

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
(DvSSJ1, ipd072Aa, pat, Zea mays subsp. mays (L.) Iltis)
 (DP23211, OECD UI: DP-Ø23211-2) の申請書等の概要

目次

第一種使用規程承認申請書	1
生物多様性影響評価書の概要	3
第一 生物多様性影響の評価に当たり収集した情報	3
1 宿主又は宿主の属する分類学上の種に関する情報	3
(1) 分類学上の位置付け及び自然環境における分布状況	3
(2) 使用等の歴史及び現状	3
(3) 生理学的及び生態学的特性	5
2 遺伝子組換え生物等の調製等に関する情報	8
(1) 供与核酸に関する情報	8
(2) ベクターに関する情報	25
(3) 遺伝子組換え生物等の調製方法	25
(4) 細胞内に移入した核酸の存在状態及び当該核酸による形質発現の安定性	30
(5) 遺伝子組換え生物等の検出及び識別の方法並びにそれらの感度及び信頼性	34
(6) 宿主又は宿主の属する分類学上の種との相違	35
3 遺伝子組換え生物等の使用等に関する情報	39
(1) 使用等の内容	39
(2) 使用等の方法	39
(3) 承認を受けようとする者による第一種使用等の開始後における情報収集の方法	39
(4) 生物多様性影響が生ずるおそれのある場合における生物多様性影響を防止するための措置	39
(5) 実験室等での使用等又は第一種使用等が予定されている環境と類似の環境での使用等の結果	39
(6) 国外における使用等に関する情報	39
第二 項目ごとの生物多様性影響の評価	41
1 競合における優位性	41
2 有害物質の産生性	42
3 交雑性	44
4 その他の性質	45
第三 生物多様性影響の総合的評価	46
参考文献	48
緊急措置計画書	56
添付資料	58

第一種使用規程承認申請書

令和 2 年 11 月 25 日

農林水産大臣 野上 浩太郎 殿
環 境 大 臣 小泉 進次郎 殿

氏名 デュボン・プロダクション・アグリサイエンス株式会社
申請者 代表取締役社長 藤井 茂樹
住所 東京都千代田区永田町二丁目 11 番 1 号

第一種使用規程について承認を受けたいので、遺伝子組換え生物等の使用等の規制による生物の多様性の確保に関する法律第 4 条第 2 項の規定により、次のとおり申請します。

遺伝子組換え生物等の 種類の名称	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 (<i>DvSSJ1</i> , <i>ipd072Aa</i> , <i>pat</i> , <i>Zea mays</i> subsp. <i>mays</i> (L.) Iltis) (DP23211, OECD UI: DP-Ø23211-2)
遺伝子組換え生物等の 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
遺伝子組換え生物等の 第一種使用等の方法	—

生物多様性影響評価書の概要

第一 生物多様性影響の評価に当たり収集した情報

5 1 宿主又は宿主の属する分類学上の種に関する情報

(1) 分類学上の位置付け及び自然環境における分布状況

① 和名、英名及び学名

10

和名：トウモロコシ

英名：corn, maize

学名：*Zea mays* subsp. *mays* (L.) Ittis

15

② 宿主の品種名又は系統名

宿主は、イネ科 (*Gramineae*) トウモロコシ属 (*Zea*) に属するトウモロコシ (*Z. mays*) のデント種で、系統名は PHR03 である。

20

③ 国内及び国外の自然環境における自生地域

トウモロコシの野生種と見られる植物は現存せず (山田, 2001)、国外の自然環境におけるトウモロコシの自生は報告されていない。

25

なお、トウモロコシの起源に関与すると考えられる近縁種として、トウモロコシと交雑可能な *Zea* 属のテオシントと *Tripsacum* 属のトリプサクムの存在が知られている (OECD, 2003)。テオシントとトリプサクムはメキシコとグアテマラ等に広範囲に自生しており、トリプサクムはさらに米国東部、南部から南米でも認められている (山田, 2001、OECD, 2003)。

30

我が国の自然環境下において、トウモロコシ及びその近縁種の自生について報告はない。

(2) 使用等の歴史及び現状

① 国内及び国外における第一種使用等の歴史

35

40

トウモロコシの原産地がアメリカ大陸であることは間違いないが、その栽培起源地域については諸説あり、米国南西部、メキシコ及び中央アメリカの複数地域説、メキシコと南米の複数地域説、メキシコとグアテマラの複数地域説及びメキシコ南部単独説がある (OECD, 2003)。考古学的検証に基づくと、最初にトウモロコシの利用が始まったのは紀元前 7000~5000 年頃であり、紀元前 3400 年頃には栽培が始まったと考えられている (戸澤, 2005)。また、南北アメリカ大陸の各地に伝播して栽培される過程で、デント、ポップ、スイート、フリントのような変異種が生じたと考えられる (山田, 2001、戸澤, 2005)。1492 年のコロンブスの

アメリカ大陸到達後、コロンブスによってスペインを通じてヨーロッパに導入され、その後、中東、アフリカ及びアジアの各地域に伝播した。

我が国へは 1573～1591 年頃にポルトガル人によって長崎へ伝えられたフrint種が最初とされ、主に関東以南の山間地で栽培が行われていた。また、明治時代になって北海道へ米国からデント種とフrint種が新たに導入され、全国的に栽培が普及した（戸澤, 2005）。

② 主たる栽培地域、栽培方法、流通実態及び用途

・主たる栽培地域

現在、トウモロコシは、北緯 58 度から南緯 40 度に至る範囲で栽培可能であり、米国、中国、ブラジル、アルゼンチン及びヨーロッパ諸国などを中心に、全世界で広く栽培されている（戸澤, 2005、OECD, 2003）。

国連食糧農業機関（FAO）によると、2016 年における全世界のトウモロコシの栽培面積は約 1 億 9 千万 ha であり、上位国は、中国 3,898 万 ha、米国 3,511 万 ha、ブラジル 1,496 万 ha、インド 1,020 万 ha、メキシコ 760 万 ha である（FAO, 2018）。

現在、我が国で栽培されているトウモロコシは、統計上、飼料用青刈りデントコーンと生食用スイートコーンがあり、2017 年の青刈りデントコーンの作付面積は約 9 万 4,800ha で（農林水産省, 2018a）、同年のスイートコーンの作付面積は約 2 万 2,700ha である（農林水産省, 2018b）。

・栽培方法

海外では、米国をはじめとする主要栽培国において、大型機械を利用した大規模栽培が行われている。

一方、我が国では、飼料用トウモロコシを中心に栽培が行われており、慣行栽培法は次のとおりである。

北海道から九州に至る慣行播種期は 4 月中～下旬から 5 月中～下旬が最も多い。適正栽植密度は 10a あたり 6,000～8,000 本である。中耕、除草、土寄せは一連の作業で行い、生育初期に 2～3 回行う。収穫期は 9 月下旬から 10 月下旬で、関東や西南暖地ではやや早く、北海道や東北、東山ではやや遅い（瀧澤, 2001）。

なお、国内主要種苗メーカーの品種リストに基づくと、現在、栽培用として市販されているトウモロコシ種子のほとんどは、海外から輸入された一代雑種（F1）品種であり、収穫種子を翌年に栽培用として播種することは一般的でない。

・流通実態及び用途

世界第一のトウモロコシ生産国である米国では、その大部分がアイオワ州、イリノイ州、ネブラスカ州及びミネソタ州を中心としたコーンベルトと呼ばれる地域で栽培されている。2017 年における米国でのトウモロコシの利用用途の内訳は、46.3%が飼料（8.7%の蒸留粕を含む）、30.1%がエタノール製造、13.5%が輸出で、残りはコーンシロップ等の食品製造であった（NCGA, 2018）。

我が国では、2017 年に約 1,531 万トンのトウモロコシを輸入している。輸入トウモロコシのうちの約 1,037 万トンは飼料用であり、残りは食品・工業用及び栽

培用と考えられる（財務省, 2018）。なお、飼料用トウモロコシの大部分は、配合・混合飼料の原料として利用されている（農林水産省, 2018c）。

また、飼料用トウモロコシは、発芽可能な状態で輸入されるものが多いが、加熱・圧ぺんすること等が関税制度の下、義務づけられている（農林水産省, 2014）。

5

(3) 生理学的及び生態学的特性

イ 基本的特性

10

—

ロ 生息又は生育可能な環境の条件

15

トウモロコシは、長い年月の間に栽培植物として馴化された結果、自然条件下における自生能力を失った作物である（OECD, 2003）。

トウモロコシ種子の発芽の最低温度は 10～11℃、最適温度は 33℃とされている。実際に播種されるのは 13～14℃以上である（中村, 2001）。

品種や地域によって栽培時期は多少異なるが、主に春に播種されて秋に収穫される一年生の作物である（瀧澤, 2001）。

20

また、トウモロコシはもともと短日植物であり、その感光性（日長反応性）は晩生種ほど敏感で、早生品種ほど鈍感である（柿本ら, 2001）。

これら温度条件等の他、トウモロコシは吸水により種子重が乾燥重の1.6～2.0倍になったときに幼根（初生根又は種子根）が抽出し、子実発芽となる（戸澤, 2005）。

25

また、トウモロコシの栽培は腐植に富む土壌が適し、pH5.0～8.0の範囲で栽培可能である（戸澤, 2005）。

ハ 捕食性又は寄生性

30

—

ニ 繁殖又は増殖の様式

① 種子の脱粒性、散布様式、休眠性及び寿命

35

完熟した種子は雌穂の苞皮で覆われており、脱粒しない。

トウモロコシは長い間栽培植物として利用してきた過程で、自然条件下における自生能力を失っており、その種子を分散させるためには人間の仲介が必要である（OECD, 2003）。

40

種子の休眠性は知られていない。種子の寿命は、主に温度と湿度によって左右され、低温乾燥下では長く、高温多湿下では短い（戸澤, 2005）。氷点下の気温は種子の発芽に悪影響を与え、トウモロコシ種子生産に影響を及ぼす主要な要因となっている。また、45℃以上の気温も種子の発芽に悪影響を及ぼすことが報告されている（Wych, 1988）。

さらに、収穫時に雌穂又は種子が地上に落下しても、土壌温度が 10℃に達し、適度な水分条件を伴うまで発芽しないため、その多くが自然状態では腐敗し枯死する（菊池, 1987、中村, 2001）。また、仮に発芽しても生長点が地上に出た後は 6～8 時間以上 0℃以下の外気にさらされると生存できない（OECD, 2003）。子実の活力を 6～8 年保存するには、子実水分 12%、温度 10℃、相対湿度 55%以内に保つことが必要である（中村, 2001、OECD, 2003）。

② 栄養繁殖の様式並びに自然条件において植物体を再生しうる組織又は器官からの出芽特性

トウモロコシは栄養繁殖せず、種子繁殖する。自然条件において植物体を再生しうる組織又は器官からの出芽特性があるという報告はない。

③ 自殖性、他殖性の程度、自家不和合性の有無、近縁野生種との交雑性及びアポミクシスを生ずる特性を有する場合はその程度

トウモロコシは雌雄同株植物の一年生作物で、主として風媒によって受粉する作物であり 95～99 %は他家受粉によって作られた種子により繁殖するが、自家不和合性は知られておらず、自家受粉も可能である（千藤, 2001、OECD, 2003）。

トウモロコシと交雑可能なのは、同じ *Z. mays* 種に含まれトウモロコシの近縁野生種である一年生のテオシント (*Z. mays* subsp. *mexicana*) 及び *Tripsacum* 属である。トウモロコシとテオシントは近接している場合に自由に交雑するが、*Tripsacum* 属との交雑は非常に稀である（OECD, 2003）。テオシントはメキシコからグアテマラにかけて分布しており、*Tripsacum* 属の分布地域は北アメリカ東部、南部から南米となっている（山田, 2001、OECD, 2003）。

なお、我が国におけるトウモロコシと交雑可能なテオシント及び *Tripsacum* 属の野生種の自生について報告はない。また、受精を伴わない繁殖能力を有する種子の生産（アポミクシス）についての報告はない。

④ 花粉の生産量、稔性、形状、媒介方法、飛散距離及び寿命

トウモロコシは雌雄異花序で、雌花は葉腋について 1～3 本の雌穂を形成し、雌穂は茎の先端につく（柿本ら, 2001、OECD, 2003）。雄穂は抽出すると 3～5 日で開花し、開花始めから終わりまでの期間は盛夏で一般に 8～9 日である（中村, 2001）。一方、雌穂の絹糸抽出は雄穂開花のおよそ 1 日後に始まり、抽出始めから抽出揃いまでの期間は 5～6 日である（中村, 2001）。一本の雄穂には 1,200～2,000 個の小穂があり、一雄穂当たりの花粉の生産量は、約 1,800 万粒とされている（OECD, 2003）。

花粉の稔性は花粉の充実度を観察することで推定できる（西尾, 2002）。

花粉の形状は球形で、直径は 90～120 μm 程度である（中村, 2001）。

受粉は主に風媒によって行われ、ほとんどの場合は他家受粉である（戸澤, 2005）。他品種、系統の花粉の混入を防ぐための隔離距離は、林、高層建築物などの障害物の有無などにより異なるものの、200～400 m とされている（千藤,

2001)。

我が国でのトウモロコシほ場周辺におけるヒマワリ (*Helianthus annuus*) 及び
イヌホオズキ (*Solanum nigrum*) 葉へのトウモロコシの花粉の堆積密度を調査し
た研究では、ほ場の縁(0 m)での最大花粉堆積密度はヒマワリの葉で 81.7 粒/cm²、
5 イヌホオズキの葉では 71.1 粒/cm²であった (Shirai and Takahashi, 2005)。ま
た、ほ場から 5 m 離れた場合の最大堆積密度は、ヒマワリの葉で 19.6 粒/cm²、
イヌホオズキの葉では 22.2 粒/cm²、ほ場から 10 m 離れた場合はヒマワリの葉で
10 粒/cm²以内であった (Shirai and Takahashi, 2005)。

また、北米でも全 7 ヲ所のトウモロコシ畑周辺で、延べ 1,700 本以上のトウワ
タ (*Asclepias syriaca*) を用いて花粉堆積密度の調査が行われている (Pleasant
10 *et al.*, 2001)。調査の結果、トウモロコシ畑から 1 m、2 m、4~5 m 離れるにつれ
て、花粉の平均堆積密度は 35.4 粒/cm²、14.2 粒/cm²、そして 8.1 粒/cm²へと減
少していくことが明らかとなっている。

さらに、カナダのトウモロコシ畑周辺のトウワタの葉上における花粉堆積密度
15 を調査しており、ほ場の縁から 1 m 及び 5 m 離れた地点での平均堆積密度は、そ
れぞれ平均 28 粒/cm² 及び 1.4 粒/cm² であったと報告している (Sears *et al.*,
2000)。

花粉の寿命は通常 10~30 分であるが、好適条件下ではさらに長い (CFIA,
2012)。平均的な花粉は大気中に飛散した 2 時間後にはその発芽能力を 100%失
20 うという報告もある (Luna *et al.*, 2001)。

ホ 病原性

—

ヘ 有害物質の産生性

トウモロコシにおいて、自然条件下で周囲の野生動植物等の生育または生息に
影響を及ぼす有害物質の産生は報告されていない。

ト その他の情報

これまで、運搬等においてこぼれ落ちたトウモロコシの、我が国の畑以外での
生育については、2013 年に熊本県内の港湾周辺で 1 個体、2015 年に鹿児島県内
35 の港湾周辺で 1 個体の計 2 個体報告されている (農林水産省, 2014、農林水産省,
2017)。

2 遺伝子組換え生物等の調製等に関する情報

(1) 供与核酸に関する情報

5 イ 構成及び構成要素の由来

10 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 (*DvSSJ1*, *ipd072Aa*, *pat*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (DP23211, OECD UI: DP-Ø23211-2) (以下「本組換えトウモロコシ」という。)における供与核酸の構成及び構成要素の由来を表 1 (9 ページ) 及び表 2 (12 ページ) に示した。また、その供与核酸の塩基配列を添付資料 1 に示した。

ロ 構成要素の機能

15 ① 目的遺伝子、発現調節領域、局在化シグナル、選抜マーカーその他の供与核酸の構成要素それぞれの機能

20 供与核酸の構成要素それぞれの機能を表 1 (9 ページ) 及び表 2 (12 ページ) に示した。後述するように (第一.2. (3) .イ、25 ページ)、本組換えトウモロコシの染色体には、T-DNA 領域のうち FRT1 から FRT87 までの領域だけが含まれる。このため、当該領域を挿入 DNA 領域とし、供与核酸のうち挿入 DNA 領域を除く部分を外側骨格領域とした。

表 1 本組換えトウモロコシの作出に用いた供与核酸のうち挿入 DNA 領域の構成並びにその構成要素の由来及び機能

構成要素		サイズ (bp)	由 来 及 び 機 能
その他	FRT1	48	出芽酵母 (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>) 由来のFlpリコンビナーゼ標的部位 (Proteau <i>et al.</i> , 1986)。
<i>pmi</i> 遺伝子発現カセット*	<i>pmi</i>	1,216	大腸菌 (<i>Escherichia coli</i>) 由来のマンノースリン酸イソメラーゼ (PMI 蛋白質) をコードする遺伝子 (Negrotto <i>et al.</i> , 2000)。コーディング領域の 5'側に 4 塩基、3'側に 36 塩基の非翻訳領域を含む。
	<i>pinII</i> Terminator	311	ジャガイモ (<i>Solanum tuberosum</i>) 由来のプロテアーゼインヒビターII遺伝子 (<i>pinII</i>) のターミネーター領域 (Keil <i>et al.</i> , 1986、An <i>et al.</i> , 1989) 。転写を停止する。
その他	Z19 Terminator	742	トウモロコシ (<i>Zea mays</i>) 由来の19-kDaゼイン遺伝子のターミネーター領域 (GenBank accession KX247647)。転写を停止する。
<i>pat</i> 遺伝子発現カセット	<i>os-actin</i> Promoter	1,682	イネ (<i>Oryza sativa</i>) 由来のアクチン遺伝子のプロモーター領域 (GenBank accession CP018159、GenBank accession EU155408.1)。植物体内での構成的発現を誘導する。
	<i>os-actin</i> Intron	469	イネ (<i>O. sativa</i>) 由来のアクチン遺伝子のイントロン領域 (GenBank accession CP018159、GenBank accession EU155408.1)。
	<i>pat</i>	552	<i>Streptomyces viridochromogenes</i> 由来のホスフィノスリシンアセチルトランスフェラーゼ (PAT蛋白質) をコードする遺伝子 (Wohlleben <i>et al.</i> , 1988)。
	CaMV 35S Terminator	194	カリフラワーモザイクウイルス由来の 35S ターミネーター領域 (Franck <i>et al.</i> , 1980、Guilley <i>et al.</i> , 1982)。転写を停止する。
その他	<i>loxP</i>	34	バクテリオファージP1由来のCreリコンビナーゼ認識組換え部位 (Dale and Ow, 1990) 。
	<i>sb-ubi</i> Terminator	584	ソルガム (<i>Sorghum bicolor</i>) 由来のユビキチン遺伝子のターミネーター領域 (Phytozome gene ID Sobic.004G049900.1)。転写を停止する。

*後述するように、*pmi* 遺伝子発現カセットのプロモーターは予め宿主に移入されている。挿入 DNA 領域が当該プロモーターの下流に部位特異的組換えにより挿入され、*pmi* 遺伝子と当該プロモーターが接続される (第一.2. (3) .イ、25 ページ)。

表 1 本組換えトウモロコシの作出に用いた供与核酸のうち挿入 DNA 領域の構成並びにその構成要素の由来及び機能（続き）

構成要素		サイズ (bp)	由 来 及 び 機 能
その他	<i>sb-gkaf</i> Terminator	464	ソルガム (<i>S. bicolor</i>) 由来のガンマカフィリン遺伝子のターミネーター領域 (de Freitas <i>et al.</i> , 1994)。転写を停止する。
	<i>attB1</i>	24	バクテリオファージ λ 由来のインテグラーゼ認識組換え部位 (Invitrogen Gateway [®] クローニングシステム ; Hartley <i>et al.</i> , 2000、Katzen, 2007)。
DvSSJ1dsRNA発現カセット	<i>ubiZM1</i> Promoter	900	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のポリユビキチン遺伝子のプロモーター領域 (Christensen <i>et al.</i> , 1992)。植物体内での構成的発現を誘導する。
	<i>ubiZM1</i> 5'UTR	83	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のポリユビキチン遺伝子の5'非翻訳領域 (UTR) (Christensen <i>et al.</i> , 1992)。
	<i>ubiZM1</i> Intron	1,013	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のポリユビキチン遺伝子のイントロン領域 (Christensen <i>et al.</i> , 1992)。
	All-stop Codon Sequence	14	6つの読み枠全てにおいて終止コドンを含む配列。
	<i>DvSSJ1</i> 遺伝子断片	210	ウェスタンコーンルートワーム (<i>Diabrotica virgifera virgifera</i>) 由来のSmooth Septate Junction 1 遺伝子の部分配列 (Hu <i>et al.</i> , 2016)。本発現カセットにおいては、逆位に反復した2つの <i>DvSSJ1</i> 遺伝子断片がコネクター配列によって接続され、1分子のmRNAとして転写される。
	Mini-stop Codon Sequence	8	複数の読み枠において終止コドンを含む配列。
	<i>zm-Adh1</i> Intron Connector	106	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のアルコール脱水素酵素遺伝子のイントロン 1 領域 (Dennis <i>et al.</i> , 1984) の部分配列。2つの <i>DvSSJ1</i> 遺伝子断片を接続する。
	Mini-stop Codon Sequence	8	複数の読み枠において終止コドンを含む配列。
	<i>DvSSJ1</i> 遺伝子断片	210	ウェスタンコーンルートワーム (<i>D. virgifera</i>) 由来の <i>DvSSJ1</i> 遺伝子の部分配列 (Hu <i>et al.</i> , 2016)。
	All-stop Codon Sequence	14	6つの読み枠全てにおいて終止コドンを含む配列。
	Z27G Terminator	480	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) W64 系統由来の 27-kDa ガンマゼイン遺伝子のターミネーター領域 (Das <i>et al.</i> , 1991、Liu <i>et al.</i> , 2016)。転写を停止する。

表 1 本組換えトウモロコシの作出に用いた供与核酸のうち挿入 DNA 領域の構成並びにその構成要素の由来及び機能（続き）

構成要素		サイズ (bp)	由 来 及 び 機 能
その他	<i>UBQ14</i> Terminator	902	シロイヌナズナ (<i>Arabidopsis thaliana</i>) 由来のユビキチン 14 遺伝子のターミネーター領域 (Callis <i>et al.</i> , 1995)。転写を停止する。
	<i>In2-1</i> Terminator	494	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来の <i>In2-1</i> 遺伝子のターミネーター領域 (Hershey and Stoner, 1991)。転写を停止する。
	<i>attB2</i>	24	バクテリオファージ λ 由来のインテグラーゼ認識組換え部位 (Invitrogen Gateway [®] クローニングシステム ; Hartley <i>et al.</i> , 2000、Katzen, 2007)。
<i>ipd072Aa</i> 遺伝子発現カセット	BSV (AY) Promoter	414	Banana streak virus (acuminata Yunnan strain) 由来のプロモーター領域 (Zhuang <i>et al.</i> , 2011)。植物体内での構成的な発現を誘導する。
	<i>zm-HPLV9</i> Intron	856	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来の推定カルモジュリン 5 遺伝子のイントロン領域 (Phytozome gene ID Zm00008a029682)。
	<i>ipd072Aa</i>	261	<i>Pseudomonas chlororaphis</i> 由来の IPD072Aa 蛋白質をコードする遺伝子 (Schellenberger <i>et al.</i> , 2016)。
	<i>atT9</i> Terminator	573	シロイヌナズナ (<i>A. thaliana</i>) 由来のマンノース結合蛋白質スーパーファミリーに属する推定蛋白質遺伝子のターミネーター領域 (GenBank accession NM_001202984)。転写を停止する。
その他	<i>attB3</i>	21	バクテリオファージ λ 由来のインテグラーゼ認識組換え部位 (Cheo <i>et al.</i> , 2004)。
	FRT87	48	出芽酵母 (<i>S. cerevisiae</i>) 由来の改変型 Flp リコンビナーゼ標的的部位 (Tao <i>et al.</i> , 2007)。

表 2 本組換えトウモロコシの作出に用いた供与核酸のうち挿入 DNA 領域を除く外側骨格領域の構成並びにその構成要素の由来及び機能

構成要素		サイズ (bp)	由 来 及 び 機 能
その他	Ti Plasmid Region	50	アグロバクテリウム (<i>Rhizobium radiobacter</i> (<i>Agrobacterium tumefaciens</i>)) 由来の Ti プラスミド (pTi) の配列 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	Left Border (LB)	25	アグロバクテリウム (<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>)) 由来の pTi の T-DNA 領域の左側境界領域 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	<i>spc</i>	789	細菌由来のスペクチノマイシン耐性マーカー遺伝子 (Fling <i>et al.</i> , 1985)。
	<i>colE1 ori</i>	370	大腸菌 (<i>E.coli</i>) 由来の DNA 複製起点 (Tomizawa <i>et al.</i> , 1977)。
	<i>cos</i>	14	バクテリオファージλ 由来の付着末端 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	<i>tetR</i>	651	細菌由来のテトラサイクリン耐性遺伝子の調節遺伝子 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	<i>tetA</i>	1,200	細菌由来のテトラサイクリン耐性遺伝子 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	<i>trfA</i>	1,149	細菌由来のトランス作用複製因子の遺伝子 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	<i>oriT</i>	367	細菌由来の DNA 伝達起点 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	<i>ctl</i>	6,271	細菌由来のセントラルコントロールオペロン領域 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	<i>oriV</i>	711	細菌由来の DNA 複製起点 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	<i>virD1</i>	444	アグロバクテリウム (<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>)) 由来の T-DNA の植物ゲノムへの挿入に必要な遺伝子 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	<i>virC1</i>	695	
	<i>virC2</i>	609	
	<i>virG</i>	804	
	<i>virB</i>	9,436	
	<i>colE1 ori</i>	370	大腸菌 (<i>E.coli</i>) 由来の DNA 複製起点 (Tomizawa <i>et al.</i> , 1977)。
	<i>cos</i>	14	バクテリオファージλ 由来の付着末端 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	Right Border (RB)	25	アグロバクテリウム (<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>)) 由来の pTi の T-DNA の右側境界領域 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。
	Ti Plasmid Region	50	アグロバクテリウム (<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>)) 由来の pTi の配列 (Komari <i>et al.</i> , 1996)。

表 2 本組換えトウモロコシの作出に用いた供与核酸のうち挿入 DNA 領域を除く外側骨格領域の構成並びにその構成要素の由来及び機能（続き）

構成要素		サイズ (bp)	由 来 及 び 機 能
<i>zm-wus2</i> 遺伝子発現カセット	<i>nos</i> Promoter	322	アグロバクテリウム (<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>)) 由来のpTiのノパリン合成酵素遺伝子のプロモーター領域 (Depicker <i>et al.</i> , 1982)。転写を開始する。
	<i>zm-wus2</i>	909	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のWUS2蛋白質をコードする遺伝子 (Mayer <i>et al.</i> , 1998、Lowe <i>et al.</i> , 2016)。
	<i>pinII</i> Terminator	311	ジャガイモ (<i>S. tuberosum</i>) 由来のプロテアーゼインヒビターII遺伝子のターミネーター領域 (Keil <i>et al.</i> , 1986、An <i>et al.</i> , 1989)。転写を停止する。
<i>zm-odp2</i> 遺伝子発現カセット	<i>ubiZM1</i> Promoter	900	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のポリュビキチン遺伝子のプロモーター領域 (Christensen <i>et al.</i> , 1992)。植物体内での構成的発現を誘導する。
	<i>ubiZM1</i> 5' UTR	83	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のポリュビキチン遺伝子の5' 非翻訳領域 (UTR) (Christensen <i>et al.</i> , 1992)。
	<i>ubiZM1</i> Intron	1,013	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のポリュビキチン遺伝子のイントロン領域 (Christensen <i>et al.</i> , 1992)。
	<i>zm-odp2</i>	2,133	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のODP2 蛋白質をコードする遺伝子 (GenBank accession XM008676474)。
	<i>pinII</i> Terminator	311	ジャガイモ (<i>S. tuberosum</i>) 由来のプロテアーゼインヒビターII遺伝子のターミネーター領域 (Keil <i>et al.</i> , 1986、An <i>et al.</i> , 1989)。転写を停止する。
その他	Z19 Terminator	742	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来の19-kDaゼイン遺伝子のターミネーター領域 (GenBank accession KX247647)。転写を停止する。

表 2 本組換えトウモロコシの作出に用いた供与核酸のうち挿入 DNA 領域を除く外側骨格領域の構成並びにその構成要素の由来及び機能（続き）

構成要素		サイズ (bp)	由 来 及 び 機 能
Flp 遺伝子発現カセット	<i>ubiZM1</i> Promoter	900	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のポリユビキチン遺伝子のプロモーター領域 (Christensen <i>et al.</i> , 1992)。植物体内での構成的発現を誘導する。
	<i>ubiZM1</i> 5' UTR	83	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のポリユビキチン遺伝子の5' 非翻訳領域 (Christensen <i>et al.</i> , 1992)。
	<i>ubiZM1</i> Intron	1,013	トウモロコシ (<i>Z. mays</i>) 由来のポリユビキチン遺伝子のイントロン領域 (Christensen <i>et al.</i> , 1992)。
	<i>Flp</i> Exon1	634	出芽酵母 (<i>S. cerevisiae</i>) 由来のリコンビナーゼである FLP 蛋白質をコードする遺伝子のエクソン1領域 (Dymecki, 1996)。
	<i>st-LS1</i> Intron	189	ジャガイモ (<i>S. tuberosum</i>) 由来の <i>LS1</i> 遺伝子のイントロン領域 (Eckes <i>et al.</i> , 1986)。
	<i>Flp</i> Exon2	638	出芽酵母 (<i>S. cerevisiae</i>) 由来のリコンビナーゼである FLP 蛋白質をコードする遺伝子のエクソン2領域 (Dymecki, 1996)。
	<i>pinII</i> Terminator	311	ジャガイモ (<i>S. tuberosum</i>) 由来のプロテアーゼインヒビター II 遺伝子のターミネーター領域 (Keil <i>et al.</i> , 1986、An <i>et al.</i> , 1989)。転写を停止する。
<i>DsRed2</i> 遺伝子発現カセット	CaMV 35S Enhancer	475	カリフラワーモザイクウイルス由来の35Sエンハンサー領域 (Franck <i>et al.</i> , 1980、Kay <i>et al.</i> , 1987)。
	<i>Ltp2</i> Promoter	846	オオムギ (<i>Hordeum vulgare</i>) 由来の糊粉層特異的脂質転移酵素遺伝子のプロモーター領域 (Kalla <i>et al.</i> , 1994)。糊粉層における発現を誘導する。
	<i>DsRed2</i>	678	サンゴ (<i>Discosoma sp</i>) 由来の赤色蛍光蛋白質をコードする遺伝子 (Wasson-Blader, 2001)。
	CaMV 35S Terminator	194	カリフラワーモザイクウイルス由来の35Sターミネーター領域 (Franck <i>et al.</i> , 1980、Guilley <i>et al.</i> , 1982)。転写を停止する。
その他	<i>attB4</i>	21	バクテリオファージ λ 由来のインテグラーゼ認識組換え部位 (Cheo <i>et al.</i> , 2004) 。
	CaMV 35S Terminator	194	カリフラワーモザイクウイルス由来の35Sターミネーター領域 (Franck <i>et al.</i> , 1980、Guilley <i>et al.</i> , 1982)。転写を停止する。

- ② 目的遺伝子及び選抜マーカーの発現により産生される蛋白質の機能及び当該蛋白質がアレルギー性を有することが明らかとなっている蛋白質と相同性を有する場合はその旨

- 5 a. 目的遺伝子及び選抜マーカーの発現により産生される RNA または蛋白質の機能

DvSSJ1dsRNA

10 *DvSSJ1* 遺伝子断片はウェスタンコーンルートワーム (*Diabrotica virgifera virgifera*、以下、「WCR」という。) に由来する *DvSSJ1* 遺伝子の部分断片であり、210 塩基からなる (Hu *et al.*, 2016)。本組換えトウモロコシにおいては、相補的な 2 つの *DvSSJ1* 遺伝子断片を有する RNA が転写され、分子内二重鎖を形成することにより *DvSSJ1dsRNA* が産生される。当該 dsRNA は、本組換えトウモロコシを摂食した WCR の中腸において RNAi (RNA 干渉) を誘導し、後述する内在の *DvSSJ1* 蛋白質の産生を抑制することにより殺虫活性を示す。

- RNAi の作用メカニズム

20 RNAi は、動植物が元来備えている、遺伝子発現及び生体防御を調節する機構である。dsRNA が細胞中に産生される又は取り込まれると、RNase III 型ヌクレアーゼである Dicer 蛋白質が細胞質の dsRNA を 21 bp~24 bp の siRNA (small interfering RNA) に分解する。生じた siRNA は RISC (RNA-induced silencing complex) と結合し、相補的な塩基配列を含む標的 mRNA を塩基対形成によって特異的に認識する。認識された標的 mRNA は RISC 中の Argonaute 蛋白質によって分解され、結果として標的 mRNA からの蛋白質の産生が抑制される (Baum and Roberts, 2014、Hu *et al.*, 2016)。

- RNAi による WCR の防除

30 昆虫においては、内在性遺伝子配列の dsRNA の経口投与が RNAi を誘導することが知られており、線虫 (*Caenorhabditis elegans*) において確認されて以来 (Timmons and Fire, 1998)、種々の昆虫で確認されている。WCR を含むコウチュウ目昆虫は経口投与された dsRNA に特に感受性が高く、WCR の特定の遺伝子を標的とした dsRNA を植物中に産生させることにより、当該植物を摂食した WCR 中に RNAi を誘導し、防除することが可能であることが報告されている (Baum and Roberts, 2014、Hu *et al.*, 2016)。

- *DvSSJ1* 遺伝子の同定及び *DvSSJ1* 蛋白質の機能

40 RNAi を介した WCR 防除の新たな標的遺伝子を得るため、WCR 由来の cDNA ライブラリーを基に作成した dsRNA を WCR に経口投与し、殺虫活性を指標にスクリーニングした結果、*DvSSJ1* 遺伝子が選抜された (Hu *et al.*, 2016)。

DvSSJ1 遺伝子がコードする *DvSSJ1* 蛋白質は 160 アミノ酸からなる膜貫通型蛋白質であり、アミノ酸配列の相同性からショウジョウバエ (*Drosophila*

melanogaster) における SSK (SNAKESKIN) 蛋白質のオルソログ¹⁾と考えられた (アミノ酸配列で 54.9% の一致、Hu *et al.*, 2016)。

SSK 蛋白質は、ショウジョウバエの SSJ (Smooth Septate Junction) の形成に必須の蛋白質である。SSJ は節足動物の中腸上皮において、上皮細胞の形態及び細胞間隙における水溶性物質の受動拡散を調節する細胞結合であり (図 1、16 ページ)、*Ssk* 遺伝子の欠損したショウジョウバエは、SSJ が正常に形成されないため胚性致死となる (Yanagihashi *et al.*, 2012)。DvSSJ1 蛋白質も WCR の中腸上皮において発現していることから、WCR における SSJ 形成に関与していると考えられた (Hu *et al.*, 2019)。

なお、*Ssk* 遺伝子のオルソログは他の節足動物にも認められるが、脊椎動物や植物には認められない (Hu *et al.*, 2016)。

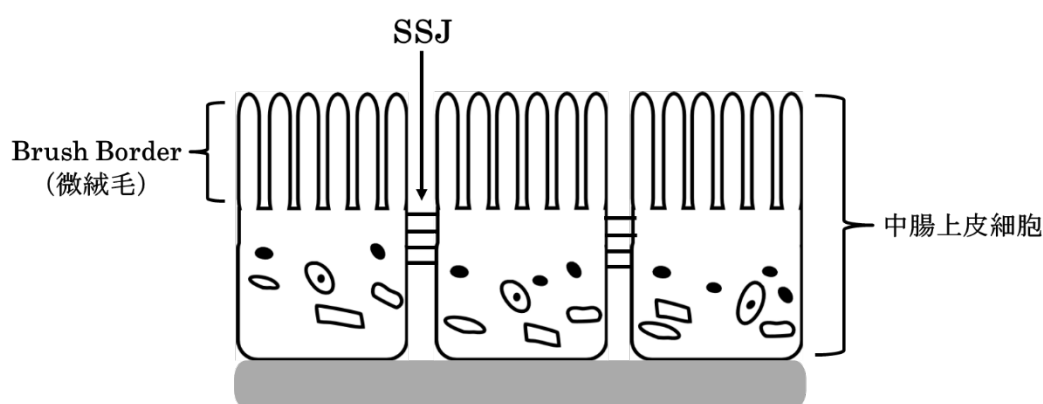


図 1 WCR の中腸上皮細胞における SSJ

SSJ は中腸上皮細胞同士を接着することにより、個々の細胞の形態を調節する。また、細胞間隙を塞ぐ隔壁となり、水溶性物質の受動拡散を調節する。

・ 本組換えトウモロコシ中の *DvSSJ1*dsRNA による WCR の防除

WCR に摂食された本組換えトウモロコシの細胞組織は中腸において消化される。放出された *DvSSJ1*dsRNA は中腸上皮細胞に取り込まれると RNAi を介して内在の *DvSSJ1*mRNA を特異的に分解し、DvSSJ1 蛋白質の産生を抑制する (Hu *et al.*, 2016、Hu *et al.*, 2019)。その結果、WCR の中腸における SSJ の形成を阻害し、機能を損なうことにより殺虫活性を示すと考えられた (図 2、17 ページ ; Hu *et al.*, 2016)。

¹⁾ 共通の先祖遺伝子に由来し、異なる種において同じ機能を示す蛋白質又は遺伝子。

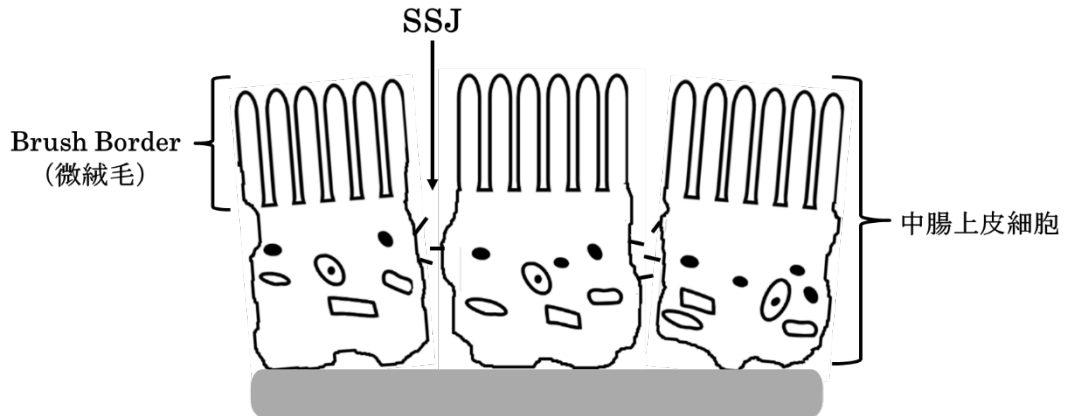


図 2 *DvSSJ1dsRNA* を摂取した WCR の中腸上皮細胞
DvSSJ1dsRNA により、SSJ の形成が阻害され、中腸の機能が損なわれると考えられる。

- *DvSSJ1dsRNA* の殺虫スペクトル

5 標的害虫である WCR に対する殺虫活性を確認するため、210 bp の本 dsRNA を *in vitro* で合成し、WCR に混餌投与した。その結果、WCR に対する殺虫活性が認められ、 LC_{50} は 0.036 ppm であった（添付資料 2）。

同様に、WCR を除くコウチュウ目昆虫 9 種及びチョウ目昆虫 4 種に本 dsRNA を混餌投与し、殺虫活性を確認した。その結果、WCR と同じくコウチュウ目ハムシ科に属する近縁種 *Diabrotica undecimpunctata*（サザンコーンルートワーム；ジュウイチホシウリハムシ）に対して殺虫活性が認められたが、その他の昆虫については試験に用いた本 dsRNA の最大濃度である 1 ppm においても生存率に影響は認められなかった（表 3、18 ページ；添付資料 2）。

15 RNAi においては 21 bp～24 bp の siRNA が標的遺伝子の mRNA 上の相補的な塩基配列を特異的に認識して分解することから（Baum and Roberts, 2014）、コウチュウ目及びチョウ目の各昆虫由来の *Ssk* 遺伝子オルソログについて、*DvSSJ1* 遺伝子断片との塩基配列の一致を確認した。その結果、上記混餌投与試験において影響が認められたサザンコーンルートワームの *Ssk* 遺伝子オルソログにおいては、*DvSSJ1* 遺伝子断片との間に連続する 21 塩基の一致が 79 箇所認められたが、影響が認められなかった昆虫については連続する 21 塩基の一致は認められなかった（表 3、18 ページ；添付資料 2）。

25 さらに、本組換えトウモロコシ中に産生される *DvSSJ1dsRNA* の非標的昆虫への影響について検討した。ハチ目、トビムシ目及びアミメカゲロウ目の非標的昆虫について、本組換えトウモロコシ中に産生される *DvSSJ1dsRNA* への最大暴露量を推定した。当該暴露量を超える量の *DvSSJ1dsRNA* を混餌投与した結果、いずれの昆虫についても生存率に影響は認められなかった（表 4、添付資料 3）。

30 以上、*DvSSJ1dsRNA* は、調査した昆虫のうち WCR 及びその近縁種であるサザンコーンルートワームだけに RNAi を誘導し、殺虫活性を示したと考えられた。

表 3 *DvSSJ1*dsRNA の殺虫スペクトル

目	科	種	NOEC ¹⁾ (ppm)	21 塩基の一致 ²⁾
Coleoptera (コウチュウ目)	Chrysomelidae (ハムシ科)	<i>Diabrotica undecimpunctata</i>	0.01	79
		<i>Leptinotarsa decemlineata</i>	>1	0 (12)
	Tenebrionidae (ゴミムシダマシ科)	<i>Tribolium castaneum</i>	>1	0 (11)
		<i>Zophobas morio</i>	>1	0 (10)
		<i>Tenebrio molitor</i>	>1	NA ³⁾
	Coccinellidae (テントウムシ科)	<i>Epilachna varivestis</i>	>1	0 (12)
		<i>Coleomegilla maculata</i> ⁴⁾	>1	0 (13)
		<i>Hippodamia convergens</i> ⁴⁾	>1	NA ³⁾
	Staphylinidae (ハネカクシ科)	<i>Dalotia coriaria</i> ⁴⁾ (<i>Atheta coriaria</i>)	>1	0 (8)
Lepidoptera (チョウ目)	Nymphalidae (タテハチョウ科)	<i>Vanessa cardui</i>	>1	0 (8)
	Crambidae (ツトガ科)	<i>Ostrinia nubilalis</i>	>1	0 (9)
	Tortricidae (ハマキガ科)	<i>Cydia pomonella</i>	>1	0 (8)
	Noctuidae (ヤガ科)	<i>Helicoverpa zea</i>	>1	0 (8)

1) 無影響濃度：生存率に影響を生じなかった最大濃度。試験に用いた濃度上限である 1 ppm で影響が認められなかった場合は> 1ppm とした。

2) 210 bp の *DvSSJ1* 遺伝子断片と各昆虫由来の *Ssk* 遺伝子オルソログとの間で連続する 21 塩基が一致する箇所数。21 塩基の一致が認められない場合は、一致した塩基配列の長さの最大値を括弧で示した。

3) 未調査。

4) 非標的昆虫。これら以外の 10 種は米国における農業害虫。

表 4 *DvSSJ*dsRNA の非標的昆虫への影響

目	科	種	生存率への影響*
Hymenoptera (ハチ目)	Apidae (ミツバチ科)	<i>Apis mellifera</i> (幼生)	無
		<i>Apis mellifera</i> (成体)	無
Collembola (トビムシ目)	Isotomidae (ツチトビムシ科)	<i>Folsomia candida</i>	無
Neuroptera (アミメカゲロウ目)	Chrysopidae (クサカゲロウ科)	<i>Chrysoperla rufilabris</i>	無

*各昆虫について、本組換えトウモロコシ中の *DvSSJ*dsRNA への推定最大暴露量を超える量の *DvSSJ*dsRNA を投与した。

5 IPD072Aa 蛋白質

IPD072Aa 蛋白質 (GenBank accession number KT795291) は、86 アミノ酸からなる選択的殺虫蛋白質であり、土壤中に普遍的に存在するグラム陰性桿菌である *Pseudomonas chlororaphis* に由来する (Schellenberger *et al.*, 2016)。*P. chlororaphis* には、植物、家畜及びヒトへの病原性は認められていない (Anderson *et al.*, 2018)。

- IPD072Aa 蛋白質の同定及び機能

WCR に殺虫効果を示す新たな蛋白質を同定するため、土壤細菌の蛋白質抽出液を WCR に混餌投与し、殺虫活性を指標にスクリーニングした結果、活性画分中の主要な蛋白質として IPD072Aa 蛋白質が精製された (Schellenberger *et al.*, 2016)。

本蛋白質を摂食した WCR においては、本蛋白質が中腸上皮細胞に局在し (図 3、20 ページ)、その後中腸上皮細胞が破壊されることが確認された。このことから、本蛋白質は Bt 蛋白質と同様、WCR の中腸上皮細胞に存在する受容体に結合し、中腸上皮細胞を破壊することにより殺虫活性を示すと考えられた。実際に、中腸上皮刷子縁膜小胞 (brush border membrane vesicles ; BBMVs) を用いた結合試験の結果、本蛋白質が WCR の BBMVs に結合することが確認された (添付資料 4)。一方、後述するように本蛋白質が殺虫活性を示さないチョウ目昆虫である *Ostrinia nubilalis* (ヨーロッパアワノメイガ) の BBMVs への結合は認められなかったことから (添付資料 4)、本蛋白質は WCR の中腸上皮細胞に存在する受容体に特異的に結合して作用すると考えられた。

また、本蛋白質を産生する組換えトウモロコシは、WCR に殺虫活性を示す Bt タンパク質 (Cry34Ab1/Cry35Ab1 蛋白質及び Cry3Bb1 蛋白質) に対する抵抗性を発達させた WCR に対しても殺虫活性を示した (Schellenberger *et al.*, 2016)。また、本蛋白質は WCR の BBMVs への結合試験において、これら Bt 蛋白質と競合しないことが明らかとなった (添付資料 4)。これらのことから、本蛋白質とこれら Bt 蛋白質は WCR の中腸において異なる受容体に結合する

と考えられた。

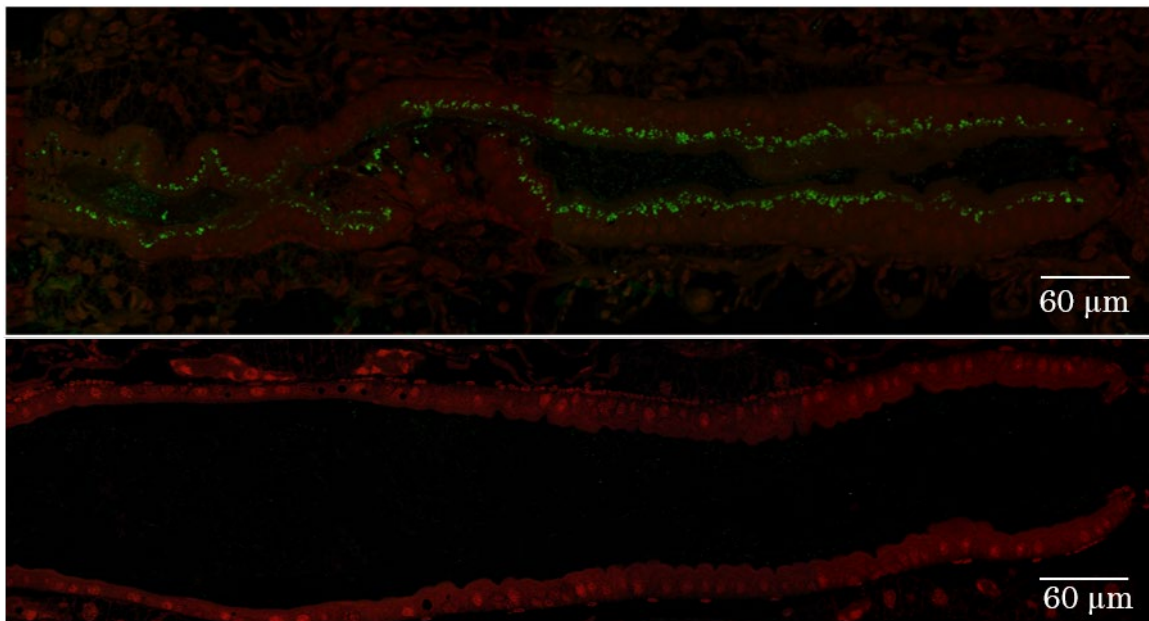


図 3 WCR の中腸における IPD072Aa 蛋白質の局在

上図：WCR に IPD072Aa 蛋白質を混餌投与し、12 時間後にその長軸方向の超薄切片を作成し、IPD072Aa 蛋白質を特異的抗体で検出した。IPD072Aa 蛋白質（緑色蛍光）は中腸上皮細胞に局在している。

下図：対照として WCR に人工飼料のみを与え、同様に処理及び観察を行った。

- IPD072Aa 蛋白質の殺虫スペクトル

標的害虫である WCR に対する殺虫活性を確認するため、本蛋白質を *in vitro* で合成し WCR に混餌投与した。その結果、WCR に対する殺虫活性が認められ、 LC_{50} は 26 ppm であった (Boeckman *et al*, 2019)。

同様に、WCR を除くコウチュウ目昆虫 10 種及びチョウ目昆虫 4 種に本蛋白質を混餌投与し、殺虫スペクトルを確認した。その結果、コウチュウ目昆虫については、本蛋白質の投与濃度が 100 ppm の場合には生存率に影響が認められなかったが、100 ppm を超えた場合には種によって生存率への影響が認められた (表 5、22 ページ ; Boeckman *et al*, 2019)。一方、チョウ目昆虫については、試験に用いた本蛋白質の最大濃度である 1000 ppm においても生存率への影響は認められなかった (表 5、22 ページ ; Boeckman *et al*, 2019)。

さらに、本組換えトウモロコシ中に産生される IPD072Aa 蛋白質の非標的昆虫への影響について検討した。上記混餌投与試験において影響が認められたコウチュウ目昆虫のうち非標的昆虫である *Coleomegilla maculata* 及び *Hippodamia convergens* 並びにハチ目、トビムシ目及びアミメカゲロウ目の非標的昆虫について、本組換えトウモロコシ中に産生される IPD072Aa 蛋白質への最大暴露量を推定した。当該暴露量を超える量の IPD072Aa 蛋白質を

混餌投与した結果、いずれの昆虫についても生存率に影響は認められなかった（表 6、添付資料 3）。

5

以上、IPD072Aa 蛋白質は、調査した昆虫のうちコウチュウ目昆虫に特異的に殺虫活性を示した。

表 5 IPD072Aa 蛋白質の殺虫スペクトル

目	科	種	NOEC ¹⁾ (ppm)
Coleoptera (コウチュウ目)	Chrysomelidae (ハムシ科)	<i>Diabrotica undecimpunctata</i>	500
		<i>Leptinotarsa decemlineata</i>	>1,000
	Tenebrionidae (ゴミムシダマシ科)	<i>Tribolium castaneum</i>	>1,000
		<i>Zophobas morio</i>	>1,000
		<i>Tenebrio molitor</i>	500
	Coccinellidae (テントウムシ科)	<i>Epilachna varivestis</i>	100
		<i>Cryptolaemus montrouzieri</i> ²⁾	>1,000
		<i>Coleomegilla maculata</i> ²⁾	100
		<i>Hippodamia convergens</i> ²⁾	500
	Staphylinidae (ハネカクシ科)	<i>Dalotia coriaria</i> ²⁾ (<i>Atheta coriaria</i>)	>1,000
Lepidoptera (チョウ目)	Nymphalidae (タテハチョウ科)	<i>Vanessa cardui</i>	>1,000
	Crambidae (ツトガ科)	<i>Ostrinia nubilalis</i>	>1,000
	Tortricidae (ハマキガ科)	<i>Cydia pomonella</i>	>1,000
	Noctuidae (ヤガ科)	<i>Helicoverpa zea</i>	>1,000

1) 無影響濃度：生存率に影響を生じなかった最大濃度。試験に用いた濃度上限である 1,000 ppm で影響が認められなかった場合は> 1,000ppm とした。

2) 非標的昆虫。これら以外の 11 種は米国における農業害虫。

表 6 IPD072Aa 蛋白質の非標的昆虫への影響

目	科	種	生存率への影響*
Coleoptera (コウチュウ目)	Coccinellidae (テントウムシ科)	<i>Coleomegilla maculata</i>	無
		<i>Hippodamia convergens</i>	無
Hymenoptera (ハチ目)	Apidae (ミツバチ科)	<i>Apis mellifera</i> (幼生)	無
		<i>Apis mellifera</i> (成体)	無
Collembola (トビムシ目)	Isotomidae (ツチトビムシ科)	<i>Folsomia candida</i>	無
Neuroptera (アミメカゲロウ目)	Chrysopidae (クサカゲロウ科)	<i>Chrysoperla rufilabris</i>	無

*各昆虫について、本組換えトウモロコシ中の IPD072Aa 蛋白質への推定最大暴露量を超える量の IPD072Aa 蛋白質を投与した。

5 PAT 蛋白質

PAT 蛋白質は *S. viridochromogenes* に由来する。除草剤グルホシネートは、その活性成分である L-グルホシネートによりグルタミン合成酵素活性を阻害するため、基質であるアンモニアが植物体内に蓄積し植物は枯死する。PAT 蛋白質は、L-グルホシネートをアセチル化し、N-アセチル-L-グルホシネートに変え無毒化することで、植物体にグルホシネートに対する耐性を付与する (OECD, 2002)。なお、トウモロコシでの発現を最適化するため *pat* 遺伝子の塩基配列を改変しているが²⁾、産生される PAT 蛋白質のアミノ酸配列に変化はない。

15 PMI 蛋白質

PMI 蛋白質は *E. coli* に由来し、マンノース-6-リン酸とフルクトース-6-リン酸を可逆的に相互変換する。トウモロコシを含む多くの植物はマンノースを炭素源として利用できないが、PMI 蛋白質を産生する植物は炭素源としてマンノースを含む培地において生長することが可能なため、組換え植物の選抜マーカーとして用いられる (Negrotto *et al.*, 2000; 第一.2. (3) .ハ.①、29 ページ)。

b. アレルギー性を有することが明らかとなっている蛋白質との相同性

COMPARE データベース³⁾を用い、IPD072Aa 蛋白質、PAT 蛋白質及び PMI 蛋白質と既知アレルギーとの相同性を検討した。

IPD072Aa 蛋白質及び PAT 蛋白質については、連続する 8 アミノ酸以上で

²⁾ 塩基配列が改変されているため、添付資料においては *morpat* と表記。

³⁾ HESI: Health and Environmental Science Institute によるデータベース (<http://comparedatabase.org>)。2019 年 1 月公表。保持配列数 2,081。

完全に一致する配列の検索及び FASTA (version 35.4.4) による連続する 80 アミノ酸残基以上で 35%以上一致する配列の検索を行った (FAO/WHO, 2001; CODEX, 2003)。E-value の閾値は 1×10^{-4} に設定した。その結果、IPD072Aa 蛋白質及び PAT 蛋白質に既知アレルゲンとの相同性は認められなかった (添付資料 5 及び添付資料 6)。

PMI 蛋白質については、連続する 8 アミノ酸以上で完全に一致する配列の検索及び FASTA (version 36.3.8d) による連続する 80 アミノ酸残基以上で 35%以上一致する配列の検索を行った (FAO/WHO, 2001; CODEX, 2003)。E-value の閾値は 10 に設定した。その結果、PMI 蛋白質に既知アレルゲンとの有意な相同性は認められなかった (添付資料 7⁴⁾)。

③ 宿主の持つ代謝系を変化させる場合はその内容

DvSSJ1dsRNA の殺虫活性は WCR 及びその近縁種であるサザンコーンルートワームに特異的であり、試験に用いた他の昆虫に対して活性は認められていない (表 3 及び表 4、18 及び 19 ページ)。また、RNAi の効果は塩基配列特異的であり、*Ssk* 遺伝子のオルソログは *DvSSJ1dsRNA* の標的となる可能性があるが、当該遺伝子のオルソログはトウモロコシには存在しない (Hu *et al.*, 2016)。

IPD072Aa 蛋白質の殺虫活性は WCR に特異的であり、試験に用いた他の昆虫に対して活性は認められていない (表 5 及び表 6、22 及び 23 ページ)。また、当該蛋白質のアミノ酸配列について、酵素蛋白質を含めた既知の蛋白質のモチーフ或いはドメイン等との類似性は認められていない (Schellenberger *et al.*, 2016)。

PAT 蛋白質は基質特異性を有し、除草剤グルホシネートの活性成分である L-グルホシネートの遊離アミノ基をアセチル化する反応を触媒するが、他のアミノ酸や D-グルホシネートを基質としない (OECD, 1999)。

PMI 蛋白質は基質特異性を有し、マンノース 6-リン酸とフルクトース 6-リン酸との異性化を触媒するが、他の天然基質は知られていない (Freeze, 2002)。

また、これらの RNA 及び蛋白質の作用機作は互いに独立していると考えられることから、相互に影響する可能性は低い。

以上のことから、これら RNA 及び蛋白質が宿主の持つ代謝系を変化させる可能性は低いと考えられた。

⁴⁾ 本試験に係る権利及び責任はシンジェンタ社に帰属する。

(2) ベクターに関する情報

イ 名称及び由来

5 目的遺伝子の導入に用いたベクターはプラスミド PHP74643 であり (図 4、27 ページ)、アグロバクテリウム (*Agrobacterium tumefaciens*) 等由来のプラスミド pSB1 から作製された (Komari *et al.*, 1996)。

ロ 特性

10

① ベクターの塩基数及び塩基配列

15

プラスミド PHP74643 の塩基数は 71,116 bp であり、挿入 DNA 領域の塩基数は 13,876 bp である。挿入 DNA 領域を含む T-DNA 領域の塩基配列を添付資料 1 に示した。

② 特定の機能を有する塩基配列がある場合は、その機能

20

プラスミド PHP74643 の外側骨格領域には、微生物を用いてプラスミドを増殖させる際に用いた選抜マーカーとして抗生物質スペクチノマイシン耐性 (*spc*) 遺伝子及びテトラサイクリン耐性 (*tetA*) 遺伝子が含まれている。しかしながら、これら抗生物質耐性遺伝子は T-DNA 領域の外側に位置するため、宿主の細胞には導入されない。また、PHP74643 の T-DNA 領域のうち、染色体に挿入されなかった外側骨格領域には、*zm-wus2* 遺伝子、*zm-odp2* 遺伝子、*Flp* 遺伝子及び *DsRed2* 遺伝子の発現カセットが含まれる。これらの遺伝子は、T-DNA 領域が宿主の細胞に移入された後、染色体に挿入されることなく一過的に蛋白質を産生することにより機能する。*zm-wus2* 遺伝子及び *zm-odp2* 遺伝子は、形質転換における植物体の再生率を向上させる (Lowe *et al.*, 2016)。*Flp* 遺伝子は、FRT1 及び FRT87 において部位特異的組換えを誘導することにより、挿入 DNA 領域を染色体上の意図した位置に挿入することを可能にする (第一.2. (3) .イ、25 ページ)。*DsRed2* 遺伝子は赤色蛍光による選抜マーカーとして機能するが、本組換えトウモロコシの作出には利用していない。これらの遺伝子を含む外側骨格領域が宿主の染色体に挿入されていないことは、T₁ 世代における塩基配列解析により確認した (第一.2. (4) .②、30 ページ)。

35

③ ベクターの感染性の有無及び感染性を有する場合はその宿主域に関する情報

プラスミド PHP74643 に感染性はない。

40

(3) 遺伝子組換え生物等の調製方法

イ 宿主内に移入された核酸全体の構成

挿入 DNA 領域は、*pmi* 遺伝子、*pat* 遺伝子、*DvSSJ1dsRNA* 及び *ipd072Aa* 遺伝子の発現カセットを含む。プラスミド PHP74643 における挿入 DNA 領域の構成を図 4 (27 ページ) に示した。

5 また、本組換えトウモロコシの染色体に挿入された核酸全体について、添付資料 8 及び図 5 (28 ページ) に示した。本組換えトウモロコシの作出においては、プラスミド PHP74643 に含まれる挿入 DNA 領域を、部位特異的組換えを用いてトウモロコシのゲノム DNA に挿入した。

10 部位特異的組換えに用いたリコンビナーゼである FLP 蛋白質は標的配列である FRT1 及び FRT87 の配列特異的に組換えを誘導する。はじめに、これらの標的配列を含む挿入標的配列 (Landing Pad sequence; 以下「LP 配列」という。) を非組換えトウモロコシ PHR03 系統に導入し、1 コピーの LP 配列が染色体に挿入され、かつその挿入によって内在性遺伝子の破壊が生じていない系統 (以下、「中間系統」という。) を選抜した (添付資料 8 の 7~12 ページ)。

15 次に、得られた中間系統にアグロバクテリウム法により PHP74643 の T-DNA 領域を導入した (図 5 A 及び B、28 ページ)。当該 T-DNA 領域は FRT1 及び FRT87 に加え *Flp* 遺伝子発現カセットを含んでいるため、導入に伴い FLP 蛋白質が産生される (図 5 B、28 ページ)。その結果、当該 T-DNA 領域中の FRT1 及び FRT87 と、既に染色体に挿入されている LP 配列中の FRT1 及び FRT87 との間で部位特異的組換えが誘導され (図 5 B 及び C、28 ページ)、当該 T-DNA 領域のうち挿入 DNA 領域 (図 4、27 ページ) だけが染色体上の LP 配列中に挿入された (添付資料 8 の Figure 7 ; 図 5 D、28 ページ)。

25 なお、PHP74643 の T-DNA 領域全体が染色体に挿入される可能性もあるが、後述するように、本組換えトウモロコシの T₁ 世代を用いて、意図した部位特異的組換えだけが生じていることを確認した (第一.2. (4) .②、30 ページ)。

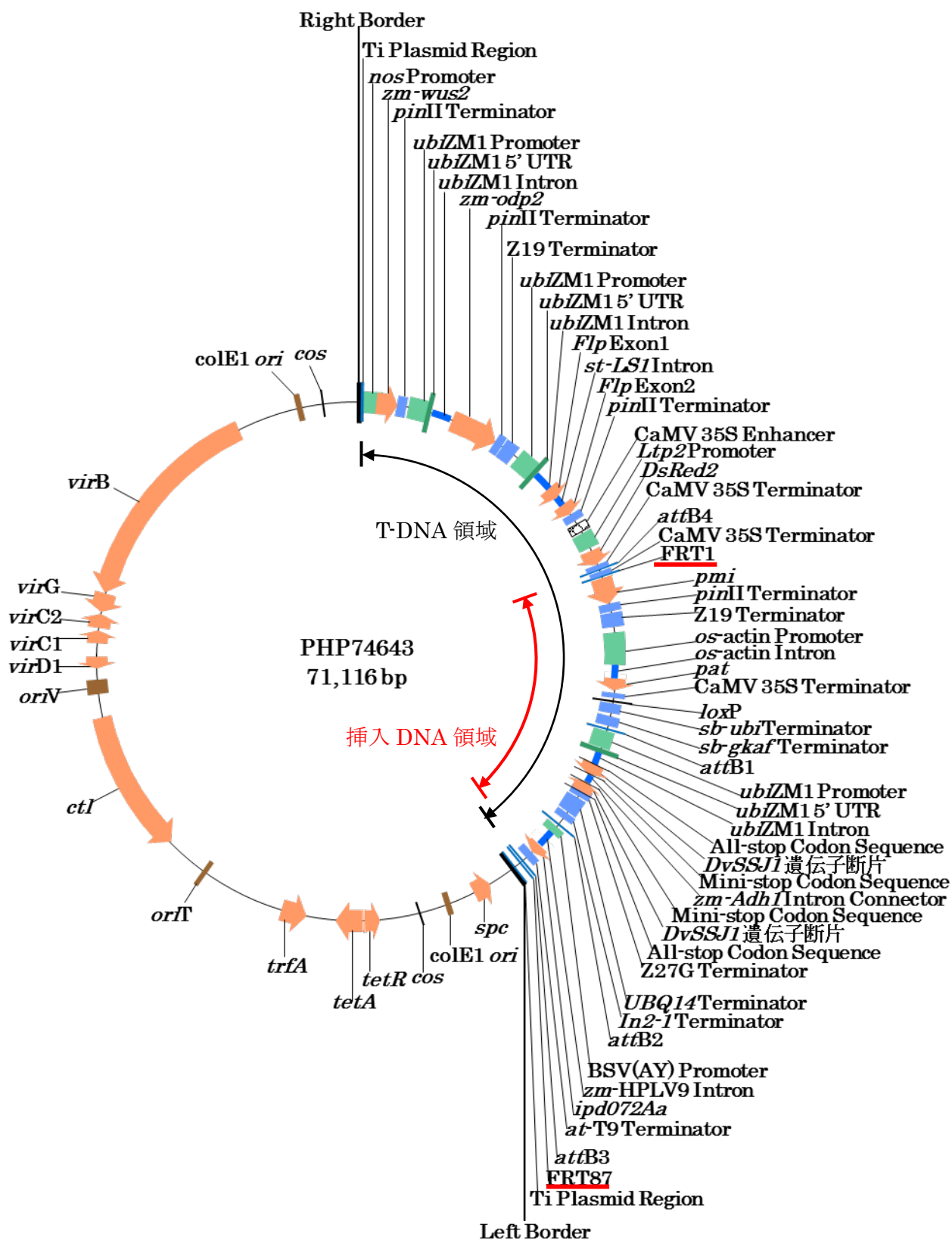


図 4 プラスミド PHP74643 における供与核酸の構成
染色体に挿入される領域は、赤下線で示した FRT1 及び FRT87 に挟まれた挿入 DNA 領域である。

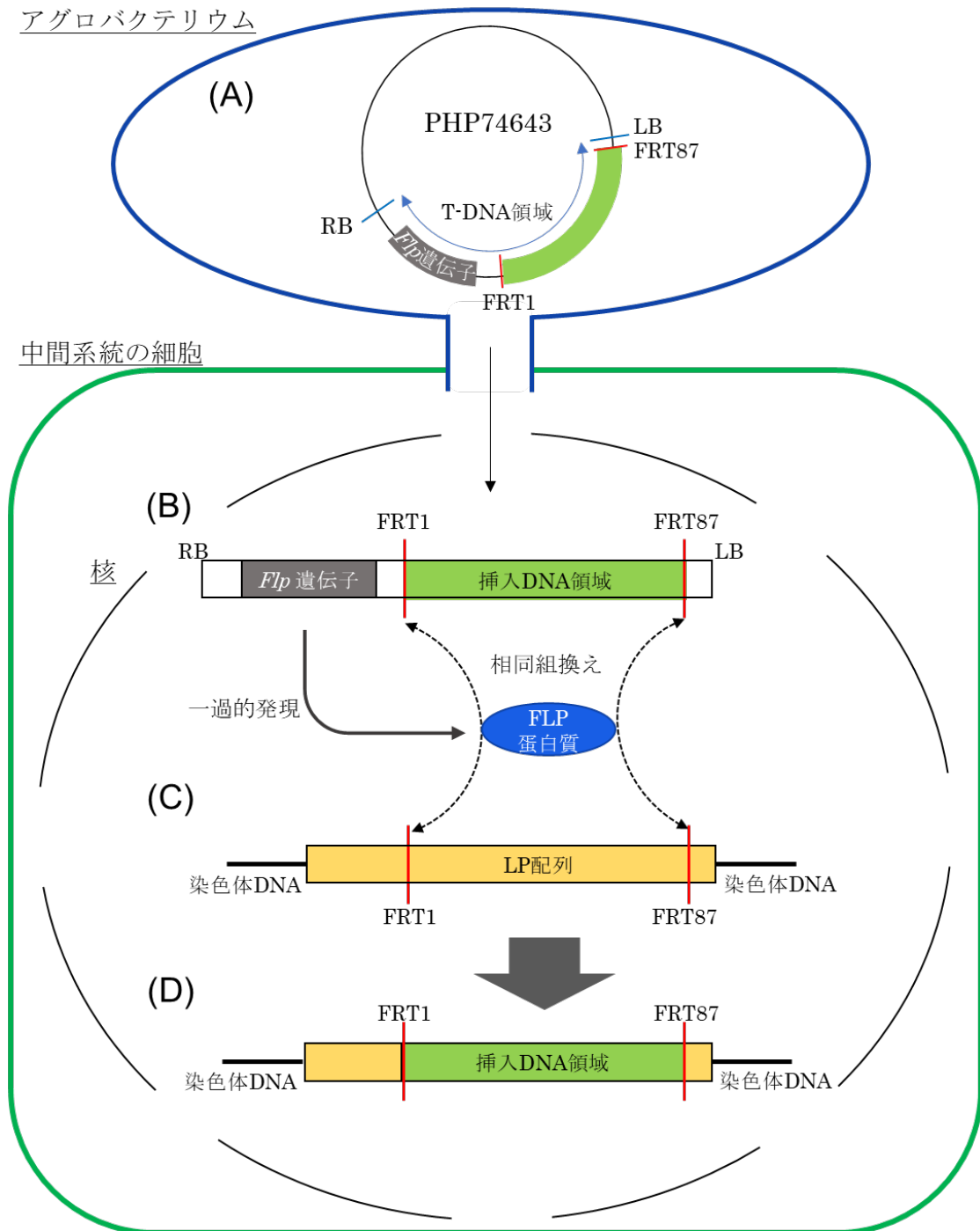


図 5 部位特異的組換えによる本組換えトウモロコシの作出

A: アグロバクテリウム中の導入用プラスミド PHP74643。

B: PHP74643 の T-DNA 領域。アグロバクテリウムから中間系統の細胞に導入され、核内で一過的に *Flp* 遺伝子を発現する。その後植物体から失われる。

C: 中間系統の染色体 DNA に予め組み込まれていた LP 配列。

D: 本組換えトウモロコシの染色体 DNA 上の挿入 DNA 領域。一過的に発現した FLP 蛋白質の機能により、染色体 DNA 上の LP 配列内の FRT1 及び FRT87 配列と、導入された T-DNA 領域の同じ配列との間で相同組換えが誘起され、両配列に挟まれた領域が置換された。

ロ 宿主内に移入された核酸の移入方法

5 本組換えトウモロコシの染色体に挿入された核酸のうち、LP 配列についてはパーティクルガン法を、挿入 DNA 領域についてはアグロバクテリウム法を用いて移入した（添付資料 8）。

ハ 遺伝子組換え生物等の育成の経過

① 核酸が移入された細胞の選抜方法

10 核酸が移入された細胞は、炭素源としてマンノースを添加した培地で胚を生育させることにより選抜した。

② 核酸の移入方法がアグロバクテリウム法の場合はアグロバクテリウムの菌体の残存の有無

20 アグロバクテリウムの除去は、培地に抗生物質セフトキシム及びチメンチンを添加することにより行った。また、本組換えトウモロコシの T₃ 世代の種子及び T₁ 世代の葉から抽出した DNA 中にプラスミド PHP74643 の外側骨格領域は認められず（添付資料 9 及び 11）、アグロバクテリウムの菌体の残存はないと考えられる。

③ 核酸が移入された細胞から、移入された核酸の複製物の存在状態を確認した系統、隔離ほ場試験に供した系統その他の生物多様性影響評価に必要な情報を収集するために用いられた系統までの育成の経過

30 本組換えトウモロコシの育成経過は図 6（29 ページ）のとおりであり、本図中に、該当する系統及び本申請における承認対象の範囲を示した。承認対象の範囲は、T₁ 世代以降である。

（社外秘につき非開示）

図 6 本組換えトウモロコシの育成経過

(4) 細胞内に移入した核酸の存在状態及び当該核酸による形質発現の安定性

① 移入された核酸の複製物が存在する場所

5 移入された核酸が植物の染色体に取り込まれると、後代においてメンデルの法則に従い分離する。本組換えトウモロコシに移入された核酸の複製物の分離比を検討するため、T₁、T₅、BC₁F₁*¹、BC₁F₁*²及びBC₂F₁の5世代(図6、29ページ)の3葉期の葉から抽出したDNAを用いて定量PCR分析を行った(添付資料11)。分析には、導入遺伝子である*DvSSJ1*遺伝子断片、*ipd072Aa*遺伝子、*pat*遺伝子及び*pmi*遺伝子の各々に特異的なプライマーを用いた。

10 その結果、いずれの世代における分離比も期待される分離比に適合したことから(表7、30ページ)、本組換えトウモロコシに移入された核酸の複製物が染色体上に存在することが確認された。

15 表7 本組換えトウモロコシに移入された核酸の複製物の分離比

世代	分離比の期待値	PCR分析の結果			P値 ³⁾
	陽性：陰性	サンプル数	陽性 ¹⁾	陰性 ²⁾	
T ₁	1：1	100	52	48	0.6892
T ₅ ⁴⁾	1：0	100	100	0	-
BC ₁ F ₁ * ¹	1：1	100	50	50	1.0000
BC ₁ F ₁ * ²	1：1	100	46	54	0.4237
BC ₂ F ₁	1：1	100	50	50	1.0000

1) *DvSSJ1*遺伝子断片、*ipd072Aa*遺伝子、*pat*遺伝子及び*pmi*遺伝子の全てが検出された個体数。

2) 上記のいずれも検出されなかった個体数。

3) カイ二乗検定。P値が0.05未満の場合、統計学的有意差有り。

20 4) ホモ接合体。

② 移入された核酸の複製物のコピー数及び移入された核酸の複製物の複数世代における伝達の安定性

25 移入された核酸の複製物のコピー数を確認するため、T₁世代(図6、29ページ)の葉から抽出したDNAを断片化し、そのうちプラスミドPHP74643由来の配列を含む断片の塩基配列を解析した(Southern by Sequence分析⁵⁾、添付資料11)。

その結果、供試した10個体のうち3個体にPHP74643由来の配列が認められ

5) キャプチャー技術と次世代シーケンスを組み合わせた解析手法。断片化した植物ゲノム全体から、用いたプラスミドの全塩基配列を網羅する特異的なプローブセットを用いてDNA断片を選択的に回収(キャプチャー)し、次世代シーケンサーを用いて塩基配列解析を行う。本法を用いることにより、挿入されたDNA断片及びその近傍の塩基配列情報が得られる(Zastrow-Hayes *et al*, 2015)。

た。これら陽性個体のいずれについても PHP74643 由来の配列として挿入 DNA 領域だけが認められ、外側骨格領域の配列は認められなかった（添付資料 11 の Figure11B、19B 及び 20B）。なお、外側骨格領域のうちトウモロコシ由来の構成要素の配列については SbS 分析で検出されたが、宿主トウモロコシに内在する配列を検出したものと考えられた。

前述のとおり、本組換えトウモロコシの作出においては 1 コピーの LP 配列を有する中間系統を用い、当該 LP 配列中に部位特異的組換えにより PHP74643 由来の挿入 DNA 領域を挿入した（第一.2. (3) .イ、25 ページ）。SbS 分析の結果、本組換えトウモロコシ中に LP 配列の 5' 末端及び 3' 末端とトウモロコシ染色体 DNA との接合領域がそれぞれ 1 ヶ所特定されたことから、実際に本組換えトウモロコシ中に LP 配列が 1 コピー含まれることが確認された（添付資料 11 の Figure11A、19A 及び 20A）。また、挿入 DNA 領域の 5' 末端及び 3' 末端はそれぞれ LP 配列と接合しており、部位特異的組換えによって挿入 DNA 領域が LP 配列中の意図した位置に挿入されたことが確認された（添付資料 11 の Figure11A、19A 及び 20A）。さらに、挿入 DNA 領域由来の配列とトウモロコシ染色体 DNA との接合は認められなかったことから、LP 配列以外の場所への非意図的な挿入は生じていないことが確認された。

これらのことから、本組換えトウモロコシの染色体 DNA 中には PHP74643 由来の配列として挿入 DNA 領域だけが 1 コピー挿入されていることが確認された。別途 F₁*¹ 世代（図 6、29 ページ）の DNA を用いて、挿入された DNA 全体及びその近傍の塩基配列を Sanger 法により決定した結果、挿入 DNA 領域は意図したとおり LP 配列中に挿入されており、塩基の欠損等は生じていないことが確認された（添付資料 12）。

なお、中間系統の作出において用いられた他のプラスミド（添付資料 8）についても SbS 分析を行い、これらのプラスミドに由来する意図しない DNA 断片が本組換えトウモロコシ中に残存していないことが確認された（添付資料 11）。

移入された核酸の複製物の複数世代における伝達の安定性については、各導入遺伝子の配列をプローブとしたサザンブロット分析を、T₁、T₂、T₃、T₄ 及び T₅ の 5 世代（図 6、29 ページ）において実施することにより確認した（添付資料 13）。

③ 染色体上に複数コピーが存在している場合は、それらが隣接しているか離れているかの別

④ (6) の①において具体的に示される特性について、自然条件の下での個体間及び世代間での発現の安定性

2017 年に米国アイオワ州の温室で栽培した本組換えトウモロコシ BC₁F₁*² 世代及び BC₂F₁ 世代（図 6、29 ページ）の 9 葉期の根及び葉、2018 年に北米 6 ヶ所

(米国のアイオワ州、イリノイ州、インディアナ州、ミネソタ州及びペンシルバニア州各 1 ヶ所並びにカナダのオンタリオ州 1 ヶ所) のほ場で栽培した F_1^{*1} 世代 (図 6、29 ページ) の 9 葉期の根及び葉、絹糸抽出期の花弁並びに成熟期の子実を用い、*DvSSJ1dsRNA*、IPD072Aa 蛋白質、PAT 蛋白質及び PMI 蛋白質の産生量を分析した (添付資料 14~17)。

DvSSJ1dsRNA の産生量を QuantiGene Plex 2.0 法によって分析した結果、いずれの個体にも当該 RNA が産生されていることが確認された。また、9 葉期の根で世代間の発現の安定性が確認された (表 8、32 ページ)。

表 8 *DvSSJ1dsRNA* の産生量

(pg / mg 乾物重)

遺伝子 産物	世代	採取部位	定量下限値	平均値 ± 標準偏差 (最小値 - 最大値)
<i>DvSSJ1dsRNA</i>	$BC_1F_1^{*2\ 1)}$	根	0.090	15.42 ± 3.38 (10.42 - 19.35)
	$BC_2F_1^{1)}$	根	0.090	15.34 ± 7.77 (9.21 - 28.33)
	$F_1^{*1\ 2)}$	根	0.411	37.4 ± 14.8 (19.5 - 87.0)
		葉	0.981	59.2 ± 13.4 (34.3 - 98.5)
		花粉	0.475	0.987 ± 0.309 (0.561 - 2.02)
		子実	0.0903	4.13 ± 2.36 (1.22 - 10.9)

1) $n=5$ 。いずれの個体も PCR 法により導入遺伝子を有することを確認した。

2) $n=24$ 。いずれの個体も PCR 法により導入遺伝子を有することを確認した。

IPD072Aa 蛋白質、PAT 蛋白質及び PMI 蛋白質の産生量を ELISA 法によって分析した結果、いずれの個体にもこれらの蛋白質の全てが産生されていることが確認された。また、9 葉期の根又は葉で世代間の発現の安定性が確認された (表 9、33 ページ)。

表 9 IPD072Aa 蛋白質、PAT 蛋白質及び PMI 蛋白質の産生量
(ng / mg 乾物重)

遺伝子 産物	世代	採取部位	定量下限値	平均値 ± 標準偏差 (最小値 - 最大値)
IPD072Aa 蛋白質	BC ₁ F ₁ * ^{2 1)}	根	0.11	68 ± 14 (51 - 90)
	BC ₂ F ₁ ¹⁾	根	0.11	81 ± 18 (57 - 99)
	F ₁ * ^{1 2)}	根	0.11	19 ± 23 (3.6 - 84)
		葉	0.054	13 ± 11 (2.8 - 39)
		花粉	0.11	0.65 ± 0.38 (0.14 - 1.3)
		子実	0.027	2.1 ± 1.2 (0.51 - 4.8)
PAT 蛋白質	BC ₁ F ₁ * ^{2 1)}	葉	0.11	3.7 ± 0.48 (3.3 - 4.4)
	BC ₂ F ₁ ¹⁾	葉	0.11	4.1 ± 0.23 (3.7 - 4.3)
	F ₁ * ^{1 2)}	根	0.054	4.5 ± 1.4 (2.4 - 7.8)
		葉	0.11	7.6 ± 1.9 (4.0 - 11)
		花粉	0.22	58 ± 13 (47 - 85)
		子実	0.054	5.1 ± 1.6 (2.5 - 8.1)
PMI 蛋白質	BC ₁ F ₁ * ^{2 1)}	葉	0.54	18 ± 4.0 (14 - 23)
	BC ₂ F ₁ ¹⁾	葉	0.54	20 ± 2.5 (17 - 22)
	F ₁ * ^{1 2)}	根	0.27	6.5 ± 2.2 (3.3 - 11)
		葉	0.54	11 ± 3.4 (6.6 - 20)
		花粉	1.1	33 ± 4.4 (28 - 43)
		子実	0.27	4.3 ± 1.1 (2.3 - 6.3)

1) n = 5。いずれの個体も PCR 法により導入遺伝子を有することを確認した。

2) n = 24。いずれの個体も PCR 法により導入遺伝子を有することを確認した。

- ⑤ ウイルスの感染その他の経路を経由して移入された核酸が野生動植物等に伝達されるおそれのある場合は、当該伝達性の有無及び程度

5 移入された核酸は伝達を可能とする配列を含まないため、ウイルスの感染その他の経路を経由して野生動植物等に伝達されるおそれはない。

(5) 遺伝子組換え生物等の検出及び識別の方法並びにそれらの感度及び信頼性

10 検出及び識別の方法：

本組換えトウモロコシは、系統特異的なプライマーを用いたリアルタイム PCR 法による検出及び識別が可能である（添付資料 18）。

感度：

15 本法の検出限界値は、非組換えトウモロコシのゲノム DNA に対する本組換えトウモロコシのゲノム DNA の混入率として 0.02%である（添付資料 18）。

信頼性：

20 独立した研究室 2 箇所において再現性が得られている（添付資料 18）。

(6) 宿主又は宿主の属する分類学上の種との相違

- ① 移入された核酸の複製物の発現により付与された生理学的又は生態学的特性の具体的な内容

5

本組換えトウモロコシに付与された特性は、*DvSSJ1dsRNA* 及び *ipd072Aa* 遺伝子によるコウチュウ目害虫抵抗性、*pat* 遺伝子による除草剤グルホシネート耐性並びに *pmi* 遺伝子による選抜マーカー特性である。

- 10 本組換えトウモロコシにコウチュウ目害虫抵抗性の形質が付与されたことを確認するため、2018年に米国アイオワ州、イリノイ州、サウスダコタ州及びミネソタ州のは場で栽培した本組換えトウモロコシの F_1^{*1} 世代 (図 6、29 ページ) について、2 葉期～4 葉期に 1 株あたり 750 個又は 1,500 個の WCR の卵を株元接種し、水熟期に根の食害を調査した (添付資料 19)。

- 15 その結果、本組換えトウモロコシがコウチュウ目害虫に対する抵抗性を有することが確認された (表 10、35 ページ)。

表 10 本組換えトウモロコシにおけるコウチュウ目害虫抵抗性¹⁾

世 代		本組換え トウモロコシ ²⁾	非組換え トウモロコシ ³⁾	P 値 ⁴⁾
F_1^{*1}	平均値 ± 標準偏差	0.13 ± 0.08	1.79 ± 0.74	< 0.0001
	最小値 - 最大値	0.02 - 0.70	0.50 - 3.00	

- 1) 下記のスコアを用いて評価した。

0.00 = 根に食害なし。

1.00 = 1 つの節の全ての根又はそれに相当する根が食害を受けている。

2.00 = 2 つの節の全ての根が食害を受けている。

3.00 = 3 つ以上の節の全ての根が食害を受けている (スコア上限)。

節の一部の根が食害を受けている場合には、当該節の根の総数に対する食害を受けた根の数の割合をスコアに加算した (Oleson *et al.*, 2005)。

- 2) n = 27。

- 3) n = 27。

- 4) 統計解析：線形混合モデル。P 値が 0.05 未満の場合、統計学的有意差有り。

本組換えトウモロコシに除草剤グルホシネート耐性の形質が付与されたことを確認するため、PCR 法によって導入遺伝子の有無を確認した本組換えトウモロコシの T₁、T₅、BC₁F₁*¹、BC₁F₁*² 及び BC₂F₁ の 5 世代（第一.2. (4) .①、30 ページ）の各個体について、4～5 葉期に除草剤グルホシネート 0.45 kg a.i.⁶⁾/ha（通常量）を散布し、散布 4～5 日後に耐性の有無を目視により調査した（添付資料 11）。

その結果、本組換えトウモロコシが除草剤グルホシネート耐性を有することが確認された（表 11、36 ページ）。

表 11 本組換えトウモロコシにおける除草剤グルホシネート耐性

世代		本組換え トウモロコシ	非組換え トウモロコシ
T ₁	耐性個体数* (総個体数)	52 (52)	48 (48)
T ₅	耐性個体数* (総個体数)	100 (100)	0 (0)
BC ₁ F ₁ * ¹	耐性個体数* (総個体数)	50 (50)	50 (50)
BC ₁ F ₁ * ²	耐性個体数* (総個体数)	46 (46)	54 (54)
BC ₂ F ₁	耐性個体数* (総個体数)	50 (50)	50 (50)

*目視により薬害及び枯死が認められなかった個体を耐性と判定した。

また、前述のとおり（第一.2. (3) .ハ.①、29 ページ）、本組換えトウモロコシが *pmi* 遺伝子による選抜マーカー特性を有することが確認されている。

② 以下に掲げる生理学的又は生態学的特性について、遺伝子組換え農作物と宿主の属する分類学上の種との間の相違の有無及び相違がある場合はその程度

次の a～g の項目を指標として、本組換えトウモロコシと宿主の属する分類学上の種との間の相違の有無を確認するため、2019 年にデュポン・プロダクション・アグリサイエンス株式会社の遺伝子組換え農作物隔離ほ場において本組換えトウモロコシの栽培試験を行った（添付資料 20）。試験には本組換えトウモロコシの F₁*¹ 世代（図 6、29 ページ）及び対照として同様の遺伝的背景を有する非組換えトウモロコシ PHR03×PHEJW 系統を用いた。

a 形態及び生育の特性

発芽率、発芽揃い日、雄穂の抽出期、絹糸の抽出期、葉の着生角度、着雌穂高、分げつ数、稈長（雄穂の穂首までの長さ）、地上部重、雌穂の数、雌穂の長

⁶⁾ active ingredient （活性主成分）

さ、雌穂の直径、粒の色及び粒質について調査した（添付資料 20、6 ページ）。

その結果、着雌穂高及び稈長においては本組換えトウモロコシと非組換えトウモロコシとの間に統計学的有意差（ $P<0.05$ ）が認められたが、その他の調査項目において本組換えトウモロコシと非組換えトウモロコシとの間に相違はなかった。

b 生育初期における低温耐性

2019 年 11 月 6 日に、本組換えトウモロコシ及び非組換えトウモロコシをポットに播種し、温室内で栽培後、2～3 葉期（12 月 2 日）にポットを露地に移した。露地栽培 7 日後（12 月 9 日）に観察した結果、いずれの個体も枯死していた（添付資料 20、9 ページ）。

c 成体の越冬性

6 月 5 日に播種した本組換えトウモロコシ及び非組換えトウモロコシを、成熟後の 2019 年 10 月 28 日に観察した結果、いずれの個体も枯死していた（添付資料 20、6 ページ）

d 花粉の稔性及びサイズ

花粉の充実度（ヨード・ヨードカリ液染色率）及び長径を調査した結果、いずれも本組換えトウモロコシと非組換えトウモロコシとの間に統計学的有意差（ $P<0.05$ ）は認められなかった（添付資料 20、13 ページ）。

e 種子の生産量、脱粒性、休眠性及び発芽率

種子の生産量について、雌穂の粒列数、一列粒数及び百粒重を調べた結果、いずれも本組換えトウモロコシと非組換えトウモロコシとの間に統計学的有意差（ $P<0.05$ ）は認められなかった（添付資料 20、6 ページ）。

脱粒性について、本組換えトウモロコシ及び非組換えトウモロコシのいずれについても、収穫時に種子の脱粒は認められなかった（添付資料 20、6 ページ）。

休眠性及び発芽率について、本組換えトウモロコシ及び非組換えトウモロコシから収穫した種子を、吸水させた脱脂綿上に室温で静置し発芽個体数を計測した。その結果、本組換えトウモロコシ及び非組換えトウモロコシの発芽率はいずれも高く、統計学的有意差（ $P<0.05$ ）も認められなかった（添付資料 20、9 ページ）。

f 交雑率

我が国にトウモロコシと交雑可能な近縁野生種が自生しているとの報告はないことから、交雑率の調査は行わなかった。

g 有害物質の産生性

本組換えトウモロコシと非組換えトウモロコシの有害物質の産生性を比較するため、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。

後作試験：

本組換えトウモロコシ及び非組換えトウモロコシを栽培した後の土壌を用いて検定作物のハツカダイコンを栽培し、発芽率及び乾物重を調査した（添付資料 20、10 ページ）。

その結果、いずれについても、本組換えトウモロコシ栽培後土壌と非組換えトウモロコシ栽培後土壌との間に統計学的有意差 ($P<0.05$) は認められなかった。

鋤込み試験：

本組換えトウモロコシ及び非組換えトウモロコシの葉身及び葉鞘を培土に添加した土壌で検定作物のハツカダイコンを栽培し、発芽率及び乾物重を調査した（添付資料 21、11 ページ）。

その結果、いずれについても、本組換えトウモロコシ鋤込み土壌と非組換えトウモロコシ鋤込み土壌との間に統計学的有意差 ($P<0.05$) は認められなかった。

土壌微生物相試験：

本組換えトウモロコシ及び非組換えトウモロコシを栽培した後の土壌における微生物数（細菌数、放線菌数及び糸状菌数）を計測した（添付資料 20、12 ページ）。

その結果、いずれについても、本組換えトウモロコシ栽培後土壌と非組換えトウモロコシ栽培後土壌との間に統計学的有意差 ($P<0.05$) は認められなかった。

3 遺伝子組換え生物等の使用等に関する情報

(1) 使用等の内容

- 5 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

(2) 使用等の方法

10 —

- (3) 承認を受けようとする者による第一種使用等の開始後における情報収集の方法

15 —

- (4) 生物多様性影響が生ずるおそれのある場合における生物多様性影響を防止するための措置

20 緊急措置計画書を参照。

- (5) 実験室等での使用等又は第一種使用等が予定されている環境と類似の環境での使用等の結果

25 —

(6) 国外における使用等に関する情報

30 本組換えトウモロコシの国外における申請状況は、表 12 (40 ページ) のとおりである。

表 12 国外における申請状況

(2021 年 9 月現在)

申請国	目的	申請/承認年月			申請先
米国	無規制裁培	2019 年	8 月	申請	米国農務省 (USDA)
	食品・飼料としての利用	—		申請	米国食品医薬品庁 (FDA)
	発現タンパク質の許容値設定免除	—		申請	米国環境保護庁 (EPA)
カナダ	環境安全性、飼料としての利用	2021 年	9 月	承認	カナダ食品検査庁 (CFIA)
	食品としての利用	2021 年	9 月	承認	カナダ保健省機関 (HC)
欧州	輸入	2019 年	12 月	申請	欧州食品安全機関 (EFSA)
韓国	食品としての利用	—		申請	食品医薬品安全処 (MFDS)
	飼料としての利用	—		申請	韓国農村振興庁 (RDA)
オーストラリア・ニュージーランド	輸入	2021 年	4 月	承認	オーストラリア・ニュージーランド食品基準機関 (FSANZ)

— : 社外秘情報につき非開示

- 5 なお、我が国においては、2021 年 1 月に食品としての安全性確認申請を厚生労働省に、飼料としての安全性の確認申請を農林水産省にそれぞれ行った。

第二 項目ごとの生物多様性影響の評価

宿主であるトウモロコシは、我が国において長年にわたる使用実績がある。したがって、本生物多様性影響評価においては、生物多様性影響評価実施要領の別表第三に基づき、本組換えトウモロコシと非組換えトウモロコシとの比較により、影響が生ずる可能性について考察した。

1 競合における優位性

(1) 影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定

植物が自然環境下で他の植物と競合するためには、当該植物が自然環境下で自生する、すなわち人の手を借りずに繁殖し、群落を維持することが必要である。植物の自生には種子の脱粒性及び休眠性が重要であるが、栽培作物であるトウモロコシは栽培化の過程でこれらの特性を失っており、自生することができない（OECD, 2003、後藤ほか, 2018）。これまでに、我が国の自然環境下においてトウモロコシが自生するとの報告はない。

本組換えトウモロコシには、*DvSSJ1dsRNA* 及び *IPD072Aa* 蛋白質によるコウチュウ目害虫抵抗性、*PAT* 蛋白質による除草剤グルホシネート耐性及び *PMI* 蛋白質による選抜マーカー特性が付与されているが、いずれも上記特性に関与する形質ではない。また、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特性（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、休眠性及び発芽率）について隔離ほ場で調査した結果、着雌穂高及び稈長を除き非組換えトウモロコシとの間で相違は認められなかった。また、着雌穂高については非組換えトウモロコシの平均値 117 cm に対し本組換えトウモロコシの平均値は 122 cm、稈長については非組換えトウモロコシの平均値 256 cm に対し本組換えトウモロコシの平均値は 262 cm であり、これらの相違が競合における優位性に影響を及ぼす可能性は低い（第一.2. (6) .②、36 ページ）。

したがって、これら付与された特性により本組換えトウモロコシが我が国の自然環境下で自生するようになることはなく、競合における優位性が高まることもないと考えられた。

以上のことから、本組換えトウモロコシの競合における優位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。

(2) 影響の具体的内容の評価

—

(3) 影響の生じやすさの評価

—

(4) 生物多様性影響が生ずるおそれの有無等の判断

以上のことから、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判断された。

5

2 有害物質の産生性

(1) 影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定

10

トウモロコシが野生動植物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。

15

本組換えトウモロコシは *DvSSJ1dsRNA* 及び *IPD072Aa* 蛋白質によりコウチュウ目昆虫に対して特異的に殺虫活性を示す（第一.2. (1) .ロ.②、24 ページ）。一方、除草剤グルホシネート耐性を付与する *PAT* 蛋白質及び選抜マーカー特性を付与する *PMI* 蛋白質が野生動植物に有害性を示すとの報告は無い。

20

DvSSJ1dsRNA、*IPD072Aa* 蛋白質、*PAT* 蛋白質及び *PMI* 蛋白質の作用は特異的であり、宿主の代謝経路に作用して意図しない有害物質を産生するとは考え難い（第一.2. (1) .ロ.③、24 ページ）。実際に、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結果、いずれの調査においても本組換えトウモロコシと非組換えトウモロコシとの間に有意な差は認められなかった（第一.2. (6) .②.g、37 ページ）。

25

なお、*IPD072Aa* 蛋白質、*PAT* 蛋白質及び *PMI* 蛋白質は既知アレルゲンとの間に有意な相同性を有していない（第一.2. (1) .ロ.②.b、23 ページ）。また、グルホシネート散布時、*PAT* 蛋白質により *N*-アセチル-L-グルホシネートが産生される。しかしながら、本代謝産物の動物に対する毒性はグルホシネートより低く（食品安全委員会, 2013）、農薬取締法の下、グルホシネートの分析対象化合物の一つとしてトウモロコシにおける残留基準値が定められ、農薬登録により安全な使用方法が定められ、人畜及び環境に対する安全性が確保されている（日本食品化学研究振興財団, 2020）。

30

35

以上のことから、本組換えトウモロコシの有害物質の産生性に起因して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が特定された。山本ほか（2003）の評価手法を参考に、環境省のレッドリスト⁷⁾に絶滅危惧種及び準絶滅危惧種として掲載されているコウチュウ目昆虫のうち、本組換えトウモロコシの花粉飛散又は植物体を腐植質と一緒に食餌することにより影響を受ける可能性のある種を検討した結果、生息地及び食性の点から4種が特定された（表 13、43 ページ）。

⁷⁾ 環境省レッドリスト 2020 : <https://www.env.go.jp/press/107905.html>

表 13 影響を受ける可能性が否定できない絶滅危惧種及び準絶滅危惧種に区分されているコウチュウ目昆虫

和名	学名	生息地、生息環境	食餌
絶滅危惧 IA 類 (CR)			
アオノネクイハムシ	<i>Donacia frontalis</i>	本州（兵庫県）。発見地の青野ヶ原では絶滅した可能性がある。また、これ以外の産地も記録されていない。生息環境は丘陵地の湿地。	カヤツリグサ科 ハリイ類
絶滅危惧 II 類 (VU)			
オキナワサビカミキリ	<i>Diboma costata</i>	九州、屋久島、種子島、トカラ列島、奄美諸島、沖縄諸島、先島諸島。	イネ科タケ類
準絶滅危惧 (NT)			
アカガネネクイハムシ	<i>Donacia hirtihumeralis</i>	本州（青森県、岩手県、栃木県、茨城県）。本州固有種。生息環境はため池。	カヤツリグサ科 フトイ
キンイロネクイハムシ	<i>Donacia japana</i>	北海道、本州、九州。生息環境はため池、水路。	ミクリ科ミクリ類。成虫はスゲ類に訪花する。

主な参考文献：

- 5 大林延夫, 新里達也共編. (2007). 日本産カミキリムシ. 東海大学出版会.
環境省自然環境局野生生物課. (2020). レッドリスト 2020.
(<http://www.env.go.jp/press/files/jp/113667.pdf>)
Accessed on July, 2020.
野尻湖昆虫グループ. (1985). アトラス・日本のネクイハムシ化石同定への手引きー.
野尻湖昆虫グループ.
10 林成多. (2005). “日本産ネクイハムシ図鑑ー全種の解説ー”. 月刊むし 408. むし社.
林成多. (2012). 日本のネクイハムシ. むし社.

(2) 影響の具体的内容の評価

- 15 *DvSSJ1dsRNA* 及び *IPD072Aa* 蛋白質の標的害虫であるウェスタンコーンルー
ートワームに対する LC_{50} 値は、それぞれ 0.036 ppm 及び 26 ppm である（第一.2.
(1) .ロ.②、15 ページ）。

20 (3) 影響の生じやすさの評価

(1) で特定されたコウチュウ目昆虫 4 種が、本組換えトウモロコシの花粉又は植物体を摂食することにより影響を受ける可能性について評価した。

花粉については、飛散によりトウモロコシ栽培ほ場周辺に分布している当該昆虫の食草に付着し、それを当該昆虫が摂食する可能性がある。しかしながら、栽培ほ場外に飛散するトウモロコシの花粉量はほ場からの距離に応じて減少することが確認されており（第一.1.（3）.④、6 ページ）、我が国における調査としては、栽培ほ場から 10 m 離れたヒマワリの葉上に堆積する花粉量は 10 粒/cm²以内との報告がある（Shirai and Takahashi, 2005）。また、植物体については、栽培後の鋤込みによりほ場及びその周辺の土壌中で分解される。これらのことから、本組換えトウモロコシの花粉や植物体の暴露は、ほ場周辺に限られると考えられた。

特定された 4 種のコウチュウ目昆虫のうちアオノネクイハムシ、アカガネネクイハムシ及びキンイロネクイハムシは生息環境が湿地や池等の水際であり、オキナワサビカミキリは竹類以外のイネ科から得られた記録がない。したがって、いずれもトウモロコシ栽培ほ場周辺という限定された環境を主要な生息地とする種ではないと考えられる。

以上のことから、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又は植物体に暴露され、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。

(4) 生物多様性影響が生ずるおそれの有無等の判断

以上のことから、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判断された。

3 交雑性

(1) 影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定

宿主であるトウモロコシが我が国において野生化した事例はなく、また交雑可能な近縁野生種であるテオシント及び *Tripsacum* 属の自生も報告されていない。このため、本組換えトウモロコシ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。

(2) 影響の具体的内容の評価

—

(3) 影響の生じやすさの評価

—

(4) 生物多様性影響が生ずるおそれの有無等の判断

以上、本組換えトウモロコシの交雑性に起因する生物多様性影響が生ずるおそ

れはないと判断された。

4 その他の性質

5 —

第三 生物多様性影響の総合的評価

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きたが、野生化して野生動植物の生息又は生育に影響を及ぼしたという報告はない。

5

栽培作物であるトウモロコシは栽培化の過程で種子の脱粒性及び休眠性を失っており、自生することができない。

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特性（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、休眠性及び発芽率）について評価を行った結果、着雌穂高及び稈長に非組換えトウモロコシとの間で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、その他の調査項目に相違はなく、着雌穂高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。また、本組換えトウモロコシには、*DvSSJ1dsRNA* 及び *IPD072Aa* 蛋白質によるコウチュウ目害虫抵抗性、PAT 蛋白質による除草剤グルホシネート耐性及び PMI 蛋白質による選抜マーカー特性が付与されているが、いずれもこれらの特性に関与する形質ではない。このことから、これらの形質を有することにより本組換えトウモロコシが我が国の自然環境下で自生するようになることはないと考えられた。

以上、本組換えトウモロコシが競合における優位性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないと判断された。

従来、トウモロコシが野生動植物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 *DvSSJ1dsRNA* 及び *IPD072Aa* 蛋白質は、ウェスタンコーンルートワーム等のコウチュウ目害虫に対する殺虫活性を有するが、その他の動物種に対しては毒性を持たない。また、PAT 蛋白質及び PMI 蛋白質については、野生動植物に対する有害性は報告されていない。これら *DvSSJ1dsRNA*、*IPD072Aa* 蛋白質、PAT 蛋白質及び PMI 蛋白質の作用は特異的であり、宿主の代謝経路に作用して意図しない有害物質を産生するとは考え難い。実際に、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結果、いずれの調査においても本組換えトウモロコシと非組換えトウモロコシとの間に有意な差は認められなかった。以上のことから、本組換えトウモロコシの有害物質の産生性に起因して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が特定された。さらに、我が国に生息する絶滅危惧種及び準絶滅危惧種に指定されているコウチュウ目昆虫のうち、本組換えトウモロコシの花粉又は鋤込んだ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 4 種を特定した。

トウモロコシの花粉の飛散はほ場から 10 m 離れると極めて低く (≤ 10 粒/cm²)、植物体は栽培後の鋤込みによりほ場及びその周辺の土壌中で分解されるため、本組換えトウモロコシの花粉や植物体の暴露は、ほ場周辺に限られる。一方、生息地や食草の点から、特定された 4 種のコウチュウ目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。したがって、本組換えトウモロコシの花粉の飛散又は植物体を腐植質と一緒に食餌することにより、特定されたコウチュウ目昆虫種が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。

以上、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判断された。

- 5 我が国において宿主である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及び *Tripsacum* 属の自生は報告されていないことから、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。

以上のことから、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、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総合的に判断された。

参考文献

- An, G., Mitra, A., Choi, H.K., Costa, M.A., An, K., Thornburg, R.W. and Ryan, C.A. (1989). Functional Analysis of the 3' Control Region of the Potato Wound-Inducible Proteinase Inhibitor II Gene. *The Plant Cell* 1: 115-122.
- Anderson, J.A, Staley, J., Challender, M. and Heuton, J. (2018). Safety of *Pseudomonas chlororaphis* as a gene source for genetically modified crops. *Transgenic Research*. 27: 103-113.
- Baum, J.A. and Roberts, J.K. (2014). Progress towards RNAi-mediated insect pest management. *Advances in Insect Physiology*. 47: 249-295.
- Boeckman, C.J., Huang, E., Sturtz, K., Walker, C., Woods, R. and Zhang, J. (2019). Characterization of the Spectrum of Insecticidal Activity for IPD072Aa: A Protein Derived from *Pseudomonas chlororaphis* with Activity Against *Diabrotica virgifera virgifera* (Coleoptera: Chrysomelidae). *Journal of Economic Entomology*. 112: 1190-1196.
- Callis, J., Carpenter, T., Sun, C.-W. and Vierstra, R.D. (1995). Structure and evolution of genes encoding polyubiquitin and ubiquitin-like proteins in *Arabidopsis thaliana* ecotype Columbia. *Genetics*. 139: 921-939.
- CFIA. (2012). The Biology of *Zea mays* (L.) (Maize). (<http://www.inspection.gc.ca/plants/plants-with-novel-traits/applicants/directive-94-08/biology-documents/zea-mays-l-eng/1330985739405/1330985818367>). Accessed on February 25th, 2014.
- Cheo, D.L., Titus, S.A., Byrd, D.R.N., Hartley, J.L., Temple, G.F. and Brasch, M.A. (2004). Concerted assembly and cloning of multiple DNA segments using in vitro site-specific recombination: Functional analysis of multi-segment expression clones. *Genome Research*. 14: 2111-2120.
- Christensen, A.H., Sharrock, R.A., and Quail, P.H. (1992). Maize polyubiquitin genes: Structure, thermal perturbation of expression and transcript splicing, and promoter activity following transfer to protoplasts by electroporation. *Plant Molecular Biology*. 18: 675-689.
- CODEX. (2003). Proposed draft annex on the assessment of possible allergenicity of the draft guideline for the conduct of food safety assessment of foods derived from recombinant-DNA plants. Codex Alimentarius Commission. Alinorm 03/34, Appendix IV. pp.57-60.

- Dale, E.C. and Ow, D.W. (1990). Intra- and intermolecular site-specific recombination in plant cells mediated by bacteriophage P1 recombinase. *Gene*. 91: 79-85.
- 5 Das, O.P., Ward, K., Ray, S. and Messing, J. (1991). Sequence variation between alleles reveals two types of copy correction at the 27-kDa Zein locus of maize. *Genomics*. 11: 849-856.
- 10 de Freitas, F.A., Yunes, J.A., da Silva, M.J., Arruda, P. and Leite, A. (1994). Structural characterization and promoter activity analysis of the γ -kafirin gene from sorghum. *Molecular and General Genetics*. 245: 177-186.
- 15 Dennis, E.S., Gerlach, W.L., Pryor, A.J., Bennetzen, J.L., Inglis, A., Llewellyn, D., Sachs, M.M., Ferl, R.J. and Peacock, W.J. (1984). Molecular analysis of the alcohol dehydrogenase (*Adh1*) gene of maize. *Nucleic Acids Research*. 12(9): 3983-4000.
- 20 Depicker, A., Stachel, S., Dhaese, P., Zambryski, P. and Goodman, H.M. (1982). Nopaline synthase: Transcript mapping and DNA sequence. *Journal of Molecular and Applied Genetics* 1: 561-573.
- 25 Dymecki, S.M. (1996). A modular set of Flp, FRT and lacZ fusion vectors for manipulating genes by site-specific recombination. *Gene*. 171: 197-201.
- Eckes, P., Rosahl, S., Schell, J. and Willmitzer, L. (1986). Isolation and characterization of a light-inducible, organ-specific gene from potato and analysis of its expression after tagging and transfer into tobacco and potato shoots. *Molecular and General Genetics*. 205: 14-22.
- 30 FAO. (2018). FAOSTAT.
(<http://www.fao.org/faostat/en/#home>).
Accessed on October 23th, 2018.
- 35 FAO/WHO. (2001). Evaluation of allergenicity of genetically modified foods. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Report of a joint FAO/WHO expert consultation on allergenicity of foods derived from biotechnology 22-25 January 2001. p10.
- 40 Fling, M.E., Kopf, J. and Richards, C. (1985). Nucleotide sequence of the transposon Tn7 gene encoding an aminoglycoside-modifying enzyme, 3" (9)-*O*-nucleotidyltransferase. *Nucleic Acids Research*. 13: 7095-7106.

- Franck, A., Guilley, H., Jonard, G., Richards, K. and Hirth, L. (1980). Nucleotide sequence of cauliflower mosaic virus DNA. *Cell*. 21: 285-294.
- Freeze, H. H. (2002). Phosphomannose isomerase. Handbook of glycosyltransferases and related genes. Edition 1. Taniguchi, N., Honke, K. and Fukuda, M., Eds. Springer-Verlag, Tokyo and New York: pp. 595-599.
- Guilley, H., Dudley, R.K., Jonard, G., Balázs, E. and Richards, K.E. (1982). Transcription of cauliflower mosaic virus DNA: Detection of promoter sequences, and characterization of transcripts. *Cell*. 30: 763-773.
- Hartley, J.L., Temple, G.F. and Brasch, M.A. (2000). DNA cloning using in vitro site-specific recombination. *Genome Research*. 10: 1788-1795.
- Hershey, H.P. and Stoner, T.D. (1991). Isolation and characterization of cDNA clones for RNA species induced by substituted benzenesulfonamides in corn. *Plant Molecular Biology*. 17: 679-690.
- Hu, X., Richtman, N.M., Zhao, J.-Z., Duncan, K.E., Niu, X., Procyk, L.A., Oneal, M.A., Kernodle, B.M., Steimel, J.P., Crane, V.C., Sandahl, G., Ritland, J.L., Howard, R.J., Presnail, J.K., Lu, A.L. and Wu, G. (2016). Discovery of midgut genes for the RNA interference control of corn rootworm. *Scientific Reports*. 6: 30542.
- Hu, X., Steimel, J.P., Kapka-Kitzman, D.M., Davis-Vogel, C., Richtman, N.M., Mathis, J.P., Nelson, M.E., Lu, A.L. and Wu, G.S. (2019). Molecular characterization of the insecticidal activity of double-stranded RNA targeting the smooth septate junction of western corn rootworm (*Diabrotica virgifera virgifera*). *PLoS One*. 14: e0210491.
- Kalla, R., Shimamoto, K., Potter, R., Nielsen, P.S., Linnestad, C. and Olsen, O.-A. (1994). The promoter of the barley aleurone-specific gene encoding a putative 7 kDa lipid transfer protein confers aleurone cell-specific expression in transgenic rice. *The Plant Journal*. 6: 849-860.
- Katzen, F. (2007). Gateway® recombinational cloning: a biological operating system. *Expert Opinion on Drug Discovery*. 2: 571-589.
- Kay, R., Chan, A., Daly, M. and McPherson, J. (1987). Duplication of CaMV 35S promoter sequences creates a strong enhancer for plant genes. *Science*. 236: 1299-1302.
- Keil, M., Sanches-Serrano, J., Schell, J. and Willmitzer, L. (1986). Primary

structure of a proteinase inhibitor II gene from potato (*Solanum tuberosum*).
Nucleic Acids Research. 14(14): 5641-5650.

- 5 Komari, T., Hiei, Y., Saito, Y., Murai, N. and Kumashiro, T. (1996). Vectors carrying
two separate T-DNAs for co-transformation of higher plants mediated by
Agrobacterium tumefaciens and segregation of transformants free from
selection markers. The Plant Journal. 10: 165-174.
- 10 Liu, H., Shi, J., Sun, C., Gong, H., Fan, X., Qiu, F., Huang, X., Feng, Q., Zheng, X.,
Yuan, N., Li, C., Zhang, Z., Deng, Y., Wang, J., Pan, G., Han, B., Lai, J. and
Wu, Y. (2016). Gene duplication confers enhanced expression of 27-kDa γ -zein
for endosperm modification in quality protein maize. Proceedings of the
National Academy of Sciences. 113: 4964-4969.
- 15 Lowe, K., Wu, E., Wang, N., Hoerster, G., Hastings, C., Cho, M.-J., Scelongo, C.,
Lenderts, B., Chamberlin, M., Cushatt, J., Wang, L., Ryan, L., Khan, T.,
Chow-Yiu, J., Hua, W., Yu, M., Banh, J., Bao, Z., Brink, K., Igo, E., Rudrappa,
B., Shamseer, P., Bruce, W., Newman, L., Shen, B., Zheng, P., Bidney, D.,
20 Falco, C., Register, J., Zhao, Z.-Y., Xu, D., Jones, T. and Gordan-Kamm, W.
(2016). Morphogenic regulators *Baby boom* and *Wuschel* improve monocot
transformation. The Plant Cell. 28: 1998-2015.
- Luna, S.V., Figueroa, J.M., Baltazar, B.M., Gomez, R.L., Townsend, R. and Schoper,
J.B. (2001). Maize pollen longevity and distance isolation requirements for
25 effective pollen control. Crop Science. 41: 1551-1557.
- Mayer, K.F.X., Schoof, H., Haecker, A., Lenhard, M., Jürgens, G. and Laux, T.
(1998). Role of WUSCHEL in Regulating Stem Cell Fate in the Arabidopsis
Shoot Meristem. Cell. 95: 805-815.
- 30 NCGA. (2018). World of Corn 2018.
(http://www.worldofcorn.com/pdf/NCGA_WOC2018.pdf).
Accessed on October 23th, 2018.
- 35 Negrotto, D., Jolley, M., Beer, S., Wenck, A.R. and Hansen, G. (2000). The use of
phosphomannose-isomerase as a selectable marker to recover transgenic
maize plants (*Zea mays* L.) via *Agrobacterium* transformation. Plant Cell
Reports. 19: 798-803.
- 40 OECD. (1999). Series on Harmonization of Regulatory Oversight in Biotechnology
No. 11: Consensus document on general information concerning the genes
and their enzymes that confer tolerance to phosphinothricin herbicide.
ENV/JM/MONO(99)13.

(<http://www.zhb.gov.cn/download/5198.pdf>)

Accessed on March 12th, 2018.

- 5 OECD. (2002). Series on Harmonization of Regulatory Oversight in Biotechnology,
No. 25. MODULE II: PHOSPHINOTHRICIN. ENV/JM/MONO(2002)14.
(<http://www.oecd.org/dataoecd/17/39/46815748.pdf>)
Accessed on March 12th, 2018.
- 10 OECD. (2003). Series on Harmonisation of Regulatory Oversight in Biotechnology,
No. 27: Consensus Document of the Biology of *Zea mays* subsp. *mays* (Maize).
ENV/JM/MONO(2003)11.
(<http://www.oecd.org/dataoecd/17/40/46815758.pdf>)
Accessed on February 25th, 2014.
- 15 Oleson, J.D., Park, Y.-L., Nowatzki, T.M. and Tollefson, J.J. (2005). Node-injury
scale to evaluate root injury by corn rootworms (Coleoptera: Chrysomelidae).
Journal of Economic Entomology. 98(1): 1-8.
- 20 Pleasants, J.M., Hellmich, R.L., Dively, G.P., Sears, M.K., Stanley-Horn, D.E.,
Mattila, H.R., Foster, J.E., Clark, P and Jones, G. D. (2001). Corn pollen
deposition on milkweeds in and near cornfields. Proceedings of the National
Academy of Sciences. 98: 11919-11924.
- 25 Proteau, G., Sidenberg, D. and Sadowski, P. (1986). The minimal duplex DNA
sequence required for site-specific recombination promoted by the FLP
protein of yeast in vitro. Nucleic Acids Research. 14(2): 4787-4802.
- 30 Schellenberger, U., Oral, J., Rosen, B.A., Wei, J.-Z., Zhu, G., Xie, W., McDonald,
M.J., Cerf, D.C., Diehn, S.H., Crane, V.C., Sandahl, G.A., Zhao, J.-Z.,
Nowatzki, T.M., Sethi, A., Liu, L., Pan, Z., Wang, Y., Lu, A.L., Wu, G. and
Liu, L. (2016). A selective insecticidal protein from *Pseudomonas* for
controlling corn rootworms. Science. 354: 634-637.
- 35 Sears, M.K., Stanley-Horn, D.E. and Matilla, H.R. (2000). Preliminary report on
the ecological impact of Bt corn pollen on the Monarch butterfly in Ontario.
(<http://cera-gmc.org/files/cera/GmCropDatabase/docs/articles/searsreport.pdf>).
Accessed on April 23rd, 2015.
- 40 Shirai, Y. and Takahashi, M. (2005). Effects of transgenic Bt corn pollen on a non-
target lycaenid butterfly, *Pseudozizeeria maha*. Applied Entomology and
Zoology. 40 (1): 151-159.

- Tao, Y., Bidney, D., Gordon-Kamm, W. and Lyznik, L. (2007). Modified FRT recombination sites and methods of use. World Intellectual Property Organization. Application No.PCT/US2006/027380.
- 5 Timmons, L. and Fire, A. (1998). Specific interference by ingested dsRNA. *Nature*. 395: 854.
- Tomizawa, J.-I., Ohmori, H. and Bird, R.E. (1977). Origin of replication of colicin E1 plasmid DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 74: 1865-10 1869.
- Wasson-Blader, T. (2001). Living Colors™ DsRed2: Improved red fluorescent protein for use in living cells. *Clontechniques*. 16: 2-3.
- 15 Wohlleben, W., Arnold, W., Broer, I., Hillemann, D., Strauch, E. and Puhler, A. (1988). Nucleotide sequence of the phosphinothricin N-acetyltransferase gene from *Streptomyces viridochromogenes* Tu494 and its expression in *Nicotiana tabacum*. *Gene*. 70(1): 25-37.
- 20 Wych, R.D. (1988). Production of hybrid seed corn. In G.F. Sprague and J.W. Dudley (eds.), *Corn and Corn Improvement* (3rd ed.). Madison, Wisconsin: American Society of Agronomy, Inc.: 565-607.
- 25 Yanagihashi, Y., Usui, T., Izumi, Y., Yonemura, S., Sumida, M., Tsukita, S., Uemura, T. and Furuse, M. (2012). Snakeskin, a membrane protein associated with smooth septate junctions, is required for intestinal barrier function in *Drosophila*. *Journal of Cell Science*. 125:1980-1990.
- 30 Zastrow-Hayes, G.M., Lin, H., Sigmund, A.L., Hoffman, J.L., Alarcon, C.M., Hayes, K.R., Richmond, T.A., Jeddeloh, J.A., May, G.D. and Beatty, M.K. (2015). Southern-by-Sequencing: A robust screening approach for molecular characterization of genetically modified crops. *The Plant Genome*. 8: 1-15.
- 35 Zhuang, J., Wang, J.-H., Zhang, X. and Liu, Z.-X. (2011). Molecular characterization of banana streak virus isolate from *Musa Acuminata* in China. *Virologica Sinica*. 26(6): 393-402.
- 柿本陽一, 山田実. (2001). “トウモロコシの起源と特性”. 転作全書 第三巻 雑穀. 農山漁村文化協会. 東京.
- 40 菊池一徳. (1987). “トウモロコシの生産と利用”. 光琳. 東京.
- 後藤 秀俊, 黒川 俊二, 笠井 美恵子, 福田 美雪, 高橋 靖幸, 井上 公一, 中井 秀一,

山根 精一郎, 津田 麻衣, 大澤 良. (2018). 遺伝子組換え作物の生物多様性影響の競合における優位性に関する考察. 育種学研究. 20(2):105-114.

財務省. (2018). 財務省貿易統計.

5 (<http://www.customs.go.jp/toukei/info/index.htm>).
Accessed on October 23th, 2018.

食品安全委員会. (2013). 農薬評価書 グルホシネート (第3版).

10 (<https://www.fsc.go.jp/fsciis/attachedFile/download?retrievalId=kya20130612154&fileId=201>).
Accessed on April 27th, 2020.

瀧澤康孝. (2001). “子実用トウモロコシの栽培”. 転作全書 第三巻 雑穀. 農山漁村文化協会. 東京.

15 千藤茂行. (2001). “トウモロコシの品種生態. IV 採取”. 転作全書 第三巻 雑穀. 農山漁村文化協会. 東京.

20 戸澤英男. (2005). トウモロコシ—歴史・文化、特性・栽培、加工・利用—. 農山漁村文化協会. 東京.

中村茂文. (2001). “生育のステージと生理, 生態”. 転作全書 第三巻 雑穀. 農山漁村文化協会. 東京.

25 西尾剛. (2002). 新農学実験マニュアル 改訂第3版. 株式会社ソフトサイエンス社.

日本食品化学研究振興財団. (2020). 農薬等の基準値 品目名: グルホシネート.
(http://db.ffcr.or.jp/front/pesticide_detail?id=18900).
Accessed on April 27th, 2020.

30 農林水産省. (2014). 飼料用トウモロコシの流通・加工実態調査結果報告書 平成26年3月26日公表.
(<http://www.maff.go.jp/j/press/syouan/nouan/pdf/140326-01.pdf>).
Accessed on April 23rd, 2015.

35 農林水産省. (2017). 「平成27年度トウモロコシ生育等実態調査」の結果について 平成29年3月22日公表.
(<http://www.maff.go.jp/j/press/syouan/nouan/170322.html>).
Accessed on March 22nd, 2017.

40 農林水産省. (2018a). 平成29年産作物統計 (普通作物・飼料作物・工芸農作物) 平成30年7月26日公表.
(<https://www.e-stat.go.jp/stat-search/files?page=1&layout=datalist&toukei>

=00500215&tstat=000001013427&cycle=7&year=20170&month=0&tclass1=000001032288&tclass2=000001032753&tclass3=000001112815).

Accessed on October 23th, 2018.

- 5 農林水産省. (2018b). 平成 29 年産野菜生産出荷統計 平成 30 年 11 月 12 日公表.
(<https://www.e-stat.go.jp/stat-search/files?page=1&layout=datalist&toukei=00500215&tstat=000001013427&cycle=7&year=20170&month=0&tclass1=000001032286&tclass2=000001032933&tclass3=000001121095>)
Accessed on November 21st, 2018.

10

- 農林水産省. (2018c). 飼料をめぐる情勢 平成 30 年 11 月公表.
(http://www.maff.go.jp/j/chikusan/sinko/lin/l_siryo/index.html)
Accessed on November 21st, 2018.

- 15 山田実. (2001). “トウモロコシの起源と特性”. 転作全書 第三巻 雑穀. 農山漁村文化協会. 東京.

- 山本勝利, 大黒俊哉, 松村雄. (2003). “III. 農業環境技術研究所における Bt トウモロコシ緊急調査 5. わが国における鱗翅目のレッドリスト掲載種への Bt トウモロコシ花粉の影響評価”. 遺伝子組換え作物の生態系への影響評価. 独立行政法人農業環境技術研究所. 茨城.
- 20

緊急措置計画書

令和 2 年 11 月 25 日

5 氏名 デュポン・プロダクション・アグリサイエンス株式会社
代表取締役社長 藤井 茂樹
住所 東京都千代田区永田町二丁目 11 番 1 号

10 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 (*DvSSJ1*,
ipd072Aa, *pat*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (DP23211, OECD UI: DP-Ø23211-
2) (以下、「本組換えトウモロコシ」という。) の第一種使用等において、今後、生物多
様性影響が生ずるおそれがあると科学的に認められた場合、当該影響を効果的に防止
するため、以下の措置をとることとする。

15

1 第一種使用等における緊急措置を講ずるための実施体制及び責任者

弊社は緊急措置に適切に対応するための社内委員会を速やかに設置する。社内委員
会の構成メンバーを以下の表にまとめた。

20

(個人名・所属は個人情報につき非開示)

25 2 第一種使用等の状況の把握の方法

弊社は、本組換えトウモロコシの開発者である米国パイオニア・ハイブレッッド・イ
ンターナショナル社と連絡を取り、第一種使用等の状況について情報収集を行う。

30 3 第一種使用等をしている者に緊急措置を講ずる必要があること及び緊急措置の内容 を周知するための方法

35 米国パイオニア・ハイブレッッド・インターナショナル社は、米国における本組換え
トウモロコシ種子の購入者及び穀物取扱い業者、トウモロコシの栽培者が加入する団
体に対して、広く情報を提供するための連絡体制を保有している。したがって、今後、
本組換えトウモロコシが我が国の生物多様性に影響を与えるおそれがあると科学的
に認められた場合、米国パイオニア・ハイブレッッド・インターナショナル社は、本連
絡体制により、関係各者と連絡を取る。

40 また必要に応じて、弊社のホームページ等、国内の適切な媒体を通して、一般に広
く知らせる。

4 遺伝子組換え生物等を不活化し又は拡散防止措置をとり、その使用等を継続する ための具体的な措置の内容

本組換えトウモロコシが我が国の生物多様性に影響を与えるおそれがあると科学的に認められた場合、弊社は、米国パイオニア・ハイブレッド・インターナショナル社とともに、我が国向けに輸出している穀物取扱い業者、種子取扱い業者及び我が国の栽培者等に対して本件を連絡する等の適切な措置を講ずる。

5

5 農林水産大臣及び環境大臣への連絡体制

本組換えトウモロコシが我が国の生物多様性に影響を与えるおそれがあると科学的に認められた場合、弊社は、速やかに農林水産省消費・安全局農産安全管理課及び環境省自然環境局野生生物課に連絡するとともに、緊急措置対応のための体制及び連絡窓口を報告する。

10

15

添付資料

1. Description and Sequence of the T-DNA Region from Plasmid PHP74643 (社外秘) .
2. DvSSJ1 LC₅₀ and Spectrum Analysis (社外秘) .
3. Environmental Risk Assessment for the Cultivation of Maize Containing Event DP-Ø23211-2: U.S. (社外秘) .
4. IPD072Aa Protein Binding Sites (社外秘) .
5. Comparison of the Amino Acid Sequence of the IPD072Aa Protein to the Amino Acid Sequence of Known and Putative Protein Allergens (社外秘) ..
6. Comparison of the Amino Acid Sequence of the PAT Protein to the Amino Acid Sequence of Known and Putative Protein Allergens (社外秘) .
7. Phosphomannose Isomerase Assessment - Assessment of Amino Acid Sequence Similarity to Known or Putative Allergen (社外秘) .
8. Description of Transformation Method and Familiarity of PAT and PMI Proteins for Maize Event DP-Ø23211-2 (社外秘) .
9. Backbone DNA Analysis of DP23211 Maize by PCR (社外秘) .
10. Segregation Analysis of Multiple Maize Generations Containing Event DP-Ø23211-2 (社外秘) .
11. Southern-by-Sequencing Analysis of the T1 Generation of DP-Ø23211-2 Maize (社外秘) .
12. Sequence Characterization of Insert and Flanking Genomic Regions of DP-Ø23211-2 Maize (社外秘) .
13. Characterization of DP-Ø23211-2 Maize for Insertion Stability in Five Generations Using Southern Blot Analysis (社外秘) .
14. DvSSJ1 RNA Expression in Separate Generations (BC1F1 AND BC2F1) of DP23211 Maize (社外秘) .
15. DvSSJ1 double-stranded RNA Concentration of a Maize Line Containing Event DP-Ø23211-2 U.S. and Canada Test Sites (社外秘) .
16. Protein Expression in Separate Generations (BC1F1 AND BC2F1) of

DP23211 Maize (社外秘) .

17 Expressed Trait Protein Concentrations of a Maize Line Containing Event
DP-Ø23211-2 (社外秘) .

5

18 Development and Validation of an Event-Specific Quantitative Real-Time
PCR (qPCR) Detection Method for Maize Event DP-Ø23211-2 (社外秘) .

10

19 Field-Based Corn Rootworm Efficacy of Maize Containing Event DP-
Ø23211-2 from the 2018 Growing Season (社外秘) .

20 隔離ほ場試験報告書.