanizmami odporności kukurydzy, sorga i wigny na szkodniki (program: Podstawy Odporności Roślin na Szkodniki; Międzynarodowe Centrum Fizjologii i Ekologii Owadów, ICIPE, Nairobi, Kenia). W latach 1993–1997 pracował w Międzynarodowym Instytucie Rolnictwa Tropikalnego (IITA, Ibadan, Nigeria) i pełnił funkcję eksperta FAO (Główny Doradca Rządu Sudanu – Program: Integrowana Ochrona Warzyw, Pszenicy i Bawełny, Wad Medani, Gezira, Sudan). Był konsultantem programów odpornościowych w Togo, Kamerunie, Zimbabwie, Zairze, Kenii. Od 2002 r. prowadzi w Polsce badania nad oddziaływaniem roślin GM na środowisko (szklarniowe i polowe we współpracy z IHAR, Radzików). Jest autorem podręcznika i ponad 200 publikacji. Obecnie pełni funkcję Przewodniczącego Komitetu Ochrony Roślin PAN.

Dr Sławomir SOWA jest absolwentem Wydziału Rolniczego Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie. W latach 1996–1997 stypendysta DAAD – Uniwersytet w Hamburgu. Kierownik krajowego referencyjnego Laboratorium Kontroli GMO. Członek Komitetu Sterującego Europejskiej Sieci Laboratoriów GMO (ENGL) działającej przy Komisji Europejskiej we Wspólnotowym Centrum Badawczym. Krajowy ekspert „Sieci GMO EFSA” Europejskiego Urzędu do Spraw Bezpieczeństwa Żywności. Członek komitetu technicznego ds. biotechnologii Polskiego Komitetu Normalizacyjnego. Członek Komitetu Biotechnologii PAN. Nagrodzony w 2011 r. odznaką honorową „Zasłużony dla rolnictwa”, a w 2012 r. nagrodą Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi.