

農作物分科会における検討の結果

名称：半矮性、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耐性及びチ
ョウ目害虫抵抗性トウモロコシ

5 (改変 *cp4 epsps*, *GA20ox_SUP*, *cry1A.105*, 改変 *cry2Ab2*, 改変 *vip3A*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis)

(MON87427×MON94804×MON89034×MIR162×NK603, OECD UI: MON-87427-7×
MON-94804-4×MON-89034-3×SYN-IR162-4×MON00603-6)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
10 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：バイエルクロップサイエンス株式会社

15 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、申請に係
る第一種使用規程に従って半矮性、除草剤グリホサート誘発性雄性不稔、除草剤グリ
ホサート耐性及びチョ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。

20 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
25 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。

30 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、

35 ① 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)

② ジベレリン (GA) 20 酸化酵素 3 及び同 5 をコードするトウモロコシ内在性の
40 *ZmGA20ox3* 遺伝子及び *ZmGA20ox5* 遺伝子の部分配列に対応した逆方向反復配列
をもつ転写産物 (GA20ox_SUP RNA) を発現する *GA20ox_SUP* 抑制カセットが導入
された半矮性トウモロコシ (MON94804)

③ 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)

④ 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)

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
5 グリホサート耐性トウモロコシ (NK603)

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。

本スタック系統では、MON87427 及び NK603 由来の除草剤耐性蛋白質である改変 CP4
10 EPSPS 蛋白質が発現していることから、その発現量が親系統より高まる可能性がある。
しかし、改変 CP4 EPSPS 蛋白質が触媒する反応は、芳香族アミノ酸を生合成するための
シキミ酸経路における律速段階ではないため、その発現量が親系統より高まったと
しても、親系統由来の性質が変化することはないと考えられる。

また、本スタック系統で発現する除草剤耐性蛋白質 (改変 CP4 EPSPS 蛋白質) 及び選
15 抜マーカー蛋白質 (PMI 蛋白質) は、いずれも酵素活性を有するが、基質特異性が高い
上に、各蛋白質の基質は異なり、関与する代謝経路も互いに独立していることから、
両蛋白質が相互に作用して宿主の代謝系を変化させ、予期しない代謝物を生じさせる
ことはないと考えられる。

さらに、本スタック系統で発現するチョウ目害虫抵抗性蛋白質 (Cry1A. 105 蛋白質、
改変 Cry2Ab2 蛋白質及び改変 Vip3A 蛋白質) は、標的昆虫に対して特異的に作用し、
20 独立して殺虫効果を示すと考えられる上に、それぞれの殺虫効果の特異性に関与する
領域の構造に変化が生じているとは考え難いことから、各殺虫性蛋白質の殺虫スペク
トラムに変化はないと考えられる。加えて、これらの殺虫性蛋白質が酵素活性をもつ
との報告はないことから、相互に作用して宿主の代謝系を変化させ、予期しない代謝
物を生じさせることはないと考えられる。

また、本スタック系統で発現する転写産物 GA20ox_SUP RNA からは、GA20ox_SUP の
25 成熟 miRNA が産生され、GA 生合成経路の標的遺伝子であるトウモロコシ内在性の
ZmGA20ox3 遺伝子及び *ZmGA20ox5* 遺伝子の発現を抑制するが、GA20ox_SUP の成熟 miRNA
が標的遺伝子の発現を特異的に抑制するよう設計されている上、標的遺伝子の転写産
物を除くトウモロコシ内在性転写配列との間に相同性が認められていないことから、
30 宿主の GA 生合成経路以外の代謝系を変化させ、予期しない代謝物を生じさせるこ
とはないと考えられる。さらに、GA20ox_SUP RNA には蛋白質のコーディング領域が存在
しないことを確認しているため、GA20ox_SUP RNA から新たな蛋白質が翻訳される可
能性はないと考えられる。

加えて、本スタック系統で発現する除草剤耐性蛋白質、選抜マーカー蛋白質、害虫
35 抵抗性蛋白質及び転写産物のそれぞれが有する機能は異なり作用機序も独立してい
ることから、相互に作用して宿主の代謝系を変化させ、予期しない代謝物を生じさせ
ることや、互いの作用に影響を及ぼし合う可能性は低いと考えられる。

以上のことから、本スタック系統及びその分離系統に包含される組合せ (既に第一
40 種使用規程の承認を受けたものを除く。) において、各親系統由来の蛋白質により親
系統の範囲を超えた新たな特性が付与されることは考え難く、親系統が有する形質を
併せ持つこと以外に評価すべき形質の変化はないと考えられる。

5 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¹⁾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
あると判断されている。

- 10 (1) 競合における優位性
 (2) 有害物質の産生性
 (3) 交雑性

1) 各親系統の検討の結果は以下より閲覧可能

● MON87427

https://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1612&ref_no=2

● MON94804

15 [https://www.affrc.maff.go.jp/docs/committee/diversity/attach/pdf/241018-
26.pdf](https://www.affrc.maff.go.jp/docs/committee/diversity/attach/pdf/241018-26.pdf)

● MON89034

https://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1002&ref_no=2

● MIR162

20 https://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1493&ref_no=2

● NK603

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=88&ref_no=2

2 農作物分科会の結論

25 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。