

生物多様性影響評価検討会での検討の結果

名称：除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性並びに雄性不稔及び稔性回復性セイヨウナタネ（改変 *bar*, 改変 *cp4 epsps*, 改変 *gox v247*, *barnase*, *barstar*, *Brassica napus* L.）（MS8×RF3×RT73, OECD UI:ACS-BN005-8×ACS-BN003-6×MON-00073-7）（MS8、RF3 及び RT73 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セイヨウナタネ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。）

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

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、改変 *bar* 遺伝子(改変 PAT 蛋白質をコードする遺伝子)及び *barnase* 遺伝子が導入された除草剤グルホシネート耐性及び雄性不稔セイヨウナタネ (MS8)、改変 *bar* 遺伝子及び *barstar* 遺伝子が導入された除草剤グルホシネート耐性及び稔性回復性セイヨウナタネ (RF3) 並びに改変 *cp4 epsps* 遺伝子及び改変 *gox v247* 遺伝子が導入された除草剤グリホサート耐性セイヨウナタネ (RT73) を用いて、交雑育種法により作出されたものである。これらの親系統については、生物多様性影響評価検討会において、本スタック系統と同一の第一種使用等をした場合に生物多様性影響が生ずるおそれはないと判断されている。

改変 PAT 蛋白質、改変 CP4 EPSPS 蛋白質及び改変 GOX v247 蛋白質はそれぞれ高い基質特異性を有していることから、本スタック系統において、これら蛋白質が発現しても宿主の代謝系を変化させることはないと考えられた。

また、本スタック系統においては、*barnase* 遺伝子と *barstar* 遺伝子はいずれも薬特異的プロモーター PTA29 の支配下にあり、薬のタペート細胞で発現した BARNASE 蛋白質と BARSTAR 蛋白質が特異的に複合体を形成することにより、BARNASE 蛋白質のリボヌクレアーゼ活性が阻害され稔性が回復する。その一方で、BARNASE 蛋白質と BARSTAR 蛋白質は改変 PAT 蛋白質、改変 CP4 EPSPS 蛋白質及び改変 GOX v247 蛋白質との相互作用は示さないものと考えられた。これらのことから、本スタック系統においてこれらの蛋白質が発現しても、相互に作用して宿主の代謝系を変化させ、予期しない代謝物が生じることはないと考えられた。

さらに、本スタック系統の除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性並びに雄性不稔及び稔性回復性はそれぞれの親系統と同程度であることから、各親系統由来であるこれらの蛋白質間で意図しない相互作用はなく、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。

(1) 競合における優位性

宿主が属する生物種であるセイヨウナタネは、河原や線路沿い、種子が陸揚げされる港湾周辺等で

生育していることが報告されている。また、路傍、崖、河川敷などのように攪乱が定期的にかかる立地条件でなければ、やがてセイヨウナタネは多年生草本や灌木に置き換わることが知られている。我が国では長期にわたるセイヨウナタネ種子の輸入経験があるが、セイヨウナタネが我が国の野生動植物等の個体や個体群の維持に影響を及ぼしたとする報告はない。

本スタック系統の各親系統について、競合における優位性に関わる諸形質の調査が行われた。その結果、一部の形質について対照品種との間に統計学的有意差が認められたが、その差は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。

また、本スタック系統は、除草剤グルホシネート及びグリホサートに耐性を示すが、自然環境下においてこれらの除草剤が選択圧となることは考え難く、これらの性質により競合における優位性が高まることはないと考えられた。本スタック系統の親系統 MS8 は雄性不稔性を、RF3 は稔性回復性を示すが、本スタック系統においては MS8 由来の BARNASE 蛋白質活性は RF3 由来の BARSTAR 蛋白質により抑制され、非組換えセイヨウナタネと同様に花粉が形成される。なお、雄性不稔性は競合において優位に作用する性質ではなく、また、稔性回復性は BARNASE 蛋白質により雄性不稔形質を付与された個体と交雑した場合のみ意図された機能を果たすが、そのような個体が存在しない条件下では何ら機能を果たさないことから、本形質が競合における優位性を高めることはないと考えられた。

以上より、本スタック系統並びに MS8、RF3 及び RT73 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、当該セイヨウナタネから分離した後代系統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。

(2) 有害物質の産生性

従来のセイヨウナタネの種子中には、動物に有害と考えられるエルシン酸やグルコシノレートが含まれる。本スタック系統の宿主として用いた系統は、品種改良により両物質の含量を低減した、いわゆるカノーラであり、野生動物の生息に影響を及ぼすことはないと考えられた。

本スタック系統が有する改変 PAT 蛋白質、改変 CP4 EPSPS 蛋白質、改変 GOX v247 蛋白質、BARNASE 蛋白質及び BARSTAR 蛋白質はいずれも、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、改変 PAT 蛋白質、改変 CP4 EPSPS 蛋白質及び改変 GOX v247 蛋白質はそれぞれ高い基質特異性を有していることから、本スタック系統において、これら蛋白質が発現しても宿主の代謝系を変化させることはないと考えられた。さらに、BARNASE 蛋白質と BARSTAR 蛋白質はいずれも薬のタペート細胞で特異的に働くプロモーター PTA29 の支配下でタペート細胞において発現する。両者は特異的に複合体を形成して BARNASE 蛋白質のリボヌクレアーゼ活性が阻害されるが、植物中のリボヌクレアーゼに対する BARSTAR 蛋白質の阻害作用は報告されていない。これらのことから、本スタック系統において、これら蛋白質が発現しても宿主の代謝系を変化させることはないと考えられた。

以上より、改変 PAT 蛋白質、改変 CP4 EPSPS 蛋白質、改変 GOX v247 蛋白質、BARNASE 蛋白質及び BARSTAR 蛋白質に起因して、本スタック系統中に有害物質が産生されることはないと考えられた。

実際に、MS8、RF3 及び RT73 の有害物質（根から分泌されて他の植物及び土壌微生物へ影響を与えるもの、植物体が内部に有し枯死した後に他の植物に影響を与えるもの）の産生性に関して、後作

試験、鋤込み試験及び土壌微生物相試験等を行った。その結果、RF3 について行った鋤込み試験の経時的調査において、一部調査区に統計学的有意差が認められた。しかし、その他の調査区において統計学的有意差は認められておらず、認められた差も一貫した傾向を示していないことから、RF3 は有害物質の産生性を新たに獲得していないと考えられた。よって、本スタック系統においても、新たに有害物質を産生する可能性は低いと考えられた。

以上より、本スタック系統並びに MS8、RF3 及び RT73 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、当該セイヨウナタネから分離した後代系統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の申請者による結論は妥当であると判断した。

(3) 交雑性

セイヨウナタネと交雑可能な近縁野生種のうち、我が国在来の種はない。したがって、本スタック系統に関して、交雑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。

なお、セイヨウナタネ自身の他にセイヨウナタネと自然交雑可能な近縁野生種のうち、我が国に生育する種は、カラシナ (*B. juncea*)、クロガラシ (*B. nigra*)、アブラナ (在来ナタネ; *B. rapa*)、ダイコンモドキ (*Hirschfeldia incana*)、セイヨウノダイコン (*Raphanus raphanistrum*) 及びノハラガラシ (*Sinapis arvensis*) が知られているが、いずれも外来種であり、影響を受ける可能性のある野生動植物とは特定されない。

以上より、本スタック系統並びに MS8、RF3 及び RT73 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セイヨウナタネから分離した後代系統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。

(4) その他

上記のセイヨウナタネ及び近縁種との交雑に起因して間接的に生物多様性影響評価が生ずる可能性 (交雑により生じた雑種が競合において優位になり、他の野生植物種の個体群を駆逐する可能性、及び交雑により浸透した導入遺伝子の影響により近縁種の個体群が縮小し、それらに依存して生息している昆虫等の野生動植物の個体群の維持に支障を及ぼす可能性) について評価した。その結果、

- ① 本スタック系統の親系統 (RF3 及び RT73) と非組換えセイヨウナタネ等との交雑率を調査した結果、いずれも既往の知見を上回らないか、あるいは差異がないことが確認されていること
- ② セイヨウナタネとこれら外来近縁種との交雑性は低く、仮に本スタック系統が交雑しても、稔性が低い等の理由により雑種が自然環境下で優占種となる可能性は低いこと
- ③ 自然環境下において、除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性並びに稔性回復性により競合における優位性が高まるとは考えにくいこと
- ④ 優性の雄性不稔形質を有する植物は世代を重ねるにつれ集団内から速やかに失われることが報告されていること

等から、本スタック系統がセイヨウナタネや外来近縁種と交雑し、自然環境下で雑種後代が優占化して他の野生植物種の個体群を駆逐する可能性は、宿主品種の属する種であるセイヨウナタネと同様に低いと考えられる。また、

⑤ 改変 *bar* 遺伝子及び *barstar* 遺伝子の両方を有する組換えセイヨウナタネと *B. rapa* の雑種に、除草剤グルホシネートによる選抜を加えつつ *B. rapa* を 3 回戻し交雑して得られた BC3 世代における耐性個体と非耐性個体との比較において、花粉稔性、生存性及び種子生産量に相違は認められなかったと報告されていること

⑥ 仮に *barnase* 遺伝子がプロモーター PTA29 の支配を外れ、植物中で構成的あるいは部位特異的に発現するプロモーターを獲得したとしても、植物体は正常に生育する可能性は低く、当該遺伝子が近縁種の個体群中に広く浸透することは考えにくいこと

等から、導入遺伝子はいずれも外来近縁種の個体群中に浸透し、個体群の維持に影響を及ぼす可能性は低いと考えられた。

以上より、本スタック系統並びに MS8、RF3 及び RT73 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、当該セイヨウナタネから分離した後代系統は交雑に起因して間接的に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 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上を踏まえ、本スタック系統並びに MS8、RF3 及び RT73 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セイヨウナタネから分離した後代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。