

生物多様性影響評価検討会における検討の結果

名称：除草剤グルホシネート耐性及び雄性不稔セイヨウナタネ
(改変 *bar*, 改変 *barnase*, *barstar*, *Brassica napus* L.)
(MS11, OECD UI:BCS-BNØ-12-7)

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、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：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、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、大腸菌由来のプラスミド pGSC1700 をもとに構築されたプラスミド pTCO113 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、*Streptomyces hygroscopicus* 由来のホスフィノスリシン・アセチル基転移酵素 (改変 PAT 蛋白質) をコードする改変 *bar* 遺伝子、*Bacillus amyloliquefaciens* 由来のリボヌクレアーゼ (改変 BARNASE 蛋白質) をコードする改変 *barnase* 遺伝子及び *B. amyloliquefaciens* 由来のリボヌクレアーゼ阻害物質 (BARSTAR 蛋白質) をコードする *barstar* 遺伝子の発現カセットを含む T-DNA 領域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及び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、PAT 蛋白質については ELISA 法により、改変 BARNASE 蛋白質については、薬の形態の比較により確認されている。BARSTAR 蛋白質については、ELISA 法により茎伸長期の根及び開花初期の植物体、根及び花序において微量の発現が確認されている。

(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にわたる栽培等の経験があるが、自然環境下において雑草化した例は報告されていない。

本組換えセイヨウナタネと対照の非組換えセイヨウナタネとの間で競合における優位性に関わる形質として、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、休眠性及び収穫種子の発芽率を、2018年にわが国の隔離ほ場において調査した。本試験では、人為的に非組換えセイヨウナタネの花と本組換えセイヨウナタネの花を接触させることで受粉機会の確保を試みたが、本組換えセイヨウナタネの一株子実収量は非組換えセイヨウナタネと比べ統計学的に有意に低くなり、主茎着花数及び千粒重においては本組換えセイヨウナタネの値が統計学的に有意に高かった。主茎着花数と千粒重に見られた有意差は、受粉頻度の低さに起因した植物に一般的にみられる生理的現象であり、導入遺伝子の特性によるものでないと考えられる。したがって、これら統計学的有意差が認められた形質における差は、雄性不稔形質に起因する生理学的現象と考えられることから、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。

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、競合における優位性に起因して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

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は、品種改良により両物質の含有量が低いカノーラ品種である。これまでにセイヨウナタネが他感物質等のような野生動植物等に影響を及ぼす有害物質を産生するという報告はない。

本組換えセイヨウナタネと対照の非組換えセイヨウナタネとの間で、有害物質の産生性の有無を土壌微生物相試験、鋤き込み試験及び後作試験により比較検討したが、何れの項目においても統計学的有意差は認められなかった。

また、本組換えセイヨウナタネが遺伝子組換えにより新たに発現する改変 PAT 蛋白質、改変 BARNASE 蛋白質及び BARSTAR 蛋白質が有害物質であるとの報告はなく、既知のアレルゲンとの相同性も認められなかった。さらに、PAT 蛋白質は高い基質特異性を有し、BARNASE 蛋白質はリボヌクレアーゼ活性を有し RNA を分解するが、それ以外の基質に対する活性を有するという報告はない。また、BARSTAR 蛋白質は BARNASE 蛋白質と特異的に非共有結合する。これらのことから、導入された蛋白質が宿主の代謝経路に影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。

以上のことから、本組換えセイヨウナタネは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

我が国において、セイヨウナタネと交雑可能な我が国在来の近縁野生種は自生していないため、交雑性に起因する生物多様性影響を受ける可能性のある野生動植物は特定されなかった。

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

我が国に自生するセイヨウナタネの交雑可能な外来近縁種として、*B. rapa*、*B. juncea*、*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自生するセイヨウナタネ及び外来近縁種が交雑した場合、以下の (ア)、(イ) が考えられる。

- (ア) 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。
- (イ) 交雑により浸透した導入遺伝子がもたらす遺伝的負荷によって近縁種の個体群が縮小し、そ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を及ぼす可能性。

しかしながら、(ア) 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。(イ) については、除草剤耐性遺伝子が交雑により近縁種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改変 *bar* 遺伝子も同様であると考えられた。したがって、除草剤を散布することを想定しない自然環境下では、改変 *bar* 遺伝子がもたらす遺伝的負荷が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た。また、改変 *barnase* 遺伝子を獲得した植物体は雄性不稔形質を示すが、優性の雄性不稔形質を有する植物体は世代を重ねるにつれ集団内から速やかに失われることが報告されていることから、形成された雑種が優占化することは考えにくい。*barstar* 遺伝子がコードする BARSTAR 蛋白質は、BARNASE 蛋白質の阻害物質であるが、本組換えセイヨウナタネの T-DNA 領域に組み込まれた *barstar* 遺伝子は、アグロバクテリウム法での形質転換効率を上げるために組み込まれており、その発現は微量であるため、本組換えセイヨウナタネの稔性を回復する程度ではないことを表現型で確認している。これらのことから、導入遺伝子がもたらす遺伝的負荷が、交雑した我が国に自生するセイヨウナタネ及び外来近縁種の個体群の維持に影響を及ぼす可能性は低いと判断された。

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 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、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。