

農作物分科会における検討の結果

名称：除草剤グルホシネット、ジカンバ、アリルオキシアルカノエート系及びトリケ
トン系耐性ダイズ

5 (pat, 改変 *dmo*, *ft_t.1*, *tdo*, *Glycine max* (L.) Merr.)
(MON94313, OECD UI: MON-94313-8)

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

10

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。

15

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、2段階の調製を経て目的の遺伝子が導入されている。第1段階として、大腸菌 (*Escherichia coli*) 由来のプラスミドpBR322等をもとに構築されたPV-GMHT529103のT-DNA I領域及びT-DNA II領域をアグロバクテリウム法により導入した形質転換体が作出されている。第2段階として、形質転換体の再分化個体を自殖して得られた世代において、T-DNA II領域をもたずT-DNA I領域をホモで有する個体が選抜されている。

20

本組換えダイズは、*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、*Stenotrophomonas maltophilia*由来の改変ジカンバモノオキシゲナーゼ (改変DMO蛋白質) をコードする改変 *dmo* 遺伝子、*Sphingobium herbicidovorans*由来のFOPs及び2,4-Dジオキシゲナーゼ (FT_T.1蛋白質) をコードする *ft_t.1* 遺伝子及びイネ (*Oryza sativa*) 由来のトリケトンジオキシゲナーゼ (TDO蛋白質) をコードする *tdo* 遺伝子の発現カセットを含むT-DNA I領域が、染色体上に1コピー組み込まれ、複数世代にわたり安定して伝達していることが、遺伝子の分離様式、次世代シーケンシング並びに導入遺伝子領域のPCR及び塩基配列解析により確認されている。また、目的の蛋白質が複数世代にわたり安定して発現していることが、ウエスタンブロッティングにより確認されている。

25

30

35

(1) 競合における優位性

栽培作物であるダイズは、雑草としての特性は有しておらず、我が国において長い栽培経験があるが、これまでに我が国の自然条件下で雑草化したとの報告はなされていない。

40

本組換えダイズは、PAT蛋白質、改変DMO蛋白質、FT_T.1蛋白質及びTDO蛋白質の発現により、除草剤グルホシネット耐性、除草剤ジカンバ耐性、アリルオキシアルカノエート系除草剤耐性及びトリケトン系除草剤耐性が付与されているが、これらの除草

剤が散布されることが想定されにくい自然条件下において、本形質が競合における優位性を高めるとは考え難い。

競合における優位性に関わる諸形質に関わる評価項目を米国において調査した結果、百粒重、種子の発芽率及び死亡種子率を除くいずれの項目においても、本組換えダイズと対照の非組換えダイズとの間に統計学的有意差や違いは認められなかった。統計学的有意差が認められた百粒重、種子の発芽率及び死亡種子率についても、本組換えダイズの平均値は、いずれも同時に栽培した従来商業品種の平均値の範囲内であったことから、これらの試験で認められた統計学的有意差は、非組換えダイズの品種間変動の範囲内であり、本組換えダイズの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。

したがって、競合における優位性に起因する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、本組換えダイズは、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の申請者による結論は妥当であると判断した。

15 (2) 有害物質の產生性

これまでに、ダイズが自然条件下で野生動植物等の生育又は生息に影響を及ぼす有害物質を產生するという報告はされていない。

本組換えダイズ中で発現する PAT 蛋白質、改変 DMO 蛋白質、FT_T.1 蛋白質及び TDO 蛋白質は、いずれも有害物質としては知られておらず、既知アレルゲンと構造的に類似性のある配列を有しないことが確認されている。また、これらの蛋白質の基質特異性は非常に高く、構造的に類似する植物内在性化合物を基質とすることがないため、これらの蛋白質が宿主の代謝系に作用して有害物質を產生するとは考えにくい。加えて、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、これら蛋白質が、植物体において相互に影響し、予期しない有害物質を產生することも考えにくい。実際に、本組換えダイズにおける有害物質の產生性を評価するため、土壤微生物相試験、鋤込み試験及び後作試験を行った結果、いずれの調査項目においても本組換えダイズと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。

したがって、有害物質の產生性に起因する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、本組換えダイズは、有害物質の產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。

35 (3) 交雑性

ダイズとその近縁野生種であるツルマメは交雑可能であることから、交雑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ツルマメが特定された。

また、具体的な影響として、本組換えダイズとツルマメが交雑することにより、本組換えダイズ由来の *pat* 遺伝子、改変 *dmo* 遺伝子、*ft_t.1* 遺伝子及び *tdo* 遺伝子がツルマメの集団中に浸透した後に、その集団の競合における優位性が高まることが考えられた。

交雑性に起因する影響の生じやすさを検討したところ、我が国の自然条件下においてダイズとツルマメが交雑する頻度は極めて低いと考えられること、付与された除草剤耐性形質が、生殖に関わる特性を変化させることは想定しづらく、本組換えダイズの交雑性が従来ダイズと比較して高まっていることは考え難いこと、さらには米国のは場での調査結果から、本組換えダイズの交雑率と対照の非組換えダイズの交雑率との間に統計学的有意差は認められず、本組換えダイズの交雑性は従来の非組換えダイズと比較して高まっていたことから、本組換えダイズとツルマメが交雑する可能性は、従来のダイズと同じく極めて低いと考えられた。また、仮に本組換えダイズとツルマメが交雑した場合も、国内外で行われた調査研究結果から、その雑種が我が国の自然条件に適応していく可能性は極めて低く、加えて、本組換えダイズに由来する除草剤耐性形質のみにより雑種の競合性がツルマメより高まるとはないと考えられた。

以上のことから、本組換えダイズは、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。

2 農作物分科会の結論

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影響を生ずるおそれ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。