
植物バイオテクノロジー報告書

December 2025

バイオテクノロジー研究会



特定非営利活動法人

国際生命科学研究機構

International Life Sciences Institute Japan

International Life Sciences Institute, ILSI は、1978年にアメリカで設立された非営利の団体です。ILSI は、科学的な視点で、健康・栄養・安全性・環境に関わる問題の解決および正しい理解を目指すとともに、今後発生する恐れのある問題を事前に予測して対応していくなど、活発な活動を行っています。現在、世界中の企業が会員となって、その活動を支えています。多くの人々にとって重大な関心事であるこれらの問題の解決には、しっかりとした科学的アプローチが不可欠です。ILSI はこれらに関連する科学研究を行い、あるいは支援し、その成果を会合や出版物を通じて公表しています。そしてその活動の内容は世界の各方面から高く評価されています。アメリカ、ヨーロッパをはじめ各国で、国際協調を目指した政策を決定する際には、科学的データの提供者としても国際的に高い信頼を得ています。特定非営利活動法人国際生命科学研究機構（ILSI Japan）は、ILSI の日本支部として1981年に設立されました。ILSI の一員として世界的な活動の一翼を担うとともに、日本独自の問題にも積極的に取り組んでいます。

まえがき

2025.12

バイオテクノロジー研究会

2025年の植物バイオテクノロジー報告書第4号（通算第72号）をお届けします。

本号のNo.680では、自然に遺伝子組み換えされた植物に対する洞察を通じ、自然か人工かという不明瞭さに依拠した現行のプロセスベースの規制の在り方に疑問を投げかけています。

No.681は、ダイズとツルマメのERAに関する表現型特性について報告しています。

No.682では、遺伝子組み換えナタネの動態把握にミツバチを利用する新たなアプローチについて紹介しています。

No.683は、シロイヌナズナで得られた環境ストレス応答に関する知見がどのように実際の作物に適用されているかを解説しています。

No.684では、ジャガイモの起源がトマトとナス科植物との古代雑種形成にあることを報告しています。

またNo.685では、ゲノム編集に対するオランダ市民の意見の分析結果を報告しています。

なお、これまでの報告書は、以下のURLで閲覧可能です。

<https://ilsi.org/japan/activities/biotechnology/report/>

植物バイオテクノロジー報告書の送付方法には郵送とメール配信の2種類がございます。送付方法の変更、もしくは送付停止を希望される方はILSI事務局（ilsijapan@ilsijapan.org）までご連絡ください。

目次

No.680	自然に遺伝子組換えされた植物とバイオテクノロジーにおける規制の根拠を再考する必要性 Naturally transgenic plants and the need to rethink regulatory triggers in biotechnology	1
No.681	害虫抵抗性バイオテクノロジー形質の有無による野生ダイズと栽培ダイズの種間雑種の表現型特性 Phenotypic characteristics of interspecific hybrids between wild and cultivated soybean with and without insect-protected biotechnology traits	3
No.682	ミツバチが採取した花粉を用いた遺伝子組換えナタネの検出方法 A method for detecting transgenic rapeseed using pollen collected by <i>Apis mellifera</i> L	5
No.683	環境ストレス応答に関する橋渡しの知見：シロイヌナズナから作物植物へ Translational insights into abiotic interactions: From Arabidopsis to crop plants	7
No.684	ジャガイモ系統の塊茎形成と種分化の背景にある古代の雑種形成 Ancient hybridization underlies tuberization and radiation of the potato lineage	9
No.685	遺伝子からガバナンスへ：新ゲノム技術政策論議への市民参画 From genes to governance: Engaging citizens in the new genomic techniques policy debate	11

No.680

Naturally transgenic plants and the need to rethink regulatory triggers in biotechnology

自然に遺伝子組換えされた植物とバイオテクノロジーにおける規制の根拠を再考する必要性

Fernández Ríos *et al.*

2025

Frontiers in Bioengineering and Biotechnology 13:1600610.

DOI: 10.3389/fbioe.2025.1600610

遺伝子組換え技術において「自然」と「人工」の区別は、科学的には明確に線引きできていない。本稿では、この区別の不明瞭さに依拠した現行の規制の問題点を指摘し、“実際に作出された産物の特性とリスクに基づく科学的評価（プロダクトベース評価）”の重要性について論じている興味深い記事であるので紹介する。

- ✓ 遺伝子の水平伝播（Horizontal gene transfer: HGT）は、生命のドメインを超え類縁関係の無い生物間で遺伝子が移動する進化の原動力となってきた現象である。
- ✓ 植物においても、HGTによるゲノムへの外来配列の安定的な組み込み、すなわち自然発生的な遺伝子組換え（naturally occurring Genetically Modified: nGM）が報告されている。
- ✓ 遺伝子組換え作物は、一般に人為的に遺伝子導入されたものとして規制対象となるが、例えばアグロバクテリウム由来の T-DNA が自然に植物に導入されている例があるなど、nGM と人為的 GM との線引きの正当性が問われている。
- ✓ 植物で HGT が成立するには、ある配列が別の生物のゲノムに組み込まれ、かつ次世代に伝達される必要がある。
- ✓ アグロバクテリウムは、自身の DNA の一部（T-DNA）を植物細胞に導入し、それがゲノムに組み込まれることで T-DNA と相同性のある細胞性 T-DNA（cellular-T-DNA: cT-DNA）を持つ nGM 植物が生まれる。
- ✓ cT-DNA には、ホルモン応答や細胞分裂を制御する遺伝子群と、オパイン合成酵素群の 2 種の遺伝子群が含まれており、一部は真核細胞内でも発現可能なプロモーターを持っている。
- ✓ cT-DNA の存在は、*Nicotiana* 属植物で初めて報告されたが、近年の解析により双子葉植物の 5~10%（推定 1 万種）が cT-DNA を含む nGM 植物であるとされている。
- ✓ サツマイモでは、cT-DNA 中の *rol* 遺伝子が形質発現に関与する可能性が報告されている。
- ✓ この記事では、nGM 植物の存在を踏まえた際、規制当局がバイオセーフティ評価の対象となる植物を決定する際に適用する「自然」と「人工」の区別が妥当であるかということに疑問を投げかけている。
- ✓ 従来の遺伝子組換え作物の規制はプロセスベースで行われているが、自然界で HGT が存在する以上は、遺伝子組換え = 人工 = リスクがあり規制が必要、という考え方から、最終的な付与形質とリスクの可能性に着目したプロダクトベースの評価を検討する必要がある。

- ✓ ただし、自然・人工に関わらず、毒性・アレルゲン性・侵略の可能性などのバイオセーフティリスクは同様に評価すべきである。
- ✓ 新育種技術（NBT）を導入しているアルゼンチンやカナダなどでは、新規遺伝子配列がない限り GMO の規制の対象外とするプロダクトベースの運用が行われている。
- ✓ 規制の一貫性や整合性を担保するには、自然・人工の境界の再定義、リスク評価の焦点をプロダクトベースに移した規制の設計を検討すべきである。

（津田麻衣）

**Phenotypic characteristics of interspecific hybrids
between wild and cultivated soybean with and without
insect-protected biotechnology traits**

**害虫抵抗性バイオテクノロジー形質の有無による野生ダイズと栽培ダイズ
の種間雑種の表現型特性**

Stojšin *et al.*

2025

Transgenic Research 34: 24

DOI: 10.1007/s11248-025-00443-y

本論文は、ダイズとツルマメの雑種を対象とした環境リスク評価（ERA）を扱った数少ない文献であり、導入遺伝子と栽培化関連遺伝子の連鎖に関する興味深い知見も示している。押さえておくべき重要な研究と判断し、選定した。

- ✓ *Glycine soja*（ツルマメ）と *Glycine max*（栽培ダイズ）は低頻度に自然交雑し、雑種を形成することが知られている。
- ✓ 遺伝子組換えダイズに導入された害虫抵抗性形質（IP）を有する、ダイズとツルマメの種間雑種に対する環境影響リスク評価（ERA）が課題となっている。
- ✓ ツルマメとダイズの種間雑種やその後代が自然環境にどのような影響を与えるか予測するために、本論文では雑種の形態的・花粉・種子の特性を親系統と比較し、IP形質の有無によってこれら形質に差が生じるかを評価した。
- ✓ ダイズには Bt タンパク質を発現する MON87701 および MON87751 を、ツルマメには韓国および日本由来の 2 系統を用いて F₁・F₂ 世代を作出した。F₂ では導入遺伝子の有無を PCR により同定し、その後 F₃ 世代の種子を得た。
- ✓ 評価対象とした形質には、草丈、開花時期、つる性といった形態的特性に加え、花粉稔性や花粉粒サイズ、種子の発芽性、休眠性、種皮色などが含まれる。これらをもとに、雑種あるいは親の遺伝的背景が形質に与える影響と、それぞれの形質の遺伝分離との関係を検討した。
- ✓ 多くの形質で雑種は中間型の特性を示した。
- ✓ つる性においては、F₁ ではつる性を示すツルマメに近い値を示したが、F₂ ではつる・非つる性の分離がみられた。莖径が栽培ダイズよりも太い雑種個体も確認され、これらがつる性を併せ持つ場合、特定の環境条件下において競合上の優位性を示す可能性がある。
- ✓ F₁ では花粉稔性や莢当たりの種子数はどちらの親よりも値が低くなった。これは、非相同染色体間の染色体交換による部分的な生殖不稔性によるものであると考えられる。平均的には F₂ で F₁ より稔性が高まる傾向が見られたが、個体レベルでは、親と同等の稔性を示すものと F₁ と同程度のものがおおむね 1 : 1 の割合で存在した。
- ✓ 発芽および休眠性をろ紙上で評価すると F₃ 種子は親の中間的な値を示したが、土壌で評価すると雑種の致死率は両親よりも有意に高くなった。さらに、低温で 90 日間処理した種子の発芽

率、休眠性についても、両親の中間的または両親よりも低下し、致死率は上昇傾向にあった。

- ✓ MON87751のIP 遺伝子を持つ雑種では、休眠性が有意に低下した。これは、D1b 連鎖群上に挿入された導入遺伝子が、種子休眠性を短縮化するなどの栽培化関連遺伝子と連鎖、あるいは共分離している可能性があると考えられた。
- ✓ 種皮色については、ダイズの黄、ツルマメの黒に対してF₁、F₂種子では緑色、F₃では緑、黒、茶、黄が9：3：3：1に分離した。これは、種皮色遺伝子の遺伝分離から予想される緑、黒、黄、茶が9：3：3：1となる分離比と異なっていた。また緑や茶の中でも色の濃さや質感（ひび割れの有無など）にばらつきが見られた。これらの結果から、種皮色や色素沈着に関連するI 遺伝子座とT 遺伝子座の間に遺伝子間相互作用（エピスタシス）があるか、または不完全優性が生じている可能性が考えられた。
- ✓ 黒色種皮のF₃種子の休眠性は、その他の色の種子よりも有意に高かった。なお、種皮色は種子の休眠性と関連しており、ダイズの栽培化の過程で硬い種子に対する淘汰は黒色から黄色の種皮への変化が起きたことが知られている。
- ✓ これらのことから、IP 形質そのものが影響する可能性は低いが、導入遺伝子の挿入座位が栽培化関連遺伝子と連鎖することで雑種の形質に影響する可能性が示唆された。

本論文から、雑種が自然界において継続的に生存・繁殖しうるかについては、交雑率が極めて低く、F₁が不稔性を示すことなどから、長期的な定着リスクは限定的であると推定される。一方で、特定の環境条件や世代の進行によって、例えば「つる性を有し、茎が太く、かつBtタンパク質を発現する」などの複数の形質を併せ持つ個体が発現する可能性も否定できず、このような個体がERAにおいて新たなリスク要因となりうる点には留意が必要であろう。IP 形質に関連し、交雑可能な近縁野生植物が存在するERAにおいては、定量的なリスク評価に加え、形質の変異幅を考慮した質的側面からの評価も含めた、より多面的なアプローチが求められる。そのためには、雑種における表現型の多様性や遺伝分離のダイナミクスを把握し、各形質の環境適応性や競争力について理解を深めること、さらに自然交雑率や雑種の稔性・種子形成能力に関する知見を蓄積することが不可欠である。

(津田麻衣)

No.682

A method for detecting transgenic rapeseed using pollen collected by *Apis mellifera* L

ミツバチが採取した花粉を用いた遺伝子組換えナタネの検出方法

Yuan *et al.*

2025

Transgenic Research 34:18.

DOI: 10.1007/s11248-025-00438-9

遺伝子組換え (Genetically Modified: GM) 作物のほ場から花粉を採取したハチを用いて植物の動態を推定するという本論文で提案されている手法は、遺伝子組換え作物の栽培の無い日本では実際に利用する場面は限られるが、蜂の動態による結果の偏りなど検討すべき部分はあるが、従来の植物サンプリングに比べて効率的にジーンフローを推定できるアプローチであり知見として把握しておく価値があると考え、今回選定した。

- ✓ ミツバチ (*Apis mellifera* L.) が自然環境中で集める花粉を通じて、遺伝子組換え作物、特に遺伝子組換えナタネの有無を検出する新しい環境モニタリング手法の有効性が提案された。この方法は、従来の植物体からの直接サンプリングに比べ、より広域的かつ非侵襲的に情報を収集できる可能性を持つ。
- ✓ 本研究では、リアルタイム定量 PCR (qPCR) 法を用いて、採取した花粉中に含まれる遺伝子組換え由来の配列、具体的には CaMV35S プロモーター、*Bar*、*NPTII*、*HPT* といった代表的な GM マーカーの検出を試みた。これにより、花粉を介した GM 成分の定量的評価が可能となる。
- ✓ 調査では、GM ナタネの栽培圃場から異なる距離 (100~1100 m) に設置した複数の巣箱から花粉を採取し、距離による GM 成分の検出感度の違いを評価した。その結果、圃場に近い 100~200 m 圏の巣箱で採取された花粉では、ターゲット遺伝子の発現レベルが高く、GM 成分の濃度が高い傾向が明確に示された。
- ✓ 加えて、圃場からの方角によっても検出結果にばらつきが見られ、北東方向に配置された巣箱で最も多くの GM マーカーが検出された。この結果は、風向 (本試験では主に北東風) や蜜源植物の空間分布が、ミツバチの飛行経路および採取対象に影響を与えている可能性を示唆している。
- ✓ ミツバチが採取する花粉はナタネ由来のみに限らず、多種多様な植物からの混合物である。そのため、qPCR による GM 成分検出の精度を向上させるには、ナタネ特有の色 (黄色) を基準に花粉の選別を行う工程が重要である。
- ✓ 本研究では、色選別した花粉から DNA を抽出し、TaqMan プローブ法による qPCR を実施することで、GM 成分の定量的な検出が可能であることを示した。この方法により、混合花粉中でも目的の GM 成分を高感度に検出できる。
- ✓ 14か所すべての巣箱で GM マーカーが検出されたことから、GM ナタネの花粉が広範囲に拡散

している可能性が示唆された。特定の GM ナタネ圃場の存在を明らかにできるとともに、周辺環境への影響の監視にも応用が可能である。

- ✓ ミツバチを用いた花粉モニタリング手法は、植物自体を採取する必要がないため、非侵襲性が高く、かつミツバチの行動範囲（半径数 km）を活用することで広域情報が一括して得られるという利点を持つ。
- ✓ また、複数地点での葉のサンプリングに比べて、1つの巣箱で得られる情報密度が高く、検出感度にも優れているため、効率的かつ現実的な GM 作物監視手法として注目される。
- ✓ ただし、飛行距離・採花圧・蜜源の競合などの環境因子や、設置場所の開放性、周囲の植生状況によって検出結果が大きく左右される可能性があるため、これらの変数を制御・補正する手法の確立が求められる。
- ✓ ミツバチの花粉採取経路は、蜜源植物の分布や気象条件（気温・風向・湿度）によって大きく変動するため、観測結果を正しく解釈するには、気象データや植生マップとの統合解析が必要である。
- ✓ さらに、採取された花粉がどの圃場由来であるかを正確に特定することは難しく、位置情報の精度という点では限界がある。この課題を補うためには、複数巣箱による空間分布解析や、同時期の現地観察との併用が望ましい。
- ✓ 将来的には、巣箱位置の標準化、採取期間の最適化、定期的な試料処理体制の整備を行うことで、花粉モニタリングを公的な環境監視ツールとして活用できる可能性がある。
- ✓ 政府主導で標準的なモニタリングプロトコルを策定し、養蜂業者との連携や、地方自治体との協力体制を確立することで、全国規模の監視ネットワークの構築が可能になると考えられる。
- ✓ GM 作物の拡散を効果的に監視・制御するためには、花粉モニタリングに加えて、圃場の定点観測、輸入種子・飼料の検査など、複数の手法を組み合わせた包括的なリスク管理体制が必要である。
- ✓ 本研究は、農業生態系における GM 作物の動態把握に対して、ミツバチを利用するという新たなアプローチを提示した点で意義深く、今後の応用展開が期待される。

(津田麻衣)

No.683

Translational insights into abiotic interactions: From Arabidopsis to crop plants

環境ストレス応答に関する橋渡しの知見：シロイヌナズナから作物植物へ

Roeder AHK *et al.*

2025

Plant Cell 37: koaf140

DOI: 10.1093/plcell/koaf140

米国、中国、アルゼンチン、フランス、オランダ、スペインの研究者による総説論文。気候変動が進行する中、作物の環境ストレス耐性の強化は食料生産の安定に不可欠である。本総説では、シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) で得られた知見が、どのように実際の作物に応用されているかを、寒冷ストレス、低酸素応答、光シグナル、開花調節、窒素利用効率、乾燥耐性、宇宙栽培の観点から解説している。

1) 寒冷・凍結ストレス応答

シロイヌナズナで同定された DREB1/CBF 転写因子群は、低温で速やかに誘導され、低温応答性遺伝子群の発現を促す。この調節ネットワークはイネやトウモロコシなどの作物でも保存されており、種間での分子機能の違いも明らかになっている（一部種間の相違あり）。また、寒冷耐性に関わる自然変異も同定されており、ゲノム編集のターゲットとして注目されている。

2) 低酸素ストレス応答

洪水や土壌の圧密化による低酸素条件への応答には、シロイヌナズナで同定された Arg/N- デグロン経路が中心的な役割を果たしている。Arg/N- デグロン経路とは、酸素依存的に ERFVII 転写因子を分解する経路で、この経路の制御因子はオオムギ・トウモロコシ・コムギ・ダイズなどでの洪水耐性強化に活用されている。また、この経路は発生過程での低酸素応答（例：根分岐、頂端分裂組織の調節）にも関与している。

3) 光シグナル応答と開花時期

植物は、別の植物の日陰にならないように回避する日陰回避反応 (shade avoidance) を示す。シロイヌナズナでの研究により、この反応に係る受容体とし PHYB や CRY1 などが同定された。これらの遺伝子の過剰発現は日陰回避反応を抑制し、作物（ジャガイモ、トウモロコシ、ダイズ）の密植条件下での収量を向上した。また、開花時期の調節に関与する *GIGANTEA*・*ELF3*・*PRR7* などの遺伝子もシロイヌナズナでの知見が橋渡しされ、作物の地域適応や栽培時期の調整に活用されている。

4) 窒素利用効率

シロイヌナズナの硝酸輸送体 NRT1.1 や NLP ファミリー転写因子に基づき、イネの *NRT1.1B* などの同義遺伝子が同定・改変され、高収量かつ窒素利用効率の高い系統が開発されている。さらに、窒素再配分、根系構造、オートファジー経路 (ATG8) などの知見もシロイヌナズナ研究から得られたものが、作物改良への応用が進められている。

5) 乾燥ストレス応答

シロイヌナズナでは多くの乾燥応答遺伝子が同定されているが、それらの多くは過剰な保護応答を引き起こし、成長や収量に悪影響を及ぼすことが多い。そこで、現在では、根系の構造や木部構造と伝導性の改良、アクアポリンの活性調整、気孔密度の低減のような形質に注目した育種戦略が提案されている。これらの分子制御は、シロイヌナズナでの解析を基に、イネやオムギ、トマト、ソルガムなどに応用されている。

6) 宇宙での植物栽培

宇宙環境下における植物生育は極めて多様なストレスが存在するため、シロイヌナズナによる国際宇宙ステーションでの研究は、将来の宇宙農業に向けた重要な基盤となっている。

7) 総括

シロイヌナズナで得られた環境ストレス応答の知見は、作物における耐性育種や環境適応性の向上に広く応用されている。ただし、種特異的な調節機構や成長 - 防御のトレードオフなど、課題も残されており、今後は AI やゲノム編集技術の活用により、より精密で環境に適応した作物の開発が期待される。

(小口太一)

Ancient hybridization underlies tuberization and radiation of the potato lineage

ジャガイモ系統の塊茎形成と種分化の背景にある古代の雑種形成

Zhang Z *et al.*

2025

Cell 188, 1-17

DOI: 10.1016/j.cell.2025.06.034

中国、米国、英国、カナダの大学・公的研究機関の研究者による原著論文。ジャガイモ (*Solanum tuberosum* L.) は、世界で3番目に重要な主食作物である。ジャガイモは塊茎という特徴的な器官を形成するが、その進化的起源は不明だった。本研究では、ジャガイモ系統 (Petota) の起源が、トマト系統 (Tomato) と同じくナス科の *Etuberosum* 系統との古代雑種形成に由来し、その遺伝的再構成によって塊茎形成が可能になったことを明らかにした。

1) Petota ゲノムの系統的不一致

まず、Petota、Tomato、*Etuberosum* を含む27種のナス科植物のゲノムの比較から、Petota と Tomato および *Etuberosum* との間には広範な系統的不一致 (phylogenetic discordance) が確認された。このことは、Petota が Tomato および *Etuberosum* の古代の雑種形成によって生じたことを示唆した。そこで、Petota 101種、Tomato 15種、*Etuberosum* 9種、および外群3種の計128種について、全ゲノム解析をおこない、比較したところ、Petota は約860万年前に Tomato と *Etuberosum* の間の古代雑種形成によって誕生したことが明らかとなった。また、全ての Petota 種が一貫した割合で両親系統の遺伝子を保持しており、単一の古代雑種形成イベントが全系統の起源にあることが明らかになった。

2) Petota における塊茎形成の遺伝的基盤

Petota が持つ最も特異な形質である「塊茎形成」の進化的基盤を解明するために、両親系統に由来する正の選択遺伝子 (PSGs) を調査したところ、Tomato 由来の SP6A、*Etuberosum* 由来の IT1 など、複数の重要な遺伝子が塊茎形成に深く関与していたことが分かった。また、CRISPR による遺伝子破壊実験では、これらの遺伝子が欠損すると塊茎が形成できなくなることが示され、この形質が親系統の遺伝子のモザイク的継承によって進化したことが実証された。

3) Petota の急速な種分化と環境適応

Petota は Tomato や *Etuberosum* に比べて最も高い種分化率を示し (約0.53種/Myr (百万年))、さらに寒冷・乾燥・高地など多様な環境への適応性も高かった。RNA-seq 解析により、Petota は *Etuberosum* と似た寒冷応答を示し、Tomato とは異なる環境適応を遂げていることがわかった。これは、雑種形成により獲得した新しい遺伝子組み合わせが、生態的多様化を可能にし、適応的放散 (adaptive radiation) を促進したことを示唆する。

4) 総括

Petota は、約800万~900万年前にトマトと *Etuberosum* の古代雑種として誕生し、両系統由来

の遺伝子の組み合わせによって塊茎という進化的に重要な形質を獲得したことが明らかとなった。これにより、栄養繁殖と高地適応が可能となり、結果として大規模な種分化と生態的放散が促進された。この事例は、雑種形成が単に遺伝的多様性の混合をもたらすだけでなく、新たな形質進化の起源となり得ることを示す好例であり、進化生物学上の重要な意義を持つ。また、作物進化の理解や新たな育種技術にも応用が期待される。

(小口太一)

From genes to governance: Engaging citizens in the new genomic techniques policy debate

遺伝子からガバナンスへ：新ゲノム技術政策論議への市民参画

Habets MGJL and Macnaghten P

2025

Plants People Planet 7:1149-1164

DOI: 10.1002/ppp3.10626

オランダの大学・公的研究機関の研究者による報文。本報告では、欧州で検討が進む、新ゲノム技術（NGT）への規制提案に関する政策議論について、オランダ市民の意見を収集・分析した。

1) 背景

欧州では、今後のバイオテクノロジー由来植物に関して、2023年7月の欧州委員会によるNGT規制提案をたたき台に政策議論が進んでいる。本提案では、CRISPR-Cas9などの技術発展を受け、NGT製品をカテゴリー1（軽微な変異導入）とカテゴリー2に分け、カテゴリー1はリスク評価・表示義務を免除するなど、大幅な規制緩和を進める方針である。一方で、欧州議会は2024年全NGT製品の表示義務や特許禁止、除草剤耐性品種の除外などを盛り込んだ修正案を可決した。

2) 目的

オランダ市民がNGTや従来型GM作物をどう見ているかを調査し、その懸念や期待、適切なガバナンスの条件を探る。消費者ではなく「市民」としての視点を重視し、政策形成への知見提供を目指す。

3) 方法

APEFG（予測的市民参加フォーカスグループ）法を用い、6回の討論会（各2.5～3時間）を実施。参加者はテーマを事前に知らされず、食や農業への考え方→GM/GE技術→規制案の順に議論。多様な職業・価値観を持つ市民を募集し、録音・逐語記録を分析した。

4) 主な結果

- ①食・農業観：多くが自然で健康的な食材や地産地消を好み、工業化・通年流通への批判も多い。農業の持続可能性や価格・公正さに関心が高く、大企業や市場構造への不信感が強い。技術は必要だが、生物そのものの改変には慎重であるべきとの意見が目立った。
- ②GM作物観：GM技術の具体的内容はあまり理解されていないが、「モンサント」「自然への冒涇」「危険」など否定的連想が多い。利点（収量増、病害抵抗）も理解はされているが、実際には企業利益優先で社会課題解決にはつながりにくいとの見方。欧州の慎重な規制姿勢を肯定。
- ③NGT作物観：NGTはGMと本質的に同じとみなし、「名前を変えただけ」という認識が多数。技術自体への興味はあるが、商業目的（例：GABAトマト）や表層的ニーズ対応には批判的。「自然らしさ」の喪失や予期せぬ影響への懸念が強い。

④規制観：NGT を GMO 規制から除外することには全員が反対。必要な条件として、安全性評価、表示義務、市場原理だけでなく社会的有用性の確保を挙げる。ノルウェー型の「段階的規制モデル」に原則賛成だが、倫理や社会的有用性の判断基準の設定は難しいとの意見。

5) 総括

オランダ市民は、現行 EC 案（カテゴリー 1 の免除など）には反対し、欧州議会の修正案（特許禁止・表示義務）は賛成派が多い。市民は、科学者が想定する「潜在的利点」に比べ、社会的文脈・利害構造・公正さを重視する傾向がある。政策形成には、市民参加の強化と、技術的有用性だけでなく社会的影響評価を組み込むことが必要である。

(小口太一)

植物バイオテクノロジー報告書

2025年12月 印刷発行

特定非営利活動法人
国際生命科学研究機構 (ILSI JAPAN)

理事長 宮澤陽夫

〒135-0004東京都江東区森下3-13-5

グローバルビル5F

TEL 03-6284-0877

FAX 03-6284-0878

<https://ilsj.org/japan/>