

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、グリホサート及びグルホシネート耐性ダイズ(改変 *aad-12*, *2mepsps*, *pat*, *Glycine max* (L.) Merr.) (DAS44406, OECD UI: DAS-44406-6)

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: 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

本組換えダイズには、*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、トウモロコシ由来の 2mEPSPS 蛋白質をコードする *2mepsps* 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コピー組み込まれている。それらの遺伝子が、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関わる諸形質について調査が行われた。その結果、本組換えダイズと対照の非組換えダイズとの間に相違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、*2mepsps* 遺伝子及び *pat* 遺伝子が導入されており、それぞれ改変 AAD-12 蛋白質、2mEPSPS 蛋白質及び PAT 蛋白質が発現することにより、アリルオキシアルカノエート系除草剤、除草剤グリホサート及びグルホシネートに対する耐性が付与されている。しかしながら、これらの除草剤が散布されることが想定されな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、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、除草剤グリホサート耐性を付与する 2mEPSPS 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、これらの蛋白質は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の間には統計学的有意差は認められなかった。

また、2,4-D の散布時に、改変 AAD-12 蛋白質の作用により 2,4-DCP が産生されるが、水生生物に対するその毒性は 2,4-D と同等もしくはそれよりも低いことが確認されている。さらに、除草剤グルホシネートの散布時に、PAT 蛋白質の作用により *N*-アセチル-L-グルホシネートが産生されるが、動物に対するその毒性はグルホシネートより低いことが確認されている。

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

ダイズと交雑可能な近縁野生種として、我が国ではツルマメが自生しており、影響を受ける可能性のある野生動植物としてツルマメが特定された。

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、野原や荒地など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、かつ我が国において開花期が重なることは稀であること、

ツルマメと開花期が重なるダイズ品種(晩生)とツルマメとを恣意的に交互に配置して栽培した場合であっても、その交雑率は0.73%にすぎなかったとの報告があること、

除草剤耐性が付与された別の組換えダイズにツルマメを巻きつけた交雑実験では、交雑率が最大で0.097%であったなどの報告があること、

数年間、日本各地のダイズ畑周辺に生息するツルマメ集団を対象として遺伝子解析を行ったところ、雑種後代が継続して存続しうることを示す結果は認められなかったこと、
などから、本組換えダイズとツルマメとの交雑性はこれまでの通常のダイズとツルマメとが交雑する確率と同様に低く、本組換えダイズに導入した遺伝子が、ツルマメ集団に浸透していく可能性は極めて低いと考えられた。

さらに、花粉の充実度及び花粉の形態や大きさについては、本組換えダイズと非組換えダイズとの間に相違は認められなかったことから、本組換えダイズの生殖に関わる形質は非組換えダイズと同等であると考えられた。

以上のことから、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。

(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、グルホシネート及びグリホサート耐性並びにチョウ目害虫抵抗性ワタ (改変 *dmo*, *bar*, 改変 *cp4 epsps*, 改変 *cry1Ac*, 改変 *cry2Ab2*, *Gossypium hirsutum* L.)(MON88701 × 15985 × MON88913, OECD UI: MON-88701-3 × MON-15985-7 × MON-88913-8)(MON88701, 15985 及び MON88913 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ワタ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、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

除草剤ジカンバ、グルホシネート及びグリホサート耐性並びにチョウ目害虫抵抗性ワタ (以下「本スタック系統」という。) は、

改変 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)、

改変 *Cry1Ac* 蛋白質をコードする改変 *cry1Ac* 遺伝子、改変 *Cry2Ab2* 蛋白質をコードする改変 *cry2Ab2* 遺伝子、GUSE377K 蛋白質をコードする改変 *uidA* 遺伝子及び NPT II 蛋白質をコードする *npt* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性ワタ (15985)、

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ワタ (MON88913)、

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 *Cry1Ac* 蛋白質及び改変 *Cry2Ab2* 蛋白質) は、標的害虫に対して特異的に作用し、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生じることはないと考えられた。Bt 蛋白質には酵素活性が無いため、宿主の代謝系を変化させる可能性は低いと考えられた。また、除草剤耐性蛋白質である改変 DMO 蛋白質、PAT 蛋白質、改変 CP4 EPSPS 蛋白質及び選抜マーカー蛋白質である GUSE377K、NPT II 蛋白質は高い基質特異性を有し、関与する代謝経路も互い独立していることから、宿主の代謝系を変化させたり、予期しない代謝物が生じたりす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、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

- MON88701
http://www.bch.biodic.go.jp/download/lmo/public_comment/H25_11_5.gakushiikiiken2.pdf
- 15985
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=95&ref_no=2
- MON88913
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=683&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。

3. 名称:除草剤ジカンバ、グルホシネート及びグリホサート耐性ワタ(改変 *dmo*, *bar*, 改変 *cp4 epsps*, *Gossypium hirsutum* L.)(MON88701 × MON88913, OECD UI: MON-88701-3 × MON-88913-8)

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

除草剤ジカンバ、グルホシネート及びグリホサート耐性ワタ(以下「本スタック系統」という。)は、

改変 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)、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ワタ(MON88913)、

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除草剤耐性蛋白質である改変 DMO 蛋白質、PAT 蛋白質、改変 CP4 EPSPS 蛋白質は高い基質特異性を有し、関与する代謝経路も互い独立していることから、宿主の代謝系を変化させたり、予期しない代謝物が生じたりす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、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

- MON88701
http://www.bch.biodic.go.jp/download/lmo/public_comment/H25_11_5.gakus_hikiiken2.pdf
- MON88913
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=683&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。

4. 名称: チョウ目害虫抵抗性及び除草剤グリホサート耐性ワタ (改変 *vip3A*, 改変 *cry1Ac*, 改変 *cry2Ab2*, 改変 *cp4 epsps*, *Gossypium hirsutum* L.) (COT102 × 15985 × MON88913, OECD UI: SYN-IR102-7 × MON-15985-7 × MON-88913-8) (COT102, 15985 及び MON88913 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ワタ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、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

チョウ目害虫抵抗性及び除草剤グリホサート耐性ワタ(以下「本スタック系統」という。)は、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* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性ワタ(COT102)、改変 *Cry1Ac* 蛋白質をコードする改変 *cry1Ac* 遺伝子、改変 *Cry2Ab2* 蛋白質をコードする改変 *cry2Ab2* 遺伝子、*GUSE377K* 蛋白質をコードする改変 *uidA* 遺伝子及び *NPT II* 蛋白質をコードする *npt* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性ワタ(15985)、

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ワタ(MON88913)、

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 *Vip3A* 蛋白質、改変 *Cry1Ac* 蛋白質及び改変 *Cry2Ab2* 蛋白質)は、標的害虫に対して特異的に作用し、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生じることはないと考えられた。Bt 蛋白質には酵素活性が無いため、宿主の代謝系を変化させる可能性は低いと考えられた。また、除草剤耐性蛋白質である改変 *CP4 EPSPS* 蛋白質及び選抜マーカー蛋白質である *APH4* 蛋白質、*GUSE377K* 蛋白質や *NPT II* 蛋白質は高い基質特異性を有し、関与する代謝経路も互い独立していることから、宿主の代謝系を変化させたり、予期しない代謝物が生じたりす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、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

- COT102
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1576&ref_no=2
- 15985
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=95&ref_no=2
- MON88913
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=683&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。

5. 名称: チョウ目害虫抵抗性ワタ (改変 *vip3A*, 改変 *cry1Ac*, 改変 *cry2Ab2*, *Gossypium hirsutum* L.) (COT102 × 15985, OECD UI: SYN-IR102-7 × MON-15985-7)

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: 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

チョウ目害虫抵抗性ワタ(以下「本スタック系統」という。)は、

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* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性ワタ(COT102)、

改変 *Cry1Ac* 蛋白質をコードする改変 *cry1Ac* 遺伝子、改変 *Cry2Ab2* 蛋白質をコードする改変 *cry2Ab2* 遺伝子、*GUSE377K* 蛋白質をコードする改変 *uidA* 遺伝子及び *NPT II* 蛋白質をコードする *npt* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性ワタ(15985)、

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 *Vip3A* 蛋白質、改変 *Cry1Ac* 蛋白質及び改変 *Cry2Ab2* 蛋白質)は、標的害虫に対して特異的に作用し、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生じることはないと考えられた。Bt 蛋白質には酵素活性が無いため、宿主の代謝系を変化させる可能性は低いと考えられた。また、選抜マーカー蛋白質である *APH4* 蛋白質、*GUSE377K* 蛋白質や *NPT II* 蛋白質は高い基質特異性を有し、関与する代謝経路も互いに独立していることから、宿主の代謝系を変化させたり、予期しない代謝物が生じたりす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、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

- COT102

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1576&ref_no=2

- 15985

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=95&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。

6. 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 *cry1F*, *pat*, *cry1Ab*, 改変 *vip3A*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis)(1507×MON810×MIR162, OECD UI: DAS-Ø15Ø7-1×MON-ØØ81Ø-6×SYN-IR162-4) (*B.t.* *Cry1F* maize line 1507, MON810 及び MIR162 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(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 *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 *Cry1F* 蛋白質、*Cry1Ab* 蛋白質及び改変 *Vip3A* 蛋白質)は、標的害虫に対して特異的に作用し、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。*Bt* 蛋白質には酵素活性が無いため、宿主の代謝系を変化させる可能性は低いと考えられた。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* 蛋白質は酵素活性を有するが、基質特異性が高く、関与する作用機作も互いに独立していることから、宿主の代謝系を変化させたり、予期しない代謝物が生じたりす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、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

- MON810

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=6&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。