

【正誤表】塩基配列情報の更新による生物多様性影響評価書における変更箇所（下線赤字部分）

平成28年5月26日

変更する項目	変更前	変更後
第一.2.(4). 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	GA21においては、サザンブロット分析によって導入遺伝子が染色体上の1カ所に存在し、移入された除草剤耐性遺伝子カセット (Act promoter + intron/OTP/ <i>mEPSPS</i> /NOS)断片に由来する <u>6</u> つの連続的領域からなること、また、これらが複数世代において安定して伝達されることが確認されている。	GA21 においては、サザンブロット分析によって導入遺伝子が染色体上の 1 カ所に存在し、移入された除草剤耐性遺伝子カセット (Act promoter + intron/OTP/ <i>mEPSPS</i> /NOS)断片に由来する <u>5</u> つの連続的領域からなること、また、これらが複数世代において安定して伝達されることが確認されている。

チョウ目害虫抵抗性並びに除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性トウモロコシ
 (改変 *cry1Ab*, 改変 *vip3A*, *pat*, *mEPSPS*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis)
 (Bt11×MIR162×GA21, OECD UI : SYN-BTØ11-1×SYN-IR162-4×
 MON-ØØØ21-9) (Bt11, MIR162 及び GA21 それぞれへの導入遺伝子の組合せを有す
 るものであって当該トウモロコシから分離した後代系統のもの(既に第一種使用規程の承
 認を受けたものを除く。)を含む。) 申請書等の概要

第一種使用規程承認申請書	1
生物多様性影響評価書.....	2
第1 生物多様性影響の評価に当たり収集した情報	2
1. 宿主又は宿主の属する分類学上の種に関する情報.....	2
(1) 分類学上の位置付け及び自然環境における分布状況.....	2
① 和名、英名及び学名	2
② 宿主の品種名又は系統名	2
③ 国内及び国外の自然環境における自生地域.....	3
(2) 使用等の歴史及び現状	3
① 国内及び国外における第一種使用等の歴史	3
② 主たる栽培地域、栽培方法、流通実態及び用途.....	4
(3) 生理学的及び生態学的特性.....	4
イ、基本的特性.....	5
ロ、生息又は生育可能な環境の条件	5
ハ、捕食性又は寄生性.....	5
ニ、繁殖又は増殖の様式.....	5
① 種子の脱粒性、散布様式、休眠性及び寿命.....	5
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.....	5
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.....	6
④ 花粉の生産量、稔性、形状、媒介方法、飛散距離及び寿命	6
ホ、病原性.....	7
ヘ、有害物質の産生性.....	7
ト、その他の情報.....	7
2. 遺伝子組換え生物等の調製等に関する情報	7

(1) 供与核酸に関する情報	7
イ、構成及び構成要素の由来.....	7
ロ、構成要素の機能	11
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.....	11
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(食品としてのアレルギー性を除く。)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	11
③ 宿主の持つ代謝系を変化させる場合はその内容.....	13
(2) ベクターに関する情報	14
イ、名称及び由来.....	14
ロ、特性.....	14
① ベクターの塩基数及び塩基配列.....	14
② 特定の機能を有する塩基配列がある場合は、その機能.....	14
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.....	15
(3) 遺伝子組換え生物等の調製方法.....	15
イ、宿主内に移入された核酸全体の構成.....	15
ロ、宿主内に移入された核酸の移入方法.....	15
ハ、遺伝子組換え生物等の育成の経過	16
① 核酸が移入された細胞の選抜の方法.....	16
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.....	16
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.....	16
(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	17
① 移入された核酸の複製物が存在する場所	17
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	17
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.....	17
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	17
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	18
(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.....	18
(6) 宿主又は宿主の属する分類学上の種との相違.....	18
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	18
② 以下に掲げる生理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.....	25
a 形態及び生育の特性.....	25
b 生育初期における低温又は高温耐性.....	26
c 成体の越冬性又は越夏性.....	27
d 花粉の稔性及びサイズ	27
e 種子の生産量、脱粒性、休眠性及び発芽率.....	27
f 交雑率.....	28
g 有害物質の産生性.....	28
3. 遺伝子組換え生物等の使用等に関する情報	28
(1) 使用等の内容.....	28
(2) 使用等の方法.....	28
(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.....	28
(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.....	28
(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.....	28
(6) 国外における使用等に関する情報	29
第2 項目ごとの生物多様性影響の評価	30
1. 競合における優位性.....	30
(1) 影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定	30
(2) 影響の具体的内容の評価.....	31
(3) 影響の生じやすさの評価.....	31
(4) 生物多様性影響が生ずるおそれの有無等の判断	31
2. 有害物質の産生性	32
(1) 影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定	32
(2) 影響の具体的内容の評価.....	33
(3) 影響の生じやすさの評価.....	34

(4) 生物多様性影響が生ずるおそれの有無等の判断	35
3. 交雑性.....	35
(1) 影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定	35
(2) 影響の具体的内容の評価.....	36
(3) 影響の生じやすさの評価.....	36
(4) 生物多様性影響が生ずるおそれの有無等の判断	36
4. その他の性質.....	36
第3 生物多様性影響の総合的評価.....	37
引用文献	39
緊急措置計画書.....	40

第一種使用規程承認申請書

平成 21 年 9 月 29 日

5 農林水産大臣 赤松 広隆 殿
環境大臣 小沢 鋭仁 殿

氏名 シンジェンタシード株式会社

申請者 代表取締役社長 大伴 秀郎

10 住所 千葉県香取郡多古町高津原向ノ台 401-2

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

15 申請します。

<p>遺伝子組換え生物等の種類の名称</p>	<p>チョウ目害虫抵抗性並びに除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性トウモロコシ (改変 <i>cry1Ab</i>, 改変 <i>vip3A</i>, <i>pat</i>, <i>mEPSPS</i>, <i>Zea mays</i> subsp. <i>mays</i> (L.) Iltis) (Bt11 × MIR162 × GA21, OECD UI : SYN-BTØ11-1 × SYN-IR162-4 × MON-ØØØ21-9) (Bt11, MIR162 及び GA21 それぞれへの導入遺伝子の組合せを有するものであって当該トウモロコシから分離した後代系統のもの(既に第一種使用規程の承認を受けたものを除く。)を含む。)</p>
<p>遺伝子組換え生物等の第一種使用等の内容</p>	<p>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</p>
<p>遺伝子組換え生物等の第一種使用等の方法</p>	<p>—</p>

生物多様性影響評価書

第1 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：maize、corn

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

15 ② 宿主の品種名又は系統名

20 チョウ目害虫抵抗性並びに除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性トウモロコシ(改変 *cry1Ab*, 改変 *vip3A*, *pat*, *mEPSPS*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (Bt11×MIR162×GA21, OECD UI : SYN-BT011-1×SYN-IR162-4×MON-00021-9) (以下「本スタック系統トウモロコシ」という。)は、以下の3つのトウモロコシを、従来の交雑育種法により掛け合わせることで作出された。

チョ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

25 (改変 *cry1Ab*, *pat*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (Bt11, OECD UI : SYN-BT011-1) (以下「Bt11」という。)

チョウ目害虫抵抗性トウモロコシ

(改変 *vip3A*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (MIR162, OECD UI: SYN-IR162-4) (以下「MIR162」という。)

除草剤グリホサート耐性トウモロコシ

30 (*mEPSPS*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (GA21, OECD UI : MON-00021-9) (以下「GA21」という。)

35 親系統である Bt11、MIR162 及び GA21 の宿主はイネ科(*Gramineae*)トウモロコシ属(*Zea*)に属するトウモロコシ(*Z. mays*)のデント種である。それぞれの作出には以下の系統が使用された。

Bt11 : E89 系統

MIR162 : NP2499/NP2500 系統

GA21 : AT 系統(文献 1)

5

③ 国内及び国外の自然環境における自生地域

トウモロコシの栽培起源種は現存せず(文献 2)、国内及び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。

10

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テオシント(*Zea* 属)とトリプサカム(*Tripsacum* 属)の存在が知られている(文献 3)。テオシントとトリプサカムはメキシコとグアテマラを中心に、米国南部から南米にかけて自生しているが(文献 3、文献 4)、我が国においてこれらの近縁種が自生しているという報告はない。

15

(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

20

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、メキシコ及び中米の複数地域説、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(文献 3)。考古学的検証に基づく、最初にトウモロコシが出現したのは紀元前 6800~5000 年頃であり、紀元前 5000~3000 年頃には本格的な栽培が始まったと考えられている(文献 4)。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、フリントのような多数の変異種が生じたと考えられる(文献 4)。1492 年のアメリカ大陸発見後、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(文献 5)。

25

30

我が国へは天正年間(1573~1591 年)にポルトガル人によって長崎へ伝えられたフリント種が最初とされ、主に関東以南の山間地で栽培が行われていた(文献 5)。また、明治時代になって北海道へ米国からデント種とフリント種が新たに導入され、全国的に栽培が普及した(文献 5)。

35

② 主たる栽培地域、栽培方法、流通実態及び用途

トウモロコシの栽培地域はおよそ北緯 58 度から南緯 40 度に至る範囲で、主な栽培国は、米国、中国、ブラジル、メキシコ、インド、南アフリカ、ルーマニア等である。国際連合食糧農業機関(FAO)の統計によると、2007 年におけるトウモロコシの世界総栽培面積は 1 億 5,787 万ヘクタールで、その上位 3 カ国は米国(3,502 万ヘクタール)、中国(2,807 万ヘクタール)及びブラジル(1,382 万ヘクタール)であった(文献 6)。また、同年の世界総生産量は 7 億 8,479 万トンで、その上位 3 カ国は栽培面積と同じく、米国(3 億 3,203 万トン)、中国(1 億 5,197 万トン)及びブラジル(5,159 万トン)であった(文献 6)。米国を始めとする主要栽培国では、大型機械を利用した大規模栽培が行われている。

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。2007 年における米国でのトウモロコシの利用用途の内訳は、45.9%が飼料、24.7%がエタノール製造、18.9%が輸出で、残りはコーンシロップ等の食品製造であった(文献 7)。

一方、我が国における 2007 年度のトウモロコシの栽培面積は、青刈りのサイレージ用トウモロコシ(デント種)が 8 万 6,100 ヘクタール、生食用の未成熟トウモロコシ(スイート種)が 2 万 5,600 ヘクタールであった(文献 8)。栽培面積における上位 3 都道府県は、青刈りのサイレージ用トウモロコシでは、北海道(3 万 8,300 ヘクタール)、宮崎県(6,790 ヘクタール)及び岩手県(5,210 ヘクタール)、生食用の未成熟トウモロコシでは、北海道(9,070 ヘクタール)、千葉県(1,900 ヘクタール)及び長野県(1,510 ヘクタール)であった。

財務省貿易統計によると、我が国は 2007 年に約 1,663 万トンのトウモロコシ子実を輸入している(文献 9)。輸入トウモロコシ子実のうちの約 1,185 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。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(文献 10)。

(3) 生理学的及び生態学的特性

イ、基本的特性

—

5 ロ、生息又は生育可能な環境の条件

トウモロコシは長い年月の間に栽培作物として馴化された結果、自然環境における生存能力を失った作物である(文献 3)。栽培に適しているのは、夏の平均気温が 21~27℃で無霜期間が 120~180 日の地域であり、夏の平均気温が 19℃以下で平均夜温が 13℃以下になる地域では栽培されない(文献 2)。雨量については、年間降雨量が 250~5,000 mm の地域で、無灌漑栽培では夏季に 150 mm の降雨量が確保できる地域とされる(文献 2)。なお、トウモロコシの種子の発芽適温は 33℃程度、発芽の最低温度は 10~11℃であり、実際の栽培では 13~14℃以上で播種が行われる(文献 2)。

15

ハ、捕食性又は寄生性

—

20 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

トウモロコシの種子は雌穂に着生するが、雌穂は苞皮で覆われているため、自然に脱粒することはなく、ヒトの介在なしに種子が自然条件下で広範囲に拡散することはない(文献 3)。種子の休眠性は極めて低い。また、収穫時に種子が地上に落下しても土壌温度が 10℃に達するまで発芽しないため、多くの場合、発芽する前に腐敗し枯死する(文献 2)。

30 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

トウモロコシは種子繁殖する夏作一年生植物であり、種子以外に自然条件において植物体を再生しうる組織又は器官を持たない(文献 3)。

35

- 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

5 トウモロコシは他殖率 95%程度であるが、自家和合性のため自家受粉も行う(文献 11)。トウモロコシは近縁野生種であるテオシント及びトリプサカムと交雑可能であり、テオシントとは自然交雑が報告されているが、トリプサカムとの交雑は極めて困難で自然交雑は報告されていない(文献 4)。なお、我が国にはトウモロコシと交雑可能なこれら野生種が自生しているという報告はない。また、アポミクシスについての報告はない。

10

- ④ 花粉の生産量、稔性、形状、媒介方法、飛散距離及び寿命

15 トウモロコシは雌雄異花序で、稈の頂部に雄穂を 1 本、中央側部に雌穂を 1~3 本着生する。雄穂には 1,200~2,000 個の小穂があり、1,600 万~3,000 万個の花粉粒を形成する(文献 11)。

20 トウモロコシの花粉の稔性は花粉の充実度により観察され、花粉の形状は楕円~円形で直径は 90~120 μm 程度である(文献 2)。受粉は風媒によって行われ、ほとんどの場合は他家受粉であるが、自家不和合性はないので自殖もわずかに生じる(文献 2)。

25 一般に、雄穂の開花は出穂のおよそ 3 日後に始まり、開花期間は盛夏で 8~9 日である(文献 2)。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、抽出期間は 5~6 日である(文献 2)。

25

30 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、イヌホオズキの葉では 71.1 粒/cm²であった(文献 13)。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(文献 13)。花粉の寿命は環境条件によって大きく異なるが、盛夏のほ場条件下では 24 時間以内である(文献 11)。

ホ、病原性

—

5 ヘ、有害物質の産生性

トウモロコシにおいて、野生動植物等の生育又は生息に影響を及ぼす有害物質の産生性は報告されていない。

10 ト、その他の情報

—

2. 遺伝子組換え生物等の調製等に関する情報

15

本スタック系統トウモロコシは、親系統である3つの組換えトウモロコシに由来するチョウ目害虫抵抗性、除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性を有する。また、本スタック系統トウモロコシは一代雑種品種(F1)として商品化されることから、収穫される種子には遺伝的分離により本スタック系統トウモロコシの親系統それぞれ

20 それぞれの導入遺伝子の組合せからなるスタック系統トウモロコシが含まれる。以下にBt11、MIR162及びGA21の調製等に関する情報の概要等を記載した。なお、GA21に関しては、シンジェンタ社の独自データ及び国際特許公開情報(文献 1)を参照した。

25 (1) 供与核酸に関する情報

イ、構成及び構成要素の由来

Bt11、MIR162 及び GA21 の作出に用いられた供与核酸の構成及び構成要素の由

30 来を表 1～表 3 (7～9 ページ)に示した。

表 1 Bt11の作出に用いられた供与核酸の構成要素の由来及び機能

チョウ目害虫抵抗性遺伝子カセット	
構成要素	由来及び機能
35S promoter	カリフラワーモザイクウイルス CM1841 株由来で、 <i>Dde</i> I- <i>Dde</i> I 断片として得られた。このプロモーターは全組織中で目的遺伝子(改変 <i>cry1Ab</i>)を恒常的に発現させる(文献 14)。
IVS6-ADH1	トウモロコシのアルコールデヒドロゲナーゼ 1S(<i>Adh1-S</i>)遺伝子(文献 15)由来のイントロン。 <i>Adh1-S</i> イントロンは植物における目的遺伝子(改変 <i>cry1Ab</i>)の発現量を高めるために用いられた(文献 16)。
改変 <i>cry1Ab</i>	<i>Bacillus thuringiensis</i> subsp. <i>kurstaki</i> HD-1 株の <i>Cry1Ab</i> 蛋白質をコードする <i>cry1Ab</i> 遺伝子について、 <i>Cry1Ab</i> 蛋白質の有する殺虫活性に関与しない C 末端コード領域を一部欠失させ、また、GC 含量を変更し植物における発現量を高めるように塩基配列を改変した。ただし、 <i>Cry1Ab</i> 蛋白質のコア蛋白質のアミノ酸配列に変更はない。
NOS term	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> のノパリン合成酵素遺伝子の 3'非翻訳領域で、転写ターミネーター及び mRNA のポリアデニル化シグナルを含む(文献 17、文献 18)。この配列により目的遺伝子(改変 <i>cry1Ab</i>)の転写が終結される。
除草剤グルホシネート耐性遺伝子カセット	
構成要素	由来及び機能
35S promoter	カリフラワーモザイクウイルス <i>Cabb-s</i> 株由来で、 <i>Alu</i> I- <i>Dde</i> I 断片として得た。このプロモーターは全組織中で目的遺伝子(<i>pat</i>)を恒常的に発現させる(文献 19)。
IVS2-ADH1	トウモロコシのアルコールデヒドロゲナーゼ 1S(<i>Adh1-S</i>)遺伝子(文献 15)由来のイントロンである。 <i>Adh1-S</i> イントロンは植物中において目的遺伝子(<i>pat</i>)の発現量を高めるために用いられた(文献 16)。
<i>pat</i>	<i>Streptomyces viridochromogenes</i> の <i>PAT</i> 蛋白質をコードする遺伝子である。 <i>PAT</i> 蛋白質は除草剤グルホシネート耐性を植物に付与することから、遺伝子導入の際、組換え体を選抜するためのマーカーとして使用された。 <i>pat</i> 遺伝子は GC 含量を変更し植物における発現量を高めるように塩基配列が改変された。ただし、この改変により発現する <i>PAT</i> 蛋白質のアミノ酸配列は変更されていない(文献 20)。
NOS term	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> のノパリン合成酵素遺伝子の 3'非翻訳領域で転写ターミネーター及び mRNA のポリアデニル化シグナルを含む(文献 17、文献 18)。この配列により目的遺伝子(<i>pat</i>)の転写が終結される。
その他の領域	
構成要素	由来及び機能
ColE1 ori	大腸菌(<i>Escherichia coli</i>)プラスミド pUC18(文献 21、文献 22)由来の複製開始領域で、バクテリア中でプラスミドの複製を開始させる複製起点。
<i>amp^R</i>	大腸菌(<i>Escherichia coli</i>)由来で、機能は β -ラクタマーゼをコードし、抗生物質アンピシリン耐性を付与する(文献 22)。

(本表に記載された情報に係る権利及び内容の責任はシンジェンタシード株式会社に帰属する)

表 2 MIR162 の作出に用いられた供与核酸の構成要素の由来及び機能

構成要素	由 来 及 び 機 能
害虫抵抗性遺伝子カセット	
ZmUbiInt	トウモロコシのポリユビキチン遺伝子由来の第一イントロン領域(1,010bp)を含むプロモーターで目的遺伝子を単子葉植物全組織で恒常的に発現させる(文献 23)。
改変 <i>vip3A</i>	一般に土壌に生息するグラム陽性細菌である <i>Bacillus thuringiensis</i> AB88 株由来の <i>vip3A</i> 遺伝子(文献 24)を、植物における発現に適したコドン(文献 25)に改変した遺伝子。チョウ目昆虫に殺虫活性を示す改変 Vip3A 蛋白質をコードする。改変 Vip3A 蛋白質では、そのアミノ酸配列の 284 番目のアミノ酸がリシンからグルタミンに置換されている。また、MIR162 で発現している改変 Vip3A 蛋白質では、284 番目のアミノ酸置換に加えて、形質転換体作成時の変異により 129 番目のメチオニンがイソロイシンに置換されている。
iPEPC9	トウモロコシのホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ遺伝子由来のイントロン#9 配列。目的遺伝子の発現を高めるために用いた(文献 26)。
35S	カリフラワーモザイクウイルスの 35S RNA 由来のポリアデニル化配列(文献 27)。
選抜マーカー遺伝子カセット	
ZmUbiInt	前述と同じ。
<i>pmi</i>	マンノースリン酸イソメラーゼ(phosphomannose isomerase) (以下「PMI 蛋白質」という。)を産出する大腸菌(<i>Escherichia coli</i>)K-12 株由来の <i>manA</i> 遺伝子で、遺伝子導入された形質転換体の選抜マーカーとして用いられた(文献 28)。
NOS	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> のノパリン合成酵素遺伝子のターミネーター配列(文献 29)。ポリアデニル化により、mRNA の転写を終結させる(文献 30)。
その他の領域(以下「外骨格領域」という。)	
LB	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> 由来のノパリン Ti-プラスミド(文献 29)由来の T-DNA レフトボーダー領域(文献 31)。
<i>spec</i>	大腸菌(<i>Escherichia coli</i>)のトランスポゾン Tn7 のストレプトマイシンアデニル酸転移酵素遺伝子(<i>aadA</i>)(文献 32)。エリスロマイシン、ストレプトマイシン、スペクチノマイシン耐性を付与するため、ベクターの選抜マーカーとして用いた。

Cos	大腸菌(<i>Escherichia coli</i>)へのプラスミドの移入及び大腸菌(<i>Escherichia coli</i>)におけるプラスミドの自己複製に必要なラムダファージの直鎖 DNA の付着末端領域(文献 33)。
ColE1 ori	大腸菌(<i>Escherichia coli</i>)由来のバクテリア中でプラスミドの複製を開始させる複製起点(文献 35)。
RB	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> 由来のノパリン Ti-プラスミド (文献 29)由来の T-DNA ライトボーダー領域(文献 34)。

(本表に記載された情報に係る権利及び内容の責任はシンジェンタシード株式会社に帰属する)

表 3 GA21 の作出に用いられた供与核酸の構成要素の由来及び機能

除草剤耐性遺伝子カセット	
構成要素	由来及び機能
Act promoter + intron	植物体全体で目的遺伝子の転写開始を誘導するイネのアクチン1 遺伝子由来プロモーターで、転写効率を高める働きをもつ第一イントロン領域までを含む(文献 36)。
sssu + mssu (以下「OTP」という。)	ヒマワリのリブローズ-1,5-ビスリン酸カルボキシラーゼオキシゲナーゼ (RuBisCo) 遺伝子の葉緑体輸送ペプチド配列(sssu)と、トウモロコシの RuBisCo 遺伝子の葉緑体輸送ペプチド配列(mssu)からなる optimized transit peptide(OTP)配列で、目的遺伝子である mEPSPS 遺伝子によって発現する mEPSPS 蛋白質を、その作用の場である葉緑体に輸送する働きをもつ(文献 37)。
mEPSPS	トウモロコシの 5-エノール-ピルビルシキミ酸 3-リン酸合成酵素(EPSPS) 遺伝子の突然変異によって得られた遺伝子(文献 38)で、除草剤グリホサートによって活性阻害を受けない 5-エノール-ピルビルシキミ酸 3-リン酸合成酵素(mEPSPS)をコードし、野生型 EPSPS のアミノ酸配列における 102 番目のトレオニンがイソロイシンに、また、106 番目のプロリンがセリンに変わっている(文献 1)。
NOS	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> のノパリン合成酵素遺伝子のポリアデニル化配列で、転写を終結させる働きをもつ(文献 17)。
外骨格領域(GA21 中には含まれない)	
構成要素	由来及び機能
amp	バクテリオファージ M13 由来の lacI の一部配列、プロモーターplac 及び β-ガラクトシダーゼあるいは lacZ 蛋白質をコードする一部配列からなる lac 配列(文献 22)及び大腸菌(<i>Escherichia coli</i>)のプラスミド pBR322 由来のアンピシリン耐性を付与する β-ラクタマーゼ遺伝子(bla)からなり(文献 39)、β-ラクタマーゼを発現することで構築プラスミドを含む大腸菌 (<i>Escherichia coli</i>)を選抜・維持する。

ori-puc	大腸菌(<i>Escherichia coli</i>) のプラスミド pUC19 由来の複製開始領域で、大腸菌(<i>Escherichia coli</i>)においてプラスミドの自律増殖能を付与する(文献 35)。
---------	---

ロ、構成要素の機能

- 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
5 酸の構成要素それぞれの機能

Bt11、MIR162及びGA21の作出に用いられた供与核酸の構成要素の機能を、それぞれ表 1～表 3 (8～9ページ)に示した。

- 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
10 蛋白質がアレルギー性(食品としてのアレルギー性を除く。)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

【害虫抵抗性蛋白質】

- 15 土壌細菌である *Bacillus thuringiensis* から単離された殺虫活性蛋白質は、それぞれ特異的な昆虫種に対して殺虫活性を示す。感受性昆虫種が殺虫活性蛋白質を摂取して消化すると、コア蛋白質となり標的昆虫の腸管上皮細胞の受容体に結合し、イオンバランスを乱して腸管上皮細胞を破壊し、その結果、消化プロセスが阻害されて殺虫活性を示すことが示唆されている(文献 40)。この作用機作は Cry1Ab 蛋白質及び Vip3A 蛋白質と同様である。
20

改変 Cry1Ab 蛋白質：

- 25 改変 Cry1Ab 蛋白質とコア蛋白質のアミノ酸配列が同一の Cry1Ab 蛋白質の殺虫活性については、カナダ政府のデータベース(文献 41)に詳細な調査結果が掲載されており、トウモロコシ栽培における主要害虫であるチョウ目昆虫のヨーロッパアンコンポーラー(ヨーロッパアワノメイガ) (*Ostrinia nubilalis*)、コーンイヤールーム(アメリカタバコガ) (*Helicoverpa zea*)、フォールアーミーワーム(ツマジロクサヨトウ) (*Spodoptera frugiperda*)等に殺虫活性を示す。一方、Cry1Ab 蛋白質はチョウ目以外の昆虫には殺虫活性がないか極めて低い。

30

改変 Vip3A 蛋白質：

5 改変Vip3A蛋白質は米国のトウモロコシ栽培で発生するチョウ目害虫である
フォールアーミーワーム(ツマジロクサヨトウ) (*Spodoptera frugiperda*)、コーン
イヤワーム(アメリカタバコガ) (*Helicoverpa zea*)及びブラックカットワーム
6 (タマナヤガ) (*Agrotis ipsilon*)等に対して高い殺虫活性を示す。なお、Cry1Ab蛋
白質が殺虫活性を示すチョウ目昆虫のヨーロッパアンコーンボーラー(ヨーロッパ
アワノメイガ) (*Ostrinia nubilalis*)や、オオカバマダラ (*Danaus plexippus*)に対
しては殺虫活性を示さない(文献 42)。

10 Leeら(文献 42)は、Vip3A蛋白質とCry1Ab蛋白質が互いに競合せずに中腸上
皮刷子縁膜小胞(brush border membrane vesicles ; BBMV)へ結合することを報
告している。さらに、感受性チョウ目昆虫種であるタバコホーンワーム(タバコ
スズメガ) (*Manduca sexta*)のBBMVにおいて、Cry1Ab蛋白質の受容体として
知られるアミノペプチダーゼ様及びカドヘリン様分子に、Vip3A蛋白質が結合し
15 Cry蛋白質と同様と考えられるものの、Vip3A蛋白質とCry1Ab蛋白質では受容体
が異なることが示されている(文献 42)。

20 なお、改変Vip3A蛋白質は一般に土壤に生息するグラム陽性細菌である
Bacillus thuringiensis AB88株のVip3A蛋白質と比べてそのアミノ酸配列の284
番目のアミノ酸がリシンからグルタミンに置換されている。さらに、MIR162で
発現している改変Vip3A蛋白質では、284番目のアミノ酸置換に加えて、形質転
換体作成時の変異により129番目のメチオニンがイソロイシンに置換されてい
る。

25 【除草剤耐性蛋白質】

PAT 蛋白質：

25 除草剤グルホシネートは植物のグルタミン酸合成酵素を阻害するため、植物は
細胞内のアンモニアの蓄積によって枯死するが、PAT蛋白質が発現した場合には
グルホシネートをアセチル化し、不活性化するためにグルタミン合成酵素の阻害
30 が起こらない。したがって、PAT蛋白質を発現する植物は除草剤グルホシネート
耐性を示すことから、PAT蛋白質はBt11を選抜するためのマーカーとして利用さ
れた。

mEPSPS 蛋白質：

35 除草剤グリホサートは、植物の芳香族アミノ酸合成経路の一部であるシキミ

酸経路の 5-エノール-ピルビルシキミ酸 3-リン酸合成酵素(EPSPS)の活性を阻害し、芳香族アミノ酸合成を止めることで植物を枯死させる非選択性茎葉処理型除草剤である(文献 43)。 *mEPSPS* 遺伝子がコードする mEPSPS 蛋白質は除草剤グリホサートの存在下でも EPSPS 活性を示し、植物内在性 EPSPS に代わって芳香族アミノ酸の合成を可能とすることによって除草剤グリホサート耐性を付与する。

【選抜マーカー】

PMI 蛋白質：

10 *pmi* 遺伝子は PMI 蛋白質(Phosphomannose isomerase)をコードする大腸菌 (*Escherichia coli*)由来の遺伝子であり、PMI 蛋白質はマンノース-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機能を有する。通常、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* 遺伝子を持つ細胞はマンノースを利用して成長することができる。このため、*pmi* 遺伝子
15 を選抜マーカーとして目的遺伝子と一緒に植物細胞に導入し、マンノースを含む培地で培養することにより、*pmi* 遺伝子とともに目的遺伝子を有する形質転換細胞の選抜が可能となる(文献 28)。PMI 蛋白質はトウモロコシには存在しないが、ヒトの消化器官も含めて自然界に広く存在し、植物ではダイズ等において存在が確認されている。

20

なお、改変 Cry1Ab 蛋白質、改変 Vip3A 蛋白質、PAT 蛋白質、mEPSPS 蛋白質及び PMI 蛋白質が既知アレルゲンと相同性を持たないことが、公的に利用可能なデータベース(SWISS-PROT、FARRP 等)を用いた相同性検索によって確認されている。

25

③ 宿主の持つ代謝系を変化させる場合はその内容

改変 Cry1Ab 蛋白質及び改変 Vip3A 蛋白質が酵素活性を持つという報告はない。よって、これらの蛋白質が宿主の代謝系を変化させることはないと考えられる。

30

PAT 蛋白質は L-フォスフィノトリシン(除草剤グルホシネート)及びジメチルフォスフィノトリシンに非常に高い基質特異性を持ち、これ以外に PAT 蛋白質の基質となる他の蛋白質もしくはアミノ酸は報告されていない(文献 44)。よって、PAT 蛋白質が宿主の代謝系を変化させることはないと考えられる。

35

mEPSPS 蛋白質はシキミ酸経路を触媒する酵素の一つであり(文献 45)、ホスホエノールピルビン酸 (PEP) 及びシキミ酸-3-リン酸 (S3P) と特異的に反応することが報告されている(文献 46)。よって、mEPSPS 蛋白質が宿主の代謝系を変化させることはないと考えられる。

5

PMI 蛋白質は、マンノース-6-リン酸とフルクトース-6-リン酸の可逆的な相互変換を触媒する酵素蛋白質である。PMI 蛋白質による反応はマンノース-6-リン酸とフルクトース-6-リン酸に対して特異的であり、他の天然基質は報告されていない(文献 48)。よって、PMI 蛋白質が宿主の代謝系を変化させることはないと考えられる。

10

(2) ベクターに関する情報

イ、名称及び由来

15

Bt11、MIR162及びGA21の作出に用いられたプラスミドは以下のとおりである。

Bt11 : 大腸菌(*Escherichia coli*)由来のpUC18を基に構築されたpZO1502

MIR162 : pSB12(文献 47)を基に構築されたpNOV1300

20

GA21 : 大腸菌(*Escherichia coli*)由来のpUC19を基に構築された pDPG434

ロ、特性

① ベクターの塩基数及び塩基配列

25

Bt11、MIR162及びGA21の作出に用いられたプラスミドの塩基数は以下のとおりであり、これらのプラスミドの構成要素の塩基配列は明らかにされている。

Bt11 : pZO1502、7,240 bp

30

MIR162 : pNOV1300、14,405 bp

GA21 : pDPG434、6,128 bp (文献1)

② 特定の機能を有する塩基配列がある場合は、その機能

Bt11、MIR162及びGA21の作出に用いられたプラスミドに含まれる特定の機能を有する塩基配列は、以下の抗生物質耐性マーカー遺伝子である。なお、いずれの抗生物質耐性マーカー遺伝子も宿主には導入されていない。

- 5 Bt11 : *amp^R*遺伝子、アンピシリン耐性
MIR162 : *spec*遺伝子、ストレプトマイシン・エリスロマイシン・スペクチノマイシン耐性
GA21 : *amp^R*遺伝子、アンピシリン耐性(文献 1)

- 10 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

Bt11及びGA21の作出に用いられたpZO1502及びpDPG434に感染性を示すような配列があるという報告はない。また、MIR162の作出に用いられたpNOV1300には、大腸菌(*Escherichia coli*)へのプラスミドの移入を可能とするラムダファージ由来の付着末端領域であるcosが存在するが、ラムダファージの大腸菌(*Escherichia coli*)以外の宿主は知られていない。

(3) 遺伝子組換え生物等の調製方法

- 20 イ、宿主内に移入された核酸全体の構成

Bt11、MIR162 及び GA21 の宿主内に移入された核酸は以下のとおりである。

- Bt11 : pZO1502 を制限酵素 *NotI* で切断して *amp^R* 遺伝子を削除した部分
25 MIR162 : T-DNA 領域である RB と LB の間の 2 つの遺伝子発現カセット(害虫抵抗性遺伝子発現カセットと選抜マーカー遺伝子カセット)
GA21 : pDPG434 を制限酵素 *NotI* で切断して得られた、除草剤耐性遺伝子カセット(Act promoter+intron/OTP/*mEPSPS*/NOS)のみからなる DNA 断片(文献 1)

30

- ロ、宿主内に移入された核酸の移入方法

核酸の宿主への移入方法は、それぞれ以下のとおりである。

- 35 Bt11 : エレクトロポレーション法

MIR162 : アグロバクテリウム法

GA21 : パーティクルガン法(文献 1)

ハ、遺伝子組換え生物等の育成の経過

5

① 核酸が移入された細胞の選抜の方法

形質転換細胞の選抜は、それぞれ以下を添加した培地で行った。

10 Bt11 : グルホシネート

MIR162 : マンノース

GA21 : グリホサート(文献 1)

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

15

MIR162 においては遺伝子導入後、培養細胞の培地中に抗生物質セフトキシンを添加して形質転換に用いたアグロバクテリウムを除去した。その後、再分化した植物体に PCR を行い、プラスミドの外骨格領域に含まれる抗生物質耐性マーカー遺伝子を含まない個体を選抜したことから、菌体の残存はないと考えられる。

20

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

25

本スタック系統トウモロコシは、チョ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である Bt11、チョウ目害虫抵抗性トウモロコシである MIR162 及び除草剤グリホサート耐性トウモロコシである GA21 を用いて、交雑育種法により作出された。なお、我が国における Bt11、MIR162 及び GA21 の申請及び承認状況は表

30

4(17ページ)のとおりである。

表 4 我が国における Bt11、MIR162 及び GA21 の申請及び承認状況

	食品	飼料	環境
Bt11	2001 年 3 月 安全性確認	2003 年 3 月 安全性確認	2007 年 4 月 第一種使用規程承認
MIR162	2008 年 2 月 申請	2008 年 2 月 申請	2008 年 5 月 申請
GA21	2003 年 3 月 安全性確認	2003 年 3 月 安全性確認	2005 年 11 月 第一種使用規程承認
本スタック系統 トウモロコシ	2009 年 申請予定	2009 年 確認予定	2009 年 9 月 申請

(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

15 ① 移入された核酸の複製物が存在する場所

Bt11、MIR162 及び GA21 の導入遺伝子は染色体ゲノム上に存在することが確認されている。

20 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

Bt11 及び MIR162 においては、サザンブロット分析によって導入遺伝子が染色体上に 1 コピー存在し、複数世代において安定して伝達されることが確認されている。

25 GA21 においては、サザンブロット分析によって導入遺伝子が染色体上の 1 カ所に存在し、移入された除草剤耐性遺伝子カセット (Act promoter + intron/OTP/*mEPSPS*/NOS)断片に由来する 6 つの連続的領域からなること、また、これらが複数世代において安定して伝達されることが確認されている。

30 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

—

35 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

発現の安定性については以下のように確認した。

- 5 Bt11 : ELISA 法による蛋白質の発現確認、チョウ目害虫を用いた生物検定、除草
 剤グルホシネート散布試験
 MIR162 : ELISA 法による蛋白質の発現確認、チョウ目害虫を用いた生物検定
 GA21 : 除草剤グリホサート散布試験

- 10 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

 Bt11、MIR162及びGA21に移入された核酸に伝達を可能とする配列は含まれてい
15 ない。したがって、移入された核酸が野生動植物等に伝達されるおそれはないと考え
 られる。

(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

 Bt11 及び GA21 の定量的 PCR 法による系統特異的検出方法が、European
20 Commission により公開されている。定量限界値は、ゲノム DNA の濃度比で、Bt11
 は 0.08%以上、GA21 は 0.04 %以上である(文献 49、文献 50)。また、MIR162 の検
 出方法としてゲノム DNA 7.5µg を制限酵素で切断後、改変 *vip3A* 遺伝子をプローブ
 としたサザンブロット分析の結果より確認できる。

25 本スタック系統トウモロコシを検出及び識別するためには、1つの種子又は植物体
 を上述の方法で分析し、いずれの分析でも陽性の結果が出た場合、本スタック系統ト
 ウモロコシであることが確認できる。

(6) 宿主又は宿主の属する分類学上の種との相違

30

- 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

 本スタック系統トウモロコシに付与された特性は以下のとおりである。

35

Bt11：導入遺伝子に由来する改変 Cry1Ab 蛋白質によるチョウ目害虫抵抗性及び PAT 蛋白質による除草剤グルホシネート耐性

MIR162：導入遺伝子に由来する改変 Vip3A 蛋白質によるチョウ目害虫抵抗性及び PMI 蛋白質による選抜マーカー特性

5 GA21：導入遺伝子に由来する mEPSPS 蛋白質による除草剤グリホサート耐性

本スタック系統トウモロコシにおいて発現する改変 Cry1Ab 蛋白質、改変 Vip3A 蛋白質、PAT 蛋白質、mEPSPS 蛋白質及び PMI 蛋白質は、それぞれ宿主の代謝経路に影響を及ぼすことはないと考えられる。また、第 1.2 (1) ロ、③ (13ページ)で述べたとおり、改変 Cry1Ab 蛋白質、改変 Vip3A 蛋白質、PAT 蛋白質、mEPSPS 蛋白質及び PMI 蛋白質は、それぞれ異なる作用機作を持ち、独立して作用していると考えられる。よって、これらの蛋白質は Schrijver ら(文献 51) が述べている相互作用についての検討が必要な蛋白質には相当しないと考えられる。これらのことから、本スタック系統トウモロコシにおいて、親系統由来の発現蛋白質が宿主の代謝経路に単独または相互に影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。

実際に、各親系統由来の発現蛋白質が相互作用を示していないことを確認するため、本スタック系統トウモロコシを供試して以下の調査を行った。

20 【チョウ目害虫を用いた生物検定】

チョウ目害虫抵抗性については、Cry1Ab 蛋白質の対象害虫であるヨーロッパアンコーンボラーと改変 Vip3A 蛋白質の対象害虫であるブラックカットワームを用いて食害程度の調査を行った。

25

ヨーロッパアンコーンボラーによる食害程度については、本スタック系統トウモロコシ、Bt11、MIR162 及び非組換えトウモロコシを 2006 年に米国の 2 カ所のほ場で栽培し、その食害程度を調査した。米国のトウモロコシ栽培において、主要標的害虫のヨーロッパアンコーンボラーは 2 世代続けて発生するため、第 1 世代試験では、ヨーロッパアンコーンボラーの 1 齢幼虫(150 匹/植物体)をトウモロコシの 6~8 葉期に接種し、14 日後に葉の食害程度を目視で観察した。一方、第 2 世代試験では、ヨーロッパアンコーンボラーの 1 齢幼虫(200 匹/植物体)をトウモロコシの開花期に接種し、約 45 日後に植物体あたりの雌穂食害長及び茎における食入痕長を調査した。

35 調査の結果、本スタック系統トウモロコシと Bt11 の間で、ヨーロッパアンコーンボ

ーラーによる植物体の食害程度において、有意差は見られなかった(表 5、25 ページ)。したがって、本スタック系統トウモロコシのチョウ目害虫に対する抵抗性は、親系統を掛け合わせるにより実質的には変化していないと考えられる。

表 5 本スタック系統トウモロコシにおけるチョウ目害虫(ヨーロッパアンコーンボラー)による植物体の食害程度

評価項目		本スタック系統 トウモロコシ		Bt11		MIR162		非組換え トウモロコシ	
		平均値	標準 偏差	平均値	標準 偏差	平均値	標準 偏差	平均値	標準 偏差
ミネソタ 州 スタン トン	第1世代試 験：葉の食 害程度 ¹	1.00 b ²	0.00	1.00 b	0.00	2.83 a	0.23	2.97 a	0.45
	第2世代試 験：雌穂食 害長 (cm)	0.00 b	0.00	0.10 b	0.17	2.87 a	1.08	3.87 a	1.08
	第2世代試 験：茎の食 入痕長 (cm)	0.27 b	0.23	0.23 b	0.25	11.20 a	2.98	14.03 a	1.33
ブルー イリノ イ州 ミン トン	第1世代試 験：葉の食 害程度 ¹	1.00 b	0.00	1.00 b	0.00	5.00 a	0.00	5.33 a	0.58
	第2世代試 験：雌穂食 害長 (cm)	0.13 c	0.23	0.73 c	0.23	1.73 b	0.64	3.09 a	0.38
	第2世代試 験：茎の食 入痕長 (cm)	0.10 c	0.17	0.10 c	0.10	6.07 b	0.80	9.23 a	2.72

食害程度の調査は、いずれも 10 植物体、3 反復で実施した。

1： 葉の食害程度は以下の 9 段階スケールに基づいて評価した(文献 52)。

- 5
- 1 食害が認められないか、軽微な食害痕(2~3 の小さなスポットのみ)に認められる。
 - 2 全て 2mm 以下の小さな食害痕で被害が 1 枚か 2 枚の葉に認められる。
 - 3 小さな穿入痕が 3 枚以上の葉に認められる。
 - 4~8 食害面積の拡大に基づく。
 - 9 葉は大きく損傷し、食害が実質的に葉脈まで及ぶ。

10 2： 統計については調査項目ごとに実施しており、各調査項目において、同じ英文字の平均値間には有意差がない(F 検定後の LSD、p=0.05)。

(本表に記載された情報に係る権利及び内容の責任はシンジェンタシード株式会社に
帰属する)

ブラックカットワームによる食害程度については、本スタック系統トウモロコシ、MIR162、Bt11 及び非組換えトウモロコシを 2008 年に米国の 2 カ所の温室で栽培し、その食害程度を調査した。ブラックカットワームの 4 齢幼虫(5 匹/10 植物体)をトウモロコシの 1~2 葉期に接種し、17~19 日後に葉の食害程度を目視で観察した。

5

調査の結果、本スタック系統トウモロコシとMIR162の間で植物体の食害程度に有意差は見られなかった(表 6、22 ページ)。したがって、本スタック系統トウモロコシのチョウ目害虫に対する抵抗性は、親系統を掛け合わせるにより変化していないことが確認された。

10

表 6 本スタック系統トウモロコシのチョウ目害虫(ブラックカットワーム)による食害程度

評価項目		本スタック系統 トウモロコシ		MIR162		Bt11		非組換え トウモロコシ	
		平均値	標準 偏差	平均値	標準 偏差	平均値	標準 偏差	平均値	標準 偏差
ミネソタ州 スタントン	食害を受けた 植物体(%) ¹	10.0 b ³	10.7	6.3 b	5.2	98.8 a	3.5	97.5 a	4.6
	食害程度 ²	1.9 b	0.4	1.8 b	0.2	6.7 a	0.3	6.5 a	0.4
アイオワ州 スレイター	食害を受けた 植物体(%) ¹	6.3 b	7.4	0.0 b	0.0	96.3 a	7.4	93.8 a	10.6
	食害程度 ²	2.1 b	0.3	1.8 b	0.3	6.8 a	0.7	6.9 a	0.7

食害程度の調査は、いずれも 10 植物体、8 反復で実施した。

1：食害を受けた植物体は、試験期間中に土壌付近の茎を噛み切られた植物体の割合を示している。

15

2：食害程度は以下の 9 段階スケールに基づいて評価した(文献 53、文献 54 を改変)。

1 食害が認められない。

2 小さな食害痕が 1~2 個認められる。

3 葉に 3 個以上の傷が見られるか、1 つか 2 つの葉が噛み切られている。

4~8 被害部位の拡大に基づく。

20

9 回復が見込めない程度の被害。

3：統計については調査項目ごとに実施しており、各調査項目において、同じ英文字の平均値間には有意差がない(F 検定後の LSD、 $p=0.05$)。

(本表に記載された情報に係る権利及び内容の責任はシンジェンタシード株式会社に
帰属する)

25

【除草剤グルホシネートを用いた生物検定】

5 除草剤グルホシネート耐性については、本スタック系統トウモロコシ、Bt11 及び非組換えトウモロコシを 2007 年に米国の温室で栽培し、除草剤による薬害程度を調査した。トウモロコシの 2 葉期(播種後 12 日目)に、グルホシネートを有効成分とする除草剤(製品名：リバティ™)を、467g active ingredient (a.i.)/ha(通常散布量)、1868g a.i./ha (通常散布量の 4 倍)及び 3736g a.i./ha (通常散布量の 8 倍)で散布し、散布後 12 日目に薬害程度を目視で観察した。

10 調査の結果、本スタック系統トウモロコシと Bt11 の間で除草剤による薬害程度に有意差は見られなかった(表 7、23 ページ)。したがって、本スタック系統トウモロコシの除草剤グルホシネートに対する抵抗性は、親系統を掛け合わせるにより変化していないことが確認された。

15 表 7 本スタック系統トウモロコシの除草剤グルホシネート散布による薬害程度

除草剤散布量 (g.a.i./ha)	薬害程度 (%) ¹					
	本スタック系統 トウモロコシ		Bt11		非組換えトウモロコシ	
	平均値	標準偏差	平均値	標準偏差	平均値	標準偏差
467	0.0 d ²	0.0	0.0 d	0.0	98.8 b	0.2
1868	10.1 c	1.3	10.2 c	1.3	100.0 a	0.0
3736	17.8 b	2.3	18.0 b	2.0	100.0 a	0.0

薬害程度の調査は、いずれも 10 植物体、3 反復で実施した。

1：トウモロコシの系統ごとに無散布区を設け、無散布区の薬害程度を 0 % (健全)として比較をすることにより、除草剤散布区の薬害程度を 0 % (健全)から 100 % (完全枯死)で目視観察により評価した。

2：同じ英文字の平均値間には有意差がない(Student-Newman-Keuls 検定、p=0.05)。

20 (本表に記載された情報に係る権利及び内容の責任はシンジェンタシード株式会社に帰属する)

【除草剤グリホサートを用いた生物検定】

除草剤グリホサート耐性については、本スタック系統トウモロコシ、GA21 及び非組換えトウモロコシを 2007 年に米国の温室で栽培し、除草剤による薬害程度を調査した。トウモロコシの 2 葉期(播種後 12 日目)に、グリホサートを有効成分とする除草剤(製品名：タッチダウントータル™)を、840g acid equivalent (a.e.)/ha (通常の散布量)、3360g a.e./ha (通常の 4 倍の散布量)及び 6720g a.e./ha (通常の 8 倍の散布量)で散布し、散布後 15 日目に薬害程度を目視で観察した。

10 調査の結果、本スタック系統トウモロコシと GA21 の間で除草剤による薬害程度に有意差は見られなかった(表 8、24ページ)。したがって、本スタック系統トウモロコシの除草剤グリホサートに対する抵抗性は、親系統を掛け合わせるにより変化していないことが確認された。

15 表 8 本スタック系統トウモロコシの除草剤グリホサート散布による薬害程度

除草剤散布量 (g.a.e/ha)	薬害程度 (%) ¹					
	本スタック系統 トウモロコシ		GA21		非組換えトウモロコシ	
	平均値	標準偏差	平均値	標準偏差	平均値	標準偏差
840	0.0 d ²	0.0	0.0 d	0.0	99.5 a	0.5
3360	23.5 c	2.6	22.7 c	6.0	100.0 a	0.0
6720	43.2 b	6.3	37.5 b	11.6	100.0 a	0.0

薬害程度の調査は、いずれも 10 植物体、3 反復で実施した。

1：トウモロコシの系統ごとに無散布区を設け、無散布区の植物体の薬害程度を 0 %(健全)として比較することで、除草剤散布区の薬害程度を 0 %(健全)から 100 %(完全枯死)と判定した。

2：同じ英文字の平均値間には有意差がない(Student-Newman-Keuls 検定、p=0.05)。

20 (本表に記載された情報に係る権利及び内容の責任はシンジェンタシード株式会社に帰属する)

25 以上のことから、それぞれの親系統で発現する蛋白質間で相互作用はなく、導入した遺伝子によって新たに獲得されたそれぞれの性質は、本スタック系統トウモロコシにおいて変化していないと結論された。

したがって、本スタック系統トウモロコシと宿主の属する分類学上の種であるトウモロコシとの生理学的又は生態学的特性の相違については、親系統である Bt11、MIR162及びGA21を個別に調査した結果に基づき評価した。

- ② 以下に掲げる生理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

5 a 形態及び生育の特性

Bt11、MIR162 及び GA21 とそれぞれの対照の非組換えトウモロコシとの間で、表 9 (30 ページ)に示した項目について調査を行った。その結果、MIR162 の稈長を除く全ての調査項目で有意差は見られないか、あるいは同程度であった(別紙 1、4~8
10 ページ、第 2~11 表 ; 別紙 2、3~7 ページ、表 1~14 ; 別紙 3、2~6 ページ、表 1~21)。なお、有意差の認められた稈長については、MIR162 が 191.5 cm で、対照の非組換え体は 199.7 cm であった (別紙 2、4 ページ、表 5)。

表 9 Bt11、MIR162 及び GA21 の形態及び生育の特性調査実施項目

	Bt11	MIR162	GA21
発芽始め	—	○	○
発芽揃い	○	○	○
発芽率	○	○	○
雄穂抽出期	○	○	○
絹糸抽出期	○	○	○
開花始	○	—	○
開花終	○	—	○
開花期間	○	—	—
稈長	○	○	○
草型	○	○	○
分けつ数	○	○	○
着雌穂高	○	○	○
成熟期	○	○	○
雌穂数(雌穂総数)	○	—	○
有効雌穂数	○	○	○
雌穂長	○	○	○
雌穂径	○	○	○
粒列数	○	○	○
一列粒数	○	○	○
粒色	○	○	○
百粒重	○	○	○
粒形	○	○	○
収穫期の地上部新鮮重	○	○	—
収穫期の生体重(植物体の全重量)	—	—	○

○：調査を行っている。

—：調査を行っていない。

5 b 生育初期における低温又は高温耐性

Bt11、MIR162 及び GA21 は、それぞれの対照の非組換えトウモロコシと同様に、生育初期における低温処理によって萎縮もしくは枯死した(別紙 1、9～10 及び 29 ペ

ージ、写真 5 ; 別紙 2、8 ページ ; 別紙 3、8 ページ)。

c 成体の越冬性又は越夏性

5 トウモロコシは夏型一年生作物であり、子実の成熟に伴って成体は枯れ上がり枯死する。成熟後に栄養生殖するという報告や、再度結実して種子を生産するという報告はない。実際に隔離ほ場試験の終了時には結実後の枯死が始まっていることを確認した。

10 d 花粉の稔性及びサイズ

Bt11、MIR162 及び GA21 とそれぞれの対照の非組換えトウモロコシについて、花粉を染色し顕微鏡下で観察した結果、稔性(染色による花粉の充実度)、形状及びサイズに相違は見られなかった(別紙 1、8~9 及び 27~28 ページ、写真 3~4 ; 別紙 2、7
15 ページ、表 15 及び 16 ; 別紙 3、7 ページ)。

e 種子の生産量、脱粒性、休眠性及び発芽率

20 種子の生産量に関して、Bt11、MIR162 及び GA21 とそれぞれの対照の非組換えトウモロコシとの間で、種子の生産量に関わる諸形質を比較した結果、有意差は見られなかった(別紙 1、6~8 ページ、第 6~10 表 ; 別紙 2、5 及び 6 ページ、表 9 及び表 12~14 ; 別紙 3、5~7 ページ、表 17~22)。

25 脱粒性に関して、トウモロコシの種子は雌穂に着生しており、加えて、雌穂が苞皮で覆われているため、自然に脱粒することはない(文献 3)。Bt11、MIR162 及び GA21 も対照の非組換えトウモロコシと同様に、収穫時の雌穂は苞皮に覆われていた。

30 発芽率に関して、Bt11、MIR162 及び GA21 の播種用種子及び収穫種子のいずれにおいても対照の非組換えトウモロコシと同程度であった(別紙 1、4 及び 9 ページ、第 2 表 ; 別紙 2、3 ページ及び 8 ページ、表 2 及び表 17 ; 別紙 3、2~3 ページ及び 7~8 ページ、表 2 及び表 23)。休眠性については、播種用種子及び収穫種子の発芽率が対照の非組換え体と同程度に高かったことから、Bt11、MIR162 及び GA21 の休眠性が非組換えトウモロコシと大きく異なる可能性は低いと考えられた。

f 交雑率

我が国には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、Bt11、MIR162 及び GA21 とともに交雑率の試験は行わなかった。

5

g 有害物質の産生性

Bt11、MIR162 及び GA21 について、鋤込み試験、後作試験、土壌微生物相試験を行った結果、いずれの試験においても対照の非組換えトウモロコシとの間で有意差は見られなかった(別紙 1、10～14 ページ及び 32～34 ページ、第 13～15 表及び第 25
10 ～27 表；別紙 2、8～10 ページ、表 18～24；別紙 3、8～11 ページ、表 24～35)。

3. 遺伝子組換え生物等の使用等に関する情報

15 (1) 使用等の内容

食用又は飼料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。

20 (2) 使用等の方法

—

(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

25

—

(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

30

「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

35

(6) 国外における使用等に関する情報

- 5 Bt11、MIR162 及び GA21 の諸外国における申請・承認状況は表 10 (29ページ)に示したとおりである。

表 10 Bt11、MIR162 及び GA21 の諸外国における申請・承認状況

	FDA	USDA	Health Canada	CFIA
Bt11	1996年5月 安全性確認	1996年1月 安全性確認	1996年8月 安全性確認	1996年6月 安全性確認
MIR162	2007年8月 申請	2007年8月 申請	2007年11月 安全性確認	2007年11月 安全性確認
GA21	1998年2月 安全性確認	1997年11月 安全性確認	1999年5月 安全性確認	1998年7月 安全性確認

FDA：米国食品医薬品庁

10 USDA：米国農務省

Health Canada：カナダ保健省

CFIA：カナダ食品検査庁

- 15 なお、我が国における Bt11、MIR162 及び GA21 の申請・承認状況は表 4 (17ページ)のとおりである。

第2 項目ごとの生物多様性影響の評価

本スタック系統トウモロコシは、Bt11、MIR162 及び GA21 から、交雑育種法により作出された。

5

第 1. 2 (6) ①(18～28 ページ)で述べたとおり、改変 Cry1Ab 蛋白質、改変 Vip3A 蛋白質、PAT 蛋白質、mEPSPS 蛋白質及び PMI 蛋白質は、それぞれ異なる作用機作を持ち、独立して作用していることから、Schrijver ら(文献 51)が述べている相互作用についての検討が必要な蛋白質には相当しないと考えられる。また、これらの蛋白質はそれぞれ宿主の代謝経路に影響を及ぼすことはないと考えられる。よって、本スタック系統トウモロコシにおいて、それぞれの親系統由来の発現蛋白質が宿主の代謝経路に新たな影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。

実際に、本スタック系統トウモロコシのチョウ目害虫抵抗性、除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性は、それぞれの親系統と同程度であった。よって、各親系統由来の発現蛋白質が本スタック系統トウモロコシの植物体内で相互に影響する可能性は低く、親系統が有する形質を併せ持つ以外に評価すべき形質の変化はないと考えられた。

したがって、本スタック系統トウモロコシの生物多様性影響の評価は、Bt11、MIR162 及び GA21 の諸形質を個別に調査した結果に基づいて実施した。

20

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

25 宿主の属する分類学上の種であるトウモロコシは、我が国において長期にわたる使用等の実績があるが、我が国の自然環境下で自生することは報告されていない。

本スタック系統トウモロコシの親系統である Bt11、MIR162 及び GA21 の競合における優位性に関わる諸形質として、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、花粉の稔性及びサイズ、種子の生産量、脱粒性、休眠性及び発芽率について調査を行った。その結果、MIR162 の稈長以外に有意差は認められなかった。なお、有意差の認められた MIR162 の稈長の調査において、MIR162 が 191.5 cm で、対照の非組換え体では 199.7 cm であった。しかしながら、有意差は認められたものの差は小さいことから、この稈長の差によって MIR162 において競合における優位性が高まることはないと考えられた。したがって、Bt11、MIR162 及び GA21 とも

35

に对照の非組換えトウモロコシとの間で、競合における優位性に影響を及ぼすような差異は認められなかった。

5 本スタック系統トウモロコシには、チョウ目害虫抵抗性が付与されている。しかし、チョウ目昆虫による食害はトウモロコシが我が国の自然環境下において生育することを困難にさせる主な要因ではないこと、さらに、我が国ではコーンルートワームの生息は報告されていないことから、この性質を有することにより競合における優位性が高まるとは考えにくい。

10 本スタック系統トウモロコシには、除草剤グルホシネート及びグリホサートへの耐性が付与されているが、グルホシネート及びグリホサート散布が想定しにくい我が国の自然環境下で、この性質により競合における優位性が高まるとは考えにくい。

15 さらに、本スタック系統トウモロコシにはマンノースを炭素源として利用可能とする PMI 蛋白質の産生性が付与されているが、マンノース以外の炭素源が存在することから、我が国の自然条件下において、この性質を有することにより競合における優位性が高まるとは考えられない。

したがって、これら付与された性質により競合における優位性が高まるとは考えにくい。

20 以上のことから、本スタック系統トウモロコシについ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。

(2) 影響の具体的内容の評価

25

—

(3) 影響の生じやすさの評価

30

—

(4) 生物多様性影響が生ずるおそれの有無等の判断

35 以上のことから、本スタック系統トウモロコシは、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判断された。

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

5

宿主の属する分類学上の種であるトウモロコシは、我が国において長期にわたる使用等の実績があるが、野生動植物等に対して影響を与える有害物質の産生性は知られていない。

10 Bt11、MIR162 及び GA21 において、鋤込み試験、後作試験、土壌微生物相試験を行った結果、いずれの試験でも対照の非組換えトウモロコシとの間で有意差が見られなかった。よって、本スタック系統トウモロコシにおいても意図しない有害物質の産生はないと考えられる。

15 本スタック系統トウモロコシで発現している改変 Cry1Ab 蛋白質、改変 Vip3A 蛋白質、PAT 蛋白質、mEPSPS 蛋白質及び PMI 蛋白質が、既知アレルゲンと相同性を持たないことが確認されている。

改変 Cry1Ab 蛋白質、改変 Vip3A 蛋白質、PAT 蛋白質、mEPSPS 蛋白質及び PMI 蛋白質は、その蛋白質の特性から、それぞれ宿主の代謝経路に影響を及ぼすことはないと考えられた。したがって、これらの蛋白質が原因で、親系統である Bt11、MIR162
20 及び GA21 中に有害物質が産生されることはないと考えられる。

以上のことから、本スタック系統トウモロコシにおいて、野生動植物等に影響を及ぼす可能性のある意図しない有害物質が産生される可能性はないと考えられた。そこで、以下に本スタック系統トウモロコシで発現しているチョウ目昆虫に殺虫活性を持つ蛋白質が、我が国の野生動植物等に影響を及ぼす可能性について検討を行った。
25

【Bt11 及び MIR162 の影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定】

Bt11 には改変 Cry1Ab 蛋白質の産生性が付与されている。Cry1Ab 蛋白質は、米国
30 におけるトウモロコシ栽培上の重要害虫であるヨーロッパアンコーンボラー(ヨーロッパアワノメイガ) (*Ostrinia nubilalis*)、コーンイヤールーム(アメリカタバコガ)(*Helicoverpa zea*)、フォールアーミーワーム(ツマジロクサヨトウ) (*Spodoptera frugiperda*)等のチョウ目昆虫に対して高い殺虫活性及び特異性を示すことが確認されている。MIR162 には改変 Vip3A 蛋白質の産生性が付与されている。Vip3A 蛋白質は、米国におけるトウモロコシ栽培上の重要害虫であるフォールアーミーワーム
35

(ツマジロクサヨトウ) (*Spodoptera frugiperda*)、コーンイヤールーム(アメリカタバコガ) (*Helicoverpa zea*)及びブラックカットワーム(タマナヤガ) (*Agrotis ipsilon*)等のチョウ目昆虫に対して高い殺虫活性及び特異性を示すことが確認されている(文献 42)。したがって、Bt11 及び MIR162 を栽培した場合に、生育している植物体を直接
5 摂食する、もしくは飛散した花粉を食餌植物とともに摂食するチョウ目昆虫に何らかの影
響を与える可能性がある。

そこで、Bt11 及び MIR162 によって影響を受ける可能性のある野生動植物等として、
10 チョウ目昆虫を特定した。

【本スタック系統トウモロコシの影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定】

本スタック系統トウモロコシは改変 Cry1Ab 蛋白質及び改変 Vip3A 蛋白質を発現
15 することから、影響を受ける可能性のある野生動植物等としては、親系統である Bt11
及び MIR162 の生物多様性影響評価で特定された種と同じであると考えられる。

よって、本スタック系統トウモロコシにより何らかの影響を受ける可能性がある種
としては、Bt11 及び MIR162 で特定されたチョウ目昆虫が挙げられた。

(2) 影響の具体的内容の評価

20

【Bt11 の影響の具体的内容の評価】

本スタック系統トウモロコシの親系統であり、改変 Cry1Ab 蛋白質を発現する Bt11
の隔離ほ場試験において、Bt 蛋白質に対する感受性が高く、集団飼育がしやすいチ
25 ョウ目昆虫のヤマトシジミ(*Zizeeria maha argia*)1 齢幼虫に、Bt11 花粉を 500~4,000
粒/cm² の花粉密度で摂食させて死亡率を調査した。その結果、摂食開始から 7 日後ま
での間にヤマトシジミの半数個体の致死が観測された花粉密度は 2,000~4,000 粒
/cm² であった。

30 【MIR162 の影響の具体的内容の評価】

改変 Vip3A 蛋白質に最も高い感受性を示すブラックカットワームに、改変 Vip3A
蛋白質を異なる濃度で人工食餌の表面に塗布し 5 日間与えた結果、ブラックカットワ
ームの LC50 値は、改変 Vip3A 蛋白質の表面塗布濃度が 17.1 ng/cm² の場合であった
35 (文献 42)。

よって、MIR162 の殺虫活性を最大限に見積もった場合の影響を評価するために、MIR162 の花粉における発現量を 47.85 µg/g 新鮮重と想定し、また、一般的な花粉 1 粒当たりの重量を約 6.4×10^{-7} g であるとする(文献 55)、MIR162 に高い感受性を示すチョウ目昆虫であるブラックカットワームは、MIR162 の約 558 粒/cm² の花粉に
5 曝露されると毒性影響を受けると考えられた。

影響を与える花粉粒数/cm² = [LC50 改変 Vip3A 蛋白質量 = 17.1 ng/cm²] / [花粉 1 粒当たりの改変 Vip3A 蛋白質量 = (花粉 1 g 当たりの改変 Vip3A 蛋白質量 = 47.85 µg/g 新鮮重)x(花粉 1 粒重量 = 6.4×10^{-7} g)]

10

【本スタック系統トウモロコシの影響の具体的内容の評価】

生物検定の結果から、本スタック系統トウモロコシのヨーロッパアンコーンボーラーに対する抵抗性は、Bt11 と同程度であることが確認され(表 5、21ページ)、ブラック
15 カットワームに対する抵抗性は、MIR162 と同程度であることが確認された(表 6、22ページ)。よって、チョウ目昆虫が本スタック系統トウモロコシから飛散した花粉を食餌した場合に影響を受ける可能性は、親系統である Bt11 及び MIR162 と同程度であると考えられる。

20 (3) 影響の生じやすさの評価

本スタック系統トウモロコシから飛散した花粉を、特定されたチョウ目昆虫が摂食する可能性について、トウモロコシほ場からの距離と周辺に生育する植物の葉に実際に堆積する花粉量を調査することにより推定した。

25

我が国において、トウモロコシほ場周辺におけるヒマワリ (*Helianthus annuus*) とイヌホオズキ (*Solanum nigrum*) の葉への花粉の堆積密度の調査が行われている(文献 13)。調査の結果、トウモロコシほ場の縁(0 m)での最大花粉堆積密度はヒマワリの葉で 81.7 粒/cm²、イヌホオズキの葉では 71.1 粒/cm² であった。しかし、ほ場から 5 m
30 離れると花粉の最大堆積密度はそれぞれ 19.6 粒/cm² と 22.2 粒/cm² に減少していた。ヒマワリについては 5 m 以上離れた場合についても調査されているが、10 m 離れると花粉堆積密度は全て 10 粒/cm² 以内であった(文献 13)。

北米でも、トウモロコシほ場周辺のトウワタ (*Asclepias syriaca*) について、堆積した花粉密度の調査が行われている(文献 56)。調査の結果、トウモロコシほ場から 1 m、
35

2 m、4～5 m 離れるごとに、花粉の堆積密度は平均で 35.4 粒/cm²、14.2 粒/cm²、8.1 粒/cm²へと減少する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ほ場周辺のトウワタの葉上に堆積した花粉密度が調査され、ほ場の縁から 1m 及び 5m 離れた地点での堆積密度は、それぞれ平均で 28 粒/cm² 及び 1.4 粒/cm²であったと報告されている(文献 57)。このように、我が国で行われたトウモロコシほ場周辺での花粉堆積密度に関する調査結果と同様の結果が、北米で行われた調査からも得られている。

これらの調査結果から、トウモロコシほ場周辺に堆積する花粉量は、トウモロコシほ場から 10 m 以上離れると極めて低く、50m 以上離れるとほとんど無視できると結論された。本スタック系統トウモロコシを直接摂食する可能性のある、もしくは本スタック系統トウモロコシから飛散した花粉を食餌植物とともに摂食する可能性のあるチョウ目昆虫が、本スタック系統トウモロコシの栽培ほ場から半径 50m の範囲に局所的に生育しているとは考えにくい。このことから、チョウ目昆虫が個体群レベルで本スタック系統トウモロコシを直接摂食することによる影響を受ける可能性、もしくは飛散する花粉による影響を受ける可能性は極めて低いと判断された。

したがって、特定されたチョウ目昆虫が、Bt11 由来の改変 Cry1Ab 蛋白質及び MIR162 由来の改変 Vip3A 蛋白質に曝露されることにより、個体群レベルで影響を受ける可能性は極めて低いと判断された。よって、本スタック系統トウモロコシに起因する生物多様性影響が生じるおそれはないと結論された。

(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、本スタック系統トウモロコシは、有害物質の産生性に起因する生物多様性影響を生じ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

30

トウモロコシは近縁野生種であるテオシントと自然交雑可能であるが、我が国にはこの近縁野生種は自生しておらず、自然交雑の可能性はないことから、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

—

5 (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

10

以上のことから、本スタックシステムトウモロコシは、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判断された。

4. その他の性質

15

上記の他に、本スタックシステムトウモロコシに関して生物多様性影響の評価を行うべき性質はないと判断された。

第3 生物多様性影響の総合的評価

本スタック系統トウモロコシは、Bt11、MIR162 及び GA21 から、交雑育種法により作出された。

5

本スタック系統トウモロコシにおいて、それぞれの親系統由来の発現蛋白質はその特性や作用機作から宿主の代謝経路に新たな影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。

10 実際には、本スタック系統トウモロコシのチョウ目害虫抵抗性、除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性は、それぞれの親系統と同程度であった。よって、各親系統由来の発現蛋白質が本スタック系統トウモロコシの植物体内で相互に影響する可能性は低く、親系統が有する形質を併せ持つ以外に評価すべき形質の変化はないと考えられた。

15 また、本スタック系統トウモロコシにおいて、各親系統由来の発現蛋白質間に相互作用が認められなかったことから、本スタック系統トウモロコシの親系統それぞれへの導入遺伝子の組合せを有するものであって本スタック系統トウモロコシから分離した後代系統のスタック系統トウモロコシにおいても同様に発現蛋白質間での相互作用はなく、新たに獲得されたそれぞれの性質は変化しないと考えられた。

20 したがって、本スタック系統トウモロコシの生物多様性影響の評価は、Bt11、MIR162 及び GA21 の諸形質を個別に調査した結果に基づいて実施した。

競合における優位性：宿主の属する分類学上の種であるトウモロコシは、我が国の自然環境下で自生することは報告されていない。

25 本スタック系統トウモロコシの親系統である Bt11、MIR162 及び GA21 の競合における優位性に関わる諸形質の調査の結果、いずれも対照の非組換えトウモロコシとの間で、競合における優位性に影響を及ぼすような差異は認められなかった。

また、本スタック系統トウモロコシはチョウ目害虫抵抗性並びに除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性を持つものの、これらの形質によって我が国の自然環境下で競合における優位性が高まるとは考えにくい。

30 したがって、本スタック系統トウモロコシ及び本スタック系統トウモロコシの親系統それぞれへの導入遺伝子の組合せを有するものであって本スタック系統トウモロコシから分離した後代系統のスタック系統トウモロコシは、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判断された。

35 有害物質の産生性：宿主の属する分類学上の種であるトウモロコシにおいて、野生

動植物等に対して影響を与える有害物質の産生性は知られていない。

Bt11、MIR162 及び GA21 の鋤込み試験、後作試験、土壌微生物相試験より、本スタック系統トウモロコシにおいても意図しない有害物質の産生はないと考えられた。

5 改変 Cry1Ab 蛋白質、改変 Vip3A 蛋白質、PAT 蛋白質、mEPSPS 蛋白質及び PMI 蛋白質が、既知アレルゲンと相同性を持たないことが確認されている。さらに、宿主の代謝経路に影響を及ぼすことはないと考えられた。よって、本スタック系統トウモロコシにおいて、野生動植物等に影響を及ぼす可能性のある意図しない有害物質が産生される可能性はないと考えられた。

10 一方、改変 Cry1Ab 蛋白質及び改変 Vip3A 蛋白質によって影響を受ける可能性のある野生動植物等として、チョウ目昆虫を特定して検討を行った。しかし、本来自然生態系に生息しているチョウ目昆虫が本スタック系統トウモロコシの栽培ほ場やその周辺に局所的に生育しているとは考えにくい。よって、特定されたチョウ目昆虫が個体群レベルで本スタック系統トウモロコシによる影響を受ける可能性は極めて低いと判断された。

15 したがって、本スタック系統及び本スタック系統トウモロコシの親系統それぞれへの導入遺伝子の組合せを有するものであって本スタック系統トウモロコシから分離した後代系統のスタック系統トウモロコシは、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判断された。

20 交雑性：我が国にはトウモロコシと交雑可能な近縁野生種は自生していないことから、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判断された。

25 以上のことから、総合的評価として、本スタック系統トウモロコシ及び本スタック系統トウモロコシの親系統それぞれへの導入遺伝子の組合せを有するものであって本スタック系統トウモロコシから分離した後代系統のスタック系統トウモロコシを第一種使用規程に従って使用した場合に、我が国において生物多様性影響を生ずるおそれはないと判断した。

30

引用文献

社外秘により非開示

緊急措置計画書

平成 21 年 9 月 29 日

5 氏名 シンジェンタシード株式会社
代表取締役社長 大伴 秀郎
住所 千葉県香取郡多古町高津原向ノ台
401-2

10 第一種使用規程の承認を申請しているチョウ目害虫抵抗性並びに除草剤グルホシ
ネット及びグリホサート耐性トウモロコシ（改変 *cry1Ab*, 改変 *vip3A*, *pat*,
mEPSPS, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (Bt11×MIR162×GA21,
OECD UI : SYN-BT011-1×SYN-IR162-4×MON-00021-9) (以下、「本ス
15 タック系統トウモロコシ」という。) 並びに Bt11、MIR162 及び GA21 のうち 2
系統の組合せからなるスタック系統トウモロコシの第一種使用等において、生物多様
性影響が生ずるおそれがあると、科学的根拠に基づき立証された場合、以下の措置を
執ることとする。

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

20 個人名・所属は個人情報につき非開示。

2 第一種使用等の状況の把握の方法

25 弊社は、本スタック系統トウモロコシの開発者である米国シンジェンタシード社と
連絡をとり、第一種使用等の状況に関し、可能な限り情報収集を行う。

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

30 弊社は米国シンジェンタシード社と連絡をとり、生産農家や穀物取扱業者などの取
引ルートへ本スタック系統トウモロコシ及び本スタック系統トウモロコシの親系統
のうち 2 系統の組合せからなるスタック系統トウモロコシの適切な管理、取扱いなど
の生物多様性影響のリスクとその危機管理計画について情報提供を行う。

35

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

科学的根拠に基づき、我が国において生物多様性影響を生ずるおそれがあると認められた場合には、弊社は米国シンジェンタシード社とともに、本スタック系統トウモロコシ及び後代分離系統トウモロコシが環境中に放出されないように必要かつ適切な措置を執るとともに、環境中に放出された本スタック系統トウモロコシ及び本スタック系統トウモロコシの親系統のうち 2 系統の組合せからなるスタック系統トウモロコシが、環境中で生存しないように不活化する。

10

5 農林水産大臣及び環境大臣への連絡体制

科学的根拠に基づき、我が国において生物多様性影響を生ずるおそれがあると認められた場合には、速やかに農林水産省及び環境省に報告する。

15