

組換え DNA 技術応用飼料の安全性確認

除草剤ジカンバ耐性セイヨウナタネ
MON94100 系統

令和 3 年 9 月 6 日
農林水産省消費・安全局
畜水産安全管理課

目次

I	はじめに.....	3
II	確認対象飼料の概要.....	3
III	審議内容.....	3
	1 生産物の既存のものとの同等性に関する事項.....	3
5	(1) 遺伝的素材に関する事項.....	3
	(2) 家畜等の安全な飼養経験に関する事項.....	3
	(3) 飼料の構成成分等に関する事項.....	3
	(4) 既存種と新品種との使用方法の相違に関する事項.....	4
	2 組換え体の利用目的及び利用方法に関する事項.....	4
10	3 宿主に関する事項.....	4
	(1) 学名、品種、系統名等の分類学上の位置付けに関する事項.....	4
	(2) 遺伝的先祖に関する事項.....	4
	(3) 有害生理活性物質の生産に関する事項.....	4
	(4) 寄生性及び定着性に関する事項.....	5
15	(5) ウイルス等の病原性の外来因子に汚染されていないことに関する事項.....	5
	(6) 自然環境を反映する実験条件の下での生存及び増殖能力に関する事項.....	5
	(7) 有性生殖周期及び交雑性に関する事項.....	5
	(8) 飼料に利用された歴史に関する事項.....	5
	(9) 飼料の安全な利用に関する事項.....	5
20	(10) 生存及び増殖能力を制限する条件に関する事項.....	6
	(11) 近縁種の有害生理活性物質の生産に関する事項.....	6
	4 ベクターに関する事項.....	6
	(1) 名称及び由来に関する事項.....	6
	(2) 性質に関する事項.....	6
25	(3) 薬剤耐性に関する事項.....	6
	(4) 伝達性に関する事項.....	7
	(5) 宿主依存性に関する事項.....	7
	(6) 発現ベクターの作成方法に関する事項.....	7
	(7) 発現ベクターの宿主への挿入方法及び位置に関する事項.....	7
30	5 挿入遺伝子に関する事項.....	7

	(1) 供与体に関する事項.....	7
	(2) 遺伝子の挿入方法に関する事項.....	10
	(3) 構造に関する事項.....	10
	(4) 性質に関する事項.....	10
35	(5) 純度に関する事項.....	11
	(6) コピー数に関する事項.....	11
	(7) 安定性に関する事項.....	11
	(8) 発現部位、発現時期及び発現量に関する事項.....	11
	(9) 抗生物質耐性マーカー遺伝子の安全性に関する事項.....	12
40	(10) 外来のオープンリーディングフレームの有無並びにその転写及び発現の可能性に関する事項.....	12
	6 組換え体に関する事項.....	12
	(1) 組換えDNA操作により新たに獲得された性質に関する事項.....	12
	(2) 遺伝子産物の毒性に関する事項.....	12
45	(3) 遺伝子産物の物理化学的処理に対する感受性に関する事項.....	12
	(4) 遺伝子産物の代謝経路への影響に関する事項.....	12
	(5) 宿主との差異に関する事項.....	13
	(6) 外界における生存及び増殖能力に関する事項.....	13
	(7) 生存及び増殖能力の制限に関する事項.....	13
50	(8) 不活化法に関する事項.....	13
	(9) 外国における認可等に関する事項.....	13
	(10) 作出、育種及び栽培方法に関する事項.....	14
	(11) 種子の製法及び管理方法に関する事項.....	14
55	7 2から6までに掲げる資料により飼料の安全性に関する知見が得られていない場合は、次に掲げる試験のうち必要な試験の成績に関する事項.....	14
	IV 審議結果.....	14
	V 参考文献及び参考資料.....	14

「除草剤ジカンバ耐性セイヨウナタネ MON94100 系統」に係る安全性確認

I はじめに

60 除草剤ジカンバ耐性セイヨウナタネ MON94100 系統（以下「MON94100 系統」という。）について、令和 3 年 5 月 26 日付けで遺伝子組換え飼料としての安全性確認の申請があったことから、「組換え DNA 技術応用飼料及び飼料添加物の安全性に関する確認の手続」（平成 14 年 11 月 26 日農林水産省告示第 1780 号）に基づき審議を行った。

65 II 確認対象飼料の概要

飼料名：除草剤ジカンバ耐性セイヨウナタネ MON94100 系統

性 質：除草剤ジカンバに耐性を持つ。

申請者：バイエルクロップサイエンス株式会社

開発者：バイエルグループ

70

MON94100 系統は、セイヨウナタネのキャノーラ品種 65037 に改変 *dmo* 遺伝子を導入し作成された。この遺伝子により改変 MON94100 DMO たん白質を発現しており、除草剤ジカンバに対する耐性が付与されている。栽培において効果的な雑草防除を可能とすることが目的である。

75 MON94100系統と非組換えキャノーラ品種を比較したところ、遺伝子組換え技術を用いて付与されたこれらの性質を除き、差異は認められなかった。

III 審議内容

1 生産物の既存のものとの同等性に関する事項

80 (1) 遺伝的素材に関する事項

MON94100 系統の宿主は、アブラナ科 (*Brassicaceae*)、アブラナ属 (*Brassica*) に属するセイヨウナタネ (*Brassica napus* L.) のキャノーラ品種 65037 である。

MON94100 系統には、除草剤ジカンバに対する耐性を付与するため改変 *dmo* 遺伝子が導入されている。詳細は 5 (1) に記載の通り。

85

(2) 家畜等の安全な飼養経験に関する事項

1970 年代後半に、低エルシン酸かつ低グルコシノレートのキャノーラ品種がカナダで品種改良されてから、キャノーラ品種は油糧原料として広く用いられている。家畜の飼料としては、種子から油を搾油した後の油かすが利用される。

90

(3) 飼料の構成成分等に関する事項

MON94100 系統及び非組換えキャノーラ品種の構成成分等の分析値及び文献

値は明らかとなっており、比較が可能である。

95 (4) 既存種と新品種との使用方法の相違に関する事項

MON94100 系統は、導入された改変 *dmo* 遺伝子により除草剤ジカンバへの耐性を獲得しているため、除草剤ジカンバを散布しても影響を受けずに生育することができる。このことを除いては従来のキャノーラ品種と使用方法に相違はない。

100 (1) ～ (4) により、MON94100 系統の飼料としての安全性評価においては、非組換えキャノーラ品種との比較が可能であると判断された。

2 組換え体の利用目的及び利用方法に関する事項

105 MON94100 系統は、キャノーラ品種栽培時における効果的な雑草防除を目的として作出された。

3 宿主に関する事項

(1) 学名、品種、系統名等の分類学上の位置付けに関する事項

110 宿主は、アブラナ科 (*Brassicaceae*)、アブラナ属 (*Brassica*) に属するセイヨウナタネ (*B. napus* L.) のキャノーラ品種 65037 である。

(2) 遺伝的先祖に関する事項

115 セイヨウナタネ (*B. napus*) は、アブラナ科アブラナ属の *Brassica rapa* L. (在来ナタネ、カブ、ハクサイ等) とキャベツなどが属する *Brassica oleracea* L. との交雑の結果できた複二倍体種である (OECD, 2012)。キャノーラ品種は、エルシン酸やグルコシノレートといった有害物質の含有量を低く抑えたブランド品種である (OGTR, 2008; OECD, 2011)。

(3) 有害生理活性物質の生産に関する事項

120 セイヨウナタネの有害生理活性物質として、エルシン酸、グルコシノレート、フィチン酸、シナピン、タンニンが知られている。エルシン酸含量の多い油を多量に摂取すると心機能障害を起こす可能性があり、グルコシノレートには甲状腺肥大作用がある。フィチン酸は、動物のミネラル吸収量を減少させる。シナピンは、辛味及び苦味を与えるアルカロイドである。タンニンは、たん白質や炭水化物の消化を抑制する。

125 エルシン酸及びグルコシノレートについては、キャノーラ品種においては精油中のエルシン酸含量が 2% 未満、グルコシノレート含有量が油かす 1 g 当たり 30 μmol 未満であることが規定されている (OECD, 2011)。

130 その他の有害生理活性物質についてもキャノーラ品種と含有量は変わらなかった。

(4) 寄生性及び定着性に関する事項

 セイヨウナタネは種子植物であり、家畜等に対する寄生性及び定着性は知られていない。

135

(5) ウイルス等の病原性の外来因子に汚染されていないことに関する事項

 セイヨウナタネに感染する病害には根朽病、菌核病、根こぶ病等がある(NDSU, 2005; Boyles et al., 2009)が、これらが家畜に対する病原性因子となることは知られていない。

140

(6) 自然環境を反映する実験条件の下での生存及び増殖能力に関する事項

 セイヨウナタネは道路沿いや空き地等で生育が可能であることが知られており、わが国でも北海道や本州の河原や線路沿いで群生が確認されている(清水ら, 2001; 中井, 2003)。また、セイヨウナタネの輸入港周辺で運搬時のこぼれ落ちが原因と考えられる生育が報告されている(国立研究開発法人国立環境研究所, 2018; 農林水産省, 2018)。しかし、セイヨウナタネは自然環境下では多年生草本と競合し自

145

生化することは困難であることが知られている(OECD, 1997)。

(7) 有性生殖周期及び交雑性に関する事項

150

 セイヨウナタネは自家不和合性を持たず自家受精するが、部分的には他殖も行われる(OECD, 2012)。セイヨウナタネの同一ほ場内における他殖率は平均で20~40%で、主として開花時の環境条件によって著しく異なる(OECD, 2012)。

 日本におけるセイヨウナタネと交雑可能な近縁外来種として、*B. rapa* (アブラナ)、*B. juncea* (カラシナ、タカナ等)、*B. nigra* (クロガラシ)、*Hirschfeldia incana* (ダイコンモドキ)、*Raphanus raphanistrum* (セイヨウノダイコン) 及び *Sinapis arvensis* (ノハラガラシ) が挙げられる(OECD, 2012)。

155

(8) 飼料に利用された歴史に関する事項

160

 カナダにおいて低グルコシノレート、低エルシン酸のキャノーラ品種が開発され、1970 年以降広く利用されるようになった。飼料としては、食用油として種子を搾油した後の油かすが利用されている(OGTR, 2008)。

(9) 飼料の安全な利用に関する事項

 キャノーラ品種の開発により、ナタネ油粕における有害生理活性物質であるエル

165 シン酸及びグルコシノレートの量は低量である。その他にセイヨウナタネは、フ
ィチン酸、シナピンを産生することが知られているが、家畜の生育に有害と考え
られるレベルの産生性は知られておらず、飼料として安全に利用されている。

(10) 生存及び増殖能力を制限する条件に関する事項

170 セイヨウナタネは種子繁殖する一年生植物であり、花芽分化、抽苔及び開花に至
るために変温条件が必要である。低温要求度が低い春播き品種と、低温要求度が
高い秋播き品種があり (Brown et al., 2008)、一般に、秋播き品種の方が生育期間
が長く多収であるため、土壌凍結のない地域では秋播き品種が栽培され (稲永,
2000)、カナダ等の寒冷地域では春播き品種が栽培される (OGTR, 2008; OECD,
175 2012)。一方、日本におけるセイヨウナタネの栽培方法は、夏から秋に播種して翌
春に収穫するのが一般的である (由比, 2004)。

(11) 近縁種の有害生理活性物質の生産に関する事項

180 アブラナ科植物 (Brassicaceae) には、種子にエルシン酸、種子及び茎葉にグル
コシノレートが含まれることが知られており、セイヨウナタネにもエルシン酸、
グルコシノレートが含まれているが、キャノーラ品種は、品種改良によりこれら
の含量が低くなっている (OECD, 2011)。

4 ベクターに関する事項

185 (1) 名称及び由来に関する事項

MON94100 系統の作出に用いられた導入用プラスミド PV-BNHT508701 は、
Escherichia coli 由来のプラスミド pBR322 及び *Agrobacterium rhizogenes* 由来
のプラスミド pRiなどを基に作成した。

190 (2) 性質に関する事項

PV-BNHT508701 の塩基数は 17,248 bp であり、PV-BNHT508701 の全塩基配
列及び構成要素の性質は明らかになっている。また、導入用プラスミドの外骨格
領域に存在する全ての構成要素は、その特性が各々明らかにされており、既知の
有害なたん白質を産生する塩基配列は含まれていない。

195

(3) 薬剤耐性に関する事項

導入用プラスミド PV-BNHT508701 の外骨格領域には、*E. coli* 及びアグロバク
テリウム中での選抜マーカーとして、ネオマイシン及びカナマイシン耐性を付与
する *E. coli* のトランスポゾン Tn5 由来の *nptII* 遺伝子が存在している。また、T-
DNA II 領域には、形質転換後の選抜マーカーとして、スペクチノマイシン及びス
200

トレプトマイシン耐性を付与する *E. coli* のトランスポゾン Tn7 由来の *aadA* 遺伝子が含まれている。なお、外骨格領域及び T-DNA II 領域は、MON94100 系統に挿入されていないことを次世代シーケンス解析により確認している。

205 (4) 伝達性に関する事項

PV-BNHT508701 の外骨格領域には、伝達を可能とする配列は含まれていない。

(5) 宿主依存性に関する事項

210

PV-BNHT508701 には、*E. coli* に由来する自律増殖のための複製開始領域 *ori-pBR322* 及び *Agrobacterium rhizogenes* に由来する自律増殖のための複製開始領域 *ori-pRi* が組み込まれている。しかし、これらの領域により PV-BNHT508701 が植物や家畜等で複製されることはない。さらに導入遺伝子の解析の結果、MON94100 系統中には、これらの領域を含む外骨格領域は導入されていないことが確認されている。

215

(6) 発現ベクターの作成方法に関する事項

導入用プラスミドPV-BNHT508701は、*E. coli*由来のプラスミドpBR322及び*A. rhizogenes*由来のプラスミドpRiなどを基に作成された。

220 (7) 発現ベクターの宿主への挿入方法及び位置に関する事項

225

導入用プラスミド PV-BNHT508701 は改変 *dmo* 遺伝子発現カセットを含む T-DNA I 領域、*splA* 遺伝子及び *aadA* 遺伝子発現カセットを含む T-DNA II 領域を持つ。これらのカセットはアグロバクテリウム法により従来キャノーラ品種 65037 の胚軸に導入された。なお、T-DNA II 領域は形質転換の際の選抜マーカーとして使用されたが、MON94100 系統の育成過程で T-DNA II 領域を持たない個体を選抜している。

5 挿入遺伝子に関する事項

(1) 供与体に関する事項

230

① 名称、由来及び分類に関する事項

以下の表に、導入された遺伝子の名称及びその由来を示す。

表 1

構成要素	由来	機能
T-DNA I 領域		
Right Border Region	<i>Rhizobium radiobacter</i>	T-DNA を伝達する際に利用される右側境界配列を含む (Depicker et al., 1982; Zambryski et

	(<i>Agrobacterium tumefaciens</i>)	al., 1982)
P- <i>PCISV</i>	Peanut chlorotic streak caulimovirus (PCISV)	完全長転写物 (Full-Length Transcript, FLt) のプロモーター。植物細胞内での恒常的な転写を誘導する (Maiti and Shepherd, 1998)。
L- <i>TEV</i>	Tobacco etch virus (TEV)	5'末端非翻訳配列であり (Niepel and Gallie, 1999)、遺伝子発現の制御に関わる。
TS- <i>RbcS</i>	エンドウ (<i>Pisum sativum</i>)	リブローズ-1,5-二リン酸カルボキシラーゼ小サブユニットをコードする <i>RbcS</i> 遺伝子ファミリーのターゲティング配列とコード領域の最初の 24 アミノ酸。目的たん白質を葉緑体へと輸送する (Fluhr et al., 1986)。
CS-改変 <i>dmo</i>	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> DI-6 株	ジカンバモノオキシゲナーゼ (DMO) のコード配列 (Wang et al., 1997; Herman et al., 2005)。除草剤ジカンバ耐性を付与する。
T- <i>gufMt1</i>	タルウマゴヤシ (<i>Medicago truncatula</i>)	機能未知遺伝子の 3'末端非翻訳領域の配列で (GenBank Accession: MH931406)、転写の終結及び mRNA のポリアデニル化を誘導する (Hunt, 1994)。
Left Border Region	<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>)	T-DNA を伝達する際に利用される左側境界配列を含む (Barker et al., 1983)。
T-DNA II 領域 (MON94100 系統には挿入されていない)		
Left Border Region	<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>)	T-DNA を伝達する際に利用される左側境界配列を含む (Barker et al., 1983)。
T- <i>nos</i>	<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>) pTi	NOS をコードしているノパリン合成酵素遺伝子 (<i>nos</i>) の 3'末端非翻訳領域の配列で、転写の終結及び mRNA のポリアデニル化を誘導する (Bevan et al., 1983; Fraley et al., 1983)。
CS- <i>splA</i>	<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>) C58 株	スクロースをフルクトース及びグルコース-1-リン酸に変換するスクロースホスホリラーゼをコードする <i>splA</i> 遺伝子のコード配列 (Piper et al., 1999)。SPLA たん白質が発現する個体では、胚形成の際にスクロースの代謝が阻害される。これにより、結果的に萎縮した種子が形成される (Ye et al., 2011a)。

P- <i>Usp</i>	ソラマメ (<i>Vicia faba</i>)	種子たん白質をコードする遺伝子の 5'末端非翻訳領域、プロモーター及びエンハンサー配列 (Baumlein et al., 1991)。植物細胞内での恒常的な転写を誘導する。
T- <i>E9</i>	エンドウ (<i>P. sativum</i>)	リブローズ-1,5-二リン酸カルボキシラーゼ小サブユニットをコードする <i>RbcS2</i> 遺伝子の 3'末端非翻訳領域 (Coruzzi et al., 1984)。転写の終結及び mRNA のポリアデニル化を誘導する。
<i>aadA</i>	<i>E. coli</i> のトランスポゾン Tn7	3''(9)- <i>O</i> -ヌクレオチジルトランスフェラーゼ (アミノグリコシド改変酵素) のコード配列 (Fling et al., 1985)。スペクチノマイシン及びストレプトマイシン耐性を付与する。
TS- <i>CTP2</i>	シロイヌナズナ (<i>Arabidopsis thaliana</i>)	5-エノールピルビルシキミ酸-3-リン酸合成酵素 (EPSPS) の葉緑体輸送ペプチド領域をコードしている <i>ShkG</i> 遺伝子のターゲティング配列 (Klee et al., 1987; Herrmann, 1995)。目的たん白質を葉緑体へと輸送する。
P- <i>EF-1α</i>	シロイヌナズナ (<i>A. thaliana</i>)	伸長因子 <i>EF-1 alpha</i> 遺伝子のプロモーター、リーダー及びイントロン (Axelos et al., 1989) で目的遺伝子の植物体内での恒常発現に関与する。
E- <i>FMV</i>	Figwort Mosaic Virus (FMV)	35S RNA のエンハンサー (Richins et al., 1987)。植物細胞内での転写を高める (Rogers, 2000)。
Right Border Region	<i>R. radiobacter</i> (<i>A. tumefaciens</i>)	T-DNA を伝達する際に利用される右側境界配列を含む (Depicker et al., 1982; Zambryski et al., 1982)。

② 安全性に関する事項

235

・改変 *dmo* 遺伝子の供与体である *S. maltophilia* は、環境中に遍在するグラム陰性細菌であり、土壌及び飲料水から検出されている (Echemendia, 2010; Brooke, 2012)。 *S. maltophilia* は日和見病原菌であり、健康なヒトからも検出されているが (Heller et al., 2016; Lira et al., 2017)、感染がみられるのは免疫不全の患者に限られている (Lira et al., 2017)。上記の免疫不全の患者に対する日和見感染の可能性以外には、ヒトや家畜に対する病原性等を示す報告はない。

240

(2) 遺伝子の挿入方法に関する事項

従来キャノーラ品種 65037 の胚軸を、導入用プラスミド PV-BNHT508701 を含む *R. radiobacter* (*A. tumefaciens*) と共置培養し、アグロバクテリウム法により形質転換を行った。形質転換したもののうち T-DNA II 領域に存在する *splA* 遺伝子の発現によって種皮が委縮しているものを除外し、さらに PCR 及び塩基配列解析を実施することで、1 コピーの T-DNA I 領域をホモで有し、T-DNA II 領域及び外骨格領域をもたない 1 個体を選抜した。

(3) 構造に関する事項

① プロモーターに関する事項

・ T-DNA I 領域に存在する改変 *dmo* 遺伝子発現カセットは、PCISV 由来のプロモーターによりその発現が制御されている。

・ T-DNA II 領域に存在する *splA* 遺伝子発現カセット及び *aadA* 遺伝子発現カセットは、それぞれソラマメ (*Vicia faba*) 由来の *Usp* プロモーター及びシロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) 由来の *EF-1α* プロモーターによりその発現が制御されている。

なお、MON94100 系統中には T-DNA II 領域が含まれていないことが確認されている。

② ターミネーターに関する事項

・ T-DNA I 領域に存在する改変 *dmo* 遺伝子発現カセットのターミネーターは、タルウマゴヤシ (*Medicago truncatula*) 由来の *guf-Mt1* ターミネーターである。

・ T-DNA II 領域に存在する *splA* 遺伝子発現カセット及び *aadA* 遺伝子発現カセットのターミネーターは、それぞれ *R. radiobacter* (*A. tumefaciens*) pTi 由来の *nos* ターミネーター及びエンドウ (*Pisum sativum*) 由来の *E9* ターミネーターである。

③ 既知の有害塩基配列を含まないことに関する事項

導入用プラスミド PV-BNHT508701 の塩基配列、由来及び機能は明らかにされており、既知の有害塩基配列を含まない。

(4) 性質に関する事項

以下に各遺伝子の機能を示す。

・ 改変 *dmo* 遺伝子

改変 MON94100 DMO たん白質を発現し、このたん白質の働きにより除草

280 剤ジカンバを脱メチル化する。ジカンバは脱メチル化されると、除草活性のない 3,6-ジクロロサリチル酸 (DCSA; 3,6-dichlorosalicylic acid) とホルムアルデヒド (HCHO)に代謝される (Chakraborty et al., 2005)。

285 改変 MON94100DMO たん白質と既知の毒性たん白質との相同性の有無を調査するため、TOX_2020 を用いて FASTA 型アルゴリズムにより期待値が 1×10^{-5} 以下の相同性を示す配列の検索を行ったところ、改変 MON94100DMO たん白質と既知の毒性たん白質との相同性は確認されなかった。

(5) 純度に関する事項

290 T-DNA I 領域内に目的外の遺伝子の混入はないことをシーケンス解析により確認している。

(6) コピー数に関する事項

295 MON94100 系統に導入された T-DNA I 領域の挿入箇所数及びコピー数、導入用プラスミド由来の非意図的な配列の有無、並びに導入遺伝子及びその近傍配列を確認するために、次世代シーケンス解析及び導入遺伝子領域の PCR、塩基配列解析を実施した。その結果、T-DNA I 領域は、1 箇所に 1 コピー導入され、導入用プラスミドに由来する非意図的な配列が存在しないことも確認された。また、導入された遺伝子の塩基配列は導入用プラスミド PV-BNHT508701 の T-DNA I 領域の各構成要素の塩基配列と同一であり、遺伝子の挿入によりセイヨウナタネ 300 内在性の既知の遺伝子が破壊されているとは考えにくいことが示された。

(7) 安定性に関する事項

導入遺伝子の後代における安定性を確認するため、MON94100 系統 5 世代の種子から抽出したゲノム DNA を用いて、次世代シーケンス解析を行った。

305 その結果、5 世代の全てにおいて導入遺伝子との接合領域が 2 か所検出され、複数世代にわたり安定して遺伝していることが確認された。

310 また、複数世代にわたる改変 MON94100 DMO たん白質の発現の安定性を確認するため、MON94100 系統 5 世代及び対照の非組換えセイヨウナタネの種子について、ウェスタンブロット分析を行った。その結果、改変 MON94100 DMO たん白質は非組換えセイヨウナタネでは発現していないが、MON94100 系統の 5 世代全てで発現していることが確認された。

(8) 発現部位、発現時期及び発現量に関する事項

315 導入した改変 MON94100 DMO たん白質を、葉、地上部、根及び種子を用いて、ELISA 法により測定した。その結果、改変 MON94100 DMO たん白質は測定に供した全ての組織で発現しており、特に根において、最も高い発現量が確認された。

(9) 抗生物質耐性マーカー遺伝子の安全性に関する事項

320 導入用プラスミド PV-BNHT508701 には、ネオマイシン及びカナマイシン耐性を付与する *E. coli* のトランスポゾン Tn5 由来の *nptII* 遺伝子が、*E. coli* 及びアグロバクテリウム中での選抜マーカーとして外骨格領域に存在している。また、スペクチノマイシン及びストレプトマイシン耐性を付与する *E. coli* のトランスポゾン Tn7 由来の *aadA* 遺伝子が、形質転換後の選抜マーカーとして T-DNA II 領域に存在している。なお、MON94100 系統中に *nptII* 遺伝子及び *aadA* 遺伝子が導入されていないことは、NGS 解析により確認されている。

325

(10) 外来のオープンリーディングフレームの有無並びにその転写及び発現の可能性に関する事項

330 MON94100 系統の導入遺伝子と、その 5'及び 3'末端側近傍配列の両境界領域において、既知の毒性たん白質及び有害な生理活性たん白質と相同性のある新規 ORF が形成されていないことを確認するために、6 つの読み枠において ORF を検索した。その結果、5'及び 3'末端側近傍配列において 10 個の ORF が検出されたが、これらの ORF について、既知の毒性たん白質及び有害な生理活性たん白質との相同性は認められなかった。

335

6 組換え体に関する事項

(1) 組換え DNA 操作により新たに獲得された性質に関する事項

340 MON94100 系統に導入された改変 *dmo* 遺伝子により、改変 MON94100DMO たん白質を発現しており、除草剤ジカンバに対する耐性が付与されている。キャノーラ品種の栽培における雑草管理を効果的に行うことを目的としている。

(2) 遺伝子産物の毒性に関する事項

345 改変 MON94100 DMO たん白質と、既知の毒性たん白質との相同性を確認するため、TOX_2020 を用いて FASTA 型アルゴリズムにより期待値が 1×10^{-5} 以下の相同性を示す配列の検索を行った。その結果、改変 MON94100 DMO たん白質は、既知の毒性たん白質及びその他のヒトや家畜等に有害なたん白質と構造的に類似性のある配列は共有していなかった。

(3) 遺伝子産物の物理化学的処理に対する感受性に関する事項

350 DMO たん白質は、これと同等のたん白質を発現する作物が既に承認されており（ダイズ MON87708 系統）、物理化学的処理に対する感受性も同様の結果であると考えられる。

(4) 遺伝子産物の代謝経路への影響に関する事項

355 DMO たん白質は、ジカンバに高い特異性を示す。DMO たん白質の基質となる
可能性として、植物中に存在し構造的にジカンバに類似する化合物が考えられたが、
それらは DMO たん白質により代謝されないことが報告されている (D'Ordine et
360 al., 2009; Dumitru et al., 2009)。また、改変 MON94100 DMO たん白質は、野生
型の DMO たん白質のアミノ酸配列と比較して異なる部分もあるが、立体構造にお
いて触媒部位から離れているため、これらのアミノ酸配列の違いは DMO たん白質
の基質特異性に影響しないと考えられる。

以上から、改変 MON94100 DMO たん白質が、宿主の代謝経路に影響を及ぼす
可能性は極めて低いと考えられた。

365 (5) 宿主との差異に関する事項

MON94100 系統及び宿主の非組換えセイヨウナタネの種子について、粗たん白
質、アミノ酸、粗脂肪、脂肪酸、炭水化物、繊維質、灰分、無機質、ビタミン、
有害生理活性物質、抗栄養素の分析を行った。その結果、抗栄養素のシナピンの
みで統計学的有意差が認められたが、その平均値は、ILSI データベースのセイヨ
370 ウナタネのキャノーラ品種の範囲内に収まっており、これまで安全に摂取されて
いる従来セイヨウナタネのキャノーラ品種の変動の範囲内であった。これらの相
違が安全性に影響を与えるとは考えられない。

(6) 外界における生存及び増殖能力に関する事項

375 これまでに実施した圃場試験において、MON94100 と非組換えキャノーラ品種
との間に、外界における生存及び増殖能力の差異は認められなかった。

(7) 生存及び増殖能力の制限に関する事項

MON94100 系統と非組換えキャノーラ品種において、生存・増殖能力の制限要
380 因に関しても変わりはない。

(8) 不活化法に関する事項

MON94100 系統も従来のキャノーラ品種と同様に、物理的防除（耕起）や化学
的防除（感受性を示す除草剤の使用）など従来の方法で不活化される。

385

(9) 外国における認可等に関する事項

表 2 諸外国における認可状況

申請国	飼料	食品	環境
米国	FDA 申請中 (2020 年 1 月)	FDA 申請中 (2020 年 1 月)	USDA 申請中 (2020 年 3 月)
オーストラリア・ ニュージーランド	—	FSANZ 申請中 (2020 年 10 月)	—

欧州	EFSA 申請中 (2020 年 10 月)	EFSA 申請中 (2020 年 10 月)	EFSA 申請中 (2020 年 10 月)
カナダ	CFIA 承認 (2021 年 4 月)	HC 承認 (2021 年 4 月)	CFIA 承認 (2021 年 4 月)

(10) 作出、育種及び栽培方法に関する事項

390 MON94100 系統では雑草防除のために、除草剤ジカンバを使用できる。これらのことを除いて、栽培方法は従来のキャノーラ品種の栽培方法と相違はない。

(11) 種子の製法及び管理方法に関する事項

従来のキャノーラ品種と相違はない。

395

7 2 から 6 までに掲げる資料により飼料の安全性に関する知見が得られていない場合は、次に掲げる試験のうち必要な試験の成績に関する事項該当しない。

400 IV 審議結果

除草剤ジカンバ耐性セイヨウナタネ MON94100 系統について、「組換え DNA 技術応用飼料及び飼料添加物の安全性に関する確認の手続」に基づき審議した結果、飼料として摂取する家畜等への安全上の問題はないと判断した。

405 V 参考文献及び参考資料

参考文献（申請者提出 社外秘）

410

1 Ahrens, W.H. 1994. Dicamba. 3,6-dichloro-2-methoxybenzoic acid. Pages 91-94 in Herbicide Handbook. Seventh Edition. Weed Science Society of America, Champaign, Illinois.

415

2 Axelos, M., C. Bardet, T. Liboz, A. Le Van Thai, C. Curie and B. Lescure. 1989. The gene family encoding the Arabidopsis thaliana translation elongation factor EF-1 α molecular cloning characterization and expression. Molecular and General Genetics 219: 106-112.

420

3 Barker, R.F., K.B. Idler, D.V. Thompson and J.D. Kemp. 1983. Nucleotide sequence of the T-DNA region from the Agrobacterium tumefaciens octopine Ti plasmid pTi15955. Plant Molecular Biology 2: 335-350.

4 Baumlein, H., W. Boerjan, I. Nagy, R. Bassuner, M. Van Montagu, D. Inze and U.

- Wobus. 1991. A novel seed protein gene from *Vicia faba* is developmentally regulated in transgenic tobacco and *Arabidopsis* plants. *Mol Gen Genet* 225: 459-467.
- 425 5 Bautista-Zapanta, J.-n., K. Suzuki and K. Yoshida. 2002. Characterization of four ribosomal RNA operons in the genome of *Agrobacterium tumefaciens* MAFF301001. *Nucleic Acids Research Supplement* (2): 91-92.
- 6 Baynes, R.D. and T.H. Bothwell. 1990. Iron deficiency. *Annual Review of Nutrition* 10: 133-148.
- 430 7 BBCH. 2001. Growth stages of mono- and dicotyledonous plants. Federal Biological Research Centre for Agriculture and Forestry, Grossbeeren, Germany.
- 435 8 Beck, E., G. Ludwig, E.A. Auerswald, B. Reiss and H. Schaller. 1982. Nucleotide sequence and exact localization of the neomycin phosphotransferase gene from transposon Tn5. *Gene* 19: 327-336.
- 9 Beckie, H.J., S.I. Warwick, H. Nair and G. Séguin-Swartz. 2003. Gene flow in commercial fields of herbicide-resistant canola (*Brassica napus*). *Ecological Applications* 13: 1276-1294.
- 440 10 Behrens, M.R., N. Mutlu, S. Chakraborty, R. Dumitru, W.Z. Jiang, B.J. LaVallee, P.L. Herman, T.E. Clemente and D.P. Weeks. 2007. Dicamba resistance: Enlarging and preserving biotechnology-based weed management strategies. *Science* 316: 1185-1188.
- 445 11 Bell, J.M. 1995. Meal and by-product utilization in animal nutrition. Pages 301-337 in *Brassica Oilseeds: Production and Utilization*. D.S. Kimber and D.I. McGregor (eds.). CAB International, Wallingford, United Kingdom.
- 450 12 Bevan, M., W.M. Barnes and M.-D. Chilton. 1983. Structure and transcription of the nopaline synthase gene region of T-DNA. *Nucleic Acids Research* 11: 369-385.
- 455 13 Boyles, M., J. Criswell, F. Epplin, K. Giles, C. Godsey, W. Heer, G. Hergert, J. Holman, D. Jardine, C. Jones, V. Martin, D. Mengel, T. Peeper, D. Peterson, K. Roozeboom, T. Royer, H. Sanders, P. Sloderbeck, M. Stamm and C. Thompson. 2009. Great Plains canola production handbook. Kansas State University Agricultural Experiment Station and Cooperative Extension Service, Manhattan, Kansas.
- 460 14 Brooke, J.S. 2012. *Stenotrophomonas maltophilia*: An emerging global

opportunistic pathogen. *Clinical Microbiology Reviews* 25: 2-41.

- 15 Brown, J., J.B. Davis, M. Lauver and D. Wysocki. 2008. U.S. Canola Association:
465 Canola grower's manual. University of Idaho, Oregon State University, Boise, Idaho.
- 16 Chakraborty, S., M. Behrens, P.L. Herman, A.F. Arendsen, W.R. Hagen, D.L.
Carlson, X.-Z. Wang and D.P. Weeks. 2005. A three-component dicamba O-
demethylase from *Pseudomonas maltophilia*, strain DI-6: Purification and
470 characterization. *Archives of Biochemistry and Biophysics* 437: 20-28.
- 17 Clark, S.E. and G.K. Lamppa. 1992. Processing of the precursors for the light-
harvesting chlorophyll-binding proteins of photosystem II and photosystem I during
import and in an organelle-free assay. *Plant Physiology* 98: 595-601.
475
- 18 Codex Alimentarius. 2019. Standard for named vegetable oils. CXS 210-1999.
Codex Alimentarius Commission, Joint FAO/WHO Food Standards Programme,
Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy.
- 480 19 Colton, R.T. and J.D. Sykes. 1992. Canola: Agfact P5.2.1. Fourth Edition. NSW
Agriculture, Orange, New South Wales.
- 20 Coruzzi, G., R. Broglie, C. Edwards and N.-H. Chua. 1984. Tissue-specific and
light-regulated expression of a pea nuclear gene encoding the small subunit of
485 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase. *The EMBO Journal* 3: 1671-1679.
- 21 D'Ordine, R.L., T.J. Rydel, M.J. Storek, E.J. Sturman, F. Moshiri, R.K. Bartlett,
G.R. Brown, R.J. Eilers, C. Dart, Y. Qi, S. Flasinski and S.J. Franklin. 2009.
Dicamba monooxygenase: Structural insights into a dynamic Rieske oxygenase that
490 catalyzes an exocyclic monooxygenation. *Journal of Molecular Biology* 392: 481-497.
- 22 della-Cioppa, G., S.C. Bauer, B.K. Klein, D.M. Shah, R.T. Fraley and G.M. Kishore.
1986. Translocation of the precursor of 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate
synthase into chloroplasts of higher plants in vitro. *Proceedings of the National*
495 *Academy of Sciences of the United States of America* 83: 6873-6877.
- 23 Depicker, A., S. Stachel, P. Dhaese, P. Zambryski and H.M. Goodman. 1982.
Nopaline synthase: Transcript mapping and DNA sequence. *Journal of Molecular*
and *Applied Genetics* 1: 561-573.
500
- 24 Dumitru, R., W.Z. Jiang, D.P. Weeks and M.A. Wilson. 2009. Crystal structure of
dicamba monooxygenase: A Rieske nonheme oxygenase that catalyzes oxidative

demethylation. *Journal of Molecular Biology* 392: 498-510.

- 505 25 Echemendia, Y. 2010. Microorganism of the month: *Stenotrophomonas maltophilia*.
Environmental Microbiology Laboratory, Inc., Cherry Hill, New Jersey.
<http://www.emlab.com/s/sampling/env-report-07-2007.html> [Accessed August 10,
2010].
- 510 26 FAO-WHO. 2011. Pesticide residues in food 2010: Joint FAO/WHO meeting on
pesticide residues. FAO Plant Production and Protection Paper 200. Food and
Agriculture Organization of the United Nations, World Health Organization, Rome,
Italy.
- 515 27 Fling, M.E., J. Kopf and C. Richards. 1985. Nucleotide sequence of the transposon
Tn7 gene encoding an aminoglycoside-modifying enzyme, 3''(9)-O-
nucleotidyltransferase. *Nucleic Acids Research* 13: 7095-7106.
- 28 Fluhr, R., P. Moses, G. Morelli, G. Coruzzi and N.-H. Chua. 1986. Expression
520 dynamics of the pea *rbcS* multigene family and organ distribution of the transcripts.
The EMBO Journal 5: 2063-2071.
- 29 Fraley, R.T., S.G. Rogers, R.B. Horsch, P.R. Sanders, J.S. Flick, S.P. Adams, M.L.
Bittner, L.A. Brand, C.L. Fink, J.S. Fry, G.R. Galluppi, S.B. Goldberg, N.L.
525 Hoffmann and S.C. Woo. 1983. Expression of bacterial genes in plant cells.
Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 80:
4803-4807.
- 30 Giza, P.E. and R.C.C. Huang. 1989. A self-inducing runaway-replication plasmid
530 expression system utilizing the Rop protein. *Gene* 78: 73-84.
- 31 Gribble, G.W. 2010. Occurrence. Pages 9-348 in *Naturally Occurring
Organohalogen Compounds - A Comprehensive Update*. Volume 91. Springer-Verlag,
New York, New York.
- 535 32 Hüsken, A. and A. Dietz-Pfeilstetter. 2007. Pollen-mediated intraspecific gene flow
from herbicide resistant oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Transgenic Research* 16:
557-569.
- 540 33 Hagerman, A.E. 2002. Tannins as metal ion chelators. Miami University of Ohio,
Miami, Ohio.
<http://www.users.muohio.edu/hagermae/Tannins%20as%20Metal%20Ion%20Chelato>
[rs.pdf](http://www.users.muohio.edu/hagermae/Tannins%20as%20Metal%20Ion%20Chelato) [Accessed October 13, 2011].

- 545 34 Heller, D., E.J. Helmerhorst, A.C. Gower, W.L. Siqueira, B.J. Paster and F.G. Oppenheim. 2016. Microbial diversity in the early in vivo-formed dental biofilm. *Applied and Environmental Microbiology* 82: 1881-1888.
- 35 Herman, P.L., M. Behrens, S. Chakraborty, B.M. Chrastil, J. Barycki and D.P. Weeks. 2005. A three-component dicamba O-demethylase from *Pseudomonas maltophilia*, strain DI-6: Gene isolation, characterization, and heterologous expression. *Journal of Biological Chemistry* 280: 24759-24767.
- 550 36 Herrmann, K.M. 1995. The shikimate pathway: Early steps in the biosynthesis of aromatic compounds. *Plant Cell* 7: 907-919.
- 37 Hunt, A.G. 1994. Messenger RNA 3' end formation in plants. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology* 45: 47-60.
- 560 38 Klee, H.J., Y.M. Muskopf and C.S. Gasser. 1987. Cloning of an *Arabidopsis thaliana* gene encoding 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase: Sequence analysis and manipulation to obtain glyphosate-tolerant plants. *Molecular and General Genetics* 210: 437-442.
- 565 39 Kovalic, D., C. Garnaat, L. Guo, Y. Yan, J. Groat, A. Silvanovich, L. Ralston, M. Huang, Q. Tian, A. Christian, N. Cheikh, J. Hjelle, S. Padgett and G. Bannon. 2012. The use of next generation sequencing and junction sequence analysis bioinformatics to achieve molecular characterization of crops improved through modern biotechnology. *The Plant Genome* 5: 149-163.
- 570 40 Langmead, B. and S.L. Salzberg. 2012. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods* 9: 357-359.
- 41 Liener, I.E. 2000. Non-nutritive factors and bioactive compounds in soy. Pages 13-45 in *Soy in Animal Nutrition*. J.K. Drackley (ed.). Federation of Animal Science Societies, Savoy, Illinois.
- 575 42 Lira, F., G. Berg and J.L. Martínez. 2017. Double-face meets the bacterial world: The opportunistic pathogen *Stenotrophomonas maltophilia*. *Frontiers in Microbiology* 8: 2190.
- 580 43 Maiti, I.B. and R.J. Shepherd. 1998. Isolation and expression analysis of peanut chlorotic streak caulimovirus (PCISV) full-length transcript (FLt) promoter in transgenic plants. *Biochemical and Biophysical Research Communications* 244: 440-

585 444.

- 44 Meinel, T. and C. Giglione. 2008. Tools for analyzing and predicting N-terminal protein modifications. *Proteomics* 8: 626-649.
- 590 45 Naczek, M., R. Amarowicz, A. Sullivan and F. Shahidi. 1998. Current research developments on polyphenolics of rapeseed/canola: A review. *Food Chemistry* 62: 489-502.
- 46 NDSU. 2005. Canola production field guide. A-1280. North Dakota State
595 University Extension Service, Fargo, North Dakota.
- 47 Niepel, M. and D.R. Gallie. 1999. Identification and characterization of the functional elements within the tobacco etch virus 5' leader required for cap-independent translation. *Journal of Virology* 73: 9080-9088.
- 600 48 OECD. 1997. Consensus document on the biology of *Brassica napus* L. (oilseed rape). OCDE/GD(97)63. Series on Harmonization of Regulatory Oversight in Biotechnology No. 7. Organisation for Economic Co-operation and Development, Paris, France.
- 605 49 OECD. 2011. Revised consensus document on compositional considerations for new varieties of low erucic acid rapeseed (canola): Key food and feed nutrients, anti-nutrients and toxicants. ENV/JM/MONO(2011)55. Organisation for Economic Co-operation and Development, Paris, France.
- 610 50 OECD. 2012. Consensus document on the biology of the Brassica crops (*Brassica* spp.). ENV/JM/MONO(2012)41. Series on Harmonisation of Regulatory Oversight in Biotechnology No. 54. Organisation for Economic Co-operation and Development, Paris, France.
- 615 51 OGTR. 2008. The biology of *Brassica napus* L. (canola). Australian Government, Department of Health and Ageing, Office of the Gene Technology Regulator, Canberra, ACT, Australia.
- 620 52 Piper, K.R., S. Beck Von Bodman, I. Hwang and S.K. Farrand. 1999. Hierarchical gene regulatory systems arising from fortuitous gene associations: controlling quorum sensing by the opine regulon in *Agrobacterium*. *Mol Microbiol* 32: 1077-1089.
- 625 53 Richins, R.D., H.B. Scholthof and R.J. Shepherd. 1987. Sequence of figwort mosaic

virus DNA (caulimovirus group). *Nucleic Acids Research* 15: 8451-8466.

- 54 Rogers, S.G. 2000. Promoter for transgenic plants. Patent 6,018,100, U.S. Patent Office, Washington, D.C.
- 630
- 55 Salomon, S. and H. Puchta. 1998. Capture of genomic and T-DNA sequences during double-strand break repair in somatic plant cells. *The EMBO Journal* 17: 6086-6095.
- 56 Sutcliffe, J.G. 1979. Complete nucleotide sequence of the *Escherichia coli* plasmid pBR322. Pages 77-90 in *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, Cold Spring Harbor, New York.
- 635
- 57 U.S. FDA. 1988. Rapeseed oil. 21 CFR 184.1555. U.S. Food and Drug Administration, Washington, D.C.
- 640 <https://www.accessdata.fda.gov/scripts/cdrh/cfdocs/cfCFR/CFRSearch.cfm?fr=184.1555> [Accessed November 2, 2010].
- 58 U.S. FDA. 2000. Agency response letter GRAS notice no. GRN 000033. U.S. Food and Drug Administration, Washington, D.C.
- 645
- 59 Wang, X.-Z., B. Li, P.L. Herman and D.P. Weeks. 1997. A three-component enzyme system catalyzes the O demethylation of the herbicide dicamba in *Pseudomonas maltophilia* DI-6. *Applied and Environmental Microbiology* 63: 1623-1626.
- 650
- 60 Yamamori, M. 2011. Outcrossability of *Brassica napus* L. and *B. rapa* L. in an experimental field. *Japan Agricultural Research Quarterly* 45: 173-179.
- 61 Ye, X., W.M. Petersen, L. Gilbertson, D. Walters, S. Johnson, S. Huang and S.P. Chomet. 2011a. Methods and compositions for obtaining marker-free transgenic plants. Patent 8,076,536, U.S. Patent Office, Washington, D.C.
- 655
- 62 Ye, X., E.J. Williams, J. Shen, S. Johnson, B. Lowe, S. Radke, S. Strickland, J.A. Esser, M.W. Petersen and L.A. Gilbertson. 2011b. Enhanced production of single copy backbone-free transgenic plants in multiple crop species using binary vectors with a pRi replication origin in *Agrobacterium tumefaciens*. *Transgenic Res* 20: 773-786.
- 660
- 63 Zambryski, P., A. Depicker, K. Kruger and H.M. Goodman. 1982. Tumor induction by *Agrobacterium tumefaciens*: Analysis of the boundaries of T-DNA. *Journal of Molecular and Applied Genetics* 1: 361-370.
- 665

- 64 稲永忍 2000 IV. 油料作物 2. ナタネ 作物学 (II) -工芸・飼料作物編- 文永堂出版 東京 pp. 108-118
- 670 65 国立研究開発法人国立環境研究所 2018 平成 29 年度遺伝子組換え生物による影響監視調査報告書 平成 29 年度環境省請負業務 (http://www.biodic.go.jp/bch/download/natane/H29_natane_hokokusho.pdf) [Accessed June 25, 2019]
- 675 66 財務省 2020 財務省貿易統計 <https://www.customs.go.jp/toukei/info/index.htm> [Accessed October 1, 2020]
- 67 清水矩宏・森田弘彦・廣田伸七 編・著 2001 日本帰化植物写真図鑑 全国農村教育協会 東京
- 680 68 中井秀樹 2003 アブラナ科 Cruciferae 日本の帰化植物 清水建美 (編) 平凡社 東京 pp. 80-96
- 685 69 農林水産省 2018 遺伝子組換え植物実態調査結果 (平成 29 年実施分) 対象植物: ナタネ類、ダイズ・ソルマメ 消費・安全局 農産安全管理課 (<http://www.maff.go.jp/j/press/syouan/nouan/attach/pdf/181220-1.pdf>) [Accessed June 25, 2019]
- 690 70 農林水産省 2020 飼料月報 令和元年度 4 月～3 月 農林水産省生産局畜産部飼料課 https://www.maff.go.jp/j/chikusan/sinko/lin/l_siryocyosa/attach/pdf/kako-66.pdf [Accessed October 1, 2020]
- 695 71 由比進 2004 洋種ナタネ類 (ハクラン、ナバナ、千宝菜) 新編 農学大事典 養賢堂 東京 pp. 547
- 参考資料 (申請者提出 社外秘)
- 1 Sequence of Genetic Elements in PV-BNHT508701
- 2 Updated Bioinformatics Evaluation of DMO+27 Utilizing the AD_2020, TOX_2020, and PRT_2020 Databases (TRR0000277)
- 700 3 Amended from MSL0030076: Molecular Characterization of Dicamba Tolerant Canola (MON 94100) (TRR0000306)
- 705 4 Amended From TRR0000136: Updated Bioinformatics Evaluation of MON 94100 Utilizing the EST_2020, NT_2020, and NR_2020 Databases (TRR0000597)

- 5 Demonstration of the Presence of DMO Protein in Canola Grain Samples Across
Multiple Generations of MON 94100 (MSL0030222)
- 710
- 6 Assessment of DMO Protein Levels in Canola Leaf, Root, Forage, and Grain Tissues
Collected from MON 94100 Produced in United States and Canadian Field Trials
During 2018. (TRR0000390)
- 715
- 7 Updated Bioinformatics Evaluation of Putative Flank-Junction Peptides in MON
94100 Utilizing the AD_2020, TOX_2020, and PRT_2020, Databases (TRR0000134)
- 8 Updated Bioinformatics Evaluation of the T-DNA in MON 94100 Utilizing the
AD_2020, TOX_2020, and PRT_2020 Databases (TRR0000135)
- 720
- 9 Amended Report for MSL0030455: Compositional Analyses of Canola Seed from
MON 94100 Grown in the United States and Canada During the 2018 Season
(TRR0000589)