

# 日本における遺伝子組換え作物 の生物多様性影響評価(ERA)

- 1, 日本におけるERAシステム
- 2, 害虫抵抗性ダイズのERA(抜粋)

佐藤 忍

筑波大学・生命環境系

生物多様性影響評価検討会

農作物分科会座長(当時)

# 1, 日本におけるERAシステム

# ERA検討会における第一種使用の評価のフロー

(第一種使用: 隔離圃場、一般使用)

実験室または温室でのデータ

(日本または海外での試験)



評価



日本における隔離圃場試験

(トウモロコシ・ワタでは使用例のある形質

に関して省略可: 2014～・2019～)



隔離圃場でのデータ



評価



国内栽培または輸入(加工・飼料用)を目的とした使用

# 評価の基本コンセプト

- 科学的

- ① 査読付き論文の情報

- ② 申請者による 当該GM作物に関するデータ

- イベント毎 (≠ 導入遺伝子) : 挿入位置の影響

- 交配後代は承認に含まれる

- (異なるGMO間のスタックラインを除く)

# スタックGM作物のERA

= GMO間の従来育種法によるハイブリッド

\* スタックされた形質(遺伝子)間での相互作用の有無を論理的に検証

無し: 追加の(隔離圃場)試験なしに、両親の評価情報でERA

有り: 当該スタックGMOを用いた隔離圃場試験の結果でERA

# 第一種使用承認のカテゴリー (隔離圃場使用を除く)

1. 国内栽培を目的とした使用(日本中どこでも)
2. 輸入を目的とした使用(加工、飼料用)
  - a. 「栽培を含む使用」の認可 (ex. トウモロコシ)
    - 宿主作物の商業栽培が行われている(農水省作物統計等を参照)
    - 栽培用輸入種子への微量混入の可能性がある
  - b. 「栽培を除く使用」の認可 (ex. ワタ)
    - 宿主作物の商業栽培が行われていない(農水省作物統計等を参照)
    - 商業栽培が行われている場合であっても、栽培用種子に混入する可能性が低い

# GM作物の評価項目

- A) 交雑性
- B) 競合における優位性(雑草性等を含む)
- C) 有害物質の産生性(米国では行われていない)

- ・植物(アレロパシー) : 鋤き込み試験、後作試験
- ・微生物相: 残土中に存在する微生物の寒天培地上での培養→真菌、細菌、放線菌の数  
(メタゲノム解析は求めている)
- \* ある程度(数倍)の変化は通常環境における振れの範囲と解釈

# 日本における評価のポイント

## ▪ ERAの第一ステップ

GMOによって影響を受ける可能性のある

### 野生生物の特定

\*野生生物：日本自生または概ね明治元年より前に導入された「作物以外の」種

(= イネは含まれない)

▪ 生物多様性の3つのレベル

\* エコシステムの多様性

\* 各エコシステムにおける種の多様性

\* 各種における遺伝的多様性



# 野生集団への遺伝子移入の影響（遺伝子浸透）

- ・交雑種が**低頻度**に留まる

- \* 自然環境において適応度を上げない形質  
(ex. 除草剤抵抗性)

- **無害と判断**

- ・交雑種が野生集団中で**増加する**

- \* **適応度を上げる**形質

- (ex. 耐病性、害虫抵抗性、乾燥耐性)

- 野生集団中の**遺伝的多様性を減少**させる

- **有害と判断**

# 宿主と導入形質の組み合わせと日本の生物多様性に及ぼすと想定される影響

宿主	日本において交雑可能な自生植物が存在する(ex. <b>ダイズ</b> )
導入形質	<b>適応度を上げる</b> (生物的/非生物的ストレス耐性など)
想定される「生物多様性に対する影響」 (Assessment Endpoint)	GM作物と自生植物の交雑種が自生植物の <b>野生集団中に広がる</b> → <b>集団の遺伝的多様性を減少させる</b>

**キク**: 野生キクと栽培キクは**交雑種が生育する**(墓地周辺など)ので、**不稔系統の品種**を宿主にして開発中(組換えによる不稔化はサイレンシングの懸念)。

**セイヨウナタネ**: 在来ナタネ(アブラナ)やカラシナは「**カルタヘナ法での野生生物**」とは考えられない。交雑の報告例は少ないが、①**雑種後代が優占化し**、その他の野生生物の**個体群を駆逐する可能性**、②**交雑により浸透した導入遺伝子が負担**となり、交雑した**近縁種の個体群が縮小**されることで、これら**近縁種に依存して生息する昆虫**などの野生生物の個体群に影響が生じる可能性が考えられる。

**シバ**: 雑草性を有し(自然/人工)環境中には**びこる(制御不能になる)可能性**がある。交雑可能な自生種が存在する場合があります、開発・利用は停止中。

## 2, 害虫抵抗性ダイズのERA(抜粋)

# ①害虫抵抗性(Bt)ダイズのERA

*cry1Ac, Glycine max* (L) Merr.

(MON87701, OECD UI : MON-87701-2)

モンサント社より2010年3月に「栽培を含む  
使用」の申請(それまでの通常の申請)

- ・Btタンパク質 : *Bacillus thuringiensis* 由来の殺虫タンパク質
- ・*cry1Ac* の標的 : 鱗翅目昆虫(蛾)
- ・MON87701の使用目的 : 加工・飼料用の輸入

輸送時のこぼれ落ちと栽培用種子への微量混入  
を懸念した通常の「栽培を含む使用」のERA

# Btダイズの「栽培を含む使用」に対する ERA(ハザード評価)の結論

1. ダイズとツルマメの交雑率は大変低く (< 1%)、ハイブリッドは ツルマメの野生集団から1~2世代で消失する
2. 鱗翅目昆虫による食害は低い(鞘と種子の生産を減少させる閾値よりはるかに低い) しかし、より被害を受けやすい芽生え期の観察はなされていない
3. 日本においては「輸入のみの目的」でも、輸送時のこぼれ落ちを懸念し、「栽培を含む使用」の認可が必要
4. 日本において「栽培を含む使用」の認可は通常、場所と期限の制限を設けていない
5. 遺伝子浸透のリスク評価のための長期にわたる隔離圃場試験は、現時点での規制システムでは極めて困難(Btダイズとツルマメの隔離圃場における同時栽培は認可されていないので)
6. あらゆる栽培状況において遺伝子浸透が起こらないことを示すのは現状では困難

ハザードの評価のみでは「栽培を含む使用」は認可できない

\* 評価を「**輸入のみの使用**」に変更するため、  
**Exposure Level (暴露レベル) の評価を含む新しい**  
**ERAシステム**を導入 → **遺伝子浸透のリスクを理解**



モンサント社より2012年7月に「**輸入のみの使用**」の申請  
cry1Ac, Glycine max (L) Merr.(MON87701, OECD UI : MON-87701-2)

## ② Btダイズの「**輸入のみの使用**」に対するERA

- 食品用ダイズはバッグで運搬されるが、飼料用ダイズはbigbox truckで輸送→  
**こぼれ落ち**
- 農水省は**輸入港から5 km以内**において輸送中に路傍にこぼれ落ちた種子から育った**ダイズ植物の個体数**を調査
- こぼれ落ち種子数の最大値見積り**のための**輸送経路の特定**
- こぼれ落ちダイズとツルマメの**生育の可能性を推定**するための**路傍環境のGIS サーベイ**
- 荷揚げ港から内陸の飼料工場までの路傍に沿って野生ツルマメ集団において**生じるハイブリッド種子数の最高値**を推定

# Btダイズ交雑種子数の推定(最高値)

1, 推定される交雑種子数の最高値 = 0.75個

2, 次世代の種子を生じる交雑種子の

割合(最高値) = 0.20 %

(488交雑種子から1 植物体が生じる\*\*)

\*\*Estimation using data from Mizuguti (2009)

3, 次世代の種子を生じる交雑種子数(最高値)

= 0.0015個 (0.75 x 0.002)

Btダイズハイブリッド種子数(最高値)推定のためのファクター

1, 輸送中にトラックからこぼれ落ちる種子数: 5 km毎に50 %減少

2, 路傍に沿ってこぼれ落ち種子の生育する可能性: 5~100 %

(GISによる路傍の状態に依存)

3, 交雑種子の生じる可能性(最高値): 6.25 % (Mizuguti et al. 2009から)


# 「輸入のみの使用」の評価の結論

- 1, ツルマメ野生集団におけるBt遺伝子の**遺伝子浸透**のリスクは**極めて低く**、リスクは受容可能
- 2, Btダイズの「**栽培を含まない輸入のみの使用**」は承認可能

「輸入のみの使用」に対する**日本における暴露量を考慮した新タイプのERA**のもと2013年2月に承認

\* Btダイズとツルマメの**モニタリングが義務付け**

\* その後のモニタリング結果を踏まえて、**2019年からモニタリングを省略**



他作物の輸入目的の利用に関しても、**リスク=ハザード(有害性) × 暴露量**の考え方をベースとしたERAを、より進めていってはどうか？



COI Disclosure Information

筑波大学 生命環境系

教授 佐藤 忍

I have no financial relationships to  
disclose