

生物多様性影響評価検討会での検討の結果

名称: チョウ目害虫抵抗性ワタ (改変 *vip3A*, 改変 *cry1Ac*, 改変 *cry2Ab2*, *Gossypium hirsutum* L.) (COT102 × 15985, OECD UI: SYN-IR102-7 × MON-15985-7)

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、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: 日本モンサント株式会社

(1) 生物多様性影響評価の結果について

チョウ目害虫抵抗性ワタ(以下「本スタック系統」という。)は、

改変 *Vip3A* 蛋白質をコードする改変 *vip3A* 遺伝子及び *APH4* 蛋白質をコードする *aph4* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性ワタ(COT102)、

改変 *Cry1Ac* 蛋白質をコードする改変 *cry1Ac* 遺伝子、改変 *Cry2Ab2* 蛋白質をコードする改変 *cry2Ab2* 遺伝子、*GUSE377K* 蛋白質をコードする改変 *uidA* 遺伝子及び *NPT II* 蛋白質をコードする *npt* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性ワタ(15985)、

を用いて、交雑育種法により作出されたものである。

本スタック系統に導入された遺伝子により産生される各 Bt 蛋白質(改変 *Vip3A* 蛋白質、改変 *Cry1Ac* 蛋白質及び改変 *Cry2Ab2* 蛋白質)は、標的害虫に対して特異的に作用し、独立して殺虫活性を示すと考えられ、互いに影響を及ぼし合うことによる相乗効果や拮抗作用を生じることはないと考えられた。Bt 蛋白質には酵素活性が無いため、宿主の代謝系を変化させる可能性は低いと考えられた。また、選抜マーカー蛋白質である *APH4* 蛋白質、*GUSE377K* 蛋白質や *NPT II* 蛋白質は高い基質特異性を有し、関与する代謝経路も互いに独立していることから、宿主の代謝系を変化させたり、予期しない代謝物が生じたりする可能性は低いと考えられた。

これらのことから、各親系統由来であるこれらの蛋白質が本スタック系統の植物体内において相互作用を示す可能性は低く、親系統が有する形質を合わ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。

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*しており、当該検討の結果、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に影響が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。

(ア) 競合における優位性

(イ) 有害物質の産生性

(ウ) 交雑性

* 各親系統の検討の結果は以下より閲覧可能

- COT102

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1576&ref_no=2

- 15985

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=95&ref_no=2

(2) 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、本スタックシステム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に影響が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。