

## 2. NBTに関するリスクコミュニケーションの検討

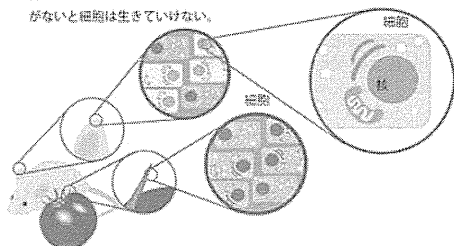
### 2-C 研究結果

#### (1) 説明資料の作成

##### 染色体や遺伝子、DNAなどの用語を説明します。

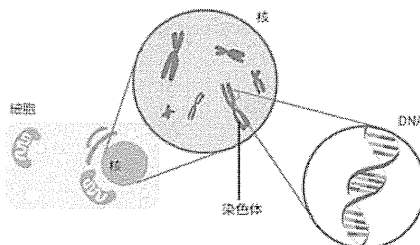
細胞とは：

ほとんどの生物は細胞によってできていて、生物の身体を構成する最小単位。細胞1つは、中心に核を持っていて、核は細胞全体を支配していて、これがないと細胞は生きていけない。



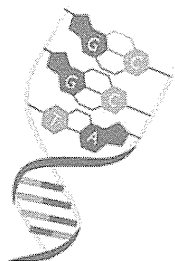
染色体とは：

細胞の核の中には染色体がある。染色体は小さく折り畳まれたDNAの鎖が集まってできている。



DNAとは：

DNAは2本の鎖がお互い絡まりあったような構造をしている。2本の鎖がらせん状になっていることから、これを二重らせん構造と言う。このらせんの中に4種類の塩基と呼ばれる部分(GCAT)があり、この塩基の並び順によって生命の情報が記録される。



遺伝子とは：

遺伝子には外見や性質、個性などを決定する情報が含まれているため、生命の設計図とも言われている。2重螺旋であるDNAに遺伝子(設計図)がいくつも乗っている。

##### 染色体や遺伝子、DNAなどの用語を説明します。

遺伝情報は：

遺伝情報は個人によって異なり、遺伝情報の違いが性別、毛色等の個性を決めている。塩基の並び方を一部変更することで、違った遺伝情報・違った個性を持つ生物を創造することができる。



ゲノムとは：

生物が持つ遺伝情報全体のこと、染色体に存在する全DNA(遺伝情報)をあらわす。

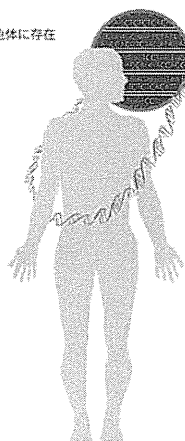


図 73 用語解説

下記の説明は遺伝子組換え技術がどういったものが説明をしています。

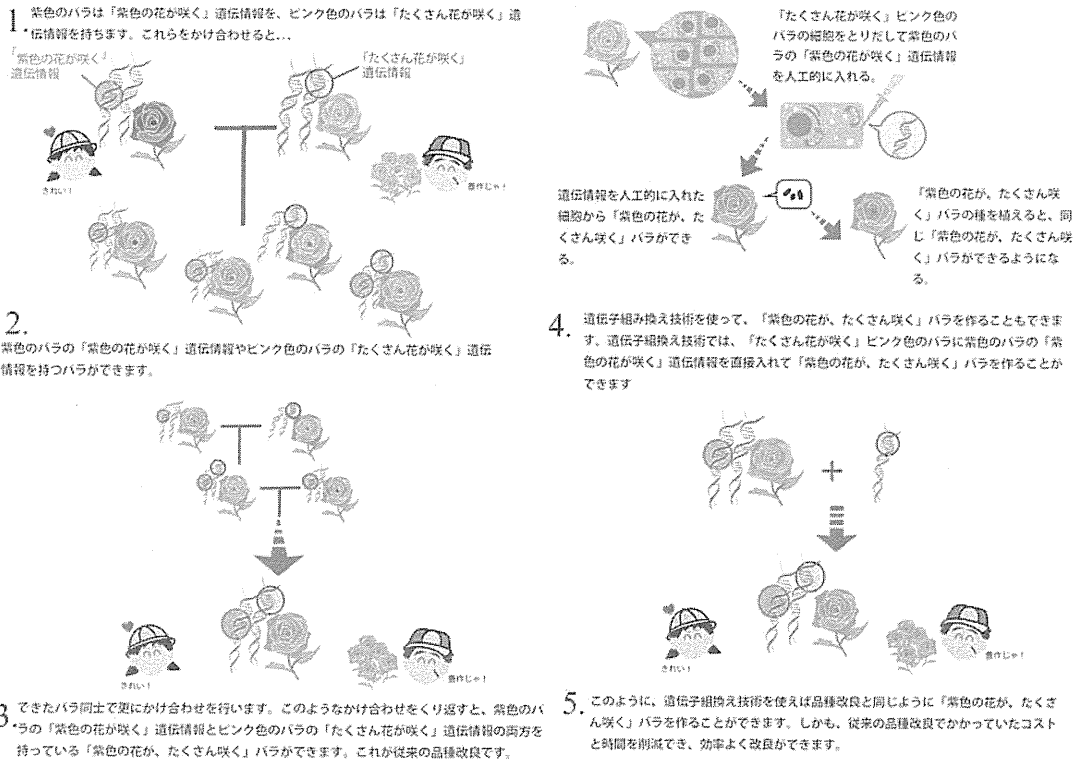


図 74 遺伝子組み換え技術

下記の説明は、セルフクローニングという技術を説明しています。

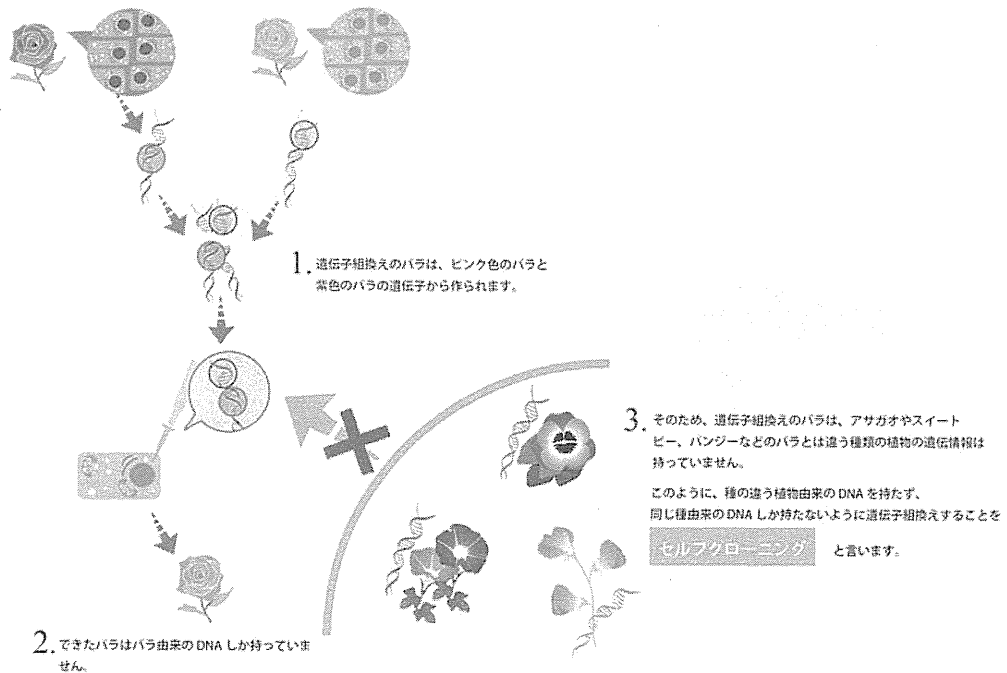


図 75 セルフクローニング

下記はナチュラルオカレンスという技術の説明です。

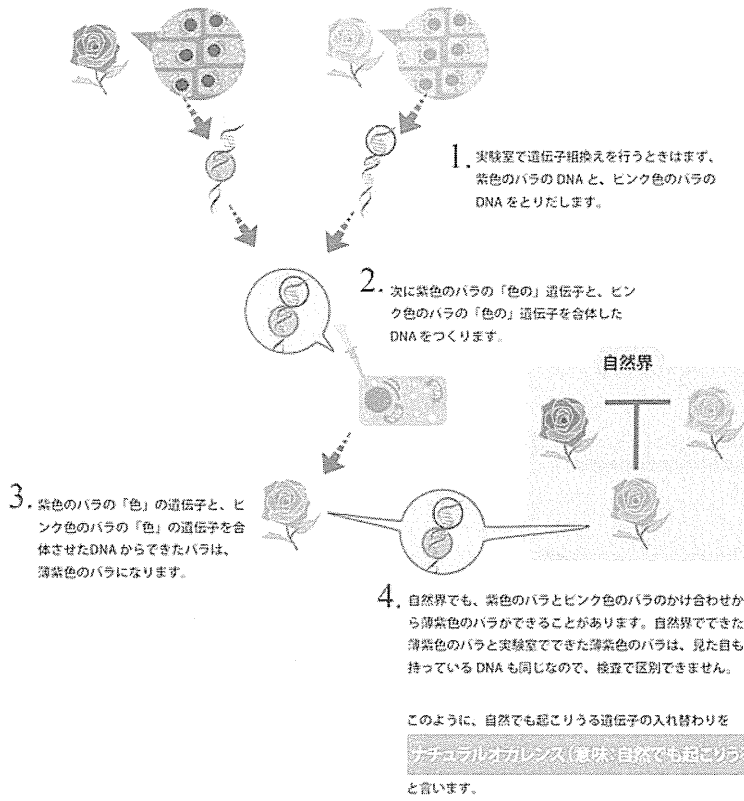


図 76 ナチュラルオカレンス

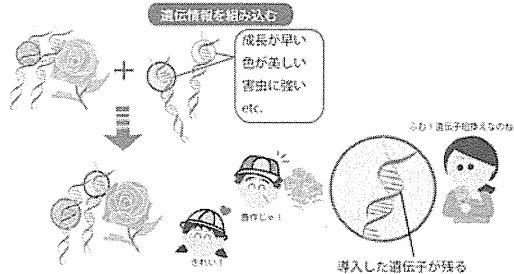
### 次世代植物育種技術 (NBT)

1. 品種改良を行う新しい技術として、

次世代植物育種技術 (NBT)  
New Plant (新しい植物)  
Breeding (育てる)  
Techniques (技術)

というものがあります。日本ではこの技術を使った作物は市場に出いてませんが、海外では実用化されている技術もあります。

2. 従来の遺伝子組換え技術のおさらい



今までの遺伝子組換え技術を使うと、作物の品質をよくする、病気に強くするなどの品種改良を、効率よく行うことができます。出来上がった作物は、遺伝子に遺伝子組換え特有の特徴が残るため、検査をすれば遺伝子組換えをした作物だとわかります。

3. 次世代植物育種技術 (NBT) とは？

遺伝子組換えの痕跡の残らない遺伝子組み換え技術



NBT を使うと今までの遺伝子組み換え技術と同じように、作物の品質をよくする、病気に強くするなどの品種改良を、効率よく行うことができます。しかし、NBT では従来の遺伝子組換え技術と違って、出来上がった作物の遺伝子に遺伝子組換え特有の特徴が残らず、遺伝子組換えなのかわからない場合があります。

図 77 次世代植物育種技術

## ゲノム編集

次世代植物育種技術にはどんな技術があるの？①

ゲノム編集：動植物の持つDNAの修復力によって、遺伝子の変化を起こす技術

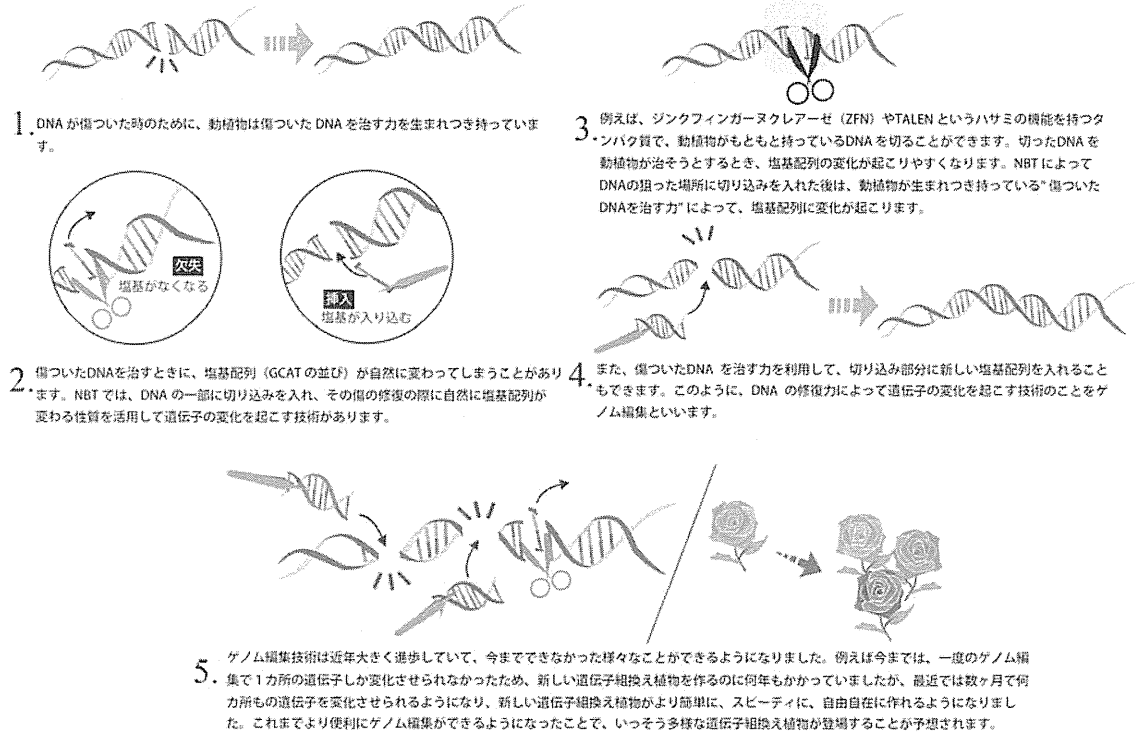


図 78 ゲノム編集

## ジンクフィンガーヌクレアーゼ（ZFN）

次世代植物育種技術にはどんな技術があるの？①

植物の持つDNAの修復力によって、遺伝子組換えを起こさせる技術

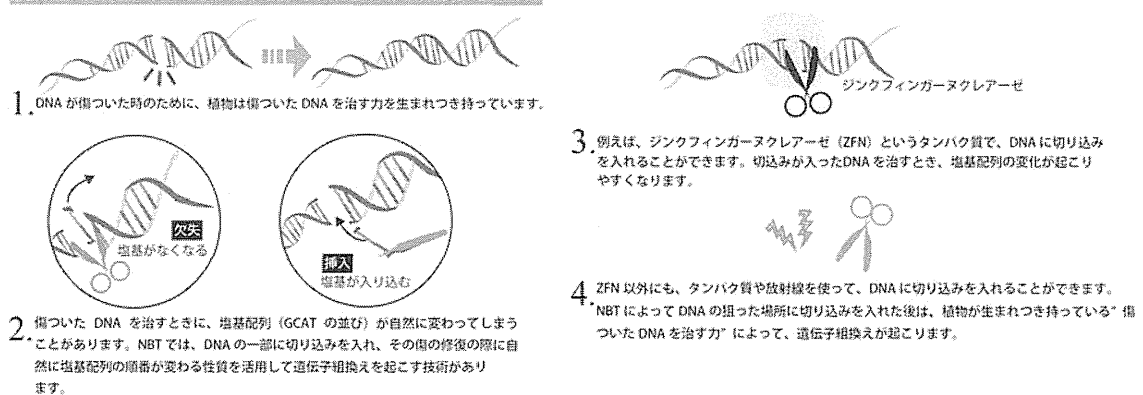


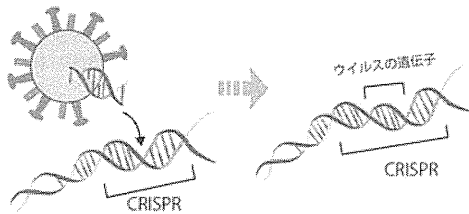
図 79 Zinc finger nuclease (ZFN)

## クリスパーキャス(CRISPR CAS)

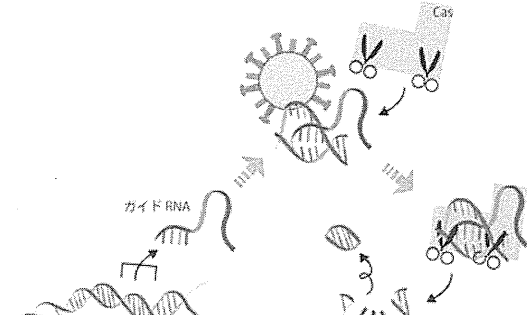
旧来、最新技術(免疫系)を利用して、DNAを切る

ゲノム編集をするとき、DNAに切り込みをいれます。このとき、動植物がもともと持っているウイルスに対する免疫系を利用してDNAに切り込みを入れる技術があります。

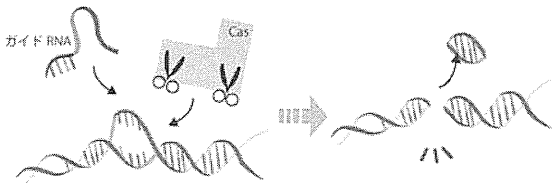
1 動植物はウイルスに感染すると、次に感染したときにより早く効率的にウイルスを撃退するために、感染したウイルスの情報を覚えます。NBTの1つに、この特性を利用して遺伝子に変化を起こす技術があります。



2 例えば、動植物の DNA には CRISPR (クリスパー) という特徴のある部分があります。ウイルスに感染すると、CRISPR にウイルスが持ってきた遺伝子を取り込まれ、そのまま残ります。こうすることで、ウイルスの持ち込んだ情報を覚えます。



3. ウイルスが持ち込んだ塩基配列に付着する装置 (ガイド RNA) を作ります。ガイド RNA は DNA を切断するタンパク質の一種 (Cas) (キャス) を呼び寄せ、Cas はウイルスの DNA を切断して排除します。



4. ゲノム編集では、DNAの切りたい部分の塩基配列 (GCATの並び) に付着するガイドRNAとCasの設計図を動植物に取り込む技術があります。DNAが切断されると、後は他のゲノム編集技術と同じように、動植物が生まれつき持っている"傷ついたDNAを治す力"によって、塩基配列に変化が起こります。

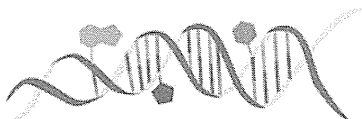
図 80 CRISPR CAS

## メチル化

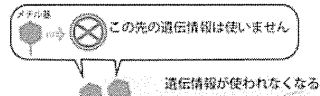
次世代植物育種技術にはどんな技術があるの？②

遺伝情報に標識を立て、使う遺伝子を取捨選択する技術

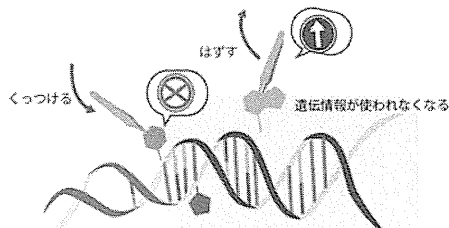
動植物の色や形などの特徴がどのように表れるかは、遺伝子によって決まります。動植物は、持っているすべての遺伝子情報を使っているわけではありません。色や形などを現す遺伝子を取捨選択することにより、動植物が持つ特徴を左右することができます。



1 DNAには色々なものが付着して、標識の役割を果たします。NBTの技術では、この標識を使って塩基配列 (GCATの並び) を変えることなく遺伝情報を制御する方法があります。



2. このような標識のひとつに「メチル基」があります。DNA にメチル基が付着すると、「この遺伝情報は使いません」という意味の標識の役割を果たします。DNAの狙った場所にメチル基を付着させることで、その遺伝情報は使われないという選択ができます。



3. NBTでは、DNAの狙った場所にメチル基等の標識を付けたり、元々あった標識を外したりすることができます。この技術を使えば、塩基配列を変えずに、使う遺伝情報を自由に選ぶことができます。

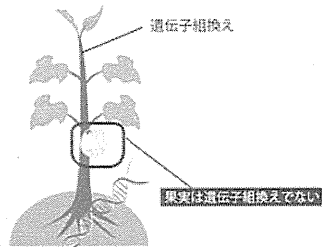
図 81 メチル化

## 接ぎ木

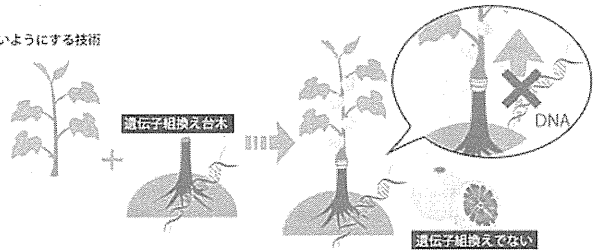
次世代植物育種技術にはどんな技術があるの？③

作物のなる木や苗だけを遺伝子組換えにする技術

栽培や育種の過程で遺伝子組換え技術を利用するが、人が食べる部分は遺伝子組換えではないようにする技術



1. NBTの技術では、栽培や育種の過程で遺伝子組み換え技術を使っても、人が食べる作物や種の遺伝子は組換えられない植物を作ることができます。



2. 例えば、接ぎ木を利用した技術でこのような植物を作ることができます。遺伝子組換えをした台木に、遺伝子組換えではない穂木を接ぎ木します。根から接ぎ木した部分までは遺伝子組換えですが、接ぎ木では、DNAは台木から穂木に移動できないという特徴があるので、接ぎ木した部分から上は遺伝子組換えではなく、その部分になる実も遺伝子組換えではありません。

図 82 接ぎ木

## (2) アンケート調査

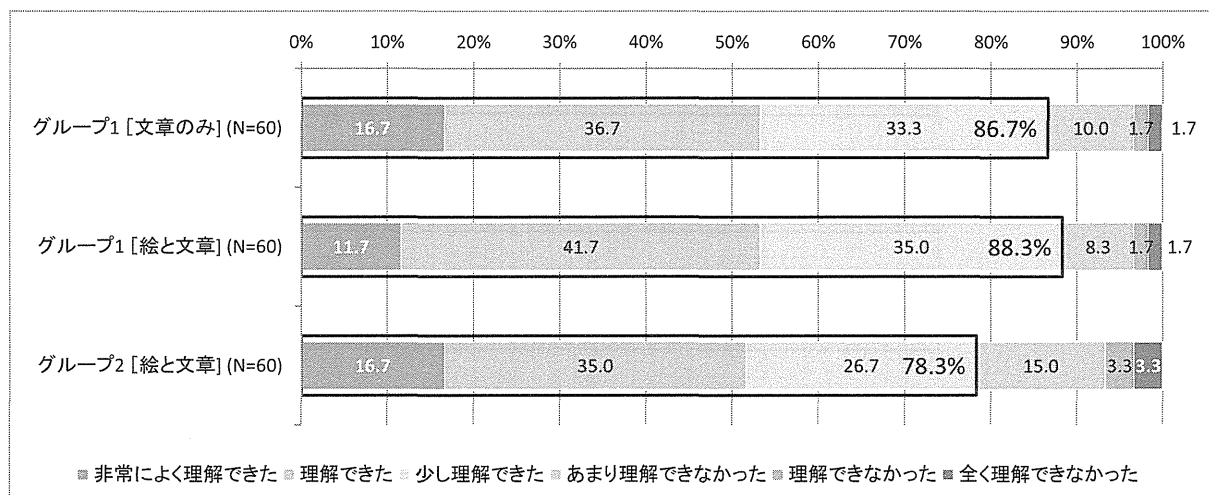


図 83 細胞に対する理解度

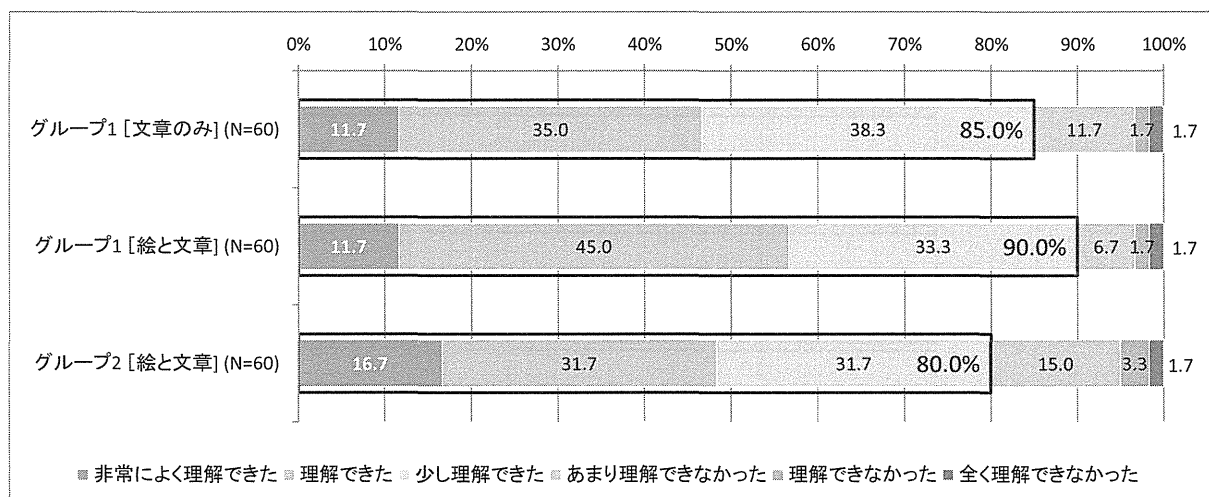


図 84 染色体に対する理解度

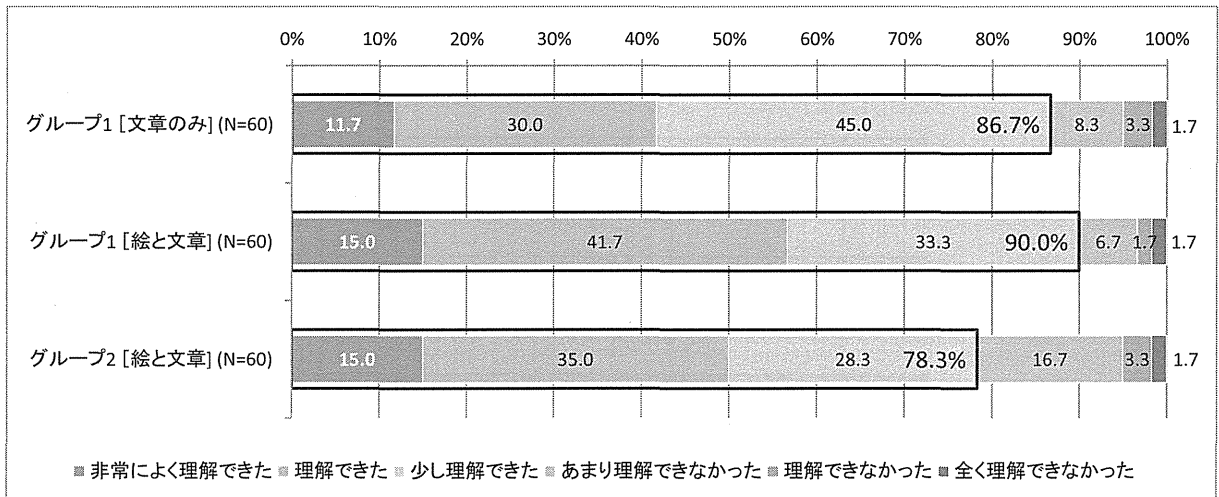


図 85 DNA に対する理解度

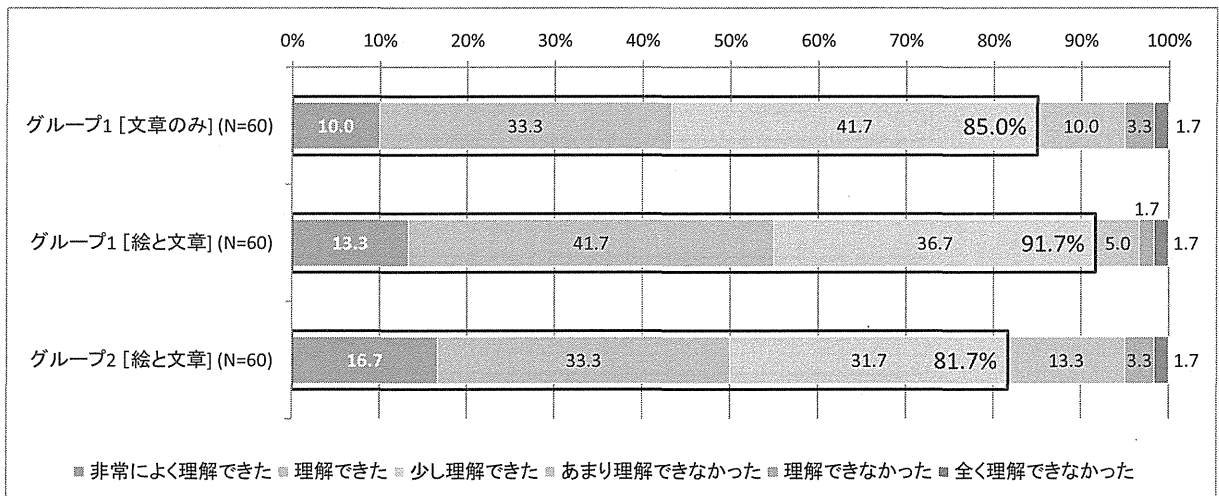


図 86 遺伝子に対する理解度



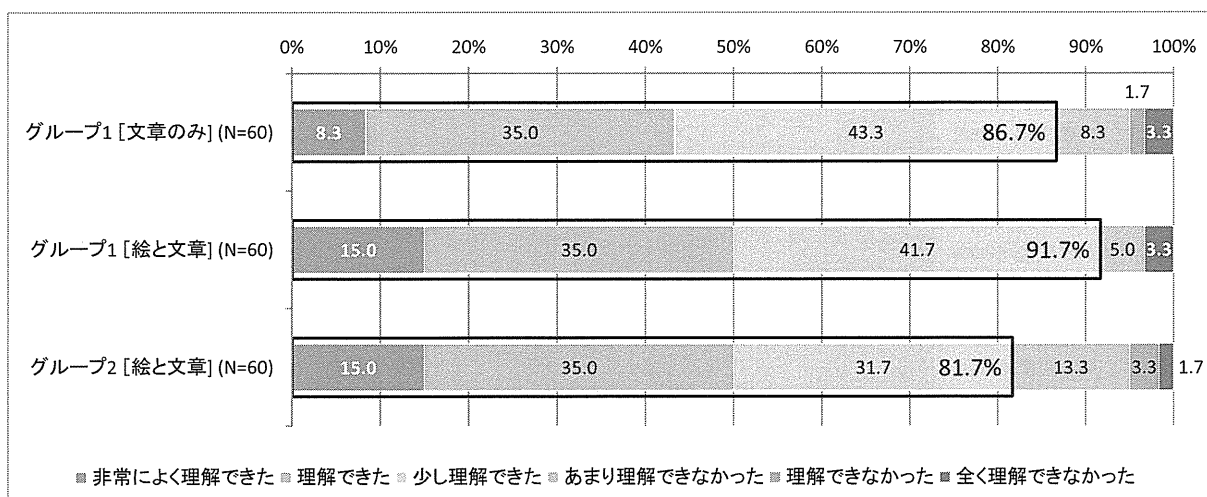


図 87 遺伝情報に対する理解度

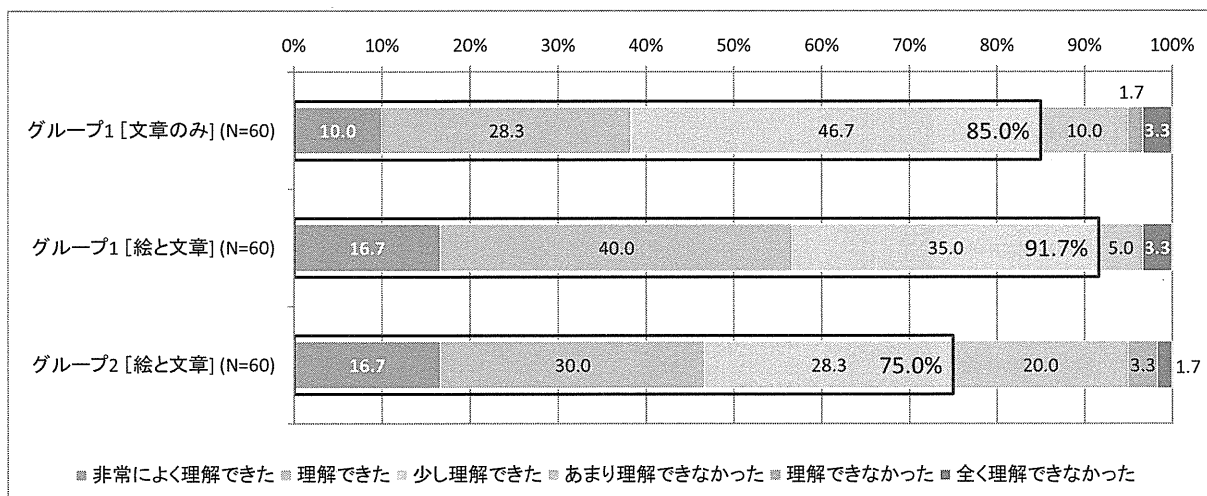


図 88 ゲノムに対する理解度

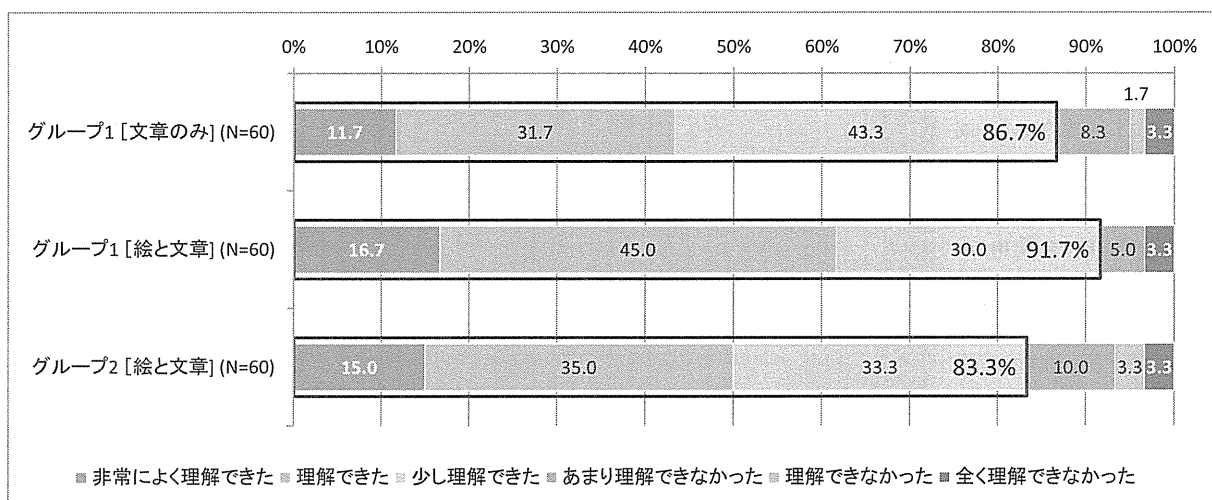


図 89 基本的な遺伝子組み換え技術に対する理解度

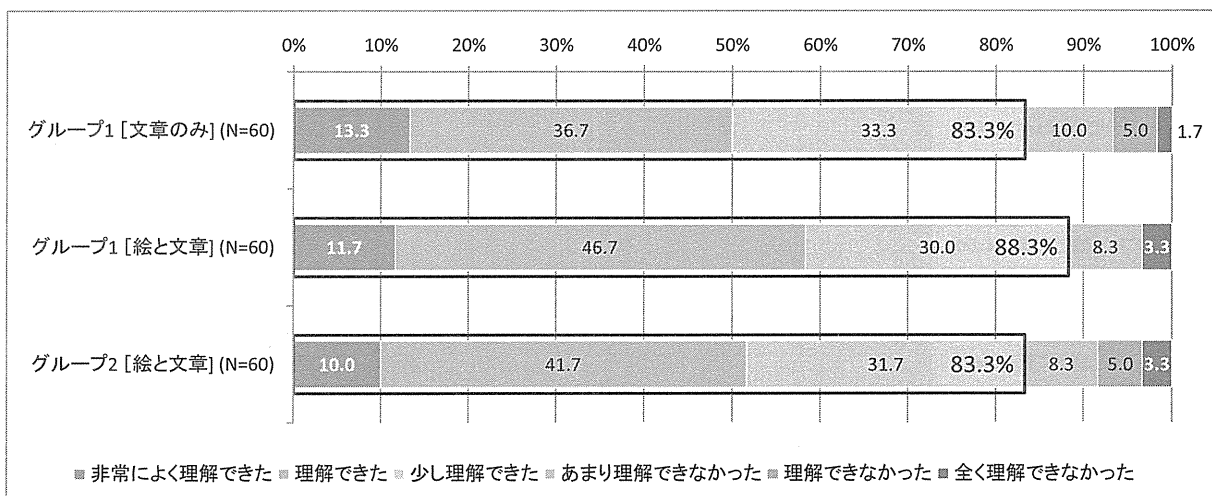


図 90 セルフクローニングに対する理解度

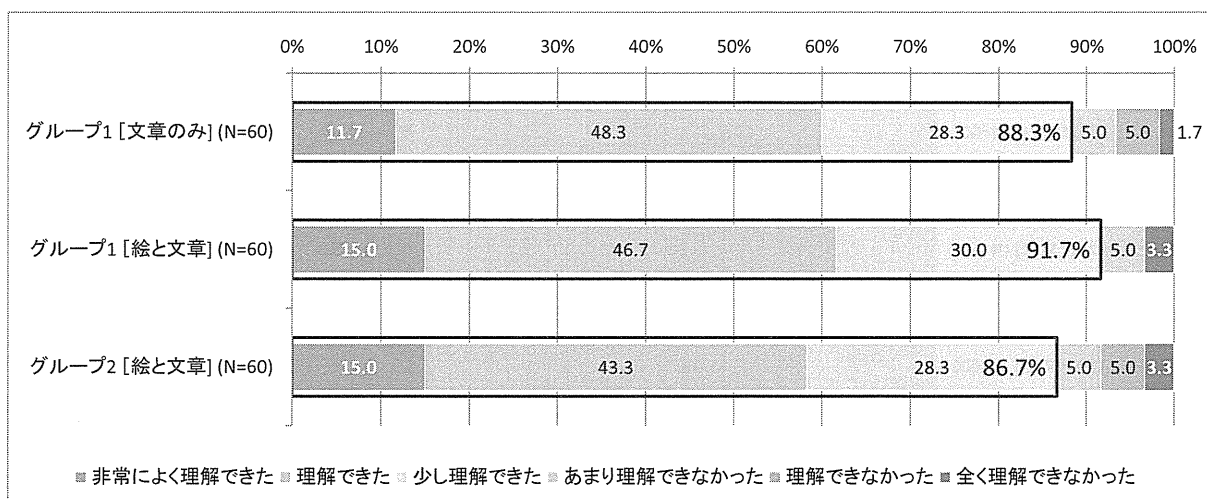


図 91 ナチュラルオカレンスに対する理解度

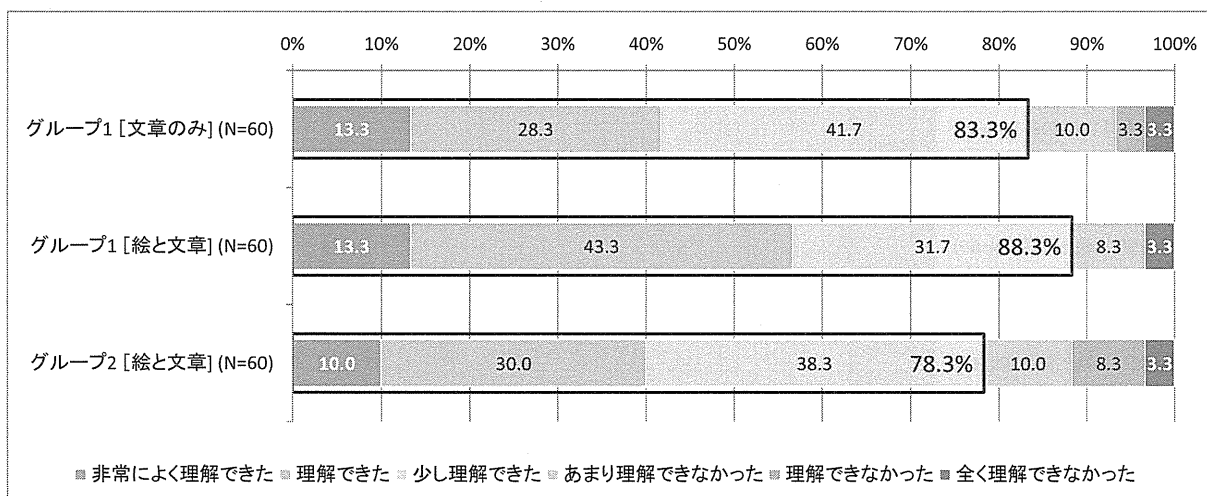


図 92 NBT に対する理解度

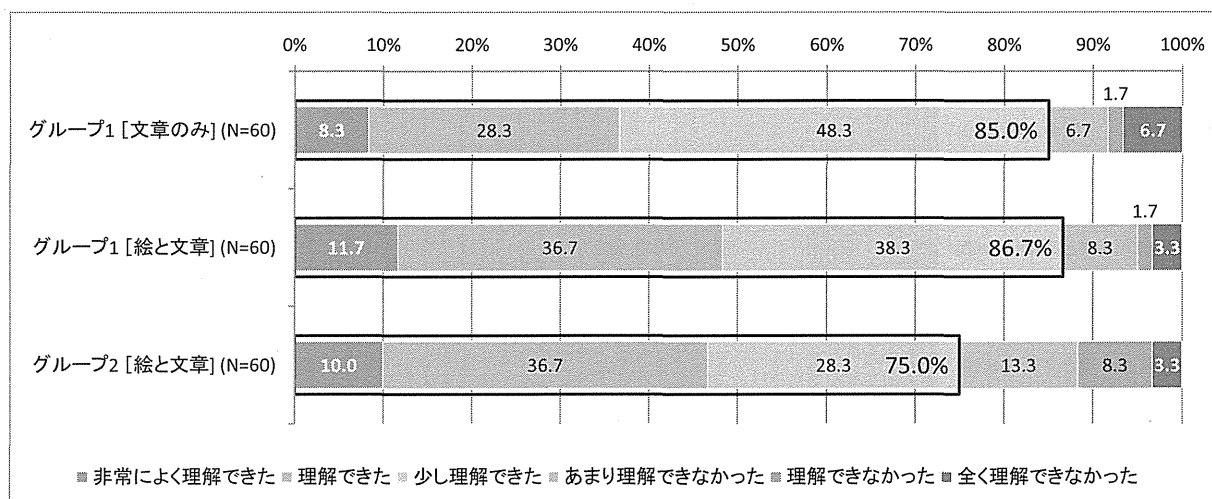


図 93 ゲノム編集に対する理解度

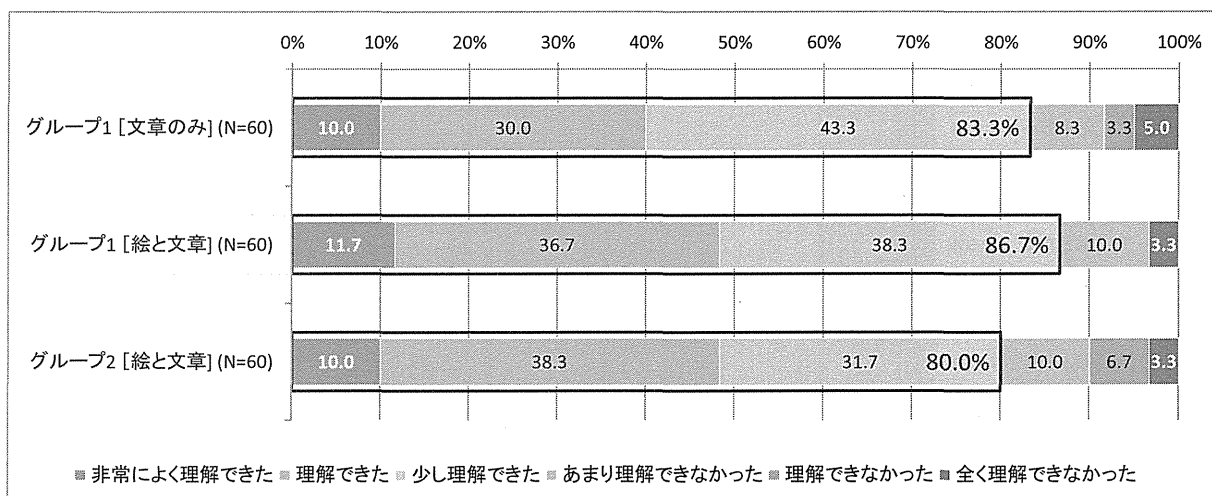


図 94 Zinc finger nuclease (ZNF) に対する理解度

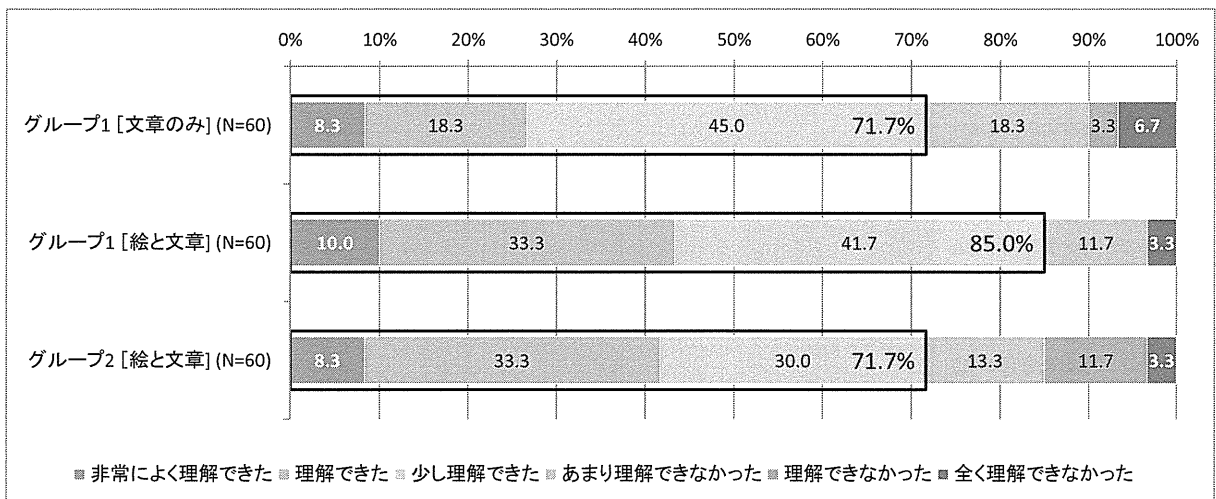


図 95 CRISPR CAS に対する理解度

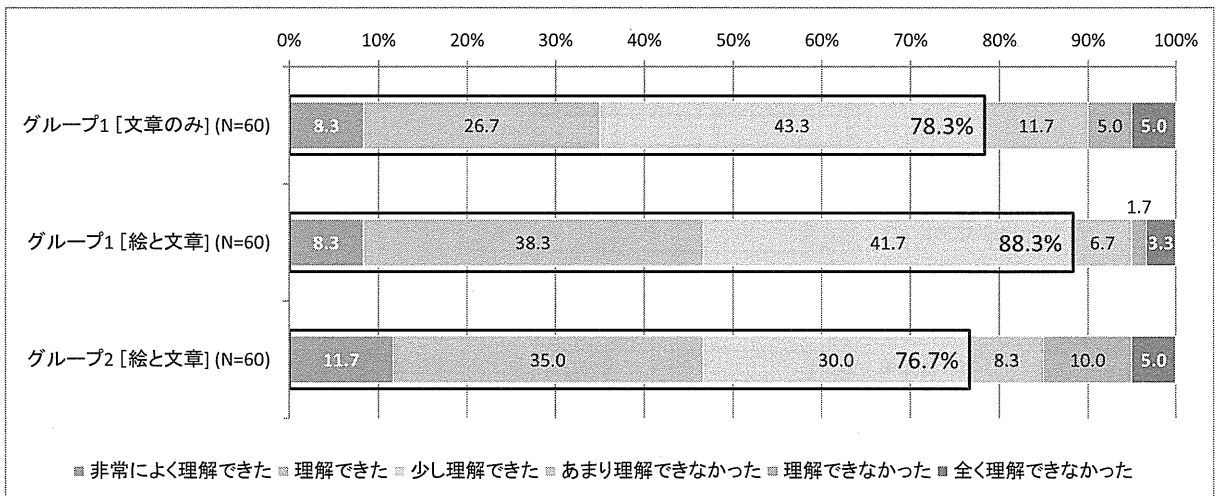


図 96 メチル化に対する理解度

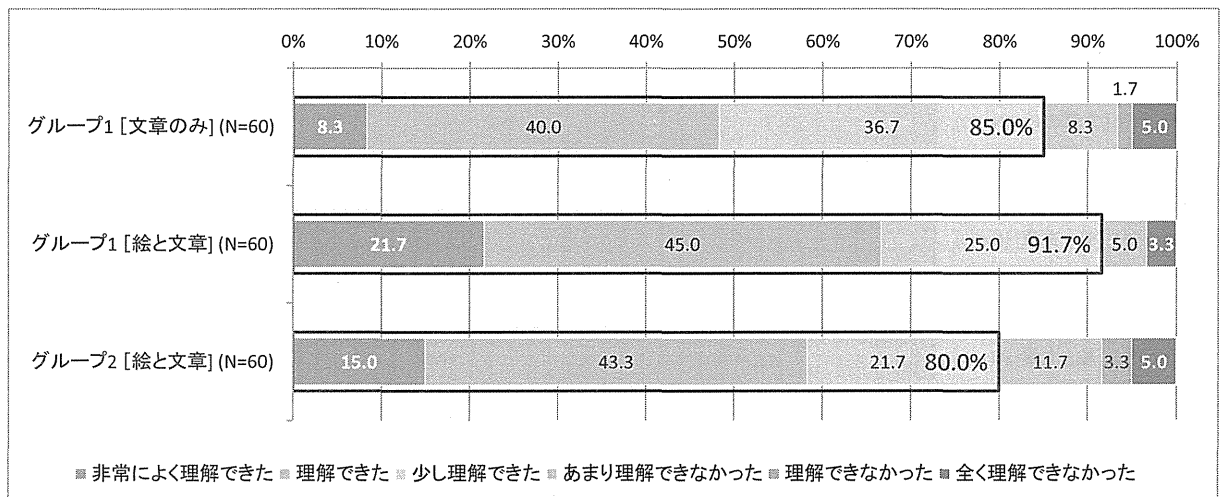


図 97 接ぎ木に対する理解度

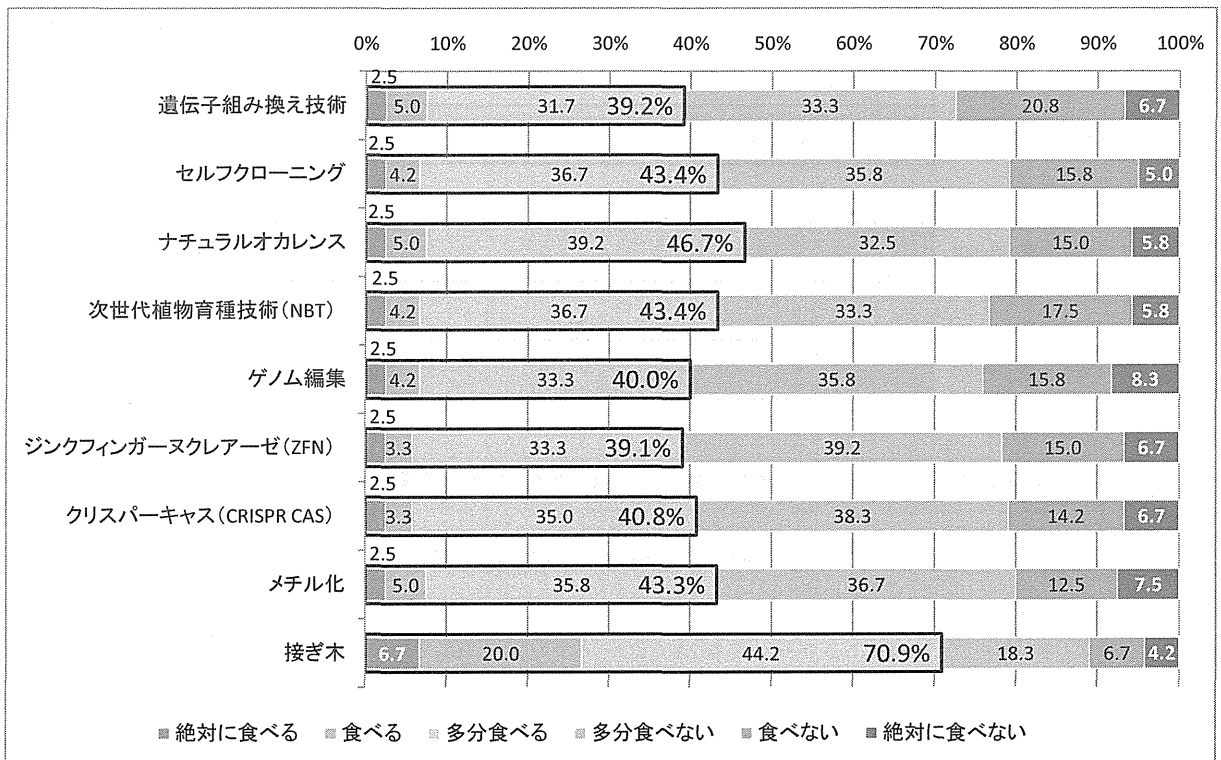


図 98 バイオテクノロジー技術で品種改良された作物に対する摂食意向

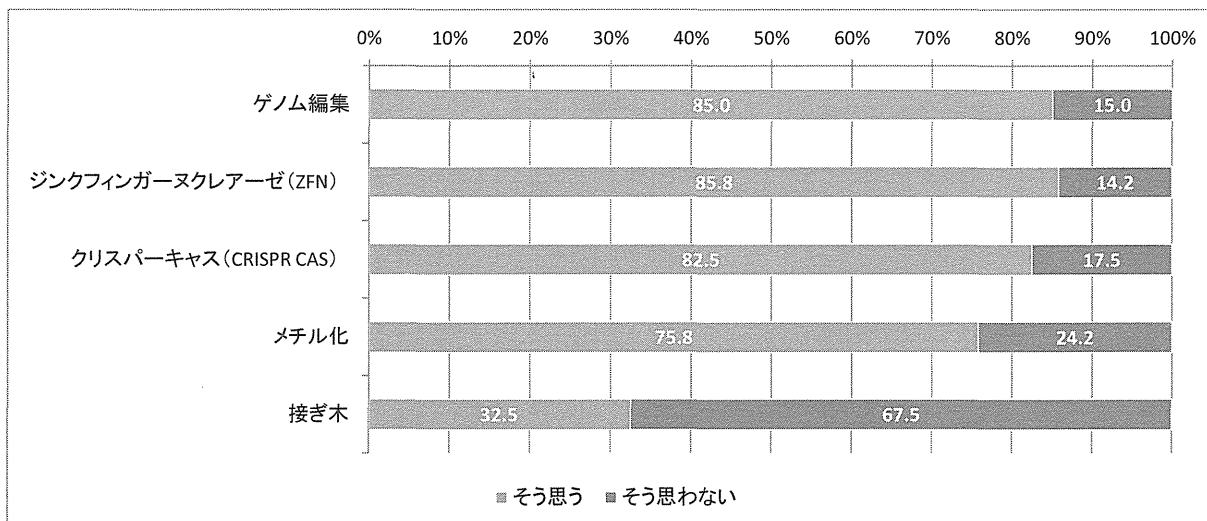


図 99 NBT 技術で品種改良された植物は遺伝子組み換え植物だと思うか

## (遺伝子組換え体の安全性に関するポストゲノム手法導入のための調査研究(1))

研究分担者 小関良宏 東京農工大学大学院工学研究院教授

### 研究要旨

遺伝子組換え作物は世界で広く利用されているが、3大作物(トウモロコシ、ダイズ、ナタネ)、2大特性(害虫抵抗性、除草剤耐性)がその大部分を占めている。しかしながら、イネやコムギ等の作物を宿主としたり、乾燥抵抗性や栄養成分改変、機能性分子付与等の新たな特性を導入したり、新たな組換え作物の開発も盛んに進められており、そのいくつかは、既に商品化に近いところまで進んでいる。また、魚類や家禽類を宿主とした食用を目的とした組換え生物の開発・商品化もすすめられている。多様化する組換え体の食品としての安全性評価に際し、科学的知見としてオーム解析や成分分析等の一斉分析手法によって得られるデータの有効性の検証を目的とし、モデル組換え体を材料に、一斉分析を実施し、その有効性について検証した。平成24年度は、遺伝子組換えアマゴを用いた食品成分分析を行い、遺伝子組換えサケの食品安全審査に必要な項目の調査を行った。平成25年度は、低アレルゲンイネ玄米を分析対象とし、食品五成分の分析を行い、分析値を従来品種の値と比較した結果、大きな差異は認められないことを確認した。平成26年度は、高温ストレス耐性サツマイモの可食部である塊根を分析対象とし、食品五成分の栄養成分分析を行い、分析値を従来品種の値と比較した結果、大きな差異は認められないことが確認された。

### 研究協力者

小口太一(筑波大学生命環境系/遺伝子実験センター)

菊池 彰(筑波大学生命環境系/遺伝子実験センター)

### A. 研究目的

遺伝子組換え作物は世界で広く利用されているが、3大作物(トウモロコシ、ダイズ、ナタネ)、2大特性(害虫抵抗性、除草剤耐性)がその大部分を占めている。しかしながら、近年では、イネやコムギ等の新たな作物を宿主とした組換え作物や、乾燥抵抗性や栄養成分改変、機能性分子付与等の新たな特性の作物への導入した組換え体の開発が進んでいる。これら新たなタイプの組換

え作物の開発は、既に商品化に近いところまで進んできている。また、食用を目的として、魚類や家禽類を宿主とした組換え生物の開発・商品化もすすめられている。多様化する組換え体の食品としての安全性評価に際し、科学的データとしてのオーム解析や栄養成分分析等の一斉分析手法によるデータの活用可否や有効性の検証を目的とし、本研究グループでは、モデル組換え体材料を様々な成分分析試験に供し、その分析値の従来品種や非組換え体との比較から、組換え体の食品における安全性評価への活用の有効性等を検証する。

### B. 研究方法

<組換え魚類モデルの栄養成分分析法>



三重県の水産研で養殖された非組換えアマゴと組換えアマゴについて、可食部の栄養成分比較を行った。市場出荷サイズでの比較を念頭に置いたため、両検体の大きさを揃えての分析となった。遺伝子組換え体は導入遺伝子の効果により旺盛な生育を示すため、8月下旬には分析サイズにまで成長し、採取された。一方、非組換え体はそれより約半年の成長期間が必要となり、1月中旬の採取となった。

水産研で生育、三枚におろしたアマゴの冷凍切り身を材料とした。日本食品分析センターに送付し、皮と小骨を除いた部分の五成分（水分、たんぱく質、脂質、炭水化物、灰分）とエネルギーの分析、脂肪酸の不飽和度、コレステロール含量、トランス脂肪酸含量の測定を依頼した。水分は常圧加熱乾燥法、たんぱく質はケルダール法、脂質は酸分解法、灰分は灰化法により評価した。エネルギーと水分は下記の計算式により求めた。

$$\text{炭水化物} = 100 - (W + P + L + A)$$

$$\text{エネルギー} = 4P + 9L + 4C$$

W：水分、P：たんぱく質、L：脂質

C：炭水化物、A：灰分

不飽和脂肪酸、コレステロール、トランス脂肪酸はガスクロマトグラフィーにより計測し、その他は総脂肪量から不飽和脂肪酸、コレステロール、トランス脂肪酸を引いたもので算出した

＜アレルギー性を低減させた農産物モデルの栄養成分分析法＞

低アレルギーイネは閉鎖系環境で栽培したイネから採取した種子（玄米）を東京理科大島田浩章教授に分与いただいたものを用いた。また、同条件で栽培した非組換えイネ（品種：日本晴）玄米を対象として用いた。

組換えイネ玄米、非組換えイネ玄米各 28 g

を、日本食品分析センターに送付し、五成分（水分、たんぱく質、脂質、炭水化物、灰分）の分析を依頼した。水分は常圧加熱乾燥法、たんぱく質はケルダール法、脂質は酸分解法、灰分は灰化法により評価した。エネルギーと水分の算出は、組換え魚類の栄養成分分析と同様に行った。

＜環境ストレス耐性を付与した農産物農産物の栄養成分分析法＞

高温ストレス耐性遺伝子組換えサツマイモおよび非対照組換えサツマイモ（品種：高系14号）は、特定網室下で8月中旬から11月中旬までの3ヶ月間プランター栽培し、収穫した塊根の一部を、独立行政法人科学技術振興機構戦略的創造研究推進事業（CREST）（研究代表者重岡成）より分与を受けた。

組換え体2系統および非組換え体1系統各1個体より収穫した塊根（表皮は剥離）各100gを、日本食品分析センターに送付し、五成分（水分、たんぱく質、脂質、炭水化物、灰分）およびエネルギーの分析を依頼した。水分は常圧加熱乾燥法、たんぱく質はケルダール法、脂質は酸分解法、灰分は灰化法により評価した。エネルギーと水分の算出は、組換え魚類の栄養成分分析と同様に行った。

## C. 研究結果

＜組換え魚類モデルの栄養成分＞

遺伝子組換え体と非組換え体の差は、エネルギーに顕著に認められ、その際は主に脂肪量と水分量に由来するものと考えられる。差異の大きかった脂質について、その成分を検討したところ、ともにトランス脂肪酸の検出はされず、また、コレステロールの総量もほぼ同じであった。遺伝子組換え体と非組換え体の脂質量の差は、コレステロール類以外の脂質に由来することが明らかとなった。また、飽和脂肪酸の割合が組換え体で低い

事も明らかとなった。

#### <アレルギー性を低減させた農産物モデルの栄養成分>

低アレルギーイネ玄米および同環境で栽培した非組換え日本晴玄米の成分分析結果に大きな違いは見られなかった。また、同分析値を日本食品成分分析表（五訂増補）および農研機構食品総合研究所の組換え農作物の安全性評価のための食品データベース収載データと比較を行ったところ、本試験分析値ではタンパク質量が多い傾向が確認された。

#### <環境ストレス耐性を付与した農産物農産物の栄養成分>

組換え体および同環境で栽培した非組換え体の塊根の栄養成分分析結果に大きな違いは見られなかった。また、同分析値を日本食品成分分析表（五訂増補）および農研機構食品総合研究所の組換え農作物の安全性評価のための食品データベース収載データと比較を行ったところ、本試験分析値では炭水化物が少なく、水分が多い傾向が確認された。また、炭水化物量の低下により、エネルギーも減少した。

### D. 考察

#### <組換え魚類モデルへの栄養成分分析の適用>

遺伝子組換えアマゴと非組換え体では脂肪の含有量が大きく異なり、非組換え体の方が高い事が明らかとなった。これらは、コレステロール等の差ではなく、アシルグリセロール類であることが考えられる。魚油の主成分はアシルグリセロールであり、いわゆる「脂ののり」となる成分である。仮に、コレステロール以外の脂質をアシルグリセロールと仮定すると、組換えアマゴでは 1/5

以下に「脂ののり」が減り水分含量が高い痩せた魚と考えられる。

しかし、組換え体の成長が旺盛で、必要サイズまでの成長が早く7月下旬の採集であった。一方、非組換え体は成長に時間が掛かったため1月中旬の採集となっている。この時期の違いはいわゆる「脂ののり」に大きく影響する要因の一つであるため、当該試験結果から非組換え体と組換え体の差異を議論するには注意が必要である。

#### <アレルギー性を低減させた農産物モデルの栄養成分分析の適用>

低アレルギーイネ玄米と非組換え対照日本晴玄米の間で成分分析結果に大きな違いが見られなかったことから、本低アレルギー化遺伝子の導入によりイネ玄米の食品成分に大きな違いが生じないことが示唆される。また、本試験分析結果と公表データベースの収載データとのタンパク質量の違いは、本試験分析試料が人工環境で栽培されたことから、栽培環境の違いに起因すると考察される。今後、本組換えイネを、太陽光を利用した温室や圃場で栽培し、成分を比較することが望ましい。

#### <環境ストレス耐性を付与した農産物農産物の栄養成分分析の適用>

組換え体と非対照組換え体の間で塊根の栄養成分分析結果に大きな違いが見られなかったことから、本組換え体に利用された高温ストレス耐性遺伝子の導入によりサツマイモ塊根の栄養成分に大きな違いが生じないことが示唆される。また、本試験分析結果と日本食品標準成分表に収載のデータとの炭水化物量の違いは、本試験分析試料が特定網室でのプランター栽培という高温ストレスに暴露される条件下で栽培されたことか

ら、栽培環境の違いに起因すると考察される。今後、本組換えサツマイモを隔離圃場等で栽培・収穫し、栄養成分を比較し、検証することが望ましい。

#### E. 結論

組換えアマゴの栄養成分分析の結果は、非組換え体と比較して脂質含量に大きな差異が明らかとなった。低アレルゲン組換えイネ玄米、および高温ストレス耐性組換えサツマイモ塊根の栄養分析の結果からは、非組換え体と比較し、大きな違いは見られなかった。

栄養成分分析は組換え体と非組換え体の間で食品総体として、違いの有無を評価する上で有効な方法の一つだと考えられる。ただし、わが国では遺伝子組換え体の飼育、栽培は制限されるため、本研究で用いたいずれの検体も、実際の飼育、栽培条件とはかけ離れた条件で飼育・栽培された魚類、農産物であり、かつ、試料点数が極めて少ない。今後、飼育・栽培の条件を整え、十分な試料点数を用意して、栄養分析結果の検証および遺伝子組換え食品の安全性評価への栄養分析の有効性について議論を進めることが必要である。

#### F. 健康危険情報

なし

#### G. 研究発表

##### 1. 論文発表

なし

##### 2. 学会発表

なし

#### G. 知的財産権の出願・登録状況

##### 1. 特許取得

なし

##### 2. 実用新案登録

なし

##### 3. その他

なし

#### H. 謝辞

本研究の一部は、独立行政法人科学技術振興機構戦略的創造研究推進事業（CREST）（研究代表者重岡成）として実施した。

厚生労働科学研究費補助金(食品の安全確保推進研究事業)

「新開発バイオテクノロジー応用食品の安全性確保並びに国民受容に関する研究」

分担研究報告書(平成24-26年度)

## (遺伝子組換え体の安全性に関するポストゲノム手法導入のための調査研究(2))

研究分担者 小関良宏 東京農工大学大学院工学研究院教授

研究要旨 これまでの遺伝子組換え植物は害虫抵抗性や除草剤抵抗性といった比較的単純なものであったが、最近では、機能性を付与したものや遺伝子組換え植物同士の交配によって、複数の機能を持たせるなど、複雑かつ多様な植物が生み出されている。また、植物にとどまらず、バクテリア、魚、ニワトリなど植物以外の遺伝子組換え生物も実用化されつつある。これらのように多様化、複雑化しつつある遺伝子組換え生物を由来とする食品の安全性について評価する場合、その複雑性や多様性、また安全性評価すべき観点もはっきりとしないといった問題点がある。そこで本研究では、これらの安全性を評価するうえでどのような評価が可能であるか検討するために、1年目では遺伝子組換えレタスを使用して、2年目では遺伝子組換えコメ、遺伝子組換えアマゴ、3年目では遺伝子組換えシロイヌナズナのスタックシステムを使用してDNAマイクロアレイ解析を行った。また、3年目には遺伝子組換え乳酸菌では次世代シーケンサーを用いたmRNA網羅的解析も行った。

協力研究者

宮原平 (東京農工大学大学院工学研究院)

### A. 研究目的

現在では遺伝子組換え植物が食品として身近に流通している。これらの遺伝子組換え食品は安全性評価が科学的になされたうえで市場に流通しているものである。しかし、近年、さまざまな機能を付加した遺伝子組換え植物が開発され、また、組換える遺伝子も、従来のような害虫抵抗性や除草剤耐性などのシンプルな機能付加ではなく、もともとその宿主が持つ代謝経路を改変するものや、複合的な要因によって環境耐性を付加する等、それらの安全性を評価する場合に、その評価すべき観点が多様化、複雑化している。また、

最近では遺伝子組換え植物のみならず、遺伝子組換えニワトリやサーモン等の遺伝子組換え動物も開発され実用化されつつある。これらはこれまでに存在していなかったものであり、安全性評価の方法等について検討しておく必要があると考えられる。さらには、最近問題となっているのは、遺伝子組換え植物同士を交配して得られる後代種である。これらは遺伝子を組換えて付与された機能が‘スタック’することによって、抵抗性・耐性等の向上を図っているものであるが、これらのように遺伝子を組換えたものをさらに交配した後代において、形質にどのような変化が表れているかについて研究されている例は少ない。そのため、今後増えるであろうスタックシステムについてもそれらの組換え遺伝子の検出技術や安全性評価基準について検定しておく必要がある。そこで