

# 3年間の緑色蛍光タンパク質含有絹糸生産カイコ（*HC-EGFP*、*Bombyx mori*）の 農家飼育分のモニタリング結果について

令和3年4月5日  
農研機構 生物機能利用研究部門

## 1. 調査の目的及び調査方法

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）に基づき承認された緑色蛍光タンパク質含有絹糸生産カイコ（*HC-EGFP* ぐんま（ぐんまとの交配後代を含む。）、*HC-EGFP200*（200との交配後代を含む。）、*HC-EGFP* ぐんま×*HC-EGFP200*、*HC-EGFP* ぐんま×200）（以下「本遺伝子組換えカイコ」という。）の養蚕農家の飼育による生物多様性への影響の有無を検証するため、本遺伝子組換えカイコのモニタリング計画書に基づき、平成30年から令和2年までの3年間にわたり、本遺伝子組換えカイコを飼育した養蚕農家が飼育残渣を廃棄している周辺において野生のクワコを捕獲し、本遺伝子組換えカイコの移入遺伝子が野生のクワコに流入していないかどうかのモニタリング調査を実施した。

## 2. 調査結果の概要

モニタリング調査は、5月上旬から7月上旬の2ヶ月間、本遺伝子組換えカイコを飼育した群馬県前橋市内の養蚕農家の飼育残渣置き場の周辺において行った。誘引源としてボンビコールを用いたフェロモントラップにより、飛翔能力のあるクワコ成虫の捕獲頭数及びカイコとクワコの交雑第一代（成虫）の捕獲頭数を調査した。3年間にわたる調査では、フェロモントラップにクワコのオス成虫が平成30年には102頭、令和元年には368頭、令和2年には209頭が捕獲されたが、飛翔能力のあるカイコとクワコとの交雑個体は全く捕獲されなかった。また、クワコの捕獲時期の傾向としては、5月上旬から中旬ではクワコは殆ど捕獲されず、5月下旬から6月下旬に多く捕獲された。（下図を参照）。

## 3. 考察

3年間の調査結果は、農研機構が群馬県前橋市においてクワコ発生時期を調査した結果（生物多様性影響評価書 別添3）と一致することから、モニタリングの実施期間は適切であったと考えられる。

また、この3年間、本遺伝子組換えカイコとクワコとの交雑個体が全く捕獲されなかったことから、カイコからクワコへの遺伝子流入が認められない。これは、これまでのカイコからクワコへの遺伝子流入に関する調査結果（Kômoto, *et al.*, 2016; Yukuhiro *et al.*, 2012a, b, 2017; 行弘, 2019）と同様であった。このことから、現在の養蚕現場において、クワコとの交雑が起きていない、或いは交雑が起きたとしても極めて稀であり、遺伝子流入は定着しないと考えられる。この理由として、カイコは長い年月において品種改良が行われ、運動能力の低下と飛翔能力の欠如に代表される生理学的特性や、擬態能力の欠如に代表される生態学的特性を含めた多くの特性がクワコと異なることに加え、養蚕農家における繭生産の過程において、適切に幼虫及び繭を管理（例えば、蚕室内でのカイコの飼育、部外者や野生動物の侵入防止、羽化前に繭の回収、飼育残渣の適切な保管・処分）するためと考えられる（名和, 1936; 大村, 1950）。また、本遺伝子組換えカイコは、新たに緑色蛍光タンパク質—フィブリンH鎖融合タンパク質が絹糸腺や繭糸で、改変型赤色蛍光タンパク質が眼で発現し蓄積するが、このことで、野生のクワコより

も、生き延び易く、生殖の機会が増えるとは考え難い。万が一、本遺伝子組換えカイコとクワコの交雑個体が生じたとしても、自然環境下で野生のクワコに対して競合における優位性を示す可能性は低いと考えられる。

以上のことから、3年間のモニタリング調査の結果から、本遺伝子組換えカイコとクワコとの交雑個体がクワコ集団に浸透し定着している可能性は極めて低く、生物多様性への影響が生じるおそれはないと判断した。

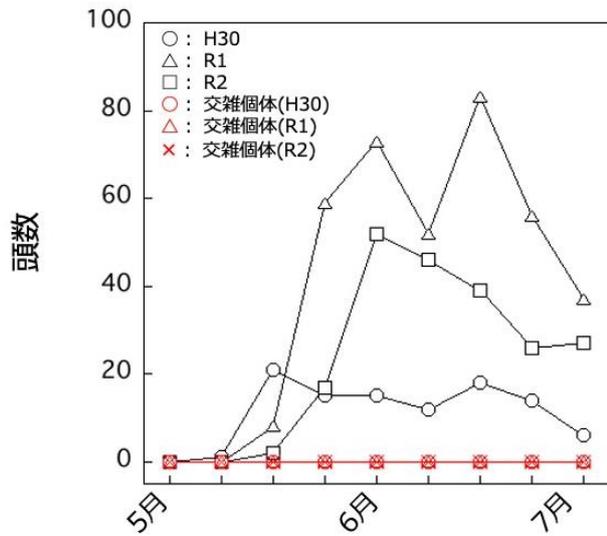


図. フェロモントラップによるクワコ成虫（又は交雑個体）の捕獲頭数

## 引用文献

- ✓ 大村清之助 (1950) 桑蚕の生態習性及び繭に関する調査. 蚕糸試験場報告 13, 79-130.
- ✓ 名和梅吉 (1936) 桑樹害虫クワゴに就いて. 昆虫世界 40, 2-5.
- ✓ 行弘研司 (2019) ミトコンドリア COI 遺伝子の塩基配列多様性から遡る日本列島のクワコの歴史. 蚕糸・昆虫バイオテック 88, 45-51.
- ✓ Kōmoto N., Kuwabara N., and Yukuhiro K. (2016) Absence of hybrids between the domesticated silkmoth, *Bombyx mori*, and the wild mulberry silkmoth, *B. mandarina*, in natural populations around sericulture farms. *J. Insect Biotechnol. Sericol.*, 85, 67-71.
- ✓ Yukuhiro K., Iwata K., Kōmoto N., Tomita S., Itoh M., and Kiuchi M. (2012a) Nucleotide sequences of mitochondrial cytochrome C oxidase subunit I (COI) gene show clear differences between the domesticated silkmoth *Bombyx mori* and the wild mulberry silkmoth *Bombyx mandarina* from Japan. *J. Insect Biotechnol. Sericol.*, 81, 29-35.
- ✓ Yukuhiro K., Sezutsu H., Tamura T., Kosegawa E., Iwata K., Ajimura M., Gu S.-H., Wang M., Xia Q., Mita K., Kiuchi M. (2012b) Little gene flow between domestic silkmoth *Bombyx mori* and its wild relative *Bombyx mandarina* in Japan, and possible artificial selection on the CAD gene of *B. mori*. *Genes Genet. Syst.*, 87, 331-340.
- ✓ Yukuhiro K., Sakaguchi H., Kōmoto N., Tomita S., and Itoh M. (2017) Three single nucleotide polymorphisms indicate four distinctive distributions of Japanese *Bombyx mandarina* populations. *J. Insect Biotechnol. Sericol.*, 86, 77-84.