

遺伝子組換え植物実態調査結果

(令和2年実施分)

対象植物：ナタネ類、ダイズ・ツルマメ

令和4年7月

消費・安全局 農産安全管理課

目次

1 概要	1
2 調査の背景及び目的	4
3 調査の方法	5
(1) 対象植物	5
(2) 調査範囲	5
(3) 調査群落の選定及び試料の採取方法	6
(4) 試料の採取時期	7
(5) 試料の分析方法等	7
4 調査結果	7
(1) ナタネ類	7
(2) ダイズ及びツルマメ	11
5 今後の対応	13

「令和2年度遺伝子組換え植物実態調査」の結果について

1 概要

(1) ナタネ類

① 令和2年度の調査方法

令和2年度の調査では、令和元年度、平成30年度と同様に平成18年から平成29年度までの調査で遺伝子組換えセイヨウナタネが多く生育していた7港（※1）を調査することとし、セイヨウナタネと、これと交雑可能な近縁種であるカラシナ及び在来ナタネの計3種（以下これら3種を合わせて「ナタネ類」という。）を対象として、陸揚げ地点から概ね半径5 km 以内を調査範囲とする実態調査を行った。

（※1）苫小牧港、鹿島港、千葉港、名古屋港、四日市港、神戸港及び博多港の計7港

調査では、調査範囲内に生育していたセイヨウナタネの葉を採取し、遺伝子組換えセイヨウナタネが有する除草剤耐性遺伝子を分析することにより、遺伝子組換えセイヨウナタネの群落数を把握するとともに、遺伝子組換えセイヨウナタネとその周囲に生育するナタネ類の種子について、除草剤耐性遺伝子の有無を分析し、遺伝子組換えセイヨウナタネとナタネ類との間における交雑率を推定した。

② 令和2年度の調査結果

- ・ 遺伝子組換えセイヨウナタネは、調査した7港のうち6港において、計81群落（131個体）生育していた。
- ・ 遺伝子組換えセイヨウナタネが生育していた場所は、主に陸揚げ地点近傍の運搬車両が通行する幹線道路沿いの植栽帯等に限定されており、それ以外の場所では生育は認められなかった。
- ・ 遺伝子組換えセイヨウナタネの生育範囲が経年的に拡大する状況を示していなかった。
- ・ 遺伝子組換えセイヨウナタネとカラシナ及び在来ナタネとの交雑は認められなかった。
- ・ 遺伝子組換えセイヨウナタネと非遺伝子組換えセイヨウナタネ又は当該遺伝子組換えセイヨウナタネと異なる除草剤耐性を有する遺伝子組換えセイヨウナタネとの間の交雑率は、非遺伝子組換えセイヨウナタネ同士の交雑率の範囲内であった。

令和2年度の調査結果を令和元年度までの調査結果と比較したところ、組み換えられた遺伝子が交雑可能な近縁種へ拡散する、又は遺伝子組換えセイヨウナタネが繁殖により生育範囲を拡大して遺伝子組換えでないナタネ類を駆逐するといった状況は示していなかった。

(2) ダイズ及びツルマメ

① 令和2年度の調査の方法

令和2年度の調査では、令和元年度、平成30年度と同様に平成21年から平成29年度までの調査でこぼれ落ちが多く認められた2港（※2）を調査することとし、ダイズと、これと交雑可能な近縁種であるツルマメを対象として、陸揚げ地点から概ね半径5 km以内を調査範囲とする実態調査を行った。

（※2）鹿島港及び博多港の計2港

調査では、調査範囲内に生育していたダイズ及びツルマメの葉を採取し、遺伝子組換えダイズが有する除草剤耐性遺伝子及び害虫抵抗性遺伝子を分析することにより、遺伝子組換えダイズの群落数を把握するとともに、遺伝子組換えダイズとその周辺に生育するダイズ及びツルマメの種子について、除草剤耐性遺伝子等の有無を分析し、遺伝子組換えダイズとダイズ又はツルマメとの間における交雑率を推定した。

② 令和2年度の調査結果

- ・ 遺伝子組換えダイズは、調査した2港のうち博多港において計3群落（14個体）生育していた。
- ・ 遺伝子組換えダイズが生育していた場所は、主に陸揚げ地点近傍の運搬車両が通行する幹線道路沿いの植栽帯等に限られており、それ以外の場所では生育は認められなかった。
- ・ 1個体の遺伝子組換えダイズの種子から当該個体の葉には存在しない除草剤耐性遺伝子が検知されたが、検知された除草剤耐性遺伝子は、当該個体が生育していた群落（当該1個体のみ生育）には存在していなかった。
- ・ 遺伝子組換えダイズとツルマメとの交雑は認められなかった。
- ・ 遺伝子組換えダイズの生育範囲が経年的に拡大する状況を示していなかった。

令和2年度の調査結果を令和元年度までの調査結果と比較したところ、組み換えられた遺伝子がツルマメに拡散する、又は遺伝子組換えダイズが繁殖により生育範囲を拡大するといった状況は示していなかった。

(3) 今後の対応

今回の調査の結果は、令和元年度までの調査結果と同様に、組み換えられた遺伝子が近縁種に拡散する、組換え体が生育範囲を拡大するといった状況を示していない。このため、遺伝子組換えセイヨウナタネ及び遺伝子組換えダイズが生物多様性に影響するおそれはないと考えられる。一方で、遺伝子組換えダイズにおいて他の遺伝子組換えダイズとの交雑が疑われる個体が確認されたが、周囲の状況等から交雑が生じた可能性は極めて低いと考えられた。なおこの原因について、検出手法の精度の違いなどが考えられるが、特定することはできなかった。

農林水産省は、遺伝子組換えセイヨウナタネ及びダイズによる生物多様性へ

の影響の有無を検証するため、令和3年度以降も、これまでの調査結果を踏まえた調査方法の見直しを行いつつ遺伝子組換えセイヨウナタネ及び遺伝子組換えダイズの生育や近縁種との交雑の有無について継続することとし、遺伝子組換え農作物等が我が国の生物多様性に及ぼす影響に係る科学的知見の一層の充実を図ることとする。

2 調査の背景及び目的

我が国では、遺伝子組換え生物等の使用等の規制による生物の多様性の確保に関する法律（平成 15 年法律第 97 号。以下「カルタヘナ法」という。）に基づき、遺伝子組換え農作物が与える我が国の生物多様性への影響を、栽培試験等による遺伝子組換えでない同種の農作物との比較や、これまでに得られている科学的知見に基づく科学的な評価（以下「生物多様性影響評価」という。）を行い、影響するおそれがないと認める場合に限り、その輸入や流通を認めている。

遺伝子組換えセイヨウナタネや遺伝子組換えダイズについては、これまで、除草剤に対する耐性やチョウ目害虫抵抗性（ダイズのみ）等の形質を付与したものについて、カルタヘナ法に基づく承認申請があった。

生物多様性影響評価では、①競合における優位性、②有害物質の産生性、③交雑性等を判断指標としており、遺伝子組換えセイヨウナタネや遺伝子組換えダイズについてはこれらの項目について、遺伝子組換え体とそうでないものとの間で差異がないと評価されたことから、生物多様性に影響するおそれはないと判断して承認している。ただし、一部には承認された遺伝子組換え農作物に対する不安の声もある。

このため、農林水産省では、承認した遺伝子組換えセイヨウナタネや遺伝子組換えダイズについて、

(1) 平成 18 年度から、セイヨウナタネ等の輸入港の周辺地域における、遺伝子組換えセイヨウナタネの生育やその近縁種であるカラシナ及び在来ナタネとの交雑体の有無に関する調査

(2) 平成 21 年度から、ダイズの輸入港の周辺地域における、遺伝子組換えダイズの生育やその近縁種であるツルマメとの交雑体の有無に関する調査

をそれぞれ実施し、遺伝子組換え植物が交雑と世代交代を繰り返すことにより生育範囲が拡大する可能性や遺伝子組換え体の交雑率を推定し、我が国の生物多様性への影響の有無を検証している。（※）

- (※) 遺伝子組換え植物実態調査結果（平成 18 年～平成 20 年分）
(https://www.maff.go.jp/j/syouan/nouan/carta/torikumi/pdf/keka18_20.pdf)
遺伝子組換え植物実態調査結果（平成 21 年～平成 23 年分）
(https://www.maff.go.jp/j/syouan/nouan/carta/torikumi/pdf/21-23_kekka.pdf)
遺伝子組換え植物実態調査結果（平成 18 年～平成 27 年分）
(<https://www.maff.go.jp/j/syouan/nouan/carta/torikumi/attach/pdf/index-135.pdf>)
「平成 28 年度遺伝子組換え植物実態調査」の結果について
(<https://www.maff.go.jp/j/syouan/nouan/carta/torikumi/attach/pdf/index-134.pdf>)
「平成 29 年度遺伝子組換え植物実態調査」の結果について
(<https://www.maff.go.jp/j/syouan/nouan/carta/torikumi/attach/pdf/index-172.pdf>)
「平成 30 年度遺伝子組換え植物実態調査」の結果について
(<https://www.maff.go.jp/j/syouan/nouan/carta/torikumi/attach/pdf/index-226.pdf>)
「令和元年度遺伝子組換え植物実態調査」の結果について
(<https://www.maff.go.jp/j/syouan/nouan/carta/torikumi/attach/pdf/index-272.pdf>)

3 調査の方法

① 遺伝子組換えセイヨウナタネや遺伝子組換えダイズ等の生育群落数を把握（1次調査）した上で、② 遺伝子組換え体が生育していた場合には、その周囲に生育しているナタネ類、ダイズ又はツルマメから採取した種子を分析し、組換え遺伝子の有無について判別した（2次調査）。

(1) 対象植物

ア ナタネ類

セイヨウナタネ (*Brassica napus* L.)、カラシナ (*B. juncea* L.) 及び在来ナタネ (*B. rapa* L.)

イ ダイズ及びツルマメ

ダイズ (*Glycine max* (L.) Merr.) 及びツルマメ (*G. soja* Sieb. et Zucc.)

(2) 調査範囲

ア ナタネ類

下記のセイヨウナタネ等の輸入港計7港において、陸揚げ地点から概ね半径5 km 以内の地域を1次調査の調査範囲とした。

また、これまでの調査で遺伝子組換えセイヨウナタネの個体数が高港より多く見つかри、その近傍に他のナタネ類が生育していた5港を2次調査の対象とした。

1次調査：苫小牧、鹿島、千葉、名古屋、四日市、神戸、博多（7港）

2次調査：鹿島、千葉、四日市、神戸、博多（5港）

イ ダイズ及びツルマメ

下記のダイズ輸入港2港において、ダイズの陸揚げ地点から概ね半径5 km 以内の地域を1次調査の調査範囲とし、これらの港で2次調査も実施した。

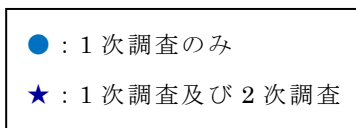
1次調査・2次調査：鹿島、博多（2港）



ア. ナタネ類調査港



イ. ダイズ及びツルマメ調査港



(3) 調査群落の選定及び試料の採取方法

① 1次調査

○調査群落の選定

調査範囲内を車や徒歩によって巡回し、可能な限りナタネ類、ダイズ及びツルマメが生育する群落を特定した。また、これらの群落のうち、一次分析（組換えタンパク質の有無の分析）及び二次分析（PCR法による組換え遺伝子の有無の分析）に必要な個体試料の採取が可能な群落を調査対象とした。さらに、生育群落のうち、以下の考え方にに基づき、試料を採取する群落を選定した。

- | | |
|-----------|----------------------------------|
| ナタネ類 | : 生育群落数が 45 以下の場合 全群落 |
| | 生育群落数が 45 を超える場合 45 群落 |
| ダイズ及びツルマメ | : 生育群落数が 10 以下の場合 全群落 |
| | 生育群落数が 10 を超える場合 10 群落 |

(生育群落数が 45 又は 10 を超えた場合は、試料の採取が特定のエリアに偏らないように考慮し、調査群落を選定した。)

○葉の採取

試料を採取する群落について、それぞれ個体数（多い場合は概数）及び植物種を記録するとともに、1群落当たり8個体を上限に葉を採取した。

② 2次調査

○種子の採取

①で特定した群落から、遺伝子組換え体を含む群落及び、遺伝子組換え体との交雑の可能性が高い、遺伝子組換え体を含む群落の近傍に生育する遺伝子組換えでない群落を選定し、1群落当たり8個体を上限に種子を採取した。

(4) 試料の採取時期

ア ナタネ類

令和2年4月～6月

イ ダイズ及びツルマメ

令和2年7月～10月

(5) 試料の分析方法等

- ① 採取した1次調査試料について、分析キットにより除草剤耐性タンパク質又は害虫抵抗性タンパク質（以下「組換えタンパク質」という。）の有無を判別した（一次分析）。分析キットは、免疫クロマトグラフ法により組換えタンパク質（ナタネ類では、除草剤グリホサート耐性及び除草剤グルホシネート耐性、ダイズ及びツルマメでは、除草剤グリホサート耐性、除草剤グルホシネート耐性及びチョウ目害虫抵抗性）の有無を検知する。
- ② ①の結果、組換えタンパク質が検知された1次調査試料及び全ての2次調査試料については、PCR法により除草剤耐性遺伝子等の有無を判別（二次分析）し、当該遺伝子が検出されたものを遺伝子組換え植物と判定した。

4 調査結果

(1) ナタネ類

- ① ナタネ類は、7港全てにおいて計189群落（このうちセイヨウナタネは141群落）生育していた。

1次調査対象港である7港で、ナタネ類の生育の有無を調査した。その結果、表1のとおりナタネ類は全7港に生育しており、生育群落数は計189群落であった。このうち、複数種のナタネ類が生育していた港は、鹿島港、千葉港、名古屋港、四日市港、神戸港、博多港であった。

セイヨウナタネについては、7港の全てにおいて計141群落生育していた。博多港では、群落数が59と、1港当たりの調査群落数の上限である45を超えたため、無作為に45群落を選定し、計127群落（ナタネ類の生育群落数の67%）を調査群落とした。調査群落に生育していた計237個体から葉を採取した。

表1 ナタネ類の生育状況(組換え体か否かを問わない)

調査範囲	生育群落数					
		セイヨウナタネ			カラシナ	在来ナタネ
		生育群落数	採取群落数	採取個体数	生育群落数	生育群落数
苫小牧港周辺	12	12	12	24	0	0
鹿島港周辺	33	7	7	11	20	8
千葉港周辺	4	2	2	6	2	0
名古屋港周辺	29	16	16	54	13	0
四日市港周辺	36	34	34	49	2	0
神戸港周辺	15	11	11	17	2	2
博多港周辺	60	59	45	76	1	0
合計	189	141	127	237	40	10

注) ここでいう「群落」とは、半径5m以内に生育しているナタネ類の集団をさす。

② 遺伝子組換えセイヨウナタネは、6港において、主に陸揚げ地点近傍の運搬車両が通行する幹線道路沿いの植栽帯等に計81群落、131個体生育していた。

表2のとおり、遺伝子組換えセイヨウナタネは、苫小牧港、鹿島港、名古屋港、四日市港、神戸港、博多港の6港において、計81群落(セイヨウナタネ調査群落数の64%、ナタネ類の生育群落数の43%)、131個体(採取したセイヨウナタネの55%)生育していた。そのうち、58個体がグリホサート耐性遺伝子、73個体がグルホシネート耐性遺伝子を持っていた。

いずれの個体もこれまでの調査と同様、主に陸揚げ地点近傍において運搬車両が通行する幹線道路沿いの植栽帯や舗装道路の隙間等に限られており、それ以外の場所では生育は認められなかった。

表2 セイヨウナタネ及び遺伝子組換えセイヨウナタネの生育状況

調査範囲	採取群落数			採取個体数		
		うち組換え 体数	構成比		うち組換え 体数	構成比
苫小牧港周辺	12	10	83%	24	21	88%
鹿島港周辺	7	2	29%	11	5	45%
千葉港周辺	2	0	0%	6	0	0%
名古屋港周辺	16	3	19%	54	4	7%
四日市港周辺	34	24	71%	49	34	69%
神戸港周辺	11	8	73%	17	13	76%
博多港周辺	45	34	76%	76	54	71%
合計	127	81	64%	237	131	55%

③ 遺伝子組換えセイヨウナタネの生育範囲は経年的に拡大する状況を示していないかった。

平成 23 年から令和 2 年度まで、調査対象としてきた 7 港（※）におけるナタネ類の生育群落数を年度ごとに示したのが図 1 である。これによれば、全体に占める各ナタネ類の群落数には変動があるものの、遺伝子組換えセイヨウナタネの群落数は 50～100 群落の範囲内で推移しており、遺伝子組換えセイヨウナタネの生育範囲は経年的に拡大する状況を示していない。

（※）苫小牧港、鹿島港、千葉港、名古屋港、四日市港、神戸港及び博多港（計 7 港）

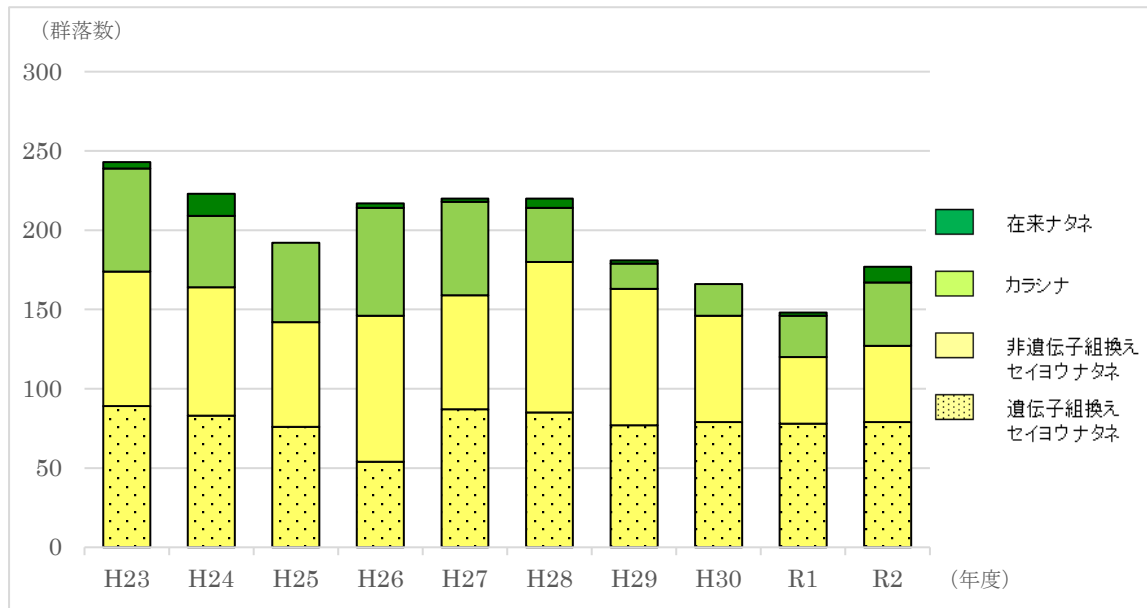


図 1 ナタネ類の生育群落数の経年変化

④ 遺伝子組換えセイヨウナタネと非遺伝子組換えセイヨウナタネ又は当該遺伝子組換えセイヨウナタネとは異なる除草剤耐性を有する遺伝子組換えセイヨウナタネとの間の交雑率は、非遺伝子組換えセイヨウナタネ同士の間での交雑率と同程度であった。

近傍にカラシナ又は在来ナタネが生育していた遺伝子組換えセイヨウナタネの群落は 1 群落のみで、この群落の近傍に生育していたカラシナ及び在来ナタネは各 2 個体だった。これらはいずれも非遺伝子組換え体であり、かつその種子から除草剤耐性遺伝子は検知されず、遺伝子組換えセイヨウナタネとカラシナ又は在来ナタネとの交雑体が生育していないことが確認された。そこで、セイヨウナタネの種子についてのみ、交雑率（※ 1）を調査した。

2 次調査の対象となっている鹿島港、千葉港、四日市港、神戸港及び博多港の 5 港において、1 次調査の結果、遺伝子組換えセイヨウナタネと判定された 106 個体のうち、2 次調査の時点で結実し、種子を採取可能であった 85 個体（※ 2）の遺伝子組換えセイヨウナタネと、当該遺伝子組換えセイヨウナタネの近傍に生育していた 43 個体の非遺伝子組換えセイヨウナタネ、計 128 個体

から種子を採種し、除草剤耐性遺伝子の有無及びその形質を判別した。

(※1) 本調査では、花粉親と種子親の遺伝子構成が同じ場合、自家受粉と交雑の区別ができないことから、種子に植物体と異なる除草剤耐性遺伝子が検出されない場合には、交雑がないものとして交雑率を算出している。

(※2) 残る 21 個体については種子が得られなかった。そのうち 17 個体は 2 次調査時点までに当該個体が消失し、他の 4 個体は種子の結実がなかった。

その結果、128 個体のセイヨウナタネのうち、全体の 39%に相当する計 50 個体（非遺伝子組換え 26 個体及び遺伝子組換え 24 個体）の種子から、当該 50 個体の葉には存在しない除草剤耐性遺伝子が検知された。（表 3）

生物多様性影響評価においては、文献等で判明している非遺伝子組換えセイヨウナタネ同士の交雑率を基に、栽培試験により非遺伝子組換えセイヨウナタネと遺伝子組換えセイヨウナタネとの交雑率を推定し比較することで、生物多様性への影響の評価を行っている。今回の調査結果で得られた交雑率は 39%であり、非遺伝子組換えセイヨウナタネ同士の交雑率（12～47%）（※3）の範囲内であった。

したがって、遺伝子組換えセイヨウナタネの交雑性は、遺伝子組換えでないセイヨウナタネと同程度であり、これまでの調査結果でも組み換えられた遺伝子がセイヨウナタネ間で拡大する状況を示していなかった。

(※3) 令和元年度までの調査報告書においては 1997 年の OECD コンセンサスドキュメントによる 5～30%の範囲を基準としてきたが、学識経験者の意見を踏まえ、令和 2 年度から直近の生物多様性影響評価書で引用している 2012 年の OECD コンセンサスドキュメントで参照されている論文の交雑率の範囲 12～47%を基準とした。

表3 セイヨウナタネ種子の分析結果

植物体の性質	種子を採取した 個体数	種子の性質			
		非遺伝子 組換え	グリホサート 耐性	グルホシネート 耐性	グリホサート・ グルホシネート 耐性
非遺伝子 組換え	43	17	3	22	1
グリホサート 耐性	42	0	19	0	23
グルホシネート 耐性	43	0	0	42	1
グリホサート・グル ホシネート耐性	0	0	0	0	0
合計	128	17	22	64	25

■：遺伝子組換えセイヨウナタネと非遺伝子組換えセイヨウナタネ又は当該遺伝

子組換えセイヨウナタネとは異なる除草剤耐性を有する遺伝子組換えセイヨウナタネとの間の交雑により得られた種子

(注) 本調査では、植物体 1 個体から採取した複数の種子を試料 1 点として分析しているため、グリホサート耐性のセイヨウナタネとグルホシネート耐性のセイヨウナタネの花粉が受粉した種子が混在していた場合、「グリホサート・グルホシネート耐性」に区分される。

(2) ダイズ及びツルマメ

① ダイズ及びツルマメは2港において、計5群落生育していた。

表4のとおり、調査対象港である2港で、ダイズ及びツルマメ群落の有無を調査した。その結果、鹿島港及び博多港において、計5群落生育していた。

表4 ダイズ及びツルマメの生育状況(組換え体か否かを問わない)

調査範囲	生育群落数	調査群落数	ダイズ		ツルマメ		採取個体数計
			採取群落数	採取個体数	採取群落数	採取個体数	
鹿島港周辺	2	2	0	0	2	7	7
博多港周辺	3	3	3	14	0	0	14
合計	5	5	3	14	2	7	21

② 遺伝子組換えダイズは、1港において、主に陸揚げ地点近傍の運搬車両が通行する幹線道路沿いの植栽帯等に3群落生育していた。

表5のとおり、ダイズは、博多港において、計3群落生育していた。葉を採取した14個体のうち、14個体(採取したダイズの100%)が遺伝子組換えダイズと判別された。そのうち、11個体がグリホサート耐性遺伝子、2個体がグルホシネート耐性遺伝子、1個体がグリホサート耐性遺伝子及び害虫抵抗性遺伝子の両方を持っていた。

いずれの遺伝子組換えダイズも、これまでの調査と同様、主に陸揚げ地点近傍において幹線道路沿いの歩道や中央分離帯などの植栽帯に生育していた。

また、遺伝子組換えダイズの生育が認められた博多港において、2次調査を行ったところ、1次調査時に生育していたダイズ3群落(11個体)が引き続き生育していた。この11個体を対象に採種を行い、除草剤耐性遺伝子及び害虫抵抗性遺伝子を分析したところ、1個体の種子から当該個体の葉には存在しない除草剤耐性遺伝子が検知された。このため遺伝子組換えダイズ同士の交雑が疑われたが、検知された除草剤耐性遺伝子は当該個体が生育していた群落(当該1個体のみ生育)には存在していなかったため、交雑が生じた可能性は極めて低いと考えられた。この原因について、検出手法の精度の違いなどが考えられるが、特定することはできなかった。

なお、残り10個体では交雑が疑われる個体は確認されなかった。

表5 ダイズの生育群落における遺伝子組換えダイズの生育状況

調査範囲	採取群落数			採取個体数		
	うち組換え 体数	構成比 (%)		うち組換え 体数	構成比 (%)	
鹿島港周辺	0	0	0%	0	0	0%
博多港周辺	3	3	100%	14	14	100%
合計	3	3	100%	14	14	100%

③ 遺伝子組換えダイズとツルマメとの交雑体は生育していなかった。

表6のとおり、ツルマメは、鹿島港において、計2群落生育していた。葉を採取した7個体のいずれのツルマメからも除草剤耐性タンパク質又は害虫抵抗性タンパク質は検知されず、ツルマメと遺伝子組換えダイズとの交雑体が生育していないことが確認された。

表6 ツルマメの生育状況

調査範囲	採取群落数		採取個体数	
		うち組換え体 との交雑数		うち組換え体 との交雑数
鹿島港周辺	2	0	7	0
博多港周辺	0	0	0	0
合計	2	0	7	0

④ 遺伝子組換えダイズの群落数は増加しておらず、生育範囲が経年的に拡大する状況を示していなかった。

表7のとおり、本年度の調査対象である2港における遺伝子組換えダイズ及びツルマメの群落数は、年度ごとに変動があるが、組み換えられた遺伝子がツルマメに拡散する、又は遺伝子組換えダイズが繁殖により生育範囲を拡大するといった状況は示していない。

表7 遺伝子組換えダイズとツルマメの生育群落数の経年変化

調査範囲	植物	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29	H30	R1	R2
鹿島港周辺	遺伝子組換えダイズ	2	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0
	ツルマメ	1	1	1	2	2	2	1	6	4	2	2	2
博多港周辺	遺伝子組換えダイズ	0	2	4	2	2	3	1	3	6	3	3	3
	ツルマメ	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

5 今後の対応

今回の調査の結果は、令和元年度までの調査結果と同様に、組み換えられた遺伝子が近縁種に拡散する、又は組換え体の生育範囲が拡大するといった状況を示していない。このため、遺伝子組換えセイヨウナタネ及びダイズが生物多様性に影響するおそれはないと考えられる。一方で、遺伝子組換えダイズにおいて他の遺伝子組換えダイズとの交雑が疑われる個体が確認されたが、周囲の状況等から交雑が生じた可能性は極めて低いと考えられた。なおこの原因について、検出手法の精度の違いなどが考えられるが、特定することはできなかった。

農林水産省は、遺伝子組換えセイヨウナタネ及びダイズによる生物多様性への影響の有無を検証するため、遺伝子組換えセイヨウナタネ及びダイズに係る生育状況及び近縁種との交雑体の有無のほか、交雑体が存在した場合には、その地点における世代交代の有無について、また、生育群落数の増減の傾向について、令和3年度以降もこれまでの調査結果を踏まえた調査方法の見直しを行いつつ、引き続き調査し、遺伝子組換え農作物等が我が国の生物多様性に及ぼす影響に係る科学的知見の一層の充実を図ることとする。

(別紙)

(1) セイヨウナタネに関する基本的な情報について

① セイヨウナタネの分類

和名：セイヨウナタネ
英名：oilseed、rape
学名： <i>Brassica napus</i> L.

セイヨウナタネは、アブラナ科 (*Brassicaceae* 又は *Cruciferae*) アブラナ属 (*Brassica* 以下「*B.*」とする。) に属し、同じアブラナ属の *B. rapa* 種と *B. oleracea* 種が交雑してできた植物とされている。

② セイヨウナタネの特徴

セイヨウナタネは、種子で繁殖する一年生の植物である。種子は自家受粉で作ることができるが、風や昆虫によって花粉が運ばれて受粉することもある。他家交雑率について、セイヨウナタネのほ場における他家交雑率は平均 20~40% で、主として開花時の環境条件によって著しく変化すると報告 (OECD, 2012) や 12~47% との報告 (Becker et al., 1992) がある。

また、生育に適した温度は品種によって異なるが、概ね 12~30 °C の範囲であり、我が国では品種を選ぶことにより、全国で生育可能とされている。

セイヨウナタネは、その近縁種 (生物の分類系統上で関係が近いもの) と交雑が可能である。交雑可能な近縁種としてよく知られているものは、*B. rapa* と *B. juncea* である。

アブラナ属の多くが、野菜や油の原料として利用されており、*B. rapa* に分類される植物には、在来ナタネ、カブ、ハクサイ、コマツナなど、*B. juncea* に分類される植物には、カラシナ、タカナなどがある。

また、セイヨウナタネは、人による肥培管理が行われない道路沿いや空き地などでも生育が可能であること、また定期的に環境変化が起こる立地条件でなければ、生育しても、やがて多年生草本や灌木に置き換わることが知られている。

③ セイヨウナタネの利用

セイヨウナタネは、世界で広く栽培されている農作物であり、主に種子から油を採取するために栽培されている。我が国でも、食用油の原料として、昭和 30 年頃から長年にわたり、カナダなどから輸入している。なお、国内にも食用油の原料として栽培している地域がある。

また、黄色い「菜の花」を咲かせるため景観用として栽培されている場合もある。

④ セイヨウナタネとアブラナ科の外来種との交雑性

我が国には、セイヨウナタネと交雑可能な近縁の野生種は存在しない。し

かしながら、セイヨウナタネと交雑可能な日本に自生するアブラナ科の外来種として、カラシナ(*B. juncea*)、在来ナタネ(*B. rapa*)、クロガラシ(*B. nigra*)、ダイコンモドキ(*Hirschfeldia incana*)、ノハラガラシ(*Sinapis arvensis*)及びセイヨウノダイコン(*Raphanus raphanistrum*)が知られている。(ダイコンモドキ、ノハラガラシ及びセイヨウノダイコンは、セイヨウナタネと属が異なっている。)

セイヨウナタネとカラシナとの交雑率は、セイヨウナタネが花粉親になる場合や、セイヨウナタネとカラシナが近距離に生育している場合は、3~4.7%と報告されている(Bing et al., 1991; Jorgensen et al., 1996)。また、交雑により得られた雑種個体の花粉稔性(※)は0~28%との報告がある(OGTR, 2008)。

(※) 受粉したときに結実する能力をもつ正常な花粉の比率。観察した花粉数に対する形態的正常花粉数または可染花粉数の比率を用いることが多い。

また、セイヨウナタネと在来ナタネとの交雑率は、0~15.7% (志賀敏夫, 2001)、0.4~1.5% (Scott and Wilkinson, 1998)、0.1% (Wilkinson, et al. 2000)、6.5~7.1% (Warwick et al., 2003)などの報告がある。また、交雑により得られた雑種個体の生存率は2%未満との報告がある(OGTR, 2008)。

クロガラシ、ダイコンモドキ、セイヨウノダイコン及びノハラガラシとセイヨウナタネとの交雑は、人工交配や特定の試験環境下での報告はあるものの、交雑により得られた雑種個体の生存率は、カラシナや在来ナタネに比べて低いことが報告されている(Kerlan et al. 1992; Scheffler and Dale 1994; Bing et al. 1996; Chevre et al. 1996; Lefol et al. 1996a; Lefol et al. 1996b; Downey 1989; Warwick et al. 2003; Chevre et al. 2003)。

(2) 遺伝子組換えセイヨウナタネについて

① 遺伝子組換えセイヨウナタネの開発と栽培について

1990年代後半、遺伝子組換え技術により、特定の除草剤に対して耐性を持つセイヨウナタネが開発された。これは、特定の除草剤を散布した場合、雑草など他の植物は枯れてしまうが、遺伝子組換えセイヨウナタネだけは枯れないというもので、生産者に効率的な除草をもたらすものであった。

遺伝子組換えセイヨウナタネは、海外で商業的に栽培されている。セイヨウナタネの主な輸入相手国であるカナダでは、1996年(平成8年)に遺伝子組換えセイヨウナタネの作付けが開始され、2005年(平成17年)から栽培面積の8割を超え、2019年(令和元年)には栽培面積の9割以上を遺伝子組換えセイヨウナタネが占める(ISAAA, 2019)。

なお、現在までに、環境影響評価が終了し、我が国への輸入を含めた使用等が認められている除草剤耐性の遺伝子組換えセイヨウナタネとしては、除草剤グリホサート、グルホシネート又はプロモキシルのいずれか1剤に対し耐性を有するもの及びグリホサートとグルホシネートの両方に対し耐性を有

するものがある。そのうち、我が国に輸入されている遺伝子組換えセイヨウナタネの多くは、除草剤グリホサート又はグルホシネートに対し耐性を有するものである。

② 遺伝子組換えセイヨウナタネ（農作物）の承認について

我が国では、遺伝子組換え農作物の輸入・流通に先立って、法律に基づき、政府が承認している。具体的には、遺伝子組換え農作物を栽培しようとする場合や我が国に輸入して流通させようとする場合、政府は、あらかじめその系統ごとに、必要なデータを開発者等に提出させ、そのデータを科学的に評価・審査し、

(i) 食品や飼料としての安全性に問題がない

(ii) 運搬時にこぼれ落ちて生育した場合や栽培した場合に我が国の生物多様性に影響を及ぼすおそれがない

と判断されれば承認する。

(3) ダイズに関する基本的な情報について

① ダイズの分類

和名：ダイズ 英名：soybean 学名： <i>Glycine max</i> (L.) Merr.

栽培種であるダイズ (*Glycine max* (L.) Merr. (*Glycine* は以下「*G.*」とする。)) の起源は、細胞学的、形態学的及び分子生物学的知見から、日本、朝鮮半島、中国及びロシアに分布する野生のツルマメ (*G. soja* Sieb. et Zucc.) と考えられている。

② ダイズの特徴

ダイズは、種子で繁殖する一年生の植物である。受粉は開花前に閉じた花の中で行われるため、高い自殖性（昆虫や風の助けを借りなくても自家受粉により種子をつくる性質）を示し、他家受粉率は通常1%未満である（OECD, 2000）。また、花粉は約8時間で受精能力を失う（Palmer, 2000）ことが報告されている。

生育に適した温度は品種によって異なるが、成長、開花の適温は25～30℃の間である。また、発芽適温は30～35℃で、10℃以下では発芽不良となる。種子に休眠性はない。現在までに、氷点下を生き延びることが可能なダイズ品種は存在しない。

USDA（米国農務省）が作成する有害雑草リストにダイズは含まれておらず（USDA, 2006）、これまで我が国においてダイズが雑草化した報告事例はない。

③ ダイズの利用

ダイズは、世界で広く栽培されている農作物である。加工食品として利用されるほか、種子から搾油した油が食用油として、搾りかすは家畜飼料として利用されている。

我が国では、食用油、家畜飼料、食品、工業原料として用いられ、その多くを米国などから輸入している。なお、ダイズの輸入量は約 327 万トン（2021 年、財務省貿易統計）、国内生産量は約 25 万トン（2021 年、農林水産省作物統計）である。

④ ダイズと近縁野生種との交雑性

我が国には、ダイズと交雑可能な近縁の野生種として、ツルマメが広く分布している。

日本の栽培品種である丹波黒とツルマメ（Gls/93-J-01）を 50 cm 間隔（鉢の中心と隣接鉢の中心との距離）で、それぞれ 30 個体ずつ交互に植えた場合、その自然交雑率は 0.73 %との報告がある（Nakayama and Yamaguchi, 2002）。

また、除草剤グリホサート耐性遺伝子組換えダイズとツルマメを 5 cm 離して栽培し、ツルマメ個体の収穫種子 32502 粒を調査したところ、ダイズと自然交雑した交雑種子数は 1 粒であった。この交雑種子は、両種の開花最盛期を最も近くするために、ダイズの播種時期をずらした群の 11860 粒の中から見つかったと報告されている（Mizuguti *et al.* 2009）。

（4）遺伝子組換えダイズについて

① 遺伝子組換えダイズの開発と栽培について

1990 年代後半、遺伝子組換え技術により、特定の除草剤に対して耐性を持つダイズが開発された。これは、特定の除草剤を散布した場合、雑草など他の植物は枯れてしまうが、遺伝子組換えダイズだけは枯れないというもので、生産者に効率的な除草をもたらすものであった。

遺伝子組換えダイズは、海外で商業的に栽培されている。ダイズの主な輸入相手国である米国では、1996 年（平成 8 年）に遺伝子組換えダイズの作付けが開始され、2019 年（令和元年）には栽培面積の 9 割以上を遺伝子組換えダイズが占める（ISAAA, 2019）。

なお、現在まで、我が国に輸入されている遺伝子組換えダイズの多くは、除草剤グリホサート又はグルホシネートに対し耐性を有するものである。

② 遺伝子組換えダイズ（農作物）の承認について

我が国では、遺伝子組換え農作物の輸入・流通に先立って、法律に基づき、政府が承認している。具体的には、遺伝子組換え農作物を栽培しようとする場合や我が国に輸入して流通させようとする場合、政府は、あらかじめ系統

ごとに、必要なデータを開発者等に提出させ、そのデータを科学的に評価・審査し、

(i) 食品や飼料としての安全性に問題がないこと

(ii) 運搬時にこぼれ落ちて生育した場合や栽培した場合に我が国の生物多様性に影響を及ぼすおそれがないこと

と判断されれば承認する。

(5) 参考文献

- Bing, D.J., Downey, R.K., Rakow, F.W. (1991) Potential of gene transfer among oilseed Brassica and their weedy relatives. In: GCIRC 1991 Congress p 1022-1027.
- Bing, D.J., Downey, R.K., Rakow, G.F.W. (1996) Hybridizations among Brassica napus, B.rapa and B.juncea and their two weedy relatives B.nigra and Sinapis arvensis under open pollination conditions in the field. Plant Breeding 115: p470-473.
- Chevre, A.M., Eber, F., Jenczewski, E., Darmency, H., Renard, M. (2003) Gene flow from oilseed rape to weedy species. Acta Agriculturae Scandinavica, Section B, Soil and Plant Science 53: p22-25.
- Chevre, A.M., Eber, F., Kerlan, M.C., Barret, P., Festoc, G., Vallee, P., Renard, M. (1996) Interspecific gene flow as a component of risk assessment for transgenic Brassicas. Acta Horticulturae 407: p169-179.
- Downey, R.K., Robbelen, G. (1989) Brassica species. In: Oil Crops of the World. Robbelen et al. (eds.) McGraw-Hill, New York, p339-362.
- H.C. Becker, C. Damgaard, and B. Karlsson (1992) Environmental variation for outcrossing rate in rapeseed (*Brassica napus*). Theor Appl Genet 84 : 303-306.
- Jørgensen, R.B., Andersen, B., Landbo, L. and Mikkelsen, T.R. (1996). Spontaneous hybridization between oilseed rape (*Brassica napus*) and weedy relatives. Acta Horticulturae. 407: p193-200.
- Kerlan, M.C., Chèvre, A.M., Eber, F., Baranger, A., Renard, M. (1992) Risk assessment of outcrossing of transgenic rapeseed to related species : I. Interspecific hybrid production under optimal conditions with emphasis on pollination and fertilization. Euphytica 62: p145-153.
- Lefol, E., Danielou, V., Darmency, H. (1996) Predicting hybridization between transgenic oilseed rape and wild mustard. Field Crops Research 45: p153-161.
- Lefol, E., Freury, A., Carmency, H. (1996) Gene dispersal from transgenic crops. II. Hybridisation between oilseed rape and wild Hoary mustard. Sexual plant reproduction 9: p189-196.
- Mizuguti, A., Y. Yoshimura and K. Matsuo. (2009) Flowering phenologies and natural hybridization of genetically modified and wild soybeans under field conditions. Weed Biology and Management 9: p93-96.
- Nakayama, Y. and H. Yamaguchi. (2002) Natural hybridization in wild soybean (*Glycine max* ssp. soja) by pollen flow from cultivated soybean (*Glycine max* ssp. max) in a designed population. Weed Biology and Management 2: p25-30.
- OECD. (2000) Consensus document on the biology of *Glycine max* (L.) Series on Harmonization of Regulatory Oversight in Biotechnology No.15.
- OECD. (2012) Consensus document on the biology of the Brassica crops (*Brassica* spp.) Series on Harmonization of Regulatory Oversight in Biotechnology No.54.
- OGTR. (2008) The biology of *Brassica napus* L. (Canola). Version 2. Office of the Gene Technology Regulator (OGTR). Department of Health and Ageing, Australian Government.
(<http://www.ogtr.gov.au/internet/ogtr/publishing.nsf/Content/riskassessments-1>)
- Palmer, R.G. (2000) Genetics of four male-sterile, female-fertile soybean mutants. Crop Science 40: p78-83.
- Scheffler, J.A., Dale, P.J. (1994) Opportunities for gene transfer from

- transgenic oilseed rape (*Brassica napus*) to related species. *Transgenic Research* 3: p263-278.
- Scott, S.E. and Wilkinson, M.J. (1998). Transgene risk is low. *Nature*. 393: 320. USDA <http://plants.usda.gov/java/noxiousDriver>
- Warwick, S.I., Simard, M.J., Legere, A., Beckie, H.J., Braun, L., Zhu, B., Mason, P., Seguin-Swartz, G., Stewart, C.N. (2003) Hybridization between transgenic *Brassica napus* L. and its wild relatives : *Brassica rapa* L., *Raphanus raphanistrum* L., *Sinapis arvensis* L., and *Erucastrum gallicum* (Willd.) O.E. Schulz. *Theor. Appl. Genet.* 107: p528-539.
- Wilkinson, M.J., Davenport, I.J., Charters, Y.M., Jones, A.E., Allainguillaume, J., Butler, H.T., Mason, D.C., Raybould, A.F. (2000) A direct regional scale estimate of the transgene movement from genetically modified oilseed rape to its wild progenitors. *Molecular Ecology* 9: p983-991.
- 国際アグリバイオ事業団(ISAAA) Brief 55 Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops in 2019
- 財務省 貿易統計 <https://www.customs.go.jp/toukei/info/index.htm>
- 志賀敏夫. (2001). “生育のステージと生理, 生態”. 転作全書 第三巻 雑穀. 農文協.p.293-332.
- 日本花粉学会 編(2008). “花粉学事典 新装版”. 朝倉書店. p.71-72
- 農林水産省 作物統計 <https://www.maff.go.jp/j/tokei/kouhyou/sakumotu/>

謝意 :

本調査の実施や検証にあたり、生物多様性影響評価検討会農作物分科会委員の皆様、国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構農業環境研究部門の吉村泰幸博士及び江川知花博士にナタネ類の同定や調査結果の解釈など、多々ご協力いただきました。この場をお借りしてお礼を申し上げます。