

生物多様性影響評価検討会における検討の結果

名称：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、グルホシネート及びジカンバ耐性並びにチョウ目及びコウチュウ目害虫抵抗性トウモロコシ（改変 *cp4 epsps*, *cry1A.105*, 改変 *cry2Ab2*, *cry1Ab*, 改変 *vip3A*, *DvSnf7*, 改変 *cry3Bb1*, 改変 *dmo*, *pat*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (MON87427 × MON89034 × MON810 × MIR162 × MON87411 × MON87419, OECD UI: MON-87427-7 × MON-89034-3 × MON-00810-6 × SYN-IR162-4 × MON-87411-9 × MON-87419-8) 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：日本モンサント株式会社

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、グルホシネート及びジカンバ耐性並びにチョウ目及びコウチュ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。

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。

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、

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)、

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)、

Cry1Ab 蛋白質をコードする *cry1Ab* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性トウモロコシ(MON810)、

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)、

RNAi を誘導する *DvSnf7* 遺伝子断片、改変 Cry3Bb1 蛋白質をコードする改変 *cry3Bb1* 遺伝子及び改変 CP4 EPSPS タンパク質をコードする改変 *cp4 epsps* 遺伝子が導入されたコウチュウ目害虫抵抗性及び除草剤グリホサート耐性トウモロコシ(MON87411)、

改変 DMO 蛋白質をコードする改変 *dmo* 遺伝子及び PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子が導入された除草剤ジカンバ及びグルホシネート耐性トウモロコシ(MON87419)、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。

本スタック系統に導入された害虫抵抗性蛋白質 (Cry1A.105 蛋白質、改変 Cry2Ab2 蛋白質、Cry1Ab 蛋白質、改変 Vip3A 及び改変 Cry3Bb1 蛋白質) は、標的昆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、相互に作用することにより殺虫スペクトラムが標的昆虫を超えて拡がることはないと考えられた。また、害虫抵抗性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予期しない代謝物が生じることはないと考えられた。

DvSnf7 遺伝子断片から産生される転写産物 (RNA) は、コウチュウ目害虫の *DvSnf7* 遺伝子の発現を RNAi 機構によって特異的に抑制するように設計されていることから、宿主の内在性遺伝子に作用して影響を及ぼすとは考えにくく、宿主の代謝系を変化させ予期しない代謝物が生ずることはないと考えられた。

除草剤耐性蛋白質 (改変 CP4 EPSPS 蛋白質、改変 DMO 蛋白質及び PAT 蛋白質) 及び選抜マーカーである PMI 蛋白質は酵素活性を有するが、いずれも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、これらの蛋白質が相互に作用して予期しない代謝物が生ずることはないと考えられた。

このため、これらの蛋白質及び転写産物間においても相互作用が生ずることはないと考えられた。

以上のことから、本スタック系統の植物体内において形質間の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

MON87427

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

MON89034

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

MON810

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=6&ref_no=2

MIR162

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

MON87411

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1780&ref_no=2

MON87419

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1818&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の結論は妥当であると判断した。