

生物多様性影響評価検討会における検討の結果

名称：青紫色ファレノプシス

(*CcF3'5'H*, *Phalaenopsis* Wedding Promenade) (311NR)

第一種使用等の内容：

観賞の用に供するための使用、栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為

申請者：石原産業株式会社

農作物分科会は、申請者から提出された生物多様性影響評価書に基づき、第一種使用規程に従って本組換えファレノプシスの第一種使用等をする場合の生物多様性影響に関する申請者による評価の内容について検討を行った。主に確認した事項は以下のとおりである。

1 生物多様性影響評価の結果について

本組換えファレノプシスは、バイナリーベクター-pBI121 をもとに構築されたプラスミド pBIH-35S-CcF3'5'H の T-DNA 領域をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

本組換えファレノプシスは、ツユクサ (*Commelina communis* L.) 由来のフラボノイド 3', 5' - 水酸化酵素をコードする *CcF3'5'H* 遺伝子及び大腸菌 (*Escherichia coli*) 由来のハイグロマイシン B リン酸基転移酵素をコードする *HPT* 遺伝子の発現カセットが染色体上に 1 コピー組み込まれていることがサザンブロット解析及び塩基配列解析により、複数世代にわたり安定して伝達していることがサザンブロット解析により確認されている。

また、目的の遺伝子が複数世代にわたり安定して発現していることが目視による花色の観察及び組織培養時の抗生物質耐性により確認されている。

(1) 競合における優位性

ファレノプシスの園芸品種は、国内においても 100 年以上栽培されてきた歴史があるが、これまでに野外に逸出して自然条件下で定着したとの報告はない。

競合における優位性に係る諸形質のうち、生育特性については、特定網室での栽培において、植物体の長さ、花序 1 本当りの花数、花の横径及び縦径に、宿主と本組換えファレノプシスとの間で有意な差が認められた。また、隔離ほ場での栽培において、植物体の長さ、花序の数、最大葉の大きさ、花の横径に有意な差が見られた。ファレノプシスの園芸品種は組織培養によるクローン苗の生産の際に体細胞培養変異に基づく変異が生じ易く、また、ファレノプシスの形質転換の際には高濃度の植物ホルモンを使用して長期間培養しており、これらの相違は、培養変異によっ

て生じた可能性が高い。しかしながら、これらの相違は周辺の野生動植物の生育に係るような重大な形質ではないと考えられた。

隔離ほ場で実施した幼苗の越夏性試験において、宿主と本組換えファレノプシス間で有意な差が認められたが、本組換えファレノプシスがより高温に脆弱であり、競合における優位性を示す形質であることはないと考えられた。

生殖・繁殖特性に関する調査において、特定網室及び隔離ほ場で育生した本組換えファレノプシスでは、宿主と同様に全ての花に、花粉塊は2個ずつ存在し、大きさにも有意な差は認められなかった。また、特定網室で育成した本組換えファレノプシスと宿主との間に、正常な大きさ及び形態を保持していると判定された花粉の割合及び花粉四分子の大きさに有意な差は認められなかった。

本組換えファレノプシスは、花卉においてデルフィニジンを生成し、花色が変化しており、訪花昆虫相に影響することが考えられる。しかし、国内においては、園芸品種のファレノプシスへの訪花昆虫はほとんど認められず、実際に隔離ほ場において調査したが、本組換えファレノプシスへ訪花する昆虫は観察されなかった。したがって、本組換えファレノプシスの花色の変化によって、生物多様性に影響を与えるような訪花昆虫相の変化が起こる可能性は極めて低いと考えられる。

また、本組換えファレノプシスは、ハイグロマイシン B 耐性を有するが、ハイグロマイシン B の散布が想定されない自然環境下において、この形質が競合における優位な形質であるとはないと考えられた。

以上のことから、本組換えファレノプシスが競合における優位性に起因して生物多様性影響が生じるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(2) 有害物質の産生性

ファレノプシスの園芸品種は、国内においても 100 年以上栽培されてきた歴史があるが、我が国を含めて園芸品種が周辺の野生動植物等の生育や生息に影響を及ぼす物質を生産するという報告はない。

また、導入した遺伝子によって本組換えファレノプシスが新たに産生しているフラボノイド 3', 5' - 水酸化酵素及びハイグロマイシン B リン酸基転移酵素並びにこれらの遺伝子の導入によるデルフィニジン、ミリセチン、トリセチン、ジヒドロミリセチン等の産物が有害であるという報告はない。

実際に、特定網室において本組換えファレノプシスを含む植物の鋤き込み試験を行ったが、レタス種子の発芽率並びに実生の新鮮重量について、宿主との間で統計学的有意差は認められなかった。また、プラントボックス法で、本組換えファレノプシスの根から産生される物質がレタス実生の根の生育に与える影響を調査したが、宿主との間で統計学的有意差は認められなかった。また、隔離ほ場において、本組換えファレノプシスの植物組織の鋤き込み試験、栽培土壌(ミズゴケ)の鋤き込み試験及び栽培土壌中の微生物相の調査を行ったが、何れの項目においても、宿主及び本組換えファレノプシス間で統計学的有意差はなかった。

また、本組換えファレノプシスが産生するツユクサ フラボノイド 3', 5' - 水酸化酵素及びハイグロマイシン B リン酸基転移酵素は、アミノ酸配列の相同性検索の

結果、既知のアレルゲンと構造的に類似性のある配列を持たないことが確認されている。

以上のことから、本組換えファレノプシスは有害物質の産生性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(3) 交雑性

稔性のあるファレノプシス園芸品種はラン科の近縁野生種と交雑可能であり、日本に自生する近縁野生種 13 種を、影響を受ける可能性のある野生動植物として特定した。

宿主及び本組換えファレノプシスでは花粉塊の存在が認められた。しかしながら、宿主及び本組換えファレノプシス共に 3 倍体であり、花粉の核 DNA の分析や花粉管発芽・伸長試験から花粉稔性が極めて低いことが示唆され、また、近縁野生種との人為的交配を行ったが、充実した種子は全く得られなかった。また、国内においてファレノプシス園芸品種の花粉を媒介する昆虫について報告がないこと、隔離ほ場において、宿主及び本組換えファレノプシスへ訪花する昆虫が観察されなかったこと、実験室において、人為的に誘引して本組換えファレノプシスへ訪花させたトラマルハナバチへ花粉塊が付着しなかったこと、花粉塊であるため風による飛散は想定されないことから、花粉が拡散する可能性は極めて低い。さらに、自然条件下において園芸品種と国内に自生する近縁野生種が交雑した事例は報告されていないことから、本組換えファレノプシスと近縁野生種が自然条件下で交雑する可能性はないと考えられた。

以上のことから、本組換えファレノプシスが交雑性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、本組換えファレノプシスを第一種使用規程に従って使用した場合に、我が国における生物多様性に影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価書の結論は妥当であると判断した。

生物多様性影響評価検討会における検討の結果

名称：除草剤グルホシネート耐性及び雄性不稔セイヨウナタネ
(改変 *bar*, 改変 *barnase*, *barstar*, *Brassica napus* L.)
(MS11, OECD UI:BCS-BNØ-12-7)

第一種使用等の内容：

食用又は飼料用に供するための使用、栽培、加工、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為

申請者：BASF ジャパン株式会社

農作物分科会は、申請者から提出された生物多様性影響評価書に基づき、第一種使用規程に従って本組換えセイヨウナタネの第一種使用等をする場合の生物多様性影響に関する申請者による評価の内容について検討を行った。主に確認した事項は以下のとおりである。

1 生物多様性影響評価の結果について

本組換えセイヨウナタネは、大腸菌由来のプラスミド pGSC1700 をもとに構築されたプラスミド pTCO113 の T-DNA 領域をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

本組換えセイヨウナタネは、*Streptomyces hygroscopicus* 由来のホスフィノスリシン・アセチル基転移酵素 (改変 PAT 蛋白質) をコードする改変 *bar* 遺伝子、*Bacillus amyloliquefaciens* 由来のリボヌクレアーゼ (改変 BARNASE 蛋白質) をコードする改変 *barnase* 遺伝子及び *B. amyloliquefaciens* 由来のリボヌクレアーゼ阻害物質 (BARSTAR 蛋白質) をコードする *barstar* 遺伝子の発現カセットを含む T-DNA 領域が染色体上に組み込まれていることが遺伝子の分離様式により、1 コピー組み込まれていること及び複数世代にわたり安定して伝達していることがサザンブロット解析により確認されている。

また、目的の遺伝子が複数世代にわたり安定して発現していることが、PAT 蛋白質については ELISA 法により、改変 BARNASE 蛋白質については、薬の形態の比較により確認されている。BARSTAR 蛋白質については、ELISA 法により茎伸長期の根及び開花初期の植物体、根及び花序において微量の発現が確認されている。

(1) 競合における優位性

セイヨウナタネは我が国において長期にわたる栽培等の経験があるが、自然環境下において雑草化した例は報告されていない。

本組換えセイヨウナタネと対照の非組換えセイヨウナタネとの間で競合における優位性に関わる形質として、形態及び生育の特性、生育初期における低温耐性、

成体の越冬性、種子の生産量、脱粒性、休眠性及び収穫種子の発芽率を、2018年にわが国の隔離ほ場において調査した。本試験では、人為的に非組換えセイヨウナタネの花と本組換えセイヨウナタネの花を接触させることで受粉機会の確保を試みたが、本組換えセイヨウナタネの一株子実収量は非組換えセイヨウナタネと比べ統計学的に有意に低くなり、主茎着花数及び千粒重においては本組換えセイヨウナタネの値が統計学的に有意に高かった。主茎着花数と千粒重に見られた有意差は、受粉頻度の低さに起因した植物に一般的にみられる生理的現象であり、導入遺伝子の特性によるものでないと考えられる。したがって、これら統計学的有意差が認められた形質における差は、雄性不稔形質に起因する生理学的現象と考えられることから、競合における優位性を高めるものではないと考えられた。

また、本組換えセイヨウナタネは除草剤グルホシネート耐性を有するが、自然環境下において除草剤が選択圧となる状況は想定し難く、この形質が競合における優位性を高めることはないと考えられた。

以上のことから、競合における優位性に起因して生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(2) 有害物質の産生性

セイヨウナタネの種子中にはヒト及び動物に有害と考えられるエルシン酸とグルコシノレートが含まれている。しかし、本組換えセイヨウナタネの宿主は、品種改良により両物質の含有量が低いカノーラ品種である。これまでにセイヨウナタネが他感物質等のような野生動植物等に影響を及ぼす有害物質を産生するという報告はない。

本組換えセイヨウナタネと対照の非組換えセイヨウナタネとの間で、有害物質の産生性の有無を土壌微生物相試験、鋤き込み試験及び後作試験により比較検討したが、何れの項目においても統計学的有意差は認められなかった。

また、本組換えセイヨウナタネが遺伝子組換えにより新たに発現する改変 PAT 蛋白質、改変 BARNASE 蛋白質及び BARSTAR 蛋白質が有害物質であるとの報告はなく、既知のアレルゲンとの相同性も認められなかった。さらに、PAT 蛋白質は高い基質特異性を有し、BARNASE 蛋白質はリボヌクレアーゼ活性を有し RNA を分解するが、それ以外の基質に対する活性を有するという報告はない。また、BARSTAR 蛋白質は BARNASE 蛋白質と特異的に非共有結合する。これらのことから、導入された蛋白質が宿主の代謝経路に影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。

以上のことから、本組換えセイヨウナタネは有害物質の産生性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(3) 交雑性

我が国において、セイヨウナタネと交雑可能な我が国在来の近縁野生種は自生していないため、交雑性に起因する生物多様性影響を受ける可能性のある野生動植物は特定されなかった。

以上のことから、本組換えセイヨウナタネが交雑性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(4) その他の性質

我が国に自生するセイヨウナタネの交雑可能な外来近縁種として、*B. rapa*、*B. juncea*、*B. nigra*、*Hirschfeldia incana*、*Raphanus raphanistrum* 及び *Sinapis arvensis* が挙げられる。本組換えセイヨウナタネと我が国に自生するセイヨウナタネ及び外来近縁種が交雑した場合、以下の(ア)(イ)が考えられる。

- (ア) 雑種後代が優占化して他の野生植物種の個体群を駆逐する可能性。
- (イ) 交雑により浸透した導入遺伝子がもたらす遺伝的負荷によって近縁種の個体群が縮小し、それらに依存して生息する昆虫等の野生生物の個体群の維持に影響を及ぼす可能性。

しかしながら、(ア)については、種々の生殖的隔離障壁が存在することから、自然条件下で雑種後代が優占化して他の野生植物種の個体群を駆逐する可能性は極めて低いと判断された。(イ)については、除草剤耐性遺伝子が交雑により近縁種ゲノム中に移入したとしても遺伝的負荷にならないという報告があることから、本組換えセイヨウナタネに導入された改変 *bar* 遺伝子も同様であると考えられた。したがって、除草剤を散布することを想定しない自然環境下では、改変 *bar* 遺伝子がもたらす遺伝的負荷が交雑した近縁種の個体群の維持に影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。また、改変 *barnase* 遺伝子を獲得した植物体は雄性不稔形質を示すが、優性の雄性不稔形質を有する植物体は世代を重ねるにつれ集団内から速やかに失われることが報告されていることから、形成された雑種が優占化することは考えにくい。*barstar* 遺伝子がコードする BARSTAR 蛋白質は、BARNASE 蛋白質の阻害物質であるが、本組換えセイヨウナタネの T-DNA 領域に組み込まれた *barstar* 遺伝子は、アグロバクテリウム法での形質転換効率を上げるために組み込まれており、その発現は微量であるため、本組換えセイヨウナタネの稔性を回復する程度ではないことを表現型で確認している。これらのことから、導入遺伝子がもたらす遺伝的負荷が、交雑した我が国に自生するセイヨウナタネ及び外来近縁種の個体群の維持に影響を及ぼす可能性は低いと判断された。

以上のことから、本組換えセイヨウナタネ及び近縁種との交雑性に起因する間接的な生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、本組換えセイヨウナタネを第一種使用規程に従って使用した場合に、我が国における生物多様性に影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価書の結論は妥当であると判断した。

生物多様性影響評価検討会における検討の結果

名称：除草剤グルホシネート耐性及び稔性回復性カラシナ
(改変 *bar*, *barstar*, *Brassica juncea* (L.) Czern.)
(RF3, OECD UI: ACS-BN003-6)

第一種使用等の内容：

隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為

申請者：BASF ジャパン株式会社

農作物分科会は、申請者から提出された生物多様性影響評価書に基づき、第一種使用規程に従って本組換えカラシナの第一種使用等をする場合の生物多様性影響に関する申請者による評価の内容について検討を行った。主に確認した事項は以下のとおりである。

1 生物多様性影響評価の結果について

本組換えカラシナは、組換えセイヨウナタネ RF3 に導入されている改変 *bar* 遺伝子及び *barstar* 遺伝子を、戻し交雑育種によりカラシナに導入することにより作出されている。組換えセイヨウナタネ RF3 は、大腸菌由来のプラスミド pGSV1 をもとに構築されたプラスミド pTHW118 の T-DNA 領域をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

本組換えカラシナ作出に用いられた組換えセイヨウナタネ RF3 には、*Streptomyces hygroscopicus* 由来のホスフィノスリシン・アセチル基転移酵素 (改変 PAT 蛋白質) をコードする改変 *bar* 遺伝子及び *Bacillus amyloliquefaciens* 由来のリボヌクレアーゼ阻害物質 (BARSTAR 蛋白質) をコードする *barstar* 遺伝子の発現カセットを含む T-DNA 領域のそれぞれ欠失のある 2 コピーが隣接して逆向きに組み込まれていることが PCR 法及び DNA シークエンス解析により、染色体上に組み込まれていることが遺伝子の分離様式により、複数世代にわたり安定して伝達していることがサザンブロット解析により確認されている。

また、本組換えカラシナが、組換えセイヨウナタネ RF3 に導入された同一の遺伝子を有していることが DNA シークエンス解析及びサザンブロット分析により、複数世代にわたり安定して伝達していることがサザンブロット分析により確認されている。

また、目的の遺伝子が複数世代にわたり安定して発現していることが、ELISA 法により確認されている。

(1) 競合における優位性

カラシナは我が国において、全都道府県に分布が確認されているが、攪乱された土地を生育地としており、攪乱されない土地においては他の植物や雑草と競合することはなく集団を維持することはできないと考えられている。

本組換えカラシナは除草剤グルホシネート耐性及び *barnase* 遺伝子導入による雄性不稔系統の稔性回復形質を有する。しかし自然環境下において除草剤が選択圧となる状況は想定し難く、これらの形質が競合における優位性を高めることはないと考えられた。また、本組換えカラシナ RF3 が発現する BARSTAR 蛋白質は、リボヌクレアーゼである BARNASE 蛋白質の働きを阻害するが、植物中のリボヌクレアーゼに対する BARSTAR 蛋白質の阻害作用は報告されておらず、本形質は競合において優位に作用する形質ではないと考えられる。

以上のことから、一定の作業要領を備えた限定環境で実施される本組換えカラシナの隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為の範囲内では、競合における優位性に起因して生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(2) 有害物質の産生性

カラシナの種子中にはヒト及び動物に有害と考えられるエルシン酸とグルコシノレートが含まれている。しかし、本組換えカラシナ RF3 の遺伝的背景種は、品種改良により両物質の含有量が低いカノーラ品質を有する系統である。

これまでにカラシナが他感物質等のような野生動植物等に影響を及ぼす有害物質を産生するという報告はない。また、本組換えカラシナ RF3 が遺伝子導入により新たに発現する改変 PAT 蛋白質及び BARSTAR 蛋白質が有害物質であるとの報告はなく、既知のアレルゲンとの相同性も認められなかった。さらに、PAT 蛋白質は高い基質特異性を有し、BARSTAR 蛋白質は BARNASE 蛋白質と特異的に非共有結合することから宿主の代謝経路に影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。

以上のことから、一定の作業要領を備えた限定環境で実施される本組換えカラシナの隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為の範囲内では、有害物質の産生性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(3) 交雑性

我が国において、カラシナと交雑可能な我が国在来の近縁野生種は自生していないため、交雑性に起因する生物多様性影響を受ける可能性のある野生動植物は特定されなかった。

以上のことから、本組換えカラシナが交雑性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(4) その他の性質

我が国に自生するカラシナの交雑可能な外来近縁種として、セイヨウナタネ (*B.napus*)、クロガラシ (*B. nigra*)、アブラナ (*B. rapa*)、ロボウガラシ (*Diplotaxis tenuifolia*)、シロガラシ (*Sinapis alba*)、ノハラガラシ (*S. arvensis*)及びセイヨウノダイコン (*Raphanus raphanistrum*)が挙げられる。本組換えカラシナ RF3 と我が国に自生するカラシナ及び外来近縁種が交雑した場合、以下の(ア)(イ)が考えられる。

- (ア) 雑種後代が優占化して他の野生植物種の個体群を駆逐する可能性。
- (イ) 交雑により浸透した導入遺伝子がもたらす遺伝的負荷によって近縁種の個体群が縮小し、それらに依存して生息する昆虫等の野生生物の個体群の維持に影響を及ぼす可能性。

しかしながら、(ア)については、種々の生殖的隔離障壁が存在することから、自然条件下で雑種後代が優占化して他の野生植物種の個体群を駆逐する可能性は極めて低いと判断された。(イ)については、除草剤耐性遺伝子が交雑により近縁種のゲノム中に移入したとしても遺伝的負荷にならないという報告があることから、本組換えカラシナ RF3 で発現する改変 *bar* 遺伝子も同様であると考えられた。また、*barstar* 遺伝子がコードする BARSTAR 蛋白質は、リボヌクレアーゼである BARNASE 蛋白質の働きを阻害するが、植物中のリボヌクレアーゼに対する BARSTAR 蛋白質の阻害作用は報告されていない。したがって、除草剤を散布することを想定しない自然環境下では、改変 *bar* 遺伝子及び *barstar* 遺伝子がもたらす遺伝的負荷が交雑した近縁種の個体群の維持に影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。

以上のことから、一定の作業要領を備えた限定環境で実施される本組換えカラシナの隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為の範囲内では、本組換えカラシナ及び近縁種との交雑性に起因する間接的な生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、本組換えカラシナを一定の作業要領を備えた限定環境で実施される隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為の範囲内で使用した場合に、生物多様性影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価書の結論は妥当であると判断した。

生物多様性影響評価検討会における検討の結果

名称：除草剤グリホサート誘発性雄性不稔並びに除草剤ジカンバ、グルホシネート、アリルオキシアルカノエート系及びグリホサート耐性トウモロコシ
(改変 *dmo*, *pat*, *ft_t*, 改変 *cp4 epsps*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis)
(MON87429, OECD UI : MON-87429-9)

第一種使用等の内容：

食用又は飼料用に供するための使用、栽培、加工、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為

申請者：バイエルクロップサイエンス株式会社

農作物分科会は、申請者から提出された生物多様性影響評価書に基づき、第一種使用規程に従って本組換えトウモロコシの第一種使用等をする場合の生物多様性影響に関する申請者による評価の内容について検討を行った。主に確認した事項は以下のとおりである。

1 生物多様性影響評価の結果について

本組換えトウモロコシは、大腸菌由来のプラスミド pBR322 をもとに構築されたプラスミド PV-ZMHT519224 の T-DNA 領域をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

本組換えトウモロコシは、*Streptomyces viridochromogenes* 由来の PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子、*Stenotrophomonas maltophilia* 由来のジカンバモノオキシゲナーゼ (DMO) をコードする改変 *dmo* 遺伝子、*Sphingobium herbicidovorans* 由来の FT_T 蛋白質をコードする *ft_t* 遺伝子及び *Agrobacterium* CP4 株由来の改変 CP4 EPSPS 蛋白質をコードし 3'末端非翻訳領域にトウモロコシ雄性組織特異的低分子干渉 RNA の標的配列を有する改変 *cp4 epsps* 遺伝子の発現カセットが染色体上に組み込まれていることが遺伝子の分離様式により、1 コピー組み込まれていること及び複数世代にわたり安定して伝達していることが塩基配列解析により確認されている。

また、目的の遺伝子が複数世代にわたり安定して発現していることがウエスタンブロット分析により確認されている。

(1) 競合における優位性

トウモロコシは 1579 年にわが国に導入されて以来、長期間の使用経験があるが、これまでトウモロコシが自然条件下で自生した例は報告されていない。

本組換えトウモロコシと対照の非組換えトウモロコシの間で競合における優位性に関わる諸形質として、形態及び生育の特性、成体の越冬性、花粉の稔性及びサイズ、種子の生産量、脱粒性、休眠性及び発芽率をわが国の隔離ほ場において 2019

年から 2020 年にかけて、また生育初期における低温耐性を米国の人工気象室において 2018 年に調査した。それらを比較検討した結果、形態及び生育の特性に関する項目の着雌穂高においてのみ、本組換えトウモロコシと対照の非組換えトウモロコシとの間で統計学的有意差が認められた。検討の結果、本組換えトウモロコシの着雌穂高の平均値は、文献で報告されている非組換えトウモロコシ品種の着雌穂高の平均値の範囲に収まっていたことから、本組換えトウモロコシにおいて認められた着雌穂高の値は、非組換えトウモロコシの種内品種間変動の範囲内であると考えられた。

本組換えトウモロコシは、改変 MON87429 DMO 蛋白質、PAT 蛋白質及び FT_T 蛋白質の発現により除草剤ジカンバ、除草剤グルホシネート及びアрилオキシアルカノエート系除草剤に耐性をもつ。また、本組換えトウモロコシには改変 CP4 EPSPS 蛋白質の発現により、除草剤グリホサート誘発性雄性不稔及び除草剤グリホサート耐性が付与されている。しかし、これらの除草剤の散布が想定されにくい自然条件下において除草剤誘発性雄性不稔及び除草剤耐性であることが本組換えトウモロコシの競合における優位性を高めることはないと考えられた。

以上のことから、本組換えトウモロコシが競合における優位性に起因して生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(2) 有害物質の産生性

トウモロコシは 1579 年にわが国に導入されて以来、長期間の使用経験があるが、これまでトウモロコシにおいて有害物質の産生性は報告されていない。

本組換えトウモロコシと対照の非組換えトウモロコシとの間で、有害物質の産生性の有無を、土壤微生物相試験、鋤込み試験及び後作試験により比較検討した。その結果、土壤微生物相試験の細菌数においてのみ、本組換えトウモロコシ区と対照の非組換えトウモロコシ区との間で統計学的有意差が認められた。検討の結果、本組換えトウモロコシ区の細菌数の範囲は対照の非組換えトウモロコシ区の細菌数の範囲と部分的に重複しており、細菌数の桁数も同じであることから、本組換えトウモロコシの有害物質の産生性が高まっていることを示すような違いではないと考えられた。

本組換えトウモロコシ中では除草剤ジカンバ耐性を付与する改変 MON87429 DMO 蛋白質、除草剤グルホシネート耐性を付与する PAT 蛋白質、アрилオキシアルカノエート系除草剤耐性を付与する FT_T 蛋白質並びに除草剤グリホサート誘発性雄性不稔及び除草剤グリホサート耐性を付与する改変 CP4 EPSPS 蛋白質が発現しているが、これらの蛋白質は有害物質としては知られておらず、既知アレルゲンと構造的に類似性のある配列を有しないことが確認された。

改変 MON87429 DMO 蛋白質、PAT 蛋白質及び FT_T 蛋白質の基質特異性は非常に高く、構造的に類似する植物内在性物質を基質とすることがないため、これらの蛋白質が宿主の代謝系に作用して有害物質を産生するとは考えにくい。また、改変 CP4 EPSPS 蛋白質と機能的に同一である EPSPS 蛋白質は、芳香族アミノ酸を生合成するためのシキミ酸経路を触媒する酵素であるが、本経路における律速酵素

ではなく、EPSPS 蛋白質の活性が増大しても、本経路の最終産物である芳香族アミノ酸の濃度が高まることはないと考えられている。したがって、改変 CP4 EPSPS 蛋白質が原因で、本組換えトウモロコシ中に有害物質が産生されるとは考えにくい。

以上のことから、本組換えトウモロコシが有害物質の産生性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(3) 交雑性

わが国において、トウモロコシと交雑可能な近縁野生種はないため、影響を受ける可能性のある野生動植物種は特定されない。

以上のことから、本組換えトウモロコシが交雑性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、本組換えトウモロコシを第一種使用規程に従って使用した場合に、我が国における生物多様性に影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価書の結論は妥当であると判断した。