

農作物分科会における検討の結果

名称：長鎖オメガ三系脂肪酸産生及び除草剤グルホシネート耐性セイヨウナタネ
(*Lackl-Δ12D*, *Picpa-ω3D*, *Micpu-Δ6D*, *Pyrco-Δ6E*, *Pavsa-Δ5D*, *Pyrco-Δ5E*,
Pavsa-Δ4D, *pat*, *Brassica napus* L.)
(NS-B50027-4, OECD UI:NS-B50027-4)

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：国立大学法人 筑波大学、ニューファム株式会社

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、バイナリーベクター pORE03 由来の pJP3416 をもとに構築されたプラスミドの pJP3416_GA7-ModB 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、微細藻類 *Micromonas pusilla* 由来の Δ6-デサチュラーゼ蛋白質をコードする *Micpu-Δ6D* 遺伝子、微細藻類 *Pyramimonas cordata* 由来の Δ5-エロンガーゼをコードする *Pyrco-Δ5E* 遺伝子、微細藻類 *Pavlova salina* 由来の Δ5-デサチュラーゼ蛋白質をコードする *Pavsa-Δ5D* 遺伝子、酵母 *Pichia pastoris* 由来の Δ15-ω3-desaturase 蛋白質をコードする *Picpa-ω3D* 遺伝子、*P. salina* 由来の Δ4-デサチュラーゼ蛋白質をコードする *Pavsa-Δ4D* 遺伝子、酵母 *Lachancea kluyveri* 由来の Δ12-デサチュラーゼ蛋白質をコードする *Lackl-Δ12D* 遺伝子、*P. cordata* 由来の Δ6-エロンガーゼ蛋白質をコードする *Pyrco-Δ6E* 遺伝子及び *Streptomyces viridochromogenes* 由来のホスフィノスリシン N-アセチルトランスフェラーゼ (PAT)蛋白質をコードする *pat* 遺伝子、計 8 遺伝子の発現カセットを含む T-DNA 領域が同一の染色体上に隣接して逆位反復で 2 コピー、さらに一部が欠損し 4 つの完全な導入遺伝子カセットを含む T-DNA 領域が異なる染色体上に 1 コピー組み込まれていることが、シーケンス解析により確認されている。また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及び PCR を用いた方法により確認されている。

さらに目的の遺伝子が発現していることが LC-MRM-MS 分析により、複数世代にわたり安定して発現していることが、ガスクロマトグラフ法により DHA 含量を測定することで確認されている。

(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間の使用等の歴史があるが、自然環境下においてセイヨウナタネが雑草化し他の植物種より優占化した例は報告されていない。

デサチュラーゼ及びエロンガーゼの発現により脂肪酸組成が改変された本組換えセイヨウナタネの種子において、発芽率の低下がみられたが、発芽率の低下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。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、本組換えセイヨウナタネは、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それらに付随する行為の範囲内では、競合における優位性に起因する生物多様性影響が生じるおそれはないと判断された。

(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である AV Jade は品種改良により低エルシン酸かつ低グルコシノレートとなったカノーラ品種である。

本組換えセイヨウナタネでは 5 種のデサチュラーゼ、2 種のエロンガーゼ及び PAT 蛋白質が発現しているが、これらの蛋白質が有害物質であるとの報告はなく、既知アレルゲンと構造的に類似性のある配列を持たないことが確認されている。また、本組換えセイヨウナタネの脂肪酸組成の結果から、デサチュラーゼ及びエロンガーゼの発現により影響を受けた脂肪酸以外に、宿主の代謝系に影響して新たな有害物質が産生されることはないと考えられる。

本組換えセイヨウナタネで新たに産生される脂肪酸は、自然環境下に広く存在し、野生動物によって摂取される、または産生されていることから、野生生物に影響を与えるものではないと考えられた。

以上のことから、本組換えセイヨウナタネは、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それらに付随する行為の範囲内では、有害物質の産生に起因する生物多様性影響が生じるおそれはないと判断された。

(3) 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等は特定されない。

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

セイヨウナタネと交雑可能な我が国に自生する近縁外来種として、*Brassica juncea*、*B. rapa*、*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分布する外来の近縁種が交雑した場合、①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、及び②交雑により浸透した導入遺伝子をもたらす遺伝的負荷によって交雑した近縁種の個体群が縮小され、これら近縁種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が生じる可能性が考えられる。

しかしながら、①については、自然条件下で交雑し雑種を形成するためには種々の条件が揃う必要があること、さらに交雑率は低く、形成される雑種の稔性は低下するか、もしくは不稔となることから、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考えられた。②については、本組換えセイヨウナタネで観察された発芽率の低下が、自然環境下に生息する昆虫等の野生生物の個体群の維持に長期的な影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。また除草剤耐性遺伝子が交雑により近縁種の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 *pat* 遺伝子が遺伝的負荷となることは考え難い。したがって、交雑により我が国に生息する外来の近縁種の個体群中に浸透したとしても、交雑した近縁種の個体群が縮小される可能性は低く、こ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が生ずる可能性も低いと考えられた。

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 農作物分科会の結論

以上より、本組換えセイヨウナタネは、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影響を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。