

## 生物多様性影響評価検討会での検討の結果

1. 名称：除草剤アリルオキシアルカノエート系及びグルホシネート耐性ダイズ  
(改変 *aad-12*, *pat*, *Glycine max* (L.) Merr.) (DAS68416, OECD UI :  
DAS-68416-4)  
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：ダウ・ケミカル日本株式会社

### (1) 生物多様性影響評価の結果について

本組換えダイズは、アグロバクテリウム (*Agrobacterium tumefaciens*) と大腸菌 (*Escherichia coli*) 由来のプラスミド pDAB2407 をもとに構築された pDAB4468 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。

本組換えダイズは、*Delftia acidovorans* 由来の改変 AAD-12 蛋白質をコードする改変 *aad-12* 遺伝子、*Streptomyces viridochromogenes* 由来の PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子及びタバコ (*Nicotiana tabacum*) 由来の核マトリックス結合領域 RB7 MAR (導入遺伝子発現の安定化を行う) を含む T-DNA 領域が染色体上に 1 コピー組み込まれ、複数世代にわたり安定して伝達されていることが遺伝子の分離様式及びサザンブロット分析により確認されている。

### (ア) 競合における優位性

宿主が属する生物種であるダイズは、我が国において長期にわたり栽培されているが、自然環境下において雑草化しているとの報告はなされていない。

2012 年に我が国の隔離ほ場において、本組換えダイズの競合における優位性に係る諸形質について調査が行われた。その結果、形態及び生育の特性のうち、発芽率について統計学的有意差が認められたが、この違いが本組換えダイズの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。発芽率以外の項目については、本組換えダイズと対照の非組換えダイズとの間に差異は認められなかった。

本組換えダイズには、改変 *aad-12* 遺伝子及び *pat* 遺伝子が導入されており、改変 AAD-12 蛋白質及び PAT 蛋白質の産生により、アリルオキシアルカノエート系除草剤及び除草剤グルホシネートに対する耐性が付与されているが、これらの除草剤が散布されることが想定しにくい自然条件下においてこれらの除草剤に耐性であることが競合における優位性を高めるとは考え難い。

以上より、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、本組換えダイズ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。

### (イ) 有害物質の産生性

宿主が属する生物種であるダイズは、野生動植物等への有害物質を産生するとの報告はなされていない。

本組換えダイズは、アリルオキシアルカノエート系除草剤耐性を付与する改変 AAD-12 蛋白質及び除草剤グルホシネート耐性を付与する PAT 蛋白質を産生するが、当該両蛋白質ともに有害物質としての報告は無く、既知アレルゲンと類似のある配列を有していないことも確認されている。

本組換えダイズと非組換えダイズの有害物質の産生性を比較するために、後作試験、鋤込み試験及び土壌微生物相試験が行われた。その結果、いずれの試験においても、本組換えダイズと非組換えダイズの試験区間に統計学的有意差は認められなかった。除草剤グルホシネートの代謝産物である *N*-アセチル-L-グルホシネートの動物に対する毒性（急性毒性、亜急性毒性、慢性毒性、発がん性、生殖発生毒性）はグルホシネートより低いことが確認されており、散布されたグルホシネート以上に *N*-アセチル-L-グルホシネートが影響を及ぼす濃度にはならないと考えられる。

以上のことから、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、有害物質の産生性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれがないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

#### (ウ) 交雑性

ダイズの近縁野生種としては我が国においてツルマメが自生しており、ともに染色体数が $2n=40$ で交雑可能であることから、影響を受ける可能性のある野生植物としてツルマメを特定し、以下のように検討を行った。

ダイズとツルマメとの人為的な交雑を行った雑種の生育には特に障害が見られないことから、我が国の自然環境下において本組換えダイズとツルマメが交雑した場合は、その雑種が生育するとともに、当該雑種からツルマメとの交雑を経て、本組換えダイズに導入された遺伝子がツルマメの集団中で拡散していく可能性がある。また、ツルマメは全国に分布し、河原や土手、畑の周辺や果樹園等に自生していることから、本組換えダイズが近接して生育した場合、交雑する可能性がある。

しかしながら、

ダイズとツルマメは自殖性植物であり、一般的にツルマメの開花期はダイズより遅く、それぞれの開花期間が重なりにくいことが知られているため、ダイズとツルマメの交雑は起こりにくいと考えられる。実際、比較的開花期が遅い我が国固有の栽培品種である丹波黒とツルマメの平均交雑率は、0.73%であった

組換えダイズにツルマメが巻きついた状態で、開花期が重複した条件下では、ツルマメより採種した種子から出芽した11,860個体中、交雑個体は1個体であった

開花期の遅い組換えダイズ2品種(AG6702RR及びAG5905RR)を用い、開花ピークを近づけ、組換えダイズにツルマメが巻きついた状態で行われた実験では、25,741個体中、交雑個体はAG6702RRでは25個体(0.097%)、AG5905RRでは10個体(0.039%)であった。また、組換えダイズ(AG6702RR)から2、4、6、8、10m離してツルマメを栽培した場合は(それぞれ7,521個体中、7,485個体中、14,952個体中、14,964個体中、21,749個体中)、2、4、6mの距離で交雑個体はそれぞれ1個体であり、8、10mの距離では交雑個体は得られなかった

などの報告がある。

さらに、花粉の充実度については、本組換えダイズと非組換えダイズとの間に差は認められなかった。同様に、花粉の形態や大きさにも相違は認められなかった。

以上のように、ダイズとツルマメの開花期は重なりにくく、その交雑率も低いことに加え、本組換えダイズと非組換えダイズとの間に花粉の性状に関する差異が認められなかったことから、本組換えダイズとツルマメの自然条件下での交雑率は極めて低いと考えられる。さらに、ダイズとツルマメの雑種後代系統はツルマメ自生地で長期間生存できないと推察されることより、本組換えダイズからツルマメへの遺伝子浸透が起こる可能性は極めて低いと考えられた。

以上より、交雑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 ) 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上を踏まえ、本組換えダイズ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。

2. 名称：除草剤ジカンバ及びグルホシネート耐性ワタ

(改変 *dmo, bar, Gossypium hirsutum* L.) (MON88701, OECD UI :  
MON-88701-3)

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：日本モンサント株式会社

(1) 生物多様性影響評価の結果について

本組換えワタは、大腸菌(*Escherichia coli*)由来のプラスミド pBR322 をもとに構築された PV-GHHT6997 をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

本組換えワタには *Stenotrophomonas maltophilia* 由来の改変 DMO 蛋白質をコードする改変 *dmo* 遺伝子と *Streptomyces hygroscopicus* 由来の PAT 蛋白質をコードする *bar* 遺伝子を含む T-DNA 領域が染色体上に 1 コピー組み込まれ、複数世代にわたり安定して伝達されていることが遺伝子の分離様式及び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ウエスタンブロット分析により確認されている。

(ア) 競合における優位性

宿主が属する生物種であるワタは、我が国において長期にわたり使用実績があるが、我が国の自然条件下で自生化したという報告はなされていない。

2012 年に我が国の隔離ほ場において、本組換えワタの競合における諸形質について調査が行われた。その結果、開花始めにおいて本組換えワタと対照の非組換えワタとの間に違いがみられた。また、種子の生産量(100 粒重)において本組換えワタと対照の非組換えワタとの間に統計学的有意差が認められた。しかしながら、いずれも差異はわずかであり、これらの違いが本組換えワタの優位性を高めるものではないと考えられた。その他の項目については、本組換えワタと対照の非組換えワタとの間に差は認められなかった。

一方、生育初期における低温耐性を 2010 年に米国において調査した結果、新鮮重及び乾燥重において本組換えワタと対照の非組換えワタの間に統計学的有意差が認められたが、これらの差もわずかであり、これらの違いが本組換えワタの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。

本組換えワタには、改変 DMO 蛋白質の産生による除草剤ジカンバ耐性及び PAT 蛋白質の産生によるグルホシネート耐性が付与されているが、これら除草剤が散布されることが想定しにくい自然条件下においては、これら除草剤耐性であることが競合における優位性を高めるとは考え難い。

以上より、本組換えワタは、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、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。

(イ) 有害物質の産生性

宿主が属する生物種であるワタには、哺乳動物に対して毒性を示すゴシポール及び鶏

卵の変色及びふ化率の低下などを起こすシクロプロペン脂肪酸が含まれている。しかし、現在、我が国ではワタの商業栽培はほとんど行われておらず、ワタが我が国で自生化したという報告はされていない。したがって、野生動物等がワタを食害する可能性は極めて低い。また、ワタが他感物質のように野生動植物等の生息又は生育に支障を来すような有害物質を産生するという報告はない。

本組換えワタは、除草剤ジカンバに耐性を付与する改変 DMO 蛋白質及び除草剤グルホシネート耐性を付与する PAT 蛋白質を産生するが、当該両蛋白質とも、既知アレルゲンと類似のある配列を有していないことが確認されている。また、両蛋白質は高い基質特異性を有しており、両蛋白質が原因で宿主の代謝系に影響し、新たに有害物質を産生することはなく、ゴシポール及びシクロプロペン脂肪酸の含量にも影響を及ぼすことはないと考えられた。

本組換えワタの有害物質（根から分泌され他の植物及び土壌微生物に影響を与えるもの、植物体が内部に有し枯死した後に他の植物に影響を与えるもの）の産生性の有無について、鋤込み試験及び後作試験により調査が行われた。その結果、本組換えワタと対照の非組換えワタとの試験区の間で土壌微生物相試験の糸状菌数において統計学的有意差が認められたが、その差はわずかであり、これをもって本組換えワタが有害物質を産生するとは考えられなかった。それ以外の有害物質の産生性における項目で、本組換えワタ区と対照の非組換えワタ区との間に統計学的有意差は認められなかった。

以上より、本組換えワタは、有害物質の産生性に起因する影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、有害物質の産生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。

#### (ウ) 交雑性

我が国の自然環境中にはワタと交雑可能な野生動植物の特定はされず、交雑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) 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上を踏まえ、本組換えワタ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。

3. 名称：ステアリドン酸産生及び除草剤グリホサート耐性ダイズ  
(改変 *Pj.D6D*, 改変 *Nc.Fad3*, 改変 *cp4 epsps*, *Glycine max* (L.) Merr.)  
(MON87769×MON89788, OECD UI: MON-87769-7×MON-89788-1)  
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：日本モンサント株式会社

(1) 生物多様性影響評価の結果について

ステアリドン酸産生及び除草剤グリホサート耐性ダイズ(以下「本スタック系統」という。)は、

改変 Δ6 デサチュラーゼをコードする改変 *Pj.D6D* 遺伝子及び改変 Δ15 デサチュラーゼをコードする改変 *Nc.Fad3* 遺伝子が導入されたステアリドン酸産生ダイズ (MON87769)

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除草剤グリホサート耐性ダイズ (MON89788)

を用いて、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遺伝子により産生する改変 Δ6 デサチュラーゼ、改変 Δ15 デサチュラーゼ及び改変 CP4 EPSPS 蛋白質は、基質特異性が高く、相互に作用して特異性を変化させることはないと考えられた。また、改変 Δ6 デサチュラーゼ及び改変 Δ15 デサチュラーゼと、改変 CP4 EPSPS 蛋白質の関与する代謝経路は互いに独立しているため、それぞれの親系統由来の発現蛋白質が相互作用を示す可能性は低いと考えられた。

これらのことから、各親系統由来であるこれらの蛋白質が本スタック系統の植物体内において機能的な相互作用を及ぼす可能性は低く、親系統が有する形質を併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の検討は既に終了\*しており、当該検討の結果、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書の結論は妥当であると判断されている。

- (ア) 競合における優位性
- (イ) 有害物質の産生性
- (ウ) 交雑性

\* 各親系統の検討の結果は以下より閲覧可能

● MON87769

[http://www.bch.biodic.go.jp/download/lmo/public\\_comment/H23\\_9\\_27\\_MON87769sp2.pdf](http://www.bch.biodic.go.jp/download/lmo/public_comment/H23_9_27_MON87769sp2.pdf)

● MON89788

[https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info\\_id=1003&ref\\_no=2](https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1003&ref_no=2)

( 2 ) 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、本スタックシステム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。

4. 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グルホシネート及びグリホサート耐性トウモロコシ  
(改変 *cry1F*, *pat*, *cry1Ab*, 改変 *cry3Aa2*, 改変 *cp4 epsps*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis)(1507×MON810×MIR604×NK603, OECD UI: DAS-Ø15Ø7-1×MON-ØØ81Ø-6×SYN-IR6Ø4-5×MON-ØØ6Ø3-6)(*B.t.* Cry1F maize line 1507、MON810、MIR604 及び NK603 それぞれへの導入遺伝子の組合せを有するものであって当該トウモロコシから分離した後代系統のもの(既に第一種使用規程の承認を受けたものを除く。))を含む。)  
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：デュポン株式会社

(1) 生物多様性影響評価の結果について

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及びグリホサート耐性トウモロコシ(1507、MON810、MIR604 及び NK603 それぞれへの導入遺伝子の組合せを有するものであって当該トウモロコシから分離した後代系統のもの(既に第一種使用規程の承認を受けたものを除く。))を含む。)(以下「本スタック系統」という。))は、  
改変 Cry1F 蛋白質をコードする改変 *cry1F* 遺伝子及び PAT 蛋白質(ホスフィノスリシン・アセチルトランスフェラーゼ)をコードする *pat* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性及び除草剤グルホシネート耐性トウモロコシ(1507)  
Cry1Ab 蛋白質をコードする *cry1Ab* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性トウモロコシ(MON810)  
改変 Cry3Aa2 蛋白質をコードする改変 *cry3Aa2* 遺伝子及び PMI 蛋白質(選抜マーカーとして利用)をコードする *pmi* 遺伝子が導入されたコウチュウ目害虫抵抗性トウモロコシ(MIR604)  
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除草剤グリホサート耐性トウモロコシ(NK603)  
を用いて、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遺伝子により産生する各 Bt 蛋白質(改変 Cry1F 蛋白質、Cry1Ab 蛋白質及び改変 Cry3Aa2 蛋白質)は、同一植物に存在したとしても殺虫効果の特異性に関与する領域の構造に変化が生じているとは考え難いため、相互に作用して特異性を変化させることはないと考えられた。また、除草剤耐性蛋白質である PAT 蛋白質及び改変 CP4 EPSPS 蛋白質は、各々の基質及び作用が異なり、関与している代謝経路も互いに独立していることに加え、Bt 蛋白質が酵素活性を持つという報告はないことから、除草剤耐性蛋白質と Bt 蛋白質が相互に影響を及ぼす可能性は考え難い。さらに、基質への特異性が高い PMI 蛋白質が、除草剤耐性蛋白質や Bt 蛋白質と相互作用する可能性も考え難いことから、本スタック系統においてこれらの蛋白質が発現しても、相互に作用して宿主の代謝系を変化させ、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、各親系統由来であるこれらの蛋白質が本スタック系統の植物体内において機能的な相互作用を及ぼす可能性は低く、親系統が有する形質を併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の検討は既に終了\*しており、当該検討

の結果、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書の結論は妥当であると判断されている。

- (ア) 競合における優位性
- (イ) 有害物質の産生性
- (ウ) 交雑性

\* 各親系統の検討の結果は以下より閲覧可能

- 1507  
[https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info\\_id=138&ref\\_no=2](https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=138&ref_no=2)
- MON810  
[https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info\\_id=6&ref\\_no=2](https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=6&ref_no=2)
- MIR604  
[https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info\\_id=938&ref\\_no=2](https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=938&ref_no=2)
- NK603  
[https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info\\_id=88&ref\\_no=2](https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=88&ref_no=2)

## (2) 生物多様性影響評価を踏まえた結論

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書の結論は妥当であると判断した。