

農作物分科会における検討の結果

名称：4-ヒドロキシフェニルピルビン酸ジオキシゲナーゼ阻害型除草剤、除草剤グルホシネート、グリホサート及びジカンバ耐性ワタ
(*hppdPFW336-1Pa*, *2mepsps*, *bar*, 改変 *dmo*, *Gossypium hirsutum* L.)
(GHB811×LLCotton25×MON88701, OECD UI: BCS-GH811-4×ACS-GH001-3×MON88701-3) 並びに当該ワタの分離系統に包含される組合せ

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、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、申請に係る第一種使用規程に従って 4-ヒドロキシフェニルピルビン酸ジオキシゲナーゼ阻害型除草剤、除草剤グルホシネート、グリホサート及びジカンバ耐性ワタ（以下「本スタック系統」という。）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。

スタック系統については、親系統の特性のみが付与されることが一般的だが、導入されている遺伝子の発現によって産生される蛋白質等の相互作用により、親系統の範囲を超えた新たな特性が付与され、その結果、親系統には見られない生物多様性影響をもたらす可能性がある。このことから、スタック系統の検討に当たっては、親系統に移入された遺伝子の発現による形質間の相互作用の有無を検討し、形質間の相互作用がないと判断される場合には、親系統の生物多様性影響評価情報を用いて、当該スタック系統の生物多様性影響評価を行うことが可能である。一方、形質間に相互作用がないと判断されない場合には、親系統の生物多様性影響評価情報及び当該スタック系統の形質間の相互作用に関する情報を用いて生物多様性影響評価を行う必要がある。

以上のことから、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

本スタック系統は、

- ① 2mEPSPS 蛋白質をコードする *2mepsps* 遺伝子及び HPPD W336 蛋白質をコードする *hppdPFW336-1Pa* 遺伝子が導入された除草剤グリホサート及び4-ヒドロキシフェニルピルビン酸ジオキシゲナーゼ阻害型除草剤耐性ワタ(GHB811)、
- ② PAT 蛋白質をコードする *bar* 遺伝子が導入された除草剤グルホシネート耐性ワタ (LLCotton25)、
- ③ 改変 MON88701 DMO 蛋白質をコードする改変 *dmo* 遺伝子及び PAT 蛋白質をコードする *bar* 遺伝子が導入された除草剤ジカンバ及びグルホシネート耐性ワタ (MON8870)、

を用いて、複数の系統による交雑育種法により作出されたものである。

本スタック系統に導入された除草剤耐性蛋白質（HPPD W336 蛋白質、2mEPSPS 蛋白質及び改変MON88701 DMO 蛋白質）は、いずれも酵素活性を有するが、いずれも高い基質特異性を示し、関与する代謝経路も互いに独立していることから、これら蛋白質が相互に作用して、予期しない代謝物が生じることはないと考えられた。

これらのことから、上記蛋白質及び転写産物間においても相互作用が生ずるとは考えられない。

以上のことから、本スタック系統の植物体内において形質間の相互作用を示す可能性は低く、親系統が有する形質を合わせ持つ以外に評価すべき形質の変化はないと考えられた。

なお、各親系統の次に掲げる評価項目については検討が既に終了^{*}しており、当該検討の結果では、各親系統を第一種使用規程に従って使用した場合、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の結論は妥当であると判断されている。

- (1) 競合における優位性
- (2) 有害物質の産生性
- (3) 交雑性

* 各親系統の検討の結果は以下より閲覧可能

● GHB811

<https://www.affrc.maff.go.jp/docs/committee/diversity/attach/pdf/20200311-8.pdf>

(生物多様性影響評価検討会総合検討会参考資料)

● LLCotton25

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=678&ref_no=1

● MON88701

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1803&ref_no=1

2 農作物分科会の結論

以上より、本スタック系統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の結論は妥当であると判断した。

農作物分科会における検討の結果

名称：チョウ目害虫抵抗性並びに4-ヒドロキシフェニルピルビン酸ジオキシゲナーゼ阻害型除草剤、除草剤グルホシネート、グリホサート及びジカンバ耐性ワタ (*hppdPfw336-1Pa*, *2mepsps*, 改変 *bar*, 改変 *cry1Ab*, *cry2Ae*, 改変 *vip3A*, 改変 *dmo*, *bar*, *Gossypium hirsutum* L.)
(GHB811×T304-40×GHB119×COT102×MON88701, OECD UI: BCS-GH811-4×BCS-GH004-7×BCS-GH005-8×SYN-IR102-7×MON88701-3) 並びに当該ワタの分離系統に包含される組合せ (既に第一種使用規程の承認を受けたものを除く。)

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、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、申請に係る第一種使用規程に従ってチョウ目害虫抵抗性並びに4-ヒドロキシフェニルピルビン酸ジオキシゲナーゼ阻害型除草剤、除草剤グルホシネート、グリホサート及びジカンバ耐性ワタ (以下「本スタック系統」という。) 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。

スタック系統については、親系統の特性のみが付与されることが一般的だが、導入されている遺伝子の発現によって産生される蛋白質等の相互作用により、親系統の範囲を超えた新たな特性が付与され、その結果、親系統には見られない生物多様性影響をもたらす可能性がある。このことから、スタック系統の検討に当たっては、親系統に移入された遺伝子の発現による形質間の相互作用の有無を検討し、形質間の相互作用がないと判断される場合には、親系統の生物多様性影響評価情報を用いて、当該スタック系統の生物多様性影響評価を行うことが可能である。一方、形質間に相互作用がないと判断されない場合には、親系統の生物多様性影響評価情報及び当該スタック系統の形質間の相互作用に関する情報を用いて生物多様性影響評価を行う必要がある。

以上のことから、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

本スタック系統は、

- ① 2mEPSPS 蛋白質をコードする *2mepsps* 遺伝子及び HPPD W336 蛋白質をコードする *hppdPfw336-1Pa* 遺伝子が導入された除草剤グリホサート及び4-ヒドロキシフェニルピルビン酸ジオキシゲナーゼ阻害型除草剤耐性ワタ(GHB811)、
- ② 改変 PAT 蛋白質をコードする改変 *bar* 遺伝子及び改変 *Cry1Ab* 蛋白質をコードする改変 *cry1Ab* 遺伝子が導入された除草剤グルホシネート耐性及びチョウ目害虫抵抗性ワタ (T304-40)、
- ③ 改変 PAT 蛋白質をコードする改変 *bar* 遺伝子及び *Cry2Ae* 蛋白質をコードする

cry2Ae 遺伝子が導入された除草剤グルホシネート耐性及びチョウ目害虫抵抗性ワタ (GHB119)、

- ④ 改変 *Vip3A* 蛋白質をコードする改変 *vip3A* 遺伝子及び *APH4* 蛋白質をコードする *aph4* 遺伝子導入されたチョウ目害虫抵抗性ワタ (COT102)、
- ⑤ 改変 MON88701 DMO 蛋白質をコードする改変 *dmo* 遺伝子及び *PAT* 蛋白質をコードする *bar* 遺伝子が導入された除草剤ジカンバ及びグルホシネート耐性ワタ (MON88701)、

を用いて、複数の系統による交雑育種法により作出されたものである。

本スタック系統に導入された害虫抵抗性蛋白質（改変 *Cry1Ab* 蛋白質、*Cry2Ae* 蛋白質及び改変 *Vip3A* 蛋白質）は、標的昆虫に対して特異的に作用し、独立して殺虫効果を示すと考えられ、互いに影響を及ぼし合うことによる相乗効果や拮抗作用が生じることはないと考えられた。また、これらの害虫抵抗性蛋白質には酵素活性が無いため、相互に作用して予期しない代謝物が生じることはないと考えられた。

他方、除草剤耐性蛋白質（*HPPD W336* 蛋白質、*2mEPSPS* 蛋白質及び改変 MON88701 DMO 蛋白質）及び選抜マーカー（*APH4* 蛋白質）は、いずれも酵素活性を有するが、いずれも高い基質特異性を示し、関与する代謝経路も互いに独立していることから、これら蛋白質が相互に作用して、予期しない代謝物が生じることはないと考えられた。

これらのことから、上記蛋白質及び転写産物間においても相互作用が生ずるとは考えられない。

以上のことから、本スタック系統の植物体内において形質間の相互作用を示す可能性は低く、親系統が有する形質を合わせ持つ以外に評価すべき形質の変化はないと考えられた。

なお、各親系統の次に掲げる評価項目については検討が既に終了^{*)} しており、当該検討の結果では、各親系統を第一種使用規程に従って使用した場合、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の結論は妥当であると判断されている。

- (1) 競合における優位性
- (2) 有害物質の産生性
- (3) 交雑性

* 各親系統の検討の結果は以下より閲覧可能

● GHB811

<https://www.affrc.maff.go.jp/docs/commitee/diversity/attach/pdf/20200311-3.pdf>

● T304-40

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1638&ref_no=1

● GHB119

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1589&ref_no=1

● COT102

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1576&ref_no=1

● MON88701

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1803&ref_no=1

2 農作物分科会の結論

以上より、本スタック系統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の結論は妥当であると判断した。

農作物分科会における検討の結果

名称：収量増加及び除草剤グルホシネート耐性トウモロコシ
(*zmm28, pat, Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis)
(DP202216, OECD UI: DP-202216-6)

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：デュポン・プロダクション・アグリ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、アグロバクテリウム等由来のプラスミド pSB1 をもとに構築されたプラスミド PHP40099 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、*Zea mays* 由来の ZMM28 蛋白質をコードする *zmm28* 遺伝子及び *Streptomyces viridochromogenes* 由来のホスフィノスリシンアセチルトランスフェラーゼ (PAT) 蛋白質をコードする *pat* 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がサザンブロット分析を用いた境界領域の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

トウモロコシは、我が国において長年にわたり使用されてきたが、これまでに我が国において野生化し、野生動植物の生息又は生育に影響を及ぼしたという報告はない。

本組換えトウモロコシの競合における優位性に関わる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、休眠性及び発芽率について 2019 年に我が国の隔離ほ場で調査を行った結果及び 2017 年に米国及びカナダの 12 ヶ所のほ場で実施した農業的特性の調査の結果、本組換えトウモロコシの競合における優位性が高まる可能性を示唆する形質は認められなかった。

また、本組換えトウモロコシにおいて ZMM28 蛋白質の構成的発現により期待される特性は収量増加であるが、この形質の付与が本組換えトウモロコシを自然環境

中で自生させ、さらに競合における優位性を高めることはないと考えられた。加えて、本組換えトウモロコシは、PAT 蛋白質により除草剤グルホシネートに対する耐性も付与されているが、自然環境下で当該除草剤が散布されることは想定され難い。さらに、ZMM28 蛋白質及び PAT 蛋白質が相互に影響する可能性もないと考えられ、意図した収量増加及び除草剤耐性の特性の範囲を超えた新たな特性が付与され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の競合における優位性に起因する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

トウモロコシは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでにトウモロコシが有害物質を産生したとの報告はない。

本組換えトウモロコシ中に産生される ZMM28 蛋白質はトウモロコシ内在性蛋白質であることから、野生動植物の生息又は生育に影響を及ぼすような有害物質を産生することはないと考えられた。PAT 蛋白質は、野生動植物に対して有害性を示すとの報告はない。また酵素活性を有するが、基質特異性を示すため、宿主の代謝経路を変化させることはないと考えられ、新たな有害物質を産生することはないと考えられた。なお、グルホシネート散布時、PAT 蛋白質によりN-アセチル-L-グルホシネートが産生されるが、動物に対する毒性はグルホシネートより低く、農薬取締法の下、グルホシネートの分析対象化合物の一つとしてトウモロコシにおける残留基準値が定められ、農薬登録により安全な使用方法が定められ、人畜及び環境に対する安全性が確保されている。さらに、ZMM28 蛋白質及び PAT 蛋白質の相互作用により予期しない代謝物が生じる可能性もないと考えられた。

実際に、我が国の隔離ほ場において後作試験、鋤込み試験及び土壌微生物相試験を行った結果、いずれの調査においても本組換えトウモロコシと非組換えトウモロコシとの間に有意な差は認められなかった。また、2017年に米国及びカナダの12ヶ所のほ場で実施した栄養構成成分分析の結果、本組換えトウモロコシは従来のトウモロコシと同等であると判断された。

本組換えトウモロコシ中に産生される ZMM28 蛋白質及び PAT 蛋白質は、既知アレルゲンとの間でアミノ酸配列の相同性は認められなかった。

以上のことから、本組換えトウモロコシの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

宿主であるトウモロコシが、我が国において野生化した事例はなく、また交雑可能な近縁野生種であるテオシント及び *Tripsacum* 属の自生も報告されていない。このため、本組換えトウモロコシの交雑性に起因して生物多様性影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されなかった。

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 農作物分科会の結論

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影響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。

農作物分科会における検討の結果

名称:チョウ目及びコウチュウ目害虫抵抗性並びに除草剤アリルオキシアルカノエート系、グリホサート及びグルホシネート耐性トウモロコシ
(改変 *cry1F*, *cry1A.105*, 改変 *cry2Ab2*, *cry34Ab1*, *cry35Ab1*, *DvSnf7*, 改変 *cry3Bb1*, *pat*, 改変 *cp4 epsps*, 改変 *aad-1*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis)
(4114×MON89034×MON87411×DAS40278, OECD UI: DP-004114-3×MON-89034-3×MON-87411-9×DAS-40278-9) 並びに当該トウモロコシの分離系統に包含される組合せ (既に第一種使用規程の承認を受けたものを除く。)

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: デュポン・プロダクション・アグリ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、申請に係る第一種使用規程に従ってチョウ目及びコウチュウ目害虫抵抗性並びに除草剤アリルオキシアルカノエート系、グリホサート及びグルホシネート耐性トウモロコシ (以下「本スタック系統」という。) 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。

スタック系統については、親系統の特性のみが付与されることが一般的だが、導入されている遺伝子の発現によって産生される蛋白質等の相互作用により、親系統の範囲を超えた新たな特性が付与され、その結果、親系統には見られない生物多様性影響をもたらす可能性がある。このことから、スタック系統の検討に当たっては、親系統に移入された遺伝子の発現による形質間の相互作用の有無を検討し、形質間の相互作用がないと判断される場合には、親系統の生物多様性影響評価情報を用いて、当該スタック系統の生物多様性影響評価を行うことが可能である。一方、形質間に相互作用がないと判断されない場合には、親系統の生物多様性影響評価情報及び当該スタック系統の形質間の相互作用に関する情報を用いて生物多様性影響評価を行う必要がある。

以上のことから、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

本スタック系統は、

- ① 改変 *Cry1F* 蛋白質をコードする改変 *cry1F* 遺伝子、*Cry34Ab1* 蛋白質をコードする *cry34Ab1* 遺伝子、*Cry35Ab1* 蛋白質をコードする *cry35Ab1* 遺伝子及び *PAT* 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子が導入されたチョウ目及びコウチュウ目害虫抵抗性並びに除草剤グルホシネート耐性トウモロコシ(4114)、
- ② *Cry1A.105* 蛋白質をコードする *cry1A.105* 遺伝子及び改変 *Cry2Ab2* 蛋白質をコードする改変 *cry2Ab2* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性トウモロコシ(MON89034)、

③ RNAi を誘導する *DvSnf7* 遺伝子断片の dsRNA をコードする *DvSnf7* 遺伝子断片、改変 *Cry3Bb1* 蛋白質をコードする改変 *cry3Bb1* 遺伝子及び改変 CP4 EPSPS 蛋白質をコードする改変 *cp4 epsps* 遺伝子が導入されたコウチュウ目害虫抵抗性及び除草剤グリホサート耐性トウモロコシ(MON87411)、

④ 改変 AAD-1 蛋白質をコードする改変 *aad-1* 遺伝子が導入されたアリルオキシアルカノエート系除草剤耐性トウモロコシ(DAS40278)、

を用いて、複数の系統による交雑育種法により作出されたものである。

本スタック系統に導入された害虫抵抗性蛋白質（改変 *Cry1F* 蛋白質、*Cry1A.105* 蛋白質、改変 *Cry2Ab2* 蛋白質、改変 *Cry3Bb1* 蛋白質及び *Cry34Ab1/Cry35Ab1* 蛋白質）は、標的昆虫に対して特異的に作用し、独立して殺虫効果を示すと考えられ、互いに影響を及ぼし合うことによる相乗効果や拮抗作用が生じることはないと考えられた。また、これらの害虫抵抗性蛋白質には酵素活性が無いため、相互に作用して予期しない代謝物が生じることはないと考えられた。

他方、除草剤耐性蛋白質（改変 CP4 EPSPS 蛋白質、PAT 蛋白質及び改変 AAD-1 蛋白質）は、いずれも酵素活性を有するが、いずれも高い基質特異性を示し、関与する代謝経路も互いに独立していることから、これら蛋白質が相互に作用して、予期しない代謝物が生じることはないと考えられた。

また、*DvSnf7* 遺伝子断片から産生される転写産物（RNA）は、コウチュウ目害虫の *DvSnf7* 遺伝子の発現を RNAi 機構により特異的に抑制するように設計されていることから、宿主の内在性遺伝子に作用して影響を及ぼすことはないと考えられ、宿主の代謝系を変化させ予期しない代謝物が生ずることはないと考えられた。これらのことから、上記蛋白質及び転写産物間においても相互作用が生ずるとは考えられない。

以上のことから、本スタック系統の植物体内において形質間の相互作用を示す可能性は低く、親系統が有する形質を合わせ持つ以外に評価すべき形質の変化はないと考えられた。

なお、各親系統の次に掲げる評価項目については検討が既に終了*¹⁾ しており、当該検討の結果では、各親系統を第一種使用規程に従って使用した場合、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の結論は妥当であると判断されている。

- (1) 競合における優位性
- (2) 有害物質の産生性
- (3) 交雑性

* 各親系統の検討の結果は以下より閲覧可能

● 4114

<https://www.affrc.maff.go.jp/docs/committee/diversity/131202/pdf/shiryou4-2.pdf>

● MON89034

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1002&ref_no=1

● MON87411

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1780&ref_no=1

● DAS40278

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1584&ref_no=1

2 農作物分科会の結論

以上より、本スタック系統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の結論は妥当であると判断した。

農作物分科会における検討の結果

名称：長鎖オメガ三系脂肪酸産生及び除草剤グルホシネート耐性セイヨウナタネ
(*Lackl-Δ12D*, *Picpa-ω3D*, *Micpu-Δ6D*, *Pyrco-Δ6E*, *Pavsa-Δ5D*, *Pyrco-Δ5E*,
Pavsa-Δ4D, *pat*, *Brassica napus* L.)
(NS-B50027-4, OECD UI:NS-B50027-4)

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：国立大学法人 筑波大学、ニューファム株式会社

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、バイナリーベクター pORE03 由来の pJP3416 をもとに構築されたプラスミドの pJP3416_GA7-ModB 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、微細藻類 *Micromonas pusilla* 由来の Δ6-デサチュラーゼ蛋白質をコードする *Micpu-Δ6D* 遺伝子、微細藻類 *Pyramimonas cordata* 由来の Δ5-エロンガーゼをコードする *Pyrco-Δ5E* 遺伝子、微細藻類 *Pavlova salina* 由来の Δ5-デサチュラーゼ蛋白質をコードする *Pavsa-Δ5D* 遺伝子、酵母 *Pichia pastoris* 由来の Δ15-ω3-desaturase 蛋白質をコードする *Picpa-ω3D* 遺伝子、*P. salina* 由来の Δ4-デサチュラーゼ蛋白質をコードする *Pavsa-Δ4D* 遺伝子、酵母 *Lachancea kluyveri* 由来の Δ12-デサチュラーゼ蛋白質をコードする *Lackl-Δ12D* 遺伝子、*P. cordata* 由来の Δ6-エロンガーゼ蛋白質をコードする *Pyrco-Δ6E* 遺伝子及び *Streptomyces viridochromogenes* 由来のホスフィノスリシン N-アセチルトランスフェラーゼ (PAT)蛋白質をコードする *pat* 遺伝子、計 8 遺伝子の発現カセットを含む T-DNA 領域が同一の染色体上に隣接して逆位反復で 2 コピー、さらに一部が欠損し 4 つの完全な導入遺伝子カセットを含む T-DNA 領域が異なる染色体上に 1 コピー組み込まれていることが、シーケンス解析により確認されている。また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及び PCR を用いた方法により確認されている。

さらに目的の遺伝子が発現していることが LC-MRM-MS 分析により、複数世代にわたり安定して発現していることが、ガスクロマトグラフ法により DHA 含量を測定することで確認されている。

(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間の使用等の歴史があるが、自然環境下においてセイヨウナタネが雑草化し他の植物種より優占化した例は報告されていない。

デサチュラーゼ及びエロンガーゼの発現により脂肪酸組成が改変された本組換えセイヨウナタネの種子において、発芽率の低下がみられたが、発芽率の低下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、本組換えセイヨウナタネは、限定された環境で一定の作業要領を備えた隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにそ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する生物多様性影響が生じるおそれはないと判断された。

(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である AV Jade は品種改良により低エルシン酸かつ低グルコシノレートとなったカノーラ品種である。

本組換えセイヨウナタネでは 5 種のデサチュラーゼ、2 種のエロンガーゼ及び PAT 蛋白質が発現しているが、これらの蛋白質が有害物質であるとの報告はなく、既知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。また、本組換えセイヨウナタネの脂肪酸組成の結果から、デサチュラーゼ及びエロンガーゼの発現により影響を受けた脂肪酸以外に、宿主の代謝系に影響して新たな有害物質が産生されることはないと考えられる。

本組換えセイヨウナタネで新たに産生される脂肪酸は、自然環境下に広く存在し、野生動物によって摂取される、または産生されていることから、野生生物に影響を与えるものではないと考えられた。

以上のことから、本組換えセイヨウナタネは、限定された環境で一定の作業要領を備えた隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにそれらに付随する行為の範囲内では、有害物質の産生に起因する生物多様性影響が生じるおそれはないと判断された。

(3) 交雑性

セイヨウナタネと交雑可能な近縁野生種は我が国に存在しないため、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されない。

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

セイヨウナタネと交雑可能な我が国に自生する近縁外来種として、*Brassica juncea*、*B. rapa*、*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分布する外来の近縁種が交雑した場合、①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、及び②交雑により浸透した導入遺伝子をもたらす遺伝的負荷によって交雑した近縁種の個体群が縮小され、これら近縁種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が生じる可能性が考えられる。

しかしながら、①については、自然条件下で交雑し雑種を形成するためには種々の条件が揃う必要があること、さらに交雑率は低く、形成される雑種の稔性は低下するか、もしくは不稔となることから、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考えられた。②については、本組換えセイヨウナタネで観察された発芽率の低下が、自然環境下に生息する昆虫等の野生生物の個体群の維持に長期的な影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。また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、本組換えセイヨウナタネに導入された *pat* 遺伝子が遺伝的負荷となることは考え難い。したがって、交雑により我が国に生息する外来の近縁種の個体群中に浸透したとしても、交雑した近縁種の個体群が縮小される可能性は低く、こ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が生ずる可能性も低いと考えられた。

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 農作物分科会の結論

以上より、本組換えセイヨウナタネは、限定された環境で一定の作業要領を踏まえた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、我が国における生物多様性影響を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。