

生物多様性影響評価検討会での検討の結果

1. 名称: 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 (DvSnf7, 改変 *cry3Bb1*, 改変 *cp4 epsps*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (MON87411, OECD UI: MON-87411-9)

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: 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

本組換えトウモロコシは、*Escherichia coli* 由来のプラスミド pBR322 をもとに構築された PV-ZMIR10871 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には、ウエスタンコーンルートワーム (*Diabrotica virgifera virgifera*) の細胞機能の維持に必要な役割を果たしている Snf7 遺伝子の一部塩基配列を逆方向反復配列の形で組み合わせた DNA 断片 (以下、「DvSnf7 遺伝子断片」という。) を宿主に組込むことにより、RNA 干渉効果をもたらす二本鎖 RNA (dsRNA) が産生されるように設計されている。また、*Bacillus thuringiensis* 由来の改変 *Cry3Bb1* 蛋白質をコードする改変 *cry3Bb1* 遺伝子及び *Agrobacterium* CP4 株由来の改変 CP4 EPSPS 蛋白質をコードする改変 *cp4 epsps* 遺伝子を有している。本組換えトウモロコシには、これら DvSnf7 遺伝子断片、改変 *cry3Bb1* 遺伝子及び改変 *cp4 epsps* 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等により確認されている。

なお、本組換えトウモロコシは、宿主に関する情報や導入された遺伝子の情報を検討したところ、生理学的又は生態学的特性に関する試験結果を用いずとも、本組換えトウモロコシを隔離ほ場試験で使用する場合は生物多様性影響評価を行うことは可能であると考えられた。

(ア) 競合における優位性

宿主が属する生物種であるトウモロコシは、我が国において長年にわたり栽培されているが、我が国において自生しているとの報告はなされていない。

本組換えトウモロコシには DvSnf7 遺伝子断片から産生される dsRNA 及び改変 *Cry3Bb1* 蛋白質によるコウチュウ目害虫抵抗性の形質が付与されているが、コウチュウ目害虫による食害のみが、我が国の自然条件下におけるトウモロコシの生育の可否を規定する要因となり得ないことから、これらの形質を付与した本組換えトウモロコシが自然条件下で自生し、さらに競合における優位性を高めるとは考え難い。

また、本組換えトウモロコシは改変 CP4 EPSPS 蛋白質の産生による除草剤グリホサート耐性を有するが、グリホサートを散布されることが想定しにくい自然条件下においてグリホサート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、本組換えトウモロコシは、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、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トウモロコシは、野生動植物等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との報告はない。

DvSnf7 遺伝子断片は、トウモロコシ内在性遺伝子の mRNA との相同性は低く、コウチュウ目ハムシ科ヒゲナガハムシ亜科に属する昆虫種間で高い相同性が認められている。このため、本組換えトウモロコシ中で産生される dsRNA が、RNAi 機構によって、トウモロコシに内在する遺伝子の発現を抑制するとは考えにくく、また、新たな蛋白質を産生することも考えにくいことから、宿主の代謝系に作用して有害物質を産生するとは考え難い。さらに、本組換えトウモロコシで発現する dsRNA はウエスタンコーンルートワームに対する殺虫活性を付与することを目的として導入されているが、その殺虫スペクトルは極めて狭く、コウチュウ目昆虫種の中でもハムシ科に属する一部の昆虫に限定される。

加えて、本組換えトウモロコシ中に産生される改変 Cry3Bb1 蛋白質の殺虫スペクトルは極めて狭く、コウチュウ目昆虫種の中でハムシ科のハムシ亜科及びヒゲナガハムシ亜科にそれぞれ属するコロラドポテトビートルとコーンルートワームのみに殺虫活性を示し、その他の野生動植物に対する毒性は認められていない。

本組換えトウモロコシ中で発現している dsRNA、改変 Cry3Bb1 蛋白質及び改変 CP4 EPSPS 蛋白質は、それぞれ異なる作用機作を有していることから、相互に作用して、特定の昆虫に対して殺虫活性を相乗的に高めたり、殺虫スペクトルを拡げたりすることはないと考えられた。

このほか、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蛋白質であるが、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考え難い。

また、改変 Cry3Bb1 蛋白質と改変 CP4 EPSPS 蛋白質は、既知アレルゲンと類似の配列を有していないことが確認されている。

本組換えトウモロコシの花粉又は植物体を摂取することにより影響を受ける可能性のある野生動植物等として、コウチュウ目昆虫 4 種が特定された。しかしながら、我が国及び北米における調査では、トウモロコシ栽培ほ場周辺に堆積する花粉量は、ほ場から 10m 離れると極めて低い値となること、本隔離ほ場における栽培では、除雄又は雄穂の袋がけを行うことにより、花粉をほ場外に飛散させない措置をとることから、特定されたコウチュウ目昆虫が本組換えトウモロコシの花粉の飛散により個体群レベルで影響を受ける可能性は低いと考えられた。また、播種時には防鳥網等の設置を行い、栽培終了時には鋤き込みを行うことから、植物体及び種子がほ場外に漏出することは考え難い。

以上のことから、本組換えトウモロコシは、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これらに付随する行為の範囲内では、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、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。

(ウ)交雑性

我が国において、トウモロコシが野生化した事例はなく、トウモロコシと交雑可能な近縁野生種であるテオシントの自生も報告されていない。

以上より、本組換えトウモロコシは、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、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、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

以上より、本組換えトウモロコシは、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:除草剤グリホサート耐性セイヨウナタネ (*gat4621*, *Brassica napus* L.)(73496, OECD UI: DP-Ø73496-4)

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: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

本組換えセイヨウナタネは、*Escherichia coli* 由来のプラスミド pUC19 をもとに構築された PHP28181 を制限酵素で処理して得られた直鎖状 DNA 断片 PHP28181A をパーティクルガン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、*Bacillus licheniformis* の 3 つの株 (ST401 株、B6 株及び DS3 株) 由来の *N*-アセチルトランスフェラーゼ遺伝子を基に DNA シャッフリング法により得た GAT4621 蛋白質をコードする *gat4621* 遺伝子が染色体上に 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 ELISA 分析及び除草剤散布試験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セイヨウナタネは、路傍や工場跡地のような定期的に人の手が加えられる地域では自生化しうるが、人の手がほとんど加えられない自然環境下では自生化は困難であることが報告されている。

2011 年に我が国の隔離ほ場において、本組換えセイヨウナタネの競合における諸形質について調査が行われた結果、本組換えセイヨウナタネの発芽揃い日は非組換えセイヨウナタネに比べ 1 日遅く、発芽率、一次分枝数、地上部重、莢長、着莢率及び総着莢数は、非組換えセイヨウナタネと比べ低く、統計学的有意差が認められた。しかしながら、これらの有意差が本組換えセイヨウナタネ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。

本組換えセイヨウナタネに GAT4621 蛋白質の産生による除草剤グリホサート耐性が付与されているが、除草剤グリホサートの散布が想定されにくい自然条件下においてグリホサート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、本組換えセイヨウナタネについて影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定はされず、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

セイヨウナタネの種子には、動物に有害と考えられるエルシン酸やグルコシノレートが含まれる。一方、本組換えセイヨウナタネの宿主として用いた系統は、品種改良により両物質の含量を低減した、いわゆるカノーラであり、野生動物の生息に影響を及ぼすことはないと考えられた。

本組換えセイヨウナタネは、除草剤グリホサートに耐性を付与する GAT4621 蛋白質を産生するが、当該蛋白質が有害物質であるとの報告はなく、既知アレルゲンと類似性

のある配列を有していないことが確認されている。また、GAT4621 蛋白質により、除草剤グリホサートは *N*-アセチルグリホサートに変換されるが、本物質が有害物質であるとの報告はない。さらに、本組換えセイヨウナタネにおいて *N*-アセチルアミノ酸類が増加するが、それらは本組換えセイヨウナタネ中に新たに産生された成分ではなく、動植物中にも含まれていることから、動物の健康に悪影響を及ぼすことはないと考えられた。

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が、全ての有害物質の産生性に関する項目で本組換えセイヨウナタネと非組換えセイヨウナタネとの間に統計学的有意差は認められなかった。

以上より、影響を受ける可能性のある野生動植物は特定されず、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

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は特定されず、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判断されたとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(エ)その他

我が国の自然条件でセイヨウナタネと自然交雑可能なことが報告されている近縁種のうち、セイヨウナタネ及びアブラナ(在来ナタネ *Brassica rapa*) は栽培種であり、クロガラシ(*B. nigra*)、セイヨウダイコン(*Raphanus raphanistrum*)、ノハラガラシ(*Sinapis arvensis*)、カラシナ(*B. juncea*) 及びダイコンモドキ(*Hirschfeldia incana*) は帰化植物であるため、交雑に起因する生物多様性影響を受ける可能性のある我が国在来の野生動植物は特定されなかった。しかし、セイヨウナタネとこれらの近縁種が交雑した場合に生ずる間接的な影響の可能性(交雑により生じた雑種が競合において優位になり、他の野生植物種の個体群を駆逐する可能性、挿入遺伝子が負担となり雑種の個体群が縮小し、その結果、近縁種に依存して生息する昆虫等の野生動植物の個体群の維持に影響を与える可能性)について、その影響を考察した。その結果、

の可能性については、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。

の可能性については、除草剤耐性の形質が交雑により近縁種のゲノム中に移入したとしても負担とならないという報告があることから、*gat4621* 遺伝子が負担となり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る。このため、これら近縁種に依存して生息する昆虫などの野生生物の個体群に影響が生じる可能性は極めて低いと判断された。

以上のことから、本組換えセイヨウナタネと近縁種との交雑により間接的に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。

3. 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耐性トウモロコシ (改変 *cry1F*, *cry34Ab1*, *cry35Ab1*, *pat*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) *litis*) (4114, OECD UI: DP-004114-3)

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、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

本組換えトウモロコシは、*Agrobacterium tumefaciens* LBA4404 株由来のプラスミド pSB1 をもとに構築された PHP27118 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、*Bacillus thuringiensis* var. *aizawai* 由来の改変 Cry1F 蛋白質をコードする改変 *cry1F* 遺伝子、*B. thuringiensis* PS149B1 株由来の Cry34Ab1 蛋白質をコードする *cry34Ab1* 遺伝子、*B. thuringiensis* PS149B1 株由来の Cry35Ab1 蛋白質をコードする *cry35Ab1* 遺伝子及び *Streptomyces viridochromogenes* 由来の PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子が染色体上に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 ELISA 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トウモロコシは、我が国において長年にわたり栽培されているが、我が国において自生しているとの報告はなされていない。

2011～2012年に我が国の隔離ほ場において、本組換えトウモロコシの競合における優位性に関わる諸形質について調査が行われた。その結果、発芽揃い日が非組換えトウモロコシより本組換えトウモロコシで早く、稈長にも統計学的有意差が認められた。しかしながら、種子の生産量や休眠性等、その他の調査項目では、統計学的有意差は認められず、発芽揃い日及び稈長に認められた相違が本組換えトウモロコシを自生させる要因になるとは考え難い。

本組換えトウモロコシには改変 Cry1F 蛋白質、Cry34Ab1 蛋白質及び Cry35Ab1 蛋白質産生によるチョウ目及びコウチュウ目害虫に対する抵抗性が付与されているが、これらの昆虫による食害は、トウモロコシが我が国の自然環境下で生育することを困難にしている主要因ではない。このことから、本特性の付与が本組換えトウモロコシを自然環境で自生させる要因になるとは考え難い。また、PAT 蛋白質産生による除草剤グルホシネート耐性も付与されているが、本除草剤が散布されることが想定されない自然環境下において、これらの除草剤に耐性であることで競合における優位性が高まるとは考え難い。

以上より、本組換えトウモロコシの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。

(イ)有害物質の産生性

宿主が属する生物種であるトウモロコシが、野生動植物等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との報告はない。

本組換えトウモロコシ中に産生される改変 Cry1F 蛋白質はチョウ目害虫に対し、Cry34Ab1 蛋白質及び Cry35Ab1 蛋白質はコウチュウ目害虫に対し殺虫活性を有するが、その他の野生動植物に対しての毒性は認められていない。また、除草剤グルホシネート耐性を付与する PAT 蛋白質も有害物質としての報告は無い。さらに、これら Bt 蛋白質や PAT 蛋白質は、既知アレルゲンと類似の配列を有さないことが確認されている。なお、PAT 蛋白質の作用により除草剤グルホシネートの代謝産物である *N*-アセチルグルホシネートが産生されるが、*N*-アセチルグルホシネートの動物に対する毒性はグルホシネートより低いことが確認されている。

2011～2012 年に我が国の隔離ほ場において、本組換えトウモロコシの有害物質産生性の有無を後作試験、鋤込み試験及び土壌微生物相試験により検討した。その結果、土壌微生物相試験において、放線菌数に統計学的有意差が認められたが、最小及び最大値のいずれの値も過去の同ほ場において通常の肥培管理を行ったときの放線菌数の変動の範囲を超えるものではなかった。その他の項目については、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は認められなかった。

本組換えトウモロコシの花粉又は植物体を摂取することにより影響を受ける可能性のある野生動植物等として、チョウ目昆虫 99 種及びコウチュウ目昆虫 4 種が特定された。しかしながら、特定された昆虫種がトウモロコシ栽培ほ場周辺に局所的に生息している可能性は低いと考えられることから、個体群レベルで本組換えトウモロコシによる影響を受ける可能性は低いと考えられた。

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トウモロコシと交雑可能な野生植物は生育していないことから、影響を受ける可能性のある野生植物は特定されず、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。

4. 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ワタ(改変 *aad-12*, *pat*, *Gossypium hirsutum* L.)(DAS1910, OECD UI: DAS-81910-7)

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、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

本組換えワタは、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。

本組換えワタは、*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ワタは、我が国の自然条件下において自生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、本組換えワタ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、本組換えワタと対照の非組換えワタとの間に差異は認められなかった。

本組換えワタには、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、本組換えワタ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ワタについては、非反芻動物に対して毒性を示すゴッシポール及び飽和脂肪酸の不飽和化を阻害することにより鶏卵の脱色やふ化率低下を引き起こすシクロプロペン脂肪酸が含まれている。しかしながら、野生のほ乳動物がワタの種子を摂食するという報告はなされていない。また、ワタには、他感作用物質のような野生動植物等の生息又は生育に影響を及ぼす有害物質の産生性は知られていない。本組換えワタは、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、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性のある配列を有していないことも確認されている。なお、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はグルホシネートより低いことが確認されている。

本組換えワタと非組換えワタの有害物質の産生性を比較するため、2012年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が行われた。その結果、いずれの試験においても、本組換えワタと非組換えワタの試験区の間には統計学的有意差は認められなかった。

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

我が国の自然環境中にはワタと交雑可能な野生植物は生育していないことから、影響を受ける可能性のある野生植物は特定されず、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。

5. 名称: 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 (改変 *cry1Ab*, 改変 *vip3A*, *pat*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (Bt11 × MIR162, OECD UI: SYN-BT011-1 × SYN-IR162-4)

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: シンジェンタジャパン株式会社

(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、

改変 *Cry1Ab* 蛋白質をコードする改変 *cry1Ab* 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 (Bt11)、

改変 *Vip3A* 蛋白質をコードする改変 *vip3A* 遺伝子及び *PMI* 蛋白質をコードする *pmi* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性トウモロコシ (MIR162)、

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される各 Bt 蛋白質 (改変 *Cry1Ab* 蛋白質及び改変 *Vip3A* 蛋白質) は、独立して殺虫活性を示すと考えられ、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、除草剤耐性蛋白質である *PAT* 蛋白質及び選抜マーカー蛋白質である *PMI* 蛋白質は基質特異性が高く、宿主の代謝系を変化させることはないと考えられる。また、各蛋白質の基質も異なり、関与する代謝系も互いに独立していること、Bt 蛋白質が酵素活性を持つという報告はないことから、本スタック系統において、これらの蛋白質が相互に作用して宿主の代謝系を変化させる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、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

- Bt11

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=906&ref_no=2

- MIR162

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1493&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。