

生物多様性影響評価検討会における検討の結果

1. 名称：除草剤ジカンバ、グリホサート及びグルホシネート耐性ダイズ（改変 *dmo*, 改変 *cp4 epsps*, *pat*, *Glycine max* (L.) Merr.) (MON87708 × MON89788 ×

5

A5547-127, OECD UI: MON-87708-9 × MON-89788-1 × ACS-GM006-4)

並びに当該ダイズの分離系統に包含される組合せ（既に第一種使用規程の承認を受けたものを除く。）

第一種使用等の内容：食用又は飼料用に供するための使用、栽培、加工、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為

10

申請者：日本モンサント株式会社

生物多様性影響評価検討会は、申請者から提出された生物多様性影響評価書に基づき、申請に係る第一種使用規程に従って除草剤ジカンバ、グリホサート及びグルホシネート耐性ダイズ（以下「本スタック系統」という。）の第一種使用等をする場合の生物多様性影響に関する申請者による評価の内容について検討を行った。

15

スタック系統については、親系統の特性のみが付与されることが一般的だが、導入されている遺伝子の発現によって産生される蛋白質等の相互作用により、親系統の範囲を超えた新たな特性が付与され、その結果、親系統には見られない生物多様性影響をもたらす可能性がある。このことから、スタック系統の検討に当たっては、親系統に移入された遺伝子の発現による形質間の相互作用の有無を検討し、形質間の相互作用がないと判断される場合には、親系統の生物多様性影響評価情報を用いて、当該スタック系統の生物多様性影響評価を行うことが可能である。一方、形質間に相互作用がないと判断されない場合には、親系統の生物多様性影響評価情報及び当該スタック系統の形質間の相互作用に関する情報を用いて生物多様性影響評価を行う必要がある。

20

25

以上のことから、主に確認した事項は以下のとおりである。

1 生物多様性影響評価の結果について

本スタック系統は、

30

① 改変 DMO 蛋白質をコードする改変 *dmo* 遺伝子が導入された除草剤ジカンバ耐性ダイズ(MON87708)、

② 改変 CP4 EPSPS 蛋白質をコードする改変 *cp4 epsps* 遺伝子が導入された除草剤グリホサート耐性ダイズ(MON89788)、

35

③ PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子が導入された除草剤グルホシネート耐性ダイズ(A5547-127)、

を用いて、複数の系統による交雑育種法により作出されたものである。

40

本スタック系統に導入された除草剤耐性蛋白質（改変 DMO 蛋白質、改変 CP4 EPSPS 蛋白質及び PAT 蛋白質）は酵素活性を有するが、いずれも高い基質特異性を示し、関与する代謝経路も互いに独立していることから、これらの蛋白質が相互に作用して予期しない代謝物が生ずるとは考えられない。

以上のことから、本スタック系統の植物体内において形質間の相互作用を示す可能性は低く、親系統が有する形質を合わせ持つ以外に評価すべき形質の変化はないと考えられた。

5 なお、各親系統の次に掲げる評価項目については検討が既に終了*しており、当該検討の結果では、各親系統を第一種使用規程に従って使用した場合、我が国における生物多様性に影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価の結論は妥当であると判断されている。

- 10 (1) 競合における優位性
 (2) 有害物質の産生性
 (3) 交雑性

 *各親系統の検討の結果は以下より閲覧可能

15 ● MON87708

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1643&ref_no=2

 ● MON89788

http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=1003&ref_no=2

 ● A5547-127

20 http://www.biodic.go.jp/bch/lmo/OpenDocDownload.do?info_id=857&ref_no=2

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

 以上より、本スタック系統を第一種使用規程に従って使用した場合に、我が国における生物多様性に影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価の結論は妥当であると判断した。

25

2. 名称：除草剤グリホサート耐性トウモロコシ(改変 *epsps grg23ace5*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (Event VCO-Ø1981-5, OECD UI: VCO-Ø1981-5)

第一種使用等の内容：食用又は飼料用に供するための使用、栽培、加工、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為

申請者：ジェネクティブ・ジャパン株式会社

生物多様性影響評価検討会は、申請者から提出された生物多様性影響評価書に基づき、第一種使用規程に従って本組換えトウモロコシの第一種使用等をする場合の生物多様性影響に関する申請者による評価の内容について検討を行った。主に確認した事項は以下のとおりである。

1 生物多様性影響評価の結果について

本組換えトウモロコシは、大腸菌由来のプラスミド pSB1 及び pSB11 をもとに構築されたプラスミド pAG3541 の T-DNA 領域をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

本組換えトウモロコシには、*Arthrobacter globiformis* 由来の改変 EPSPS ACE5 蛋白質をコードする改変 *epsps grg23ace5* 遺伝子の発現カセットが染色体上に 1 コピー組み込まれており、複数世代にわたり安定して伝達されていることがサザンブロット法及び遺伝子の分離様式から確認されている。また、目的の遺伝子が複数世代にわたり安定して発現していることが、除草剤グリホサート散布試験及び ELISA 法により確認されている。

(1) 競合における優位性

トウモロコシは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでに自然環境下で自生したとの報告はない。

2014 年に我が国の隔離ほ場において、本組換えトウモロコシ及び対照の非組換えトウモロコシを栽培し競合における優位性に関わる諸形質（形態及び生育の特性、生育初期における低温耐性、成体の越冬性、花粉の充実度及びサイズ、種子の生産量等）について調査したが、本組換えトウモロコシ及び対照の非組換えトウモロコシとの間に統計学的有意差及び相違は認められなかった。

また、本組換えトウモロコシは、改変 EPSPS ACE5 蛋白質の産生により除草剤グリホサート耐性を有するが、グリホサートの散布が想定されない自然環境下において、グリホサート耐性であることが競合における優位性を高めるとは考えにくい。

以上のことから、本組換えトウモロコシの競合における優位性に起因する生物多様性影響が生じるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(2) 有害物質の産生性

トウモロコシは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでにトウモロコシが有害物質を産生したとの報告はない。

本組換えトウモロコシが産生する改変 EPSPS ACE5 蛋白質は酵素活性を有するが、高い基質特異性を示すため、宿主の代謝系に影響して新たな有害物質を産生するとは考えにくい。また、改変 EPSPS ACE5 蛋白質は、既知アレルゲンと構造的に類似の配列を持たないことが確認されている。

5 実際、我が国の隔離ほ場において鋤込み試験及び後作試験を行ったところ、ハツカダイコンの発芽率、草丈及び乾燥重について本組換えトウモロコシ及び対照の非組換えトウモロコシとの間に統計学的有意差は認められなかった。また、土壌微生物相試験を行ったところ、細菌、放線菌及び糸状菌数について本組換えトウモロコシ及び対照の非組換えトウモロコシとの間に統計学的有意差は認められなかった。

10 以上のことから、本組換えトウモロコシの有害物質の産生性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(3) 交雑性

15 トウモロコシは、近縁野生種であるテオシント及びトリプサクムと交雑可能であるが、我が国においてこれらの自生は報告されていない。このため、本組換えトウモロコシの交雑性に起因して生物多様性影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されなかった。

20 以上のことから、本組換えトウモロコシの交雑性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

25 以上より、本組換えトウモロコシを第一種使用規程に従って使用した場合に、我が国における生物多様性に影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価書の結論は妥当であると判断した。

3. 名称:除草剤グリホサート及びグルホシネート耐性トウモロコシ (*mepsps, pat, Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (MZHG0JG, OECD UI: SYN-000JG-2)

第一種使用等の内容:食用又は飼料用に供するための使用、栽培、加工、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為

5 申請者:シンジェンタジャパン株式会社

生物多様性影響評価検討会は、申請者から提出された生物多様性影響評価書に基づき、第一種使用規程に従って本組換えトウモロコシの第一種使用等をする場合の生物多様性影響に関する申請者による評価の内容について検討を行った。主に確認した事項は以下のとおりである。

1 生物多様性影響評価の結果について

本組換えトウモロコシは、大腸菌由来のプラスミド pUC19 をもとに構築された pSYN18857 の T-DNA 領域をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

15 本組換えトウモロコシは、*Zea mays* 由来の mEPSPS 蛋白質をコードする *mepsps* 遺伝子及び *Streptomyces viridochromogenes* 由来の PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子の発現カセットが染色体上に 1 コピー組み込まれており、複数世代にわたり安定して伝達されていることが遺伝子の分離様式及びサザンブロット法により確認されている。

20 また、目的の遺伝子が複数世代にわたり安定して発現していることが ELISA 法により確認されている。

(1) 競合における優位性

25 トウモロコシは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでに自然環境下で自生したとの報告はない。

2013 年から 2016 年にかけて米国のは場及び我が国隔離ほ場施設内の人工気象器において本組換えトウモロコシ及び対照の非組換えトウモロコシを栽培し競合における優位性に関わる諸形質(形態及び生育の特性、生育初期における低温耐性、成体の越冬性、花粉の稔性及びサイズ、種子の生産量、脱粒性、休眠性及び発芽率)を比較したところ、発芽苗数、収量、稈長及び発芽率について統計学的有意差が認められた。しかしながら、発芽苗数、収量及び稈長についてはトウモロコシの品種間変動の範囲内であり、また発芽率については 2 つの温度条件下で本組換えトウモロコシの方が有意に低かったもののいずれも 97%以上と良好で、未発芽種子はいずれも死滅し、それ以外の 4 つの温度条件においては統計学的有意差は認められず、発芽率は対照と同程度と考えられた。これらのことから付与された形質が競合における優位性を高めることはないと考えられた。

35 また、本組換えトウモロコシは、mEPSPS 蛋白質及び PAT 蛋白質の産生により除草剤グリホサート及びグルホシネート耐性を有するが、これら除草剤の散布が想定されない自然環境下において、グリホサート及びグルホシネート耐性であることが競合
40 における優位性を高めるとは考えられない。

以上のことから、本組換えトウモロコシの競合における優位性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(2) 有害物質の産生性

5 トウモロコシは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでにトウモロコシが有害物質を産生したとの報告はない。

10 本組換えトウモロコシが産生する mEPSPS 蛋白質及び PAT 蛋白質は酵素活性を有するが、いずれも高い基質特異性を示すため、宿主の代謝系に影響し新たな有害物質を産生するとは考えにくい。なお、これらの蛋白質が有害物質という報告はなく、
15 既知アレルゲンと構造的に類似性のあるアミノ酸配列を持たないことが確認されている。

15 実際には、2016 年に我が国の特定網室において鋤込み試験及び後作試験を行ったところ、ハツカダイコンの発芽率及び乾燥重について本組換えトウモロコシ及び対照の非組換えトウモロコシとの間に統計学的有意差は認められなかった。また、土壤微生物相試験を行ったところ、細菌、放線菌及び糸状菌数について本組換えトウモロコシ及び対照の非組換えトウモロコシとの間に統計学的有意差は認められなかった。

20 以上のことから、本組換えトウモロコシの有害物質の産生性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(3) 交雑性

25 トウモロコシは、近縁野生種であるテオシント及びトリプサクムと交雑可能であるが、我が国において、これらの自生は報告されていない。このため、本組換えトウモロコシの交雑性に起因して生物多様性影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されなかった。

30 以上のことから、本組換えトウモロコシが交雑性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

30 以上より、本組換えトウモロコシを第一種使用規程に従って使用した場合に、我が国における生物多様性に影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価書の結論は妥当であると判断した。

4. 名称：ミラクリン産生トマト (*MIR, Solanum lycopersicum* L.) (5B)

第一種使用等の内容：隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為

申請者：国立大学法人筑波大学、株式会社インプランタイノベーションズ

5

生物多様性影響評価検討会は、申請者から提出された生物多様性影響評価書に基づき、第一種使用規程に従って本組換えトマトの第一種使用等をする場合の生物多様性影響に関する申請者による評価の内容について検討を行った。主に確認した事項は以下のとおりである。

10

1 生物多様性影響評価の結果について

本組換えトマトは、大腸菌由来のプラスミド pBR322 をもとに構築された pBI-MIR の T-DNA 領域をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

15

本組換えトマトは、ミラクルフルーツ (*Synsepalum dulcificum*) 由来のミラクリン蛋白質をコードする *MIR* 遺伝子及び *Escherichia coli* 由来のネオマイシンリン酸化酵素 II をコードする *npt II* 遺伝子の発現カセットが染色体上に 1 コピー組み込まれており、複数世代にわたり安定して伝達されていることが遺伝子の分離様式及びサザンブロット法により確認されている。

20

また、目的の遺伝子が複数世代にわたり安定して発現していることが RT-PCR 法、ウエスタンブロット法及び ELISA 法により確認されている。

(1) 競合における優位性

トマトは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでに自然環境下で野生化したとの報告はない。

25

2011 年及び 2012 年に我が国の特定網室において本組換えトマト及び対照の非組換えトマトを栽培し競合における優位性に関わる諸形質（形態及び生育の特性、花粉の稔性及びサイズ、種子の生産量、脱粒性、休眠性及び発芽率）を調査したところ、統計学的有意差及び相違は認められなかった。生育初期における低温耐性試験（10℃、15℃）において本組換えトマトで発芽率が低い傾向がみられたが、非組換えトマトに対して優位性がないことを示す結果であった。

30

また、本組換えトマトは、ネオマイシンリン酸化酵素 II の産生によりアミノグリコシド系抗生物質に対する耐性を有するが、当該抗生物質の散布が想定されない自然環境下において、当該抗生物質耐性であることが競合における優位性を高めるとは考えられない。

35

以上のことから、本組換えトマトの競合における優位性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

(2) 有害物質の産生性

40

トマトは、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでにトマトが周辺の野生動植物等の生育や生息に影響を及ぼす物質を産生するとの報告はない。

2006年から2009年にかけて我が国の特定網室で栽培した本組換えトマト及び非組換えトマトに含まれる一次代謝産物（アミノ酸、糖類、脂肪酸、ビタミン類等）を網羅的に解析したところ、代謝産物の相違は、一般的な栽培トマト品種間で見られる相違の範囲内であることが示された。

5 トマトには糖アルカロイドのトマチンが含まれているが、本組換えトマトにおけるトマチン含量は文献値の範囲内であり、完熟果の通常の摂取であれば中毒症状を起こす可能性はないと考えられた。

10 本組換えトマトが産生するミラクリン蛋白質は、甘味受容体に結合し酸性条件下で活性化することで甘味を誘導しているが、既知の酵素蛋白質との間に構造相同性がないことが確認されており、酵素活性をもたないと考えられた。また、ネオマイシンリン酸化酵素Ⅱは酵素活性を有するが、高い基質特異性を示す。このため、これらの蛋白質が宿主の代謝系に影響し新たな有害物質を産生するとは考えにくい。またこれらの蛋白質が有害物質との報告はなく、既知アレルゲンと構造的に類似性のあるアミノ酸配列も持たないことが確認されている。

15 本組換えトマトの産生するミラクリン蛋白質に影響を受ける可能性のある動物種のうち、隔離ほ場周辺で出現する可能性のあるコウモリ目、イタチ属について、その甘味受容体のアミノ酸配列をヒトと比較したところ、相同性が低く、甘味誘導作用に重要な複数の特定アミノ酸が保存されておらず、誘導効果が欠失しているか著しく低下していると考えられた。また花粉媒介昆虫、害虫の味覚受容体は、脊椎動物の甘味受容体と相同性が認められなかったことから、ミラクリン蛋白質を結合することはできないと考えられた。

20 2011年に我が国の特定網室において栽培した本組換えトマト及び非組換えトマトの若葉及び老葉の粉末を加えた培地にレタス種子を播種してサンドイッチ法試験を行った。レタス種子の発芽率と発芽した幼苗の生育に及ぼす影響を調査した結果、発芽率及び茎長については、若葉及び老葉の粉末、ともに本組換えトマトと非組換えトマトの間に統計学的に有意な差はみられなかった。若葉粉末を添加した培地のレタスの根長については、対照の非組換えトマトに比べて本組換えトマトの方が低い値を示し、統計学的有意差が認められたが、同時に行った異なるトマト品種を用いた試験結果との間には統計学的有意差が認められなかったことから当該品種との差の範囲内であることが示された。後作試験では、レタスの発芽率など全ての項目において統計学的有意差は認められなかった。土壌微生物相試験では、細菌数については統計学的有意差が認められず、放線菌数及び糸状菌数については統計学的有意差が認められたものの、2回行った試験で一致して有意差が認められることはなく、実施時期による影響が大きいと考えられた。

35 以上のことから、本申請の範囲内では、本組換えトマトの有害物質の産生性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

40 (3) 交雑性

我が国において、自然環境下でトマトの近縁野生種が自生したとの報告はない。こ

のため、本組換えトマトの交雑性に起因して生物多様性影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されなかった。

5 以上のことから、本組換えトマトが交雑性に起因する生物多様性影響を生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

10 以上より、本組換えトマトは、限定された環境で一定の作業要領を備えた隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為の範囲内では、我が国における生物多様性に影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価書の結論は妥当であると判断した。

5. 名称：青紫色ファレノプシス (*CcF3'5'H*, *Phalaenopsis* Wedding Promenade) (311)
第一種使用等の内容：隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為

申請者：国立大学法人筑波大学、株式会社インプランタインノベーションズ、石原産業株式会社

5

生物多様性影響評価検討会は、申請者から提出された生物多様性影響評価書に基づき、第一種使用規程に従って本組換えファレノプシスの第一種使用等をする場合の生物多様性影響に関する申請者による評価の内容について検討を行った。主に確認した事項は以下のとおりである。

10

1 生物多様性影響評価の結果について

本組換えファレノプシスは、肺炎桿菌由来のプラスミド pRK252 をもとに構築された pBIH-35S-CcF3'5'H の T-DNA 領域をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

15

本組換えファレノプシスは、ツユクサ (*Commelina communis*) 由来のフラボノイド 3', 5'-水酸化酵素をコードする *CcF3'5'H* 遺伝子及び *Escherichia coli* 由来のハイグロマイシン B リン酸基転移酵素をコードする *HPT* 遺伝子の発現カセットが染色体上にそれぞれ 1 コピー組み込まれており、複数のクローン苗にわたり安定して伝達されていることがサザンブロット法及び境界領域の塩基配列の解析により確認されている。

20

また、目的の遺伝子が複数のクローン苗にわたり安定して発現していることが RT-PCR 法、花色及び抗生物質耐性試験により確認されている。

25

(1) 競合における優位性

ファレノプシスの園芸品種は、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでに野外に逸出して自然環境下で定着しているとの報告はない。

2015 年に我が国の特定網室において本組換えファレノプシス及び対照の非組換えファレノプシスを栽培し競合における優位性に関わる諸形質（生育特性及び生殖・繁殖特性）を調査したところ、花序 1 本当たりの花数、植物体の長さ、花の横径及び縦径、花卉の形態において、統計学的有意差及び相違が認められた。ファレノプシスの園芸品種は組織培養によるクローン苗の生産過程で体細胞培養変異に基づく変異が生じ易いことが報告されており、これらの相違は培養変異によって生じた可能性が高いと考えられた。

30

また、本組換えファレノプシスは、ハイグロマイシン B に対する耐性を有するが、当該抗生物質の散布が想定されない自然環境下において、当該抗生物質耐性であることが競合における優位性を高めるとは考えられない。

35

以上のことから、本組換えファレノプシスの競合における優位性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

40

(2) 有害物質の産生性

ファレノプシスの園芸品種は、我が国において長年栽培されてきた歴史があるが、これまでにファレノプシスが有害物質を産生したとの報告はない。

5 本組換えファレノプシスが産生するフラボノイド 3', 5'-水酸化酵素は、ツユクサで発現している酵素であり、これまで野生動植物等に害を及ぼしたという報告はない。

また、ハイグロマイシン B リン酸基転移酵素は酵素活性を有するが、高い基質特異性を示すことから、宿主の代謝系に影響し新たな有害物質を産生するとは考えにくい。なお、これらの蛋白質やその産生物が有害物質という報告はなく、既知アレルゲンと構造的に類似性のあるアミノ酸配列を持たないことが確認されている。

10 実際に、2015 年に我が国の特定網室で栽培した本組換えファレノプシス及び対照の非組換えファレノプシスの植物体の粉末を用いて鋤込み試験を行ったが、レタス種子の発芽率及び実生の新鮮重について、本組換えファレノプシス及び対照の非組換えファレノプシスとの間に統計学的有意差は認められなかった。また、2016 年にレタス実生の根に与える影響をプラントボックス法で調べたが、本組換えファレノプシス
15 及び非組換えファレノプシスとの間に統計学的有意差は認められなかった。

以上のことから、本組換えファレノプシスの有害物質の産生性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

20 (3) 交雑性

ファレノプシスの園芸品種は、ラン科の近縁野生種と交雑可能であり、影響を受ける可能性のある我が国の近縁野生種として、ナゴラン、フウラン、ボウラン、ムニンボウラン、サガリラン、カヤラン、マツゲカヤラン、カシノキラン、ベニカヤラン、モミラン、ムカデラン、イリオモテラン及びジンヤクランの 13 種が特定された。

25 我が国の自然環境下において本組換えファレノプシスとこれらの近縁野生種が交雑した場合、本組換えファレノプシス由来の *CcF3'5'H* 遺伝子及び *HPT* 遺伝子が当該雑種個体からこれらの近縁野生種の集団に浸透し、定着する可能性が想定される。

しかしながら、

30 ① 国内においてファレノプシスの園芸品種を訪花する昆虫についての報告はないこと、芳香性や花の大きさから媒介昆虫には特異性があること等から、近縁野生種との虫媒による交雑の可能性は低いと考えられること

② 宿主及び本組換えファレノプシスの花粉は花粉塊であることから、風による飛散は考えにくく、風媒による近縁野生種との交雑の可能性は極めて低いと考えられること

35 ③ 宿主及び本組換えファレノプシスは 3 倍体品種であり、3 倍体品種は花粉の稔性が極めて低いことが知られていること。実際に、宿主及び本組換えファレノプシスと、ナゴラン、フウラン及びファレノプシス園芸品種との人為的交配を行ったが、種子は得られなかったこと

40 ④ 2002 年から 2004 年の間に隔離ほ場のある大学構内の植物相調査が実施されており、特定された 13 種は自生していなかったこと

⑤ 自然条件下においてファレノプシス園芸品種と国内に自生する近縁野生種が

交雑した報告はないこと

以上のことから、本申請の範囲内では、本組換えファレノプシスが我が国に自生する近縁野生種と交雑し導入遺伝子が浸透していくことはないと考えられた。

- 5 以上のことから、本組換えファレノプシスの交雑性に起因する生物多様性影響が生ずるおそれはないとの申請者による結論は妥当であると判断した。

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

- 10 以上より、本組換えファレノプシスを、限定された環境で一定の作業要領を踏まえた隔離ほ場における栽培、保管、運搬及び廃棄並びにこれらに付随する行為の範囲内で使用した場合に、我が国における生物多様性に影響が生ずるおそれはないとした生物多様性影響評価書の結論は妥当であると判断した。