

## 生物多様性影響評価検討会における検討の結果

- 1 名称：除草剤グルホシネート耐性ダイズ(*pat*, *Glycine max* (L.) Merr.)(A2704-12, OECD UI: ACS-GM005-3)

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：バイエルクロップサイエンス株式会社

生物多様性影響評価検討会は、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ダイズ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

本組換えダイズは、大腸菌由来のプラスミド pUC19 をもとに構築されたプラスミド pB2/35SAcK を制限酵素で処理して得られた直鎖状 DNA 断片をパーティクルガン法により導入し作出されている。

本組換えダイズには、*Streptomyces viridochromogenes* 由来の PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子の発現カセットの 2 コピーが染色体上の 1 カ所に隣接して組み込まれており、複数世代にわたり安定して伝達され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 ELISA 法及び除草剤グルホシネート散布試験により確認されている。

#### (1) 競合における優位性

ダイズは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでに自然環境下で雑草化したとの報告はない。

2014 年に我が国の隔離ほ場において、本組換えダイズ及び対照の非組換えダイズを栽培し競合における優位性に関わる諸形質（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、花粉の充実度・サイズ及び種子の生産量等）について調査したが、本組換えダイズ及び対照の非組換えダイズとの間に統計学的有意差及び相違は認められなかった。

本組換えダイズには、PAT 蛋白質の産生により除草剤グルホシネート耐性が付与されているが、グルホシネートの散布が想定されない自然環境下において、グルホシネ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られない。

以上のことから、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。

#### (2) 有害物質の産生性

ダイズは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでにダイズが有害物質を産生したとの報告はない。

本組換えダイズが産生する PAT 蛋白質は酵素活性を有するが、高い基質特異性を示すため、宿主の代謝系に影響し新たな有害物質を産生するとは考えられない。また、PAT 蛋白質は、既知アレルゲンと構造的に類似性の配列を持たないことが確認されている。

実際、我が国の隔離ほ場において鋤込み試験及び後作試験を行ったところ、ダイコンの発芽率及び乾燥重について本組換えダイズ及び対照の非組換えダイズとの間に統計学的有意差は認められなかった。また、土壌微生物相試験を行ったところ、細菌、放線菌及び糸状菌数について本組換えダイズ及び対照の非組換えダイズとの間に統計学的有意差は認められなかった。

以上のことから、本組換えダイズ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。

### (3) 交雑性

ダイズの近縁野生種としてはツルマメが知られており、影響を受ける可能性のある野生動植物等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、本組換えダイズに導入されている *pat* 遺伝子はその雑種及びその後代に浸透することによって、当該遺伝子がツルマメ集団に定着することが考えられる。

しかしながら、

- ① 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複することは稀であること
- ② ツルマメの開花期と重複する晩生のダイズ品種を人為的に交互に植栽した場合であっても、その交雑率は 0.73% にすぎないとの報告があること
- ③ 実際、隔離ほ場試験において本組換えダイズを非組換えダイズと隣接して栽培したところ、交雑個体は認められなかったこと

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（1%未満）と同様に低く、*pat* 遺伝子がツルマメ集団に浸透し定着するとは考えられない。

また、花粉の稔性・サイズについては、本組換えダイズ及び非組換えダイズとの間に統計学的有意差は認められていないことから、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、本組換えダイズの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の結論は妥当であると判断した。

- 2 名称: チョウ目害虫抵抗性並びに除草剤ジカンバ及びグリホサート耐性ダイズ (*cry1A.105*, 改変 *cry2Ab2*, 改変 *cry1Ac*, 改変 *dmo*, 改変 *cp4 epsps*, *Glycine max* (L.) Merr.) (MON87751 × MON87701 × MON87708 × MON89788, OECD UI: MON-87751-7 × MON-87701-2 × MON-87708-9 × MON-89788-1) 並びに当該ダイズ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: 日本モンサント株式会社

生物多様性影響評価検討会は、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除草剤ジカンバ及びグリホサート耐性ダイズ (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 *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ダイズ (MON87751)、
  - ② 改変 *Cry1Ac* 蛋白質をコードする改変 *cry1Ac* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性ダイズ (MON87701)、
  - ③ 改変 *DMO* 蛋白質をコードする改変 *dmo* 遺伝子が導入された除草剤ジカンバ耐性ダイズ (MON87708)、
  - ④ 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、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遺伝子により産生する害虫抵抗性蛋白質 (*Cry1A.105* 蛋白質、改変 *Cry2Ab2* 蛋白質及び改変 *Cry1Ac* 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ずるとは考えられない。また、害虫抵抗性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。さらに、除草剤耐性蛋白質（改変 DMO 蛋白質及び改変 CP4 EPSPS 蛋白質）は酵素活性を有するが、いずれも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、これらの蛋白質が相互に作用して予期しない代謝物が生ずるとは考えられない。このため、これらの蛋白質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

● MON87751

[http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info\\_id=1667&ref\\_no=2](http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1667&ref_no=2)

● MON87701

[http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info\\_id=1590&ref\\_no=2](http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1590&ref_no=2)

● MON87708

[http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info\\_id=1643&ref\\_no=2](http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1643&ref_no=2)

● MON89788

[http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info\\_id=1003&ref\\_no=2](http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/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。

- 3 名称：除草剤グリホサート誘発性雄性不稔、除草剤グリホサート及びグルホシネート耐性並びにチョウ目及びコウチュウ目害虫抵抗性トウモロコシ（改変 *cp4 epsps*, *cry1A.105*, 改変 *cry2Ab2*, *cry1F*, *pat*, *DvSnf7*, 改変 *cry3Bb1*, *cry34Ab1*, *cry35Ab1*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (MON87427 × MON89034 × *B.t. Cry1F* maize line 1507 × MON87411 × *B.t. Cry34/35Ab1* Event DAS-59122-7, OECD UI: MON-87427-7 × MON-89034-3 × DAS-01507-1 × MON-87411-9 × DAS-59122-7)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：日本モンサント株式会社

生物多様性影響評価検討会は、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除草剤グリホサート誘発性雄性不稔、除草剤グリホサート及びグルホシネート耐性並びにチョウ目及びコウチュウ目害虫抵抗性トウモロコシ（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、

⑤ 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誘発性雄性不稔及び除草剤グリホサート耐性トウモロコシ (MON87427)、

⑥ *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)、

⑦ *Cry1F* 蛋白質をコードする *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 (*Cry1F* line 1507)、

⑧ *DvSnf7* 蛋白質をコードする *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 タンパク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)、

⑨ *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コウチュ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(Event DAS-59122-7)、

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 *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 機構を通して特異的に抑制するように設計されており、その他の遺伝子の発現を抑制するとは考えられない。また、当該遺伝子断片からは新たな蛋白質は産生されない。

害虫抵抗性蛋白質 (*Cry1A.105* 蛋白質、改変 *Cry2Ab2* 蛋白質、*Cry1F* 蛋白質、改変 *Cry3Bb1* 蛋白質、*Cry34Ab1* 蛋白質及び *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ずるとは考えられない。また、害虫抵抗性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。さらに、除草剤耐性蛋白質 (改変 CP4 EPSPS 蛋白質及び PAT 蛋白質) は酵素活性を有するが、いずれも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、これらの蛋白質が相互に作用して予期しない代謝物が生ずるとは考えられない。

このため、これらの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

● MON87427

[http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info\\_id=1612&ref\\_no=2](http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1612&ref_no=2)

- MON89034

[http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info\\_id=1002&ref\\_no=2](http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1002&ref_no=2)

- Cry1F line 1507

[http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info\\_id=138&ref\\_no=2](http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=138&ref_no=2)

- MON87411

[http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info\\_id=1780&ref\\_no=2](http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1780&ref_no=2)

- Event DAS-59122-7

[http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info\\_id=726&ref\\_no=2](http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=726&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の結論は妥当であると判断した。

- 4 名称：除草剤グリホサート及びイソキサフルトール耐性ワタ (*2mepsps*, *hppdPFW336-1Pa*, *Gossypium hirsutum* L.) (GHB811, OECD UI : BCS-GHB811-4)

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：バイエルクロップサイエンス株式会社

生物多様性影響評価検討会は、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ワタ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

本組換えワタは、大腸菌由来 pUC19 及びアグロバクテリウム由来 pGSC1700 をもとに構築されたプラスミド pTSIH09 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。

本組換えワタには、2mEPSPS 蛋白質をコードする *2mepsps* 遺伝子及び *Pseudomonas fluorescens* 由来の HPPD W336 蛋白質をコードする *hppdPFW336-1Pa* 遺伝子を含む T-DNA 領域が染色体上に 1 コピー組み込まれており、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 ELISA 分析により確認されている。

#### (1) 競合における優位性

ワタは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでに自然環境下で自生化したとの報告はない。

本組換えワタには、2mEPSPS 蛋白質及び HPPD W336 蛋白質が産生されることにより、除草剤グリホサート及びイソキサフルトール耐性が付与されているが、これら除草剤の散布が想定されない自然環境下において、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られない。

以上のことから、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。

#### (2) 有害物質の産生性

ワタの種子には、非反芻動物に対して毒性を示すゴシポール等が含まれているが、野生動物がワタの種子を摂食するという報告はない。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。

本組換えワタが産生する 2mEPSPS 蛋白質及び HPPD W336 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。また、これらの蛋白質は、

高い基質特異性を有しているため、宿主の代謝系に作用して、新たな有害物質を産生するとは考えられない。

以上のことから、本組換えワタ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。

### **(3) 交雑性**

我が国の自然環境下にはワタと交雑可能な近縁野生種の自生は報告されていない。このため、本組換えワタ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、本組換えワタの交雑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、本組換えワタを、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。

- 5 名称：除草剤グリホサート及びイソキサフルトール耐性ワタ (*2mepsps*, *hppdPFW336-1Pa*, *Gossypium hirsutum* L.) (GHB814, OECD UI : BCS-GHB814-7)

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：バイエルクロップサイエンス株式会社

生物多様性影響評価検討会は、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ワタ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

本組換えワタは、大腸菌由来 pUC19 及びアグロバクテリウム由来 pGSC1700 をもとに構築されたプラスミド pTSIH09 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。

本組換えワタには、2mEPSPS 蛋白質をコードする *2mepsps* 遺伝子及び *Pseudomonas fluorescens* 由来の HPPD W336 蛋白質をコードする *hppdPFW336-1Pa* 遺伝子を含む T-DNA 領域が染色体上に 1 コピー組み込まれており、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 ELISA 分析により確認されている。

#### (1) 競合における優位性

ワタは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでに自然環境下で自生化したとの報告はない。

本組換えワタには、2mEPSPS 蛋白質及び HPPD W336 蛋白質が産生されることにより、除草剤グリホサート及びイソキサフルトール耐性が付与されているが、これら除草剤の散布が想定されない自然環境下において、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られない。

以上のことから、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。

#### (2) 有害物質の産生性

ワタの種子には、非反芻動物に対して毒性を示すゴシポール等が含まれているが、野生動物がワタの種子を摂食するという報告はない。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。

本組換えワタが産生する 2mEPSPS 蛋白質及び HPPD W336 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。また、これらの蛋白質は、

高い基質特異性を有しているため、宿主の代謝系に作用して、新たな有害物質を産生するとは考えられない。

以上のことから、本組換えワタ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。

### **(3) 交雑性**

我が国の自然環境下にはワタと交雑可能な近縁野生種の自生は報告されていない。このため、本組換えワタ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、本組換えワタの交雑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、本組換えワタを、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。

- 6 名称:カメムシ目、アザミウマ目及びコウチュウ目害虫抵抗性ワタ (改変 *cry51Aa2*, *Gossypium hirsutum* L.) (MON88702, OECD UI: MON-88702-4)  
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: 日本モンサント株式会社

生物多様性影響評価検討会は、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ワタ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

本組換えワタは、大腸菌由来 pBR322 をもとに構築されたプラスミド PV-GHIR508523 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。

本組換えワタには、*Bacillus thuringiensis* 由来の改変 *Cry51Aa2* 蛋白質をコードする改変 *cry51Aa2* 遺伝子を含む T-DNA 領域が染色体上に 1 コピー組み込まれており、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次世代シーケンサーによる接合領域の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解析により確認されている。

#### (1) 競合における優位性

ワタは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでに自然環境下で自生化したとの報告はない。

本組換えワタには、改変 *Cry51Aa2* 蛋白質の産生によりカメムシ目、アザミウマ目及びコウチュウ目害虫抵抗性が付与されている。しかしながら、栽培種であるワタが我が国の自然環境下で自生することは困難であることから、我が国の自然環境下において競合における優位性を高めるとは考えられない。

以上のことから、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。

#### (2) 有害物質の産生性

ワタの種子には、非反芻動物に対して毒性を示すゴシポール等が含まれているが、野生動物がワタの種子を摂食するという報告はない。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。

本組換えワタが産生する改変 *Cry51Aa2* 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。また、改変 *Cry51Aa2* 蛋白質は酵素活性を持たず、宿主の代謝経路に作用して有害物質を産生するとは考えられない。

改変 Cry51Aa2 蛋白質は、カメムシ目、アザミウマ目及びコウチュウ目昆虫に対して殺虫活性を示すが、それ以外の昆虫種に対して殺虫活性を持たないことが確認されている。このため、影響を受ける可能性が否定できない野生動植物等として、我が国に生息する絶滅危惧又は準絶滅危惧種に指定されているカメムシ目昆虫 4 種及びコウチュウ目昆虫 7 種が特定された。

これらカメムシ目及びコウチュウ目昆虫に対する影響としては、本組換えワタの花粉が隔離ほ場から飛散し、周辺のカメムシ目及びコウチュウ目昆虫に影響を及ぼす可能性が考えられる。しかしながら、

① ワタの花粉は比較的重く、粘性があることから飛散する可能性は低く、ワタ栽培ほ場周辺に堆積する花粉量は、ほ場から 12m 離れると極めて低いことが知られていること

② 特定された昆虫種の生息地及び生息環境から判断すると、これら昆虫種が隔離ほ場周辺に局所的に分布するとは考えられないこと

から、特定されたカメムシ目及びコウチュウ目昆虫が、本組換えワタ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、隔離ほ場における栽培では、播種時には防鳥網を設置し、栽培後には鋤込みを行うことから、植物及び種子が隔離ほ場外に漏出するとは考えられない。

以上のことから、本組換えワタ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。

### (3) 交雑性

我が国の自然環境下にはワタと交雑可能な近縁野生種の自生は報告されていない。このため、本組換えワタ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、本組換えワタの交雑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検討会を踏まえた結論

以上より、本組換えワタを、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。