基因轉殖作物監測體系之研究

沈翰祖[1]、郭寶錚[2]

1.種苗改良繁殖場副研究員、2.國立中興大學農藝學系教授

關鍵字：基因轉殖作物(GM crop)、地理資訊系統(Geographic Information System, GIS)、共存(Coexistence)

前言

根據 2011 年之 ISAAA（International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications）統計資料，全世界種植基因轉殖作物（Genetically Modified Crops, 簡稱 GM 作物）之面積已達 1 億 6 千萬公頃，主要栽培之作物依序為大豆、玉米、棉花、油菜。GM 生物及其產品對生態環境與人體健康所可能產生的衝擊，廣泛的受到世界各國關切並重視，並各自訂有 GM 生物與其產製品之相關管理法規及相關農產品建構檢測及監測平台。為落實我國 GM 作物之管理，農委會農糧署特委由種苗改良繁殖場邀集農業試驗所、桃園區農業改良場、臺南區農業改良場、花蓮區農業改良場、國立中興大學等單位，組成「基因轉殖作物檢測監測小組」，針對較可能進口而流入田間栽培之基因轉殖作物，包括大豆、玉米、水稻、馬鈴薯、油菜及木瓜等作物，由相關試驗研究單位研發取樣及檢監測技術，並配合主管機關進行監測，以維護國內生態環境與消費者之安全。

雖然我國目前尚未有任何 GM 作物可合法種植於開放的田間，但在未來的狀態尚未可知，因此為及早因應 GM 作物釋出後對傳統農業產生可能的衝擊，並維護農業之永續發展，我國農業研究單位宜加速針對 GM 與非 GM 作物之共存(co-existence)栽培體系，引進並研究相關監測與管理所需技術及資訊，以供我國進行相關規範之前置研究，本文以玉米與大豆為標的，蒐集其花粉飄散相關研究資料，並建立玉米大豆標準化取樣模式，進而利用地理資訊系統(Geographic Information System, GIS)建立 GM 作物之監測體系。

基因轉殖作物花粉飄散與共存模式

若農民在符合相關規範及保證種子純度的前提下，可自由選擇 GM、傳統或有機作物生產的形態，即多種栽培形態共同存在，簡稱為共存栽培。共存並不是一個新的議題，因為農業操作一般都是在一個開放空間下進行，不同作物及其品種間的栽植都處在共存的環境下。討論 GM 與非 GM 作物的共存，應該建立在所核准生產的 GM 作物不會對生態環境、社會經濟及人體健康產生不良影響的基礎上，例如目前歐盟考慮共存措施，主要著重於預防因為混雜所造成的經濟影響。

2004 年 4 月歐盟頒佈有關 GM 食品及飼料的 1829/2003 規則，提供了歐盟國家推行共存的法律基礎。共存代表農民在傳統、有機及 GM 作物生產當中作出選擇的一種能力。共存可藉分隔及 IP (identity preservation)系統及經由追溯(traceability)和標示規定來達成。但大部分的作物均種植在一個開放的環境中並且供應鏈間也很少是分隔的。這也就造成在生產及供應鏈中任何步驟都有可能發生非 GM 產品中偶發(adventitious)混入 GM 物質的情形。歐盟所接受經核准的 GM 物質因偶發或技術上無法避免而存在於非 GM 食品及飼料中的比例最多不能超過 0.9%。當任何由 GM 生物組成、包含 GM 生物，或產自於 GM 生物的產品，當超過門檻值時應標示。近年有關花粉飄散之研究，即希望能找到對田間作物其偶發存在的比例能維持在門檻值以下的方法。

為探討台灣未來如何建構 GM 作物共存體系，除蒐集國外 GM 玉米與自花授粉作物大豆，其花粉飄散及與傳統農業共存栽培模式研究成果外，基因轉殖作物檢測監測小組將持續進行台灣 GM 作物監測模式之建立及藉模擬 GM 玉米等作物，以建立花粉飄散模式。

GM 玉米與大豆花粉飄散模式與傳統農業之共存栽培模式

(一)玉米花粉飄散(pollen dispersal)模式與傳統農業之共存栽培模式:

花粉散佈是造成基因流動（gene flow）的主因之一，在農業及生態的領域上，學者花粉飄散距離早先的研究，主要著重在於探討種子生產的純度（Bateman, 1947a, 1947b, 1947c），以及族群遺傳結構上的改變（Dijk, 1987; Smouse*et al.*, 2001; Austerlitz and Smouse, 2001）。在流行病學方面，花粉飄散的研究，多是針對花粉過敏症發生的預測（Cundill, 1998; Pérez *et al.*,2001）。

在實際農業生產上，異交作物的花粉常藉由風力、動物作為媒介，散播到相當遠的距離，在共存管理評估的研究中，基因轉殖作物田區的花粉飄散至鄰近非基因轉殖作物田區所造成的汙染程度，是最為研究者所關心。

早期研究者使用常態分布函數描述風媒授粉植物的花粉密度（Dijk, 1987），在距離花粉來源植株為 r 之處的花粉密度：

$$\psi_r(r) = C \cdot e^{-r^2 / 2\sigma_p^2} \quad (2\text{-}1)$$

其中 C 為常數，σ_p 為花粉飄散估計參數。一般而言，風媒授粉植物的花粉密度，乃為高狹峰分布（leptokurtic distribution），此分布具有厚尾（fat tail）的特性，大部分的花粉在近距離處落下，而厚尾則描述在遠距離仍有飄散的機率。

文獻中的田間試驗對於異交率的定義不盡相同，可分成兩大類：一是以分子層面（基因）去定量，其中進行分析的樣本又因不同的收穫目的，區分為全株樣本（如飼料用青貯玉米）或純穀粒用樣本；二是利用花粉直感效應直接觀察受汙染的程度，並計算被污染之穀粒數。以歐盟標示門檻標準為例，根據這些田間試驗大部分結果可推估隔離距離大約 50 公尺內即可達到 0.9% 以下，除此之外根據這些田間試驗，GM 與非 GM 田區的相對大小也是影響異交率污染的重要因素之一，學者也建議如果單一非 GM 田區種植面積達到 5 公頃以上，則甚至可以不用任何隔離距離，基因轉殖汙染率即可達到歐盟標準 0.9%以下。

花粉飄散模式發展至今，陸續有許多學者發展出不同的實證模式（empirical model），常見的實證模式如高狹峰分布，或一些使用 negative exponential、exponential power 或 inverse power-law 等簡單的模式如下。

Reference	**Expression**	**Type**
Austerlitz *et al.*, 2004	$p_e(a;x,y) = \frac{1}{2\pi a^2}\exp\left(-\left(\frac{r}{a}\right)^2\right)$	Exponential model

Austerlitz *et al.*, 2004	$p_{ep}(a,b;x,y)=\frac{b}{2\pi a^2\Gamma(2/b)}\exp\left(-\left(\frac{r}{a}\right)^b\right)$	Exponential power
Bateman, 1947c	$\frac{F}{1-F}=\frac{ye^{-kD}}{D}$	Exponential model
Della Porta *et al.*, 2008	$f(x)=ce^{kx}$ $f(x)=cx^k$ $f(x)=c10^{k\sqrt{x}}$	Exponential Log/Log Log/square
Goggi *et al.*, 2006	$\lambda_i=e^{(\beta_0+\beta_1 d_i)}+\beta_2 W_i$	Exponential model
Gustafson *et al.*, 2006	$PMGF=AP+\left(F_{GM}P_0 10^{-\left[(0.1*\sqrt{ID})+(0.2+\sqrt{(x+BR)})\right]}\right)$	Exponential + Linear
Weekes *et al.*, 2007	$y=y_0+a\cdot\ln(x)+b\cdot\ln(x)^2$ $m=(1-y)\times\left(v/(v+w)\right)$	Empirical-statistical

(二)大豆花粉飄散(pollen dispersal)模式與傳統農業之共存栽培模式:

大部分研究結果發現在慣行栽培下，鄰行間大豆的天然異交率小於0.5%(Caviness, 1966; Chiang and Kiang, 1987; Garber and Odland, 1926; Ray et al., 2003; Woodworth, 1922)，在小於 20 cm 的相近距離時的天然異交率雖曾有報告高達6.32%但一般均小於2% (Chiang and Kiang, 1987; Cutler, 1934; Ray et al., 2003; Weber and Hanson, 1961)。Kikuchi et al. (1993)在日本的試驗顯示，鄰行間大豆的天然異交率為 0.06%，相距 14 cm 時為 0.14%，並且種在同穴的大豆其天然異交率為 0.68%。大豆基本上為自交作物，花具有易吸引昆蟲的結構(Erickson and Garment, 1979)，並且大豆花粉生命期較短，所以大豆花粉藉風力而造成異交的機率不大，並且一般藉風力散佈花粉的作物其異交率會隨距離增加而呈指數型遞減，但大豆的異交率卻常會有跳動的情形，所以可

能是由於昆蟲散佈花粉。

Weber 及 Fehr (1967) 提到大豆天然異交率取決於距離、基因型、環境及存在的昆蟲，昆蟲族群及活動對天然異交率有很大的影響。

Weber 及 Hanson (1961) 發現相鄰間的大豆異交率小於 0.5%，在近距離接觸時約為 1% 。但是不同報告間變異很大。Woodworth (1922)發現鄰行間種植大豆其天然異交率約為 0.04% 然而 Ahrent and Caviness (1994)卻發現可達 2.5%。相距 30 cm 的大豆異交率也曾高達 4.52%(Gumisiriza and Rubaihayo, 1978)。

Ray *et al*. (2003) 在兩個開花期相同的栽培種觀測到雜交率可高達 6.32 %，使 Mizuguti *et al*. (2010) 評估 GM 與非 GM 大豆之雜交率的試驗中，以調整開花期使兩者之雜交率縮減到最小。雖然只在 GM 大豆 AG6702RR 與非 GM 大豆間得到顯著的結果，其餘四個 GM 大豆則是因為樣本數不足，無法進行有效的統計分析，但是仍意味著以調整開花期降低 GM 與非 GM 大豆之雜交率是可行的。另也可藉由選擇栽培種之生長習性(無限生長型或有限生長型)降低其雜交率。

Yoshimura *et al*. (2006) 以隔離距離觀察 GM 與非 GM 大豆的四年試驗中，隔離距離為 10.5 公尺時，皆未獲得雜交後代，因此，建議 GM 與非 GM 大豆共存之隔離距離為 10 公尺。而 Mizuguti *et al*.(2010) 在 GM 與非 GM 大豆混種，隔離距離為 0 公尺時，所獲得之雜交率為 0.097 %，統計分析結果也顯示距離對雜交率有顯著的效果並呈負相關，亦即隔離距離拉大會使雜交率再降低。因此，以傳統策略，如調整開花期、設定隔離距離，確實能提供作為解決 GM 與非 GM 大豆共存的參考。

建立 GM 玉米及大豆標準化取樣及監測模式

一、田間作物母群體總數的估計：

玉米行株距：飼料玉米以 75×25 cm，青割玉米以 70×20 cm，普白玉米以 80×30 cm，糯玉米及甜玉米 70-75×25 cm 為主慣用。品種間如株高越高一般株距需放大，每公頃約 55000 株。

大豆與毛豆的慣用行株距為：作畦栽培:一畦兩行，畦寬 90 公分(畦面 60 公

分+畦溝 30 公分)，株距 7.5 公分；平畦栽培:行株距 42×7.5 公分。作畦栽培:平均每公頃約 29.6 萬株；平畦栽培:平均每公頃約 31.7 萬株。

二、取樣數及取樣點規劃：

依據不同的 GM 作物比例、可容忍之取樣誤差及上述母群體總數之估計，依據信心水準(95%)，可決定在系統取樣法中之取樣數(n)及系統取樣間隔(K)。

三、基因轉殖玉米及大豆標準化取樣：

玉米及毛豆最適取樣時期分別為輪生期及開花期前，取樣部位為上位完全展開葉，取樣大小計 24 片葉，2 重複，採系統隨機取樣法。

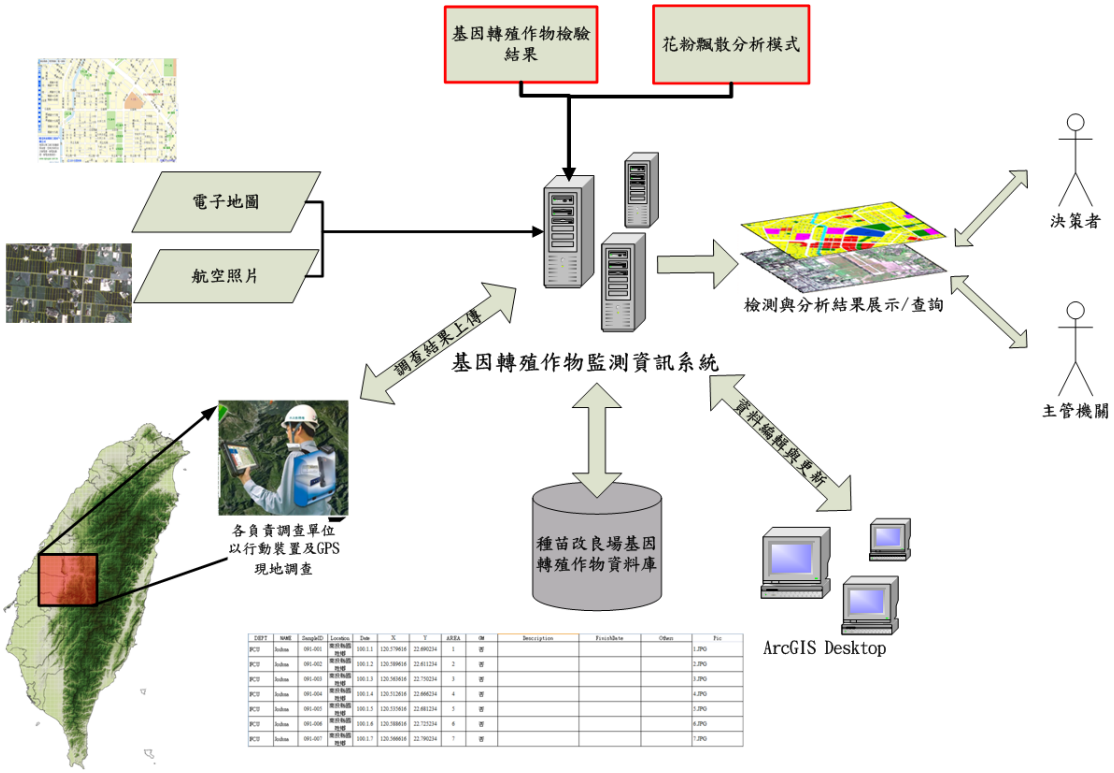
利用地理資訊系統建立基因轉殖作物監測模式

全球定位系統(Global Position System, GPS)、遙感探測(Remote Sensing, RS)與地理資訊系統(Geographic Information System, GIS)合稱為 3S 技術。GPS 扮演的角色為賦予每一項資訊參考的地理座標，記錄各項資訊的空間位置；RS 透過感測器獲取大面積的地面資訊，運用光譜資料進行種植面積的調查、作物生長情況及作物種類分佈等；GIS 在農業的應用上則是結合儲存、查詢、分析平台與展示空間資料的系統，可做為各項研究與決策支援的工具。國內 GIS 已廣泛應用於防災、製圖、都市計畫、農業資源調查等相關領域。農委會曾利用 GIS 建置稻作及敏感作物調查等系統與空間位置進行連結，並經由航照或衛星影像套疊明確表達出地理位置。

本研究針對如何運用 GIS 相關技術於 GM 與非 GM 作物之調查與監測進行規劃。過去傳統的作物調查方式為利用紙本紀錄調查點位座標，再以人工方式輸入電腦，如需要進入 GIS 將點位標記於地圖上時，則必須再進行轉檔等操作程序。但透過 GIS 協助作物調查與監測作業，可提升作業人員進行實地調查作業之效率，因此，客製化 GIS 以統一管理基因轉殖作物檢測監測小組之調查成果，嚴密監控 GM 作物之分佈，並結合花粉飄散模式進一步評估非 GM 作物受到 GM 作物之影響。

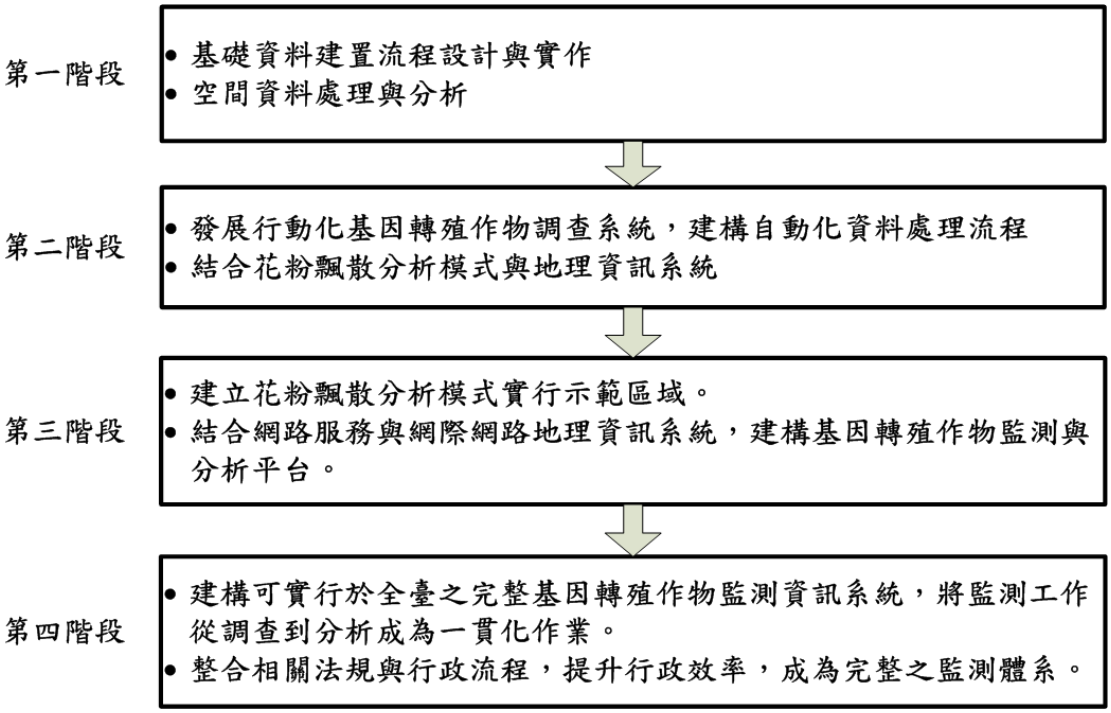
GIS 近年來受智慧型手機普及化影響，開始朝向行動化裝置發展。而智慧型手機的優點是輕便、小巧、可移動性強，有著較傳統手機更強大的運算功能，同時可搭載作業系統，且同個人電腦一般可自行安裝或移除應用程式，在無線傳輸方面，大多數都具有紅外和藍芽介面，以保證無線傳輸的便利性，Wi-Fi 連線以及 GPS 也都成為標準的配備。

因此運用 3S 技術，以服務導向架構為運作機制，發展出一套跨組織資訊整合之 GM 作物調查與監測系統，整體架構如圖四所示。以網際網路地理資訊系統平台為基礎，做為智慧型手機上傳的伺服器，而搭載 GPS 之行動裝置所調查的作物資料，可經由無線傳輸技術更新至基因轉殖作物資料庫，可搭配商用 GIS 軟體可進行作物圖資編輯，而平台可依照需求提供主管機關與決策者進行花粉飄散模式分析、資料查詢、圖資展示與製圖等功能。



圖四、基因轉殖作物監測系統整體架構圖

GM 作物監測系統分四個階段來執行(如圖五所示)，以循序漸近的方式逐步建立，第一階段以基礎資料建構流程的訂定與資料庫之建置為主，同時搭配地理資訊系統基礎理論訓練，強化空間資料處理與分析能力。第二階段以建構自動化資料處理流程為目標，並結合花粉飄散分析模式與 GIS。第三階段將建立花粉飄散分析模式示範區域，並結合網際網路 GIS，建置 GM 作物監測與分析之平台。第四階段目標為建立可實行於全臺的完整 GM 作物監測資訊系統，並結合相關法規與行政流程，提升行政效率，建構完整監測體系。各項細部規劃茲分述如下：



圖五、基因轉殖作物監測系統發展藍圖

一、第一階段

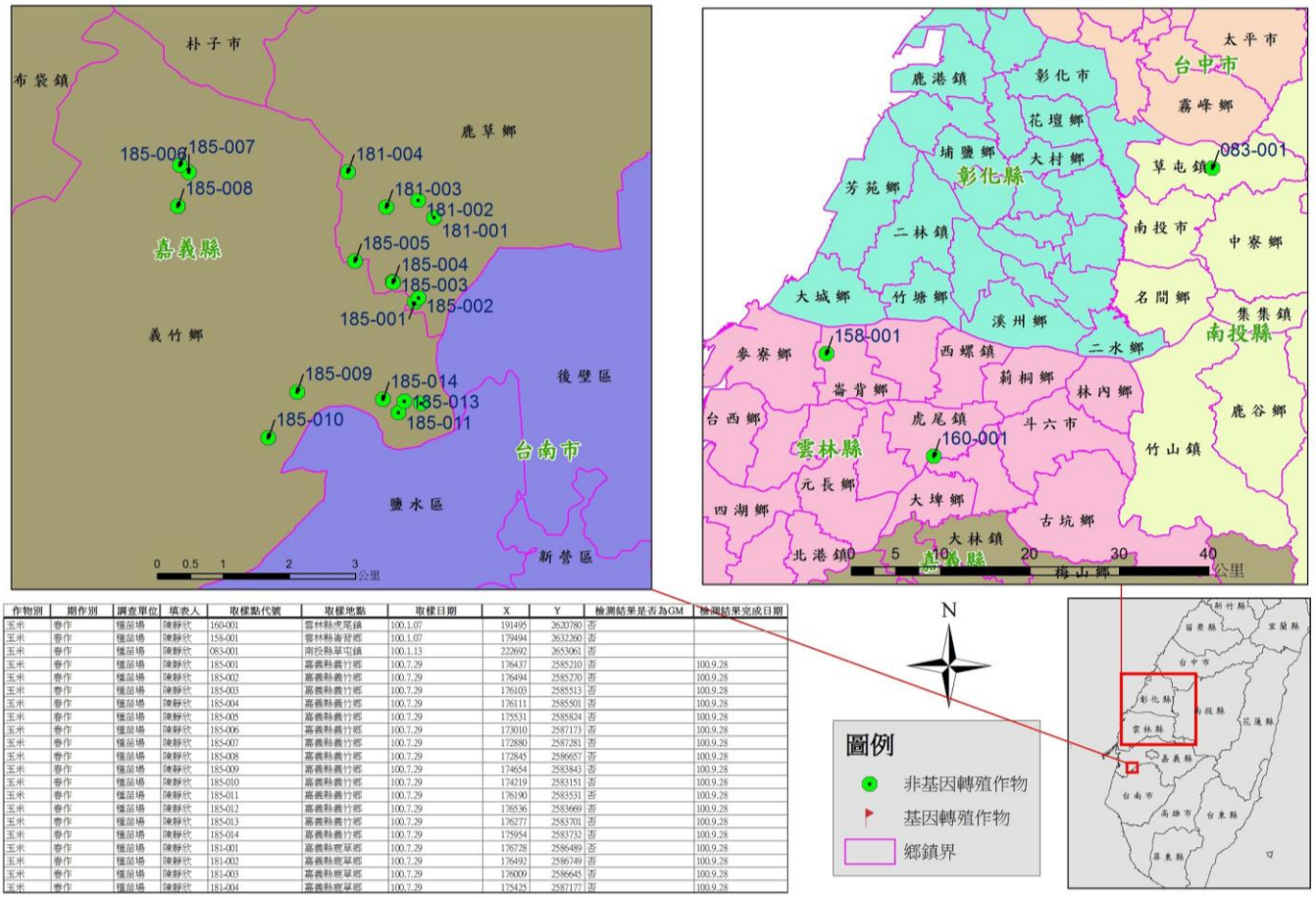
第一階段將依據 GM 作物調查檢測需求，設計 GM 作物監測資料的建置程序、空間分析、查詢、編輯與製圖等工作流程，提升監測人員於作物資料與空間資料處理與分析能力，為後續工作奠定基礎。

首先設計現場作物調查之表格（如表三所示），表中包含調查人員名稱、實際位置、點位名稱、點位坐標、是否有 GM 作物與實際照片等項目，提供調查人員記錄，以 100 年利用衛星定位(GPS)模擬調查台灣玉米、大豆栽培區資料為例，並利用 GIS 進行地圖標示如圖六、七。

另設計一套標準作業程序，將 GM 作物調查表格轉換為空間資料庫，以桌上型商用 GIS 套裝軟體為主要處理與分析工具，進行影響範圍分析、空間資訊查詢、資料修改編輯與地圖製作等工作，並舉辦教育訓練課程，以利未來監測小組人員進行實際操作，架構如圖八所示。

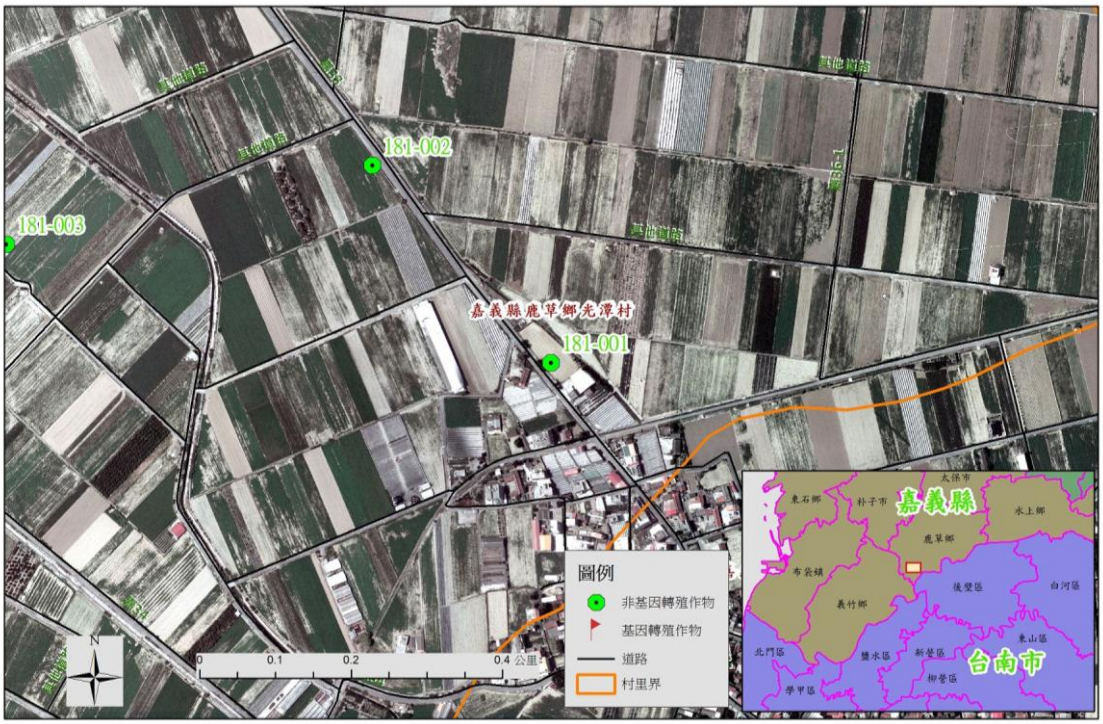
表三、基因轉殖作物調查表

DEPT	NAME	SampleID	Location	Date	X	Y	AREA	GM	Description	FinishDate	Others	Pic
FCU	Joshua	091-001	南投縣國姓鄉	100.1.1	120.579616	22.690234	1	否				1.JPG
FCU	Joshua	091-002	南投縣國姓鄉	100.1.2	120.589616	22.611234	2	否				2.JPG
FCU	Joshua	091-003	南投縣國姓鄉	100.1.3	120.563616	22.750234	3	否				3.JPG
FCU	Joshua	091-004	南投縣國姓鄉	100.1.4	120.512616	22.666234	4	否				4.JPG
FCU	Joshua	091-005	南投縣國姓鄉	100.1.5	120.535616	22.681234	5	否				5.JPG
FCU	Joshua	091-006	南投縣國姓鄉	100.1.6	120.588616	22.725234	6	否				6.JPG
FCU	Joshua	091-007	南投縣國姓鄉	100.1.7	120.566616	22.790234	7	否				7.JPG

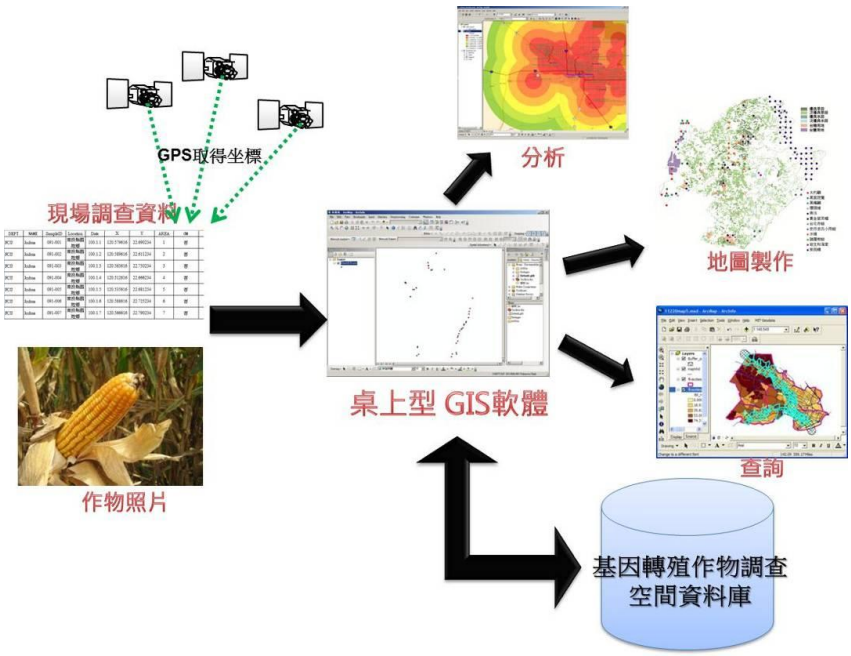


作物別	期作別	調查單位	填表人	取樣點代號	取樣地點	取樣日期	X	Y	檢測結果是否為GM	檢測結果完成日期
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	160-001	雲林縣虎尾鎮	100.1.07	191495	2620780	否	
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	158-001	雲林縣崙背鄉	100.1.07	179494	2632260	否	
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	083-001	南投縣草屯鎮	100.1.13	222692	2653061	否	
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-001	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	176437	2585210	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-002	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	176494	2585270	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-003	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	176103	2585513	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-004	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	176111	2585501	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-005	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	175531	2585824	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-006	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	173010	2587173	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-007	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	172880	2587281	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-008	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	172845	2586657	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-009	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	174654	2583843	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-010	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	174219	2583151	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-011	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	176190	2583531	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-012	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	176536	2583669	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-013	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	176277	2583701	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	185-014	嘉義縣義竹鄉	100.7.29	175954	2583732	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	181-001	嘉義縣鹿草鄉	100.7.29	176728	2586489	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	181-002	嘉義縣鹿草鄉	100.7.29	176492	2586749	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	181-003	嘉義縣鹿草鄉	100.7.29	176009	2586645	否	100.9.28
玉米	春作	種苗場	陳靜欣	181-004	嘉義縣鹿草鄉	100.7.29	175425	2587177	否	100.9.28

圖六、玉米模擬取樣點分布圖.



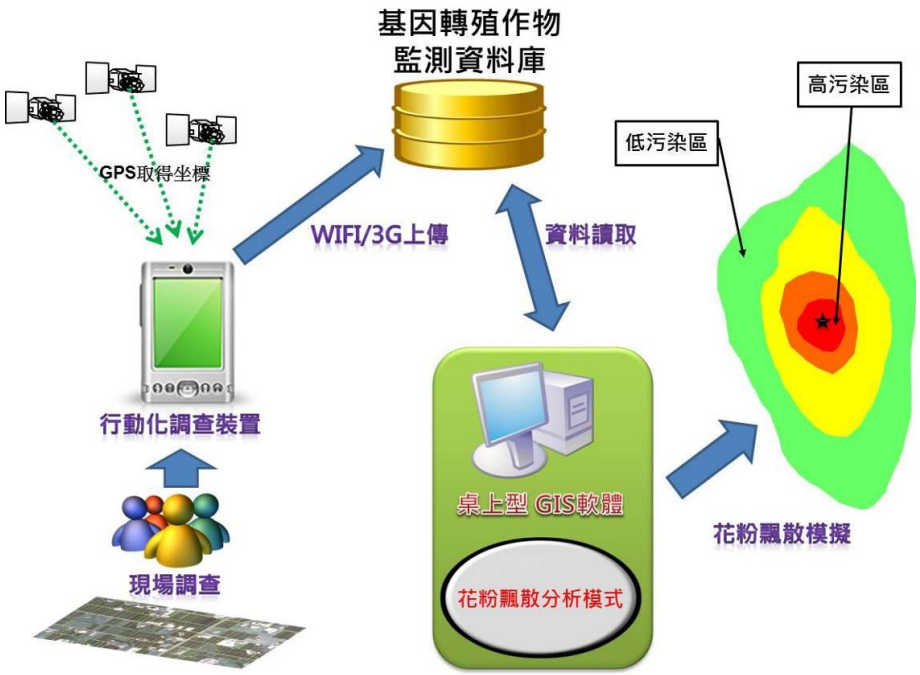
圖七、玉米模擬取樣點位圖.



圖八、基因轉殖作物監測系統第一階段架構圖

二、第二階段

第二階段將發展行動化 GM 作物調查系統，簡化現地調查至後續分析處理之流程，並結合 GIS 與花粉飄散分析模式。



圖九、行動化基因轉殖作物監測系統架構圖.

第二階段架構如圖九所示，監測人員利用行動化裝置接收 GPS 訊號獲得空間坐標、相關照片與調查概況，取代過去以紙筆記錄的方式，直接由行動裝置以無線傳輸技術(WIFI 或 3G)匯入 GM 作物監測資料庫，即可進行分析與呈現，省去繁鎖的資料輸入程序。GM 作物監測資料庫將採關聯式資料庫方式進行管理，需依實際需求進行資料表設計，設計過程需考量未來需求預留彈性調整空間，並進行整體資料庫正規化，提升資料庫管理效率。另一方面，花粉飄散分析模式將與商用 GIS 軟體進行首次整合，目前國內尚無相關整合案例。整合之目的在於利用 GIS 優勢，展示 GM 作物花粉飄散的空間變異性，以最直覺的方式呈現其影響範圍，以利後續分析應用。監測人員透過 GIS 軟體即可進行分析作業與相關研究，最後還須辦理教育訓練課程，協助監測小組人員進行實作。

三、第三階段

將建立花粉飄散分析模式示範區域，依實際飄散結果進行模式參數修正。結合網路服務與網際網路地理資訊系統，建構 GM 作物監測與分析之平台。

參數修正部分，將建立一～二個花粉飄散實驗區域，進行花粉擴散分析模式之監測與實作，再依實際狀況針對花粉飄散模式各項參數進行修正，並評估不同飄散模式之差異，做為後續利用之參考。本階段將延續前一階段成果，建置一套網際網路地理資訊系統(Web-GIS)，透過 WebGIS 使用者可於線上即時進行各項空間資訊查詢、處理與分析，WebGIS 圖資將以全國電子地圖做為底圖，並可透過網路服務(Web Service)連接農糧署現有航空照片，輔助資料分析與判讀。花粉飄散模式所需利用的氣象資料，經過主管機關許可後也可即時介接氣象局資料庫，取得溫度、溼度、降水量、日照、風速等相關氣象因子。監測小組人員可自 Web-GIS 下載各項作物資料、花粉飄散分析參數與氣象資料，進行作物花粉飄散影響範圍模擬，最後將結果上傳至平台，由 Web-GIS 平台進行各項資料套疊、分析與共享。同時 Web-GIS 將以帳號控管，使用者需登入後才可存取與分析各項資料，如圖十所示。

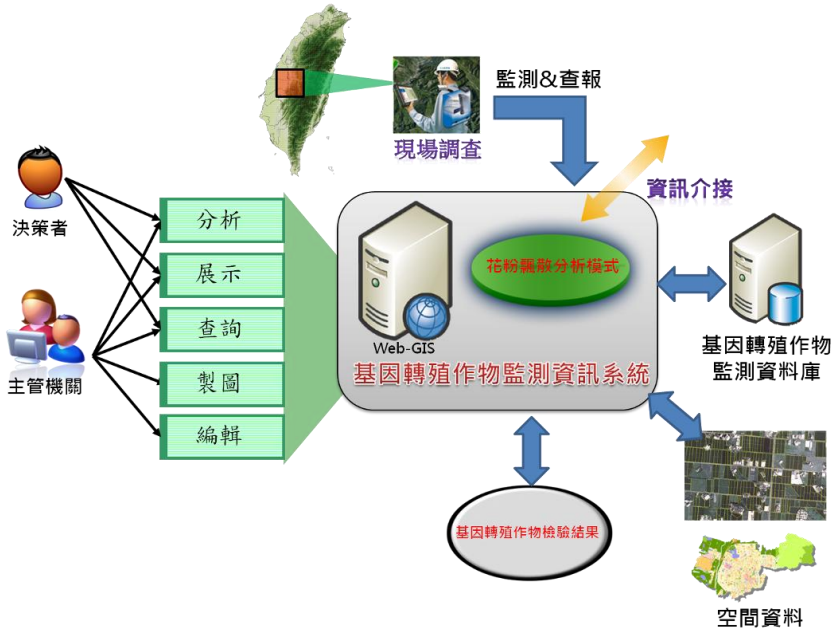


圖十、基因轉殖作物監測系統第三階段架構圖.

四、第四階段

本階段將整合前三階段之成果，使監測工作由調查到分析成為一貫化作業，將原本由商業軟體分析模式直接移殖到 Web-GIS 上獨立運作，減少對套裝軟體之依賴。於監測系統中整合相關法規與行政流程，提升 GM 作物於檢舉、查報、監測、預警與處理等各項業務之效率及應變能力。

將原本由以商業軟體為基礎建構之分析模式移殖至 Web-GIS 中，作物監測結果經由手持行動裝置上傳至平台後，監測人員透過該平台直接於線上即可執行分析、查詢、展示、製圖等相關功能，免除使用套裝軟體分析之程序，可獨立運作（如圖十一所示），降低對商用套裝軟體之依賴，可節省未來於商用套裝軟體更新與升級之費用。本階段將建置可實行全臺的完整 GM 作物監測系統，除建置完整的作物監測功能與花粉飄散分析功能外，可同時配合相關的 GM 作物管理法規與行政流程，在系統中建置相關管理與決策支援功能，強化各項業務之效率與應變能力，系統建置完成後將定期舉辦教育訓練，發揮系統建置效益。



圖十一、基因轉殖作物監測系統第四階段細部規劃圖.

結論

近年來隨著基因工程技術的發展，研究人員利用日新月異的技術，將生物體之基因組進行人為操作與修改，進而提供傳統育種中無法突破之物種間基因交流的新途徑；而在現今農業或醫學的領域中，許多基因工程產製品如雨後春筍般的被開發，但卻也伴隨著許多未知的影響及疑慮，例如對於生態環境平衡的衝擊，以及 GM 產品在食用上的安全性疑慮等等。因此，為確保 GM 作物與非 GM 作物共存栽培的安全無虞，以及農民與消費者在種植與選購時，可清楚的知道是否含有 GM 成分，監測並預測 GM 作物之基因流動趨勢及範圍則是現今亟需重視與執行的重要課題。

參考文獻

1. Ahrent, D. K. and C. E. Caviness. (1994) Natural cross pollination of twelve soybean cultivars in Arkansas. Crop Sci. 34: 376–378.
2. Austerlitz, F. and P. E. Smouse. (2001) Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. II. relation between pollen dispersal and interfemale distance. Genet. 157:851-857.
3. Bateman, A. J. (1947a) Contamination in Seed Crops. I. Insect Pollination. J Genet . 48:257-275.
4. Bateman, A. J. (1947b) Contamination in Seed Crops. II. Wind Pollination. Heredity. 1:235-246.
5. Bateman, A. J. (1947c) Contamination in Seed Crops. III. Relation with isolation distance. Heredity 1:303-336.
6. Caviness, C.E. (1966) Estimates of natural cross pollination in Jackson soybeans in Arkansas. Crop Sci. 34: 376−378.
7. Chiang, Y. C. and Y. T. Kiang. (1987) Geometric position of genotypes, honeybee foraging patterns and outcrossing in soybean, Bot. Bull. Acad. Sinica 28: 1−11.
8. Cundill, P. (1998) A study of the transport and deposition of oilseed rape (*Brassica napus* L.) pollen in east Fife, Scotland. Aerobiologia. 14:5-11.

9. Cutler, G. H. 1934. A simple method for making soybean hybrids. J. Am. Soc. Agron. 26: 252−254.

10. Della Porta, G., D. Ederle, L. Bucchini, M. Prandi, A. Verderio and C. Pozzi. 2008. Maize pollen mediated gene flow in the Po Valley (Italy): source-recipient distance and effect of flowering time. Eur. J. Agron. 28:255-265.

11. Dijk, H. V. (1987) A method for the estimation of gene flow parameters from a population structure caused by restricted gene flow and genetic drift. Theor. Appl. Genet. 73:724-736.

12. Erickson, E.H. and M. B. Garment. (1979) Soya-bean flowers: nectary ultrastructure, nectar guides, and orientation on the flower by foraging honeybees. J. Apic. Res. 18: 3−11.

13. Garber, G. J. and T. E. Odland. (1926) Natural crossing in soybean. Am. Soc. Agron. J. 18: 967−970.

14. Goggi, A.S., P. Caragea, H. Lopez-Sanchez, M.Westgate, R. Arritt and C. Clark (2006) Statistical analysis of outcrossing between adjacent maize grain production fields. Field Crops Res. 99:147-157.

15. Gumisiriza, G. and P. R.Rubaihayo. (1978) Factors that influence outcrossing in soybean. Acker-und Pflanzenbau. J. Agron Crop Sci. 147: 129–133.

16. Gustafson, D. I., I. O. Brants, M. J. Horak, K. M. Remund, E. W. Rosenbaum and J. K. Soteres. 2006. Empirical modeling of genetically modified maize grain production practices to achieve European Union labeling thresholds. Crop Sci. 46:2133-2140.

17. Kikuchi, A., K. Murata, K. Tabuchi and S, Sakai. (1993) Inheritance of seed embryo color and investigation of degree of natural cross-pollination in soybeans. Breeding Sci. 43 (Suppl. 2): 112.

18. Mizuguti, A., K. Ohigashi, Y. Yoshimura, A. Kaga, Y. Kuroda and K. Matsuo. (2010) Hybridization between GM soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) and wild soybean

(*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) under field conditions in Japan. Environ. Biosafety Res.9:13-23.

19. Pérez, C. F., J. M. Gardiol and M. M. Paez. (2001) Comparison of intradiurnal variation of airborne pollen in Mar del Plata (Argentina). Part I. Non-arboreal pollen. Aerobiologia. 17:151-163.
20. Ray, J. D., T. C. Kilen, C. A. Abel and R. L. Paris. (2003) Soybean natural cross-pollination rates under field conditions. Environ. Biosafety Res. 2: 133−138.
21. Smouse, P. E., R. J. Dyer, R. D. Westfall and V. L. Sork. (2001) Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. I. Male gamete heterogeneity among females. Evolution 55:260-271.
22. Weber, C.R. and W. D. Hanson. (1961) Natural hybridization with and without ionizing radiation in soybeans. Crop Sci. 1: 389−392.
23. Weber, C.R. and W. R. Fehr. (1967) Effect of hybridization and thermal neutron irradiation on quantitative characters of soybeans. Crop Sci. 7: 78.
24. Weekes, R., T. Allnutt, C. Boffey, S. Morgan, M. Bilton, R. Daniels and H. Christine. 2007. A study of crop-to-crop gene flow using farm scale sites of fodder maize (*Zea mays* L.) in the UK. Transgenic Res. 16: 203-211.
25. Woodworth, C. M. (1922) The extent of natural cross-pollination in soybeans. J. Amer. Soc. Agron. 14: 278−283.
26. Yoshimura, Y., K. Matsuo and K. Yasuda. (2006) Gene flow from GM glyphosate-tolerant to conventional soybeans under field conditions in Japan. Environ. Biosafety Res.5:169-173.