

生物多様性影響評価検討会での検討の結果

1. 名称：除草剤グリホサート耐性及び低リグニンアルファルファ（改変 *cp4 epsps*, *CCOMT*, *Medicago sativa* L.）(J101×KK179, OECD UI: MON-ØØ1Ø1-8 ×MON-ØØ179-5)

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：日本モンサント株式会社

1 生物多様性影響評価の結果について

本スタック系統アルファルファは、

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アルファルファ（J101）

カフェオイル CoA 3-O-メチルトランスフェラーゼをコードする *CCOMT* 遺伝子の部分配列を逆方向反復配列の形で組み合わせた DNA 断片（以下「*CCOMT* 遺伝子断片」という。）が導入された低リグニンアルファルファ（KK179）

を用い、交雑育種法により作出されたものである。

本スタック系統アルファルファに導入された遺伝子により産生する除草剤耐性蛋白質である改変 CP4 EPSPS 蛋白質は酵素活性を有するが、高い基質特異性を有し、宿主の他の代謝系を変化させたり、予期しない代謝物が生じたりする可能性は低いと考えられる。また、*CCOMT* 遺伝子断片からは新たな蛋白質が産生されることはない。

さらに、改変 CP4 EPSPS 蛋白質と *CCOMT* 遺伝子断片は関与する代謝経路も互いに独立していることから、これらが相互に作用し、予期しない蛋白質や影響が生じることが考え難い。

以上のことから、本スタック系統アルファルファの植物体内において形質間の相互作用が示される可能性は低く、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る。

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書の結論は妥当であると判断されている。

- (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

- J101

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=679&ref_no=2

● KK179

<http://www.s.affrc.go.jp/docs/committee/diversity/140203/pdf/3-1.pdf>

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、本スタック系統アルファルファ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。

2 .名称:除草剤グルホシネート耐性ダイズ(*pat*, *Glycine max* (L.) Merr.) (A5547-127, OECD UI: ACS-GM006-4)

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:バイエルクロップサイエンス株式会社

1 生物多様性影響評価の結果について

本組換えダイズは、大腸菌由来のプラスミド pUC19 などをもとに構築されたプラスミド pB2/35SAcK を制限酵素で処理した後、パーティクルガン法により導入し作出されている。

本組換えダイズでは、*Streptomyces viridochromogenes* 由来の PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子が染色体上に 1 コピー導入されていることが遺伝子の分離様式、サザンブロット分析及びシーケンス解析により確認されている。また、その配列が複数世代にわたり安定して伝達されていることが、サザンブロット分析により確認されている。さらに、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 分析及び除草剤グルホシネート散布試験により確認されている。

(1) 競合における優位性

宿主が属する生物種であるダイズは、我が国において長期にわたり栽培されているが、自然環境下において雑草化しているとの報告はなされていない。

2013 年から 2014 年にかけて我が国の隔離ほ場において、本組換えダイズの競合における優位性に関わる諸形質について調査が行われた。その結果、主莖節数及び一莢内粒数以外の調査項目で本組換えダイズと対照の非組換えダイズとの間に統計学的有意差は認められず、主莖節数及び一莢内粒数についても、通常ダイズの平均値の範囲内にあると考えられ、競合における優位性が高まる可能性は低いと考えられた。

本組換えダイズには、PAT 蛋白質が発現することにより、除草剤グルホシネートに対する耐性が付与されている。しかしながら、除草剤が散布されることが想定されない自然条件下において、除草剤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難い。

以上より、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、本組換えダイズ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

宿主が属する生物種であるダイズは、有害物質を産生するとの報告はなされていない。

本組換えダイズは、除草剤グルホシネート耐性を付与する PAT 蛋白質を産生するが、これらの蛋白質は有害物質であるとの報告は無く、既知アレルゲンと類似の配列を有していないことも確認されている。PAT 蛋白質は高い基質特異性を有しており、宿主の代謝系に影響して新たに有害物質を産生することは考えられない。な

お、除草剤グルホシネートの散布時に、PAT 蛋白質の作用により *N*-アセチル-L-グルホシネートが産生されるが、動物に対するその毒性はグルホシネートより低いことが確認されている。

本組換えダイズと非組換えダイズの有害物質の産生性を比較するために、後作試験、鋤込み試験及び土壌微生物相試験が行われた。その結果、いずれの試験においても、本組換えダイズと非組換えダイズの試験区の間には統計学的有意差は認められなかった。

以上のことから、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、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が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

ダイズと交雑可能な近縁野生種として、我が国ではツルマメが自生しており、影響を受ける可能性のある野生動植物としてツルマメが特定された。

我が国の自然環境下において本組換えダイズとツルマメが交雑した場合は、当該雑種とツルマメが交雑を繰り返すことによって、本組換えダイズに導入された遺伝子がツルマメの集団中で拡散していく可能性がある。また、ツルマメは全国に分布し、野原や荒地などに自生していることから、本組換えダイズが近接して生育した場合、交雑する可能性がある。

しかしながら、

ダイズとツルマメは主に自殖性の植物であり、かつ我が国において開花期が重なることは稀であること

ツルマメと開花期が重なるダイズ品種（晩生）とツルマメとを恣意的に交互に配置して栽培した場合であっても、その交雑率は0.73%にすぎなかったとの報告があること

除草剤耐性が付与された別の組換えダイズにツルマメを巻きつけた交雑実験では、交雑率が最大で0.14%であったなどの報告があること

数年間、日本各地のダイズ畑周辺に生息するツルマメ集団を対象として遺伝子解析を行ったところ、雑種後代が継続して存続しうることを示す結果は認められなかったこと

などが確認されている。また、2013年から2014年にかけて行われた我が国の隔離ほ場における本組換えダイズと対照の非組換えダイズとの生殖に関わる諸形質の調査において、花粉の充実度およびサイズについて有意差は認められなかった。これらのことから、本組換えダイズとツルマメとの交雑率は従来ダイズとツルマメとの交雑率と同様に極めて低いと考えられた。

さらに、本組換えダイズとツルマメが交雑したとしても、除草剤グルホシネートが散布されない自然環境下では競合における優位性を高めることはないため、当該雑種がツルマメの集団において優占化するとは考え難い。

これらのことから、本組換えダイズがツルマメと交雑し、導入遺伝子がツルマメの集団内に浸透していく可能性は極めて低いと考えられ、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

以上を踏まえ、本組換えダイズ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：耐熱性 - アミラーゼ産生並びにチョウ目及びコウチュウ目害虫抵抗性並びに除草剤グルホシネート及びグリホサート耐性トウモロコシ (改変 *amy797E*, 改変 *cry1Ab*, 改変 *cry3Aa2*, 改変 *cry1F*, *ecry3.1Ab*, *pat*, *mEPSPS*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (3272×Bt11×MIR604×*B.t.* Cry1F maize line 1507×Event 5307×GA21, OECD UI: SYN-E3272-5×SYN-BT011-1×SYN-IR604-5×DAS-01507-1×SYN-05307-1×MON-00021-9)並びに当該トウモロコシ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

申請者：シンジェンタジャパン株式会社

1 生物多様性影響評価の結果について

本スタック系統トウモロコシ並びに当該トウモロコシ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。)は、

改変 AMY797E - アミラーゼをコードする改変 *amy797E* 遺伝子及び PMI 蛋白質をコードする *pmi* 遺伝子が導入された耐熱性 - アミラーゼ産生トウモロコシ (3272)

改変 Cry1Ab 蛋白質をコードする改変 *cry1Ab* 遺伝子及び PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性及び除草剤グルホシネート耐性トウモロコシ (Bt11)

改変 Cry3Aa2 蛋白質をコードする改変 *cry3Aa2* 遺伝子及び PMI 蛋白質をコードする *pmi* 遺伝子が導入されたコウチュウ目害虫抵抗性トウモロコシ (MIR604)

改変 Cry1F 蛋白質をコードする改変 *cry1F* 遺伝子及び PAT 蛋白質をコードする *pat* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性及び除草剤グルホシネート耐性トウモロコシ (*B.t.* Cry1F maize line 1507)

eCry3.1Ab 蛋白質をコードする *ecry3.1Ab* 遺伝子及び PMI 蛋白質をコードする *pmi* 遺伝子が導入されたコウチュウ目害虫抵抗性トウモロコシ (Event 5307)

mEPSPS 蛋白質をコードする *mEPSPS* 遺伝子が導入された除草剤グリホサート耐性トウモロコシ (GA21)

間において、複数の系統による交雑育種法により作出されるものである。

本スタック系統トウモロコシに導入された遺伝子により産生する害虫抵抗性蛋白質(改変 Cry1Ab 蛋白質、改変 Cry3Aa2 蛋白質、改変 Cry1F 蛋白質及び eCry3.1Ab 蛋白質)は、標的害虫に対して特異的に作用し、独立して殺虫活性を示すと考えられ、互いに影響を及ぼし合うことによる相乗効果や拮抗作用が生じることはないと考えられる。また、害虫抵抗性蛋白質には酵素活性が無いため、宿主の代謝系を変化させる可能性は低い。さらに、改変 AMY797E - アミラーゼ、除草剤耐性蛋白質である PAT 蛋白質、mEPSPS 蛋白質及び選抜マーカーである PMI 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有し、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じることは考え難い。このため、これら蛋白質間においても相互作用は考え難い。

以上のことから、本スタック系統トウモロコシ並びに当該トウモロコシ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。)の植物体内において形質間の相互作用が示される可能性は低く、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る。

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書の結論は妥当であると判断されている。

- (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

- 3272
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1501&ref_no=2
- Bt11
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=906&ref_no=2
- MIR604
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=938&ref_no=2
- *B.t.* Cry1F maize line 1507
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=138&ref_no=2
- Event 5307
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1613&ref_no=2
- Bt11 × GA21
https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=941&ref_no=2

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、本スタック系統トウモロコシ並びに当該トウモロコシ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。)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：絹糸抽出期における高雌穂バイオマストウモロコシ (*ATHB17*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (MON87403, OECD UI: MON-87403-1)

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：日本モンサント株式会社

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 pUC プラスミドなどをもとに構築されたプラスミド PV-ZMAP5714 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、シロイヌナズナの転写因子である *ATHB17* 蛋白質をコードする *ATHB17* 遺伝子が染色体上に 1 コピー組み込まれ、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、次世代シーケンス技術及びバイオインフォマティクス解析により確認されている。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ウエスタンブロット分析及び ELISA 分析により確認されている。

さらに、本組換えトウモロコシ中では、当該 *ATHB17* 遺伝子の転写過程における単子葉植物特有のスプライシングの影響により、*ATHB17* 遺伝子のコード配列の一部が除去された mRNA が産生されることがシーケンス解析により確認されており、この結果として、本来の *ATHB17* 蛋白質の N 末端側 113 個のアミノ酸が欠失した *ATHB17*Δ113 蛋白質に相当する分子量の小さい蛋白質が産生されていることがウエスタンブロット法により確認されている。

(1) 競合における優位性

宿主が属する生物種であるトウモロコシは、我が国において長年にわたり栽培されてきたが、これまでに自生化したとの報告はなされていない。

本組換えトウモロコシ中に産生される *ATHB17*Δ113 蛋白質は、トウモロコシ内在の転写因子であるホメオドメイン - ロイシンジッパー蛋白質ファミリークラス II (HD-Zip II 蛋白質) が結合する遺伝子の特定配列に結合することが確認されており、それら拮抗的な作用によって、当該遺伝子の発現を制御していると考えられる。この結果として、トウモロコシの絹糸抽出期における雌穂重が増大するとともに、その他の特性も変化し、競合における優位性が高まることが想定された。

そこで、生理学的又は生態学的な特性を明らかにするため、2012 年に米国のほ場及び温室において、本組換えトウモロコシの形態及び生育の特性、生育初期における低温又は高温耐性、花粉の稔性及びサイズ、種子の生産量、脱粒性、休眠性及び発芽率について調査を行った。この結果、雌穂が着生する高さ (形態及び生育の特性) 及び生育初期における低温処理下での乾燥重に有意差が認められたが、それ以外の休眠性や脱粒性など競合における優位性を高めるような調査項目には有意差が認められなかった。

*ATHB17*Δ113 蛋白質が拮抗的に作用する HD-Zip II 蛋白質は、避陰反応、光合成能力の向上、乾燥ストレス耐性及び塩ストレス耐性にそれぞれ関与していること

がシロイヌナズナで報告されている。このため、2013年に米国の温室において、本組換えトウモロコシのそれら特性について調査を行った。この結果、いずれについても有意差が認められなかったことから、本組換えトウモロコシの乾燥ストレス耐性及び塩ストレス耐性は、対照の非組換えトウモロコシと同程度であると判断された。

ATHB17Δ113 蛋白質が宿主の代謝系に及ぼす影響を調査するため、本組換えトウモロコシの絹糸抽出期前後に発現している遺伝子の網羅的な解析（RNA シークエンス解析）及び代謝産物（遊離アミノ酸、炭水化物及び植物ホルモン）の分析を行った。

2012年に米国のほ場から採取したトウモロコシサンプルを用いた試験では、ATHB17遺伝子を有する組換え系統（2系統）と非組換えトウモロコシの転写産物（RNA）の比較から、有意な変化が認められた転写産物は9つ（0.01%）にすぎず、量的な変化が認められた代謝産物については、グルタミン及びインドール-3-酢酸-アセチルアスパラギン酸のみであった。

また、2013年に温室（米国）において同一条件下で栽培された本組換えトウモロコシと対照の非組換えトウモロコシのサンプルを解析したところ、検出された転写産物90,946のうち、有意な発現の変化が認められたものは1,175（1.3%）、代謝産物については、複数の項目において有意差が認められたが、一定の傾向は認められなかった。

以上のことから、

本組換えトウモロコシは、対照の非組換えトウモロコシと生理学的又は生態学的な特性が同程度であること

シロイヌナズナで認められている避陰反応、光合成能力の向上、乾燥ストレス耐性及び塩ストレス耐性について、本組換えトウモロコシと対照の非組換えトウモロコシ間に有意差が認められなかったこと

絹糸抽出期前後における発現遺伝子の網羅的な解析及び代謝産物の含有量の変化を調査したところ、温室試験においては有意な変化が認められたが、通常の栽培環境下であるほ場試験においては競合における優位性を高めることを示唆するようなデータが得られなかったこと

から、本組換えトウモロコシの競合における優位性が高まるとは考え難い。

以上より、本組換えトウモロコシは、本申請の範囲内では、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、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

宿主が属する生物種であるトウモロコシは、有害物質を産生するとの報告はなされていない。

ATHB17 遺伝子がコードする ATHB17Δ113 蛋白質は、トウモロコシ内在の HD-Zip II 蛋白質が結合する遺伝子の特定配列に結合することが確認されており、それら拮抗的な作用によって、当該遺伝子の発現を制御していることから、影響を受ける代謝経路はトウモロコシ内在の代謝経路に限られ、新たな代謝産物が生じる

ことはないと考えられた。また、ATHB17Δ113 蛋白質は既知アレルゲンと類似の配列を有していないことが確認されている。

2013 年に米国の温室において、本組換えトウモロコシの有害物質の産生性の有無を鋤込み試験及び後作試験により検討した。その結果、全ての項目において有意差は認められなかった。

以上より、本組換えトウモロコシは、本申請の範囲内では、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、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

我が国において、トウモロコシが野生化した事例はなく、また交雑可能な近縁野生種であるテオシントの自生も報告されていない。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。

以上より、本組換えトウモロコシは、本申請の範囲内では、影響を受ける可能性のある野生動植物等は特定されず、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

以上より、本組換えトウモロコシは、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：チョウ目害虫抵抗性並びに除草剤グリホサート及びグルホシネート耐性ワタ (*2mepsps*, 改変 *bar*, 改変 *cry1Ab*, *cry2Ae*, 改変 *vip3A*, *Gossypium hirsutum* L.) (GHB614×T304-40×GHB119×COT102, OECD UI: BCS-GH002-5×BCS-GH004-7×BCS-GH005-8×SYN-IR102-7) 並びに当該ワタ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、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：バイエルクロップサイエンス株式会社

1 生物多様性影響評価の結果について

本スタック系統ワタ並びに当該ワタ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。)は、

2mEPSPS 蛋白質をコードする *2mepsps* 遺伝子が導入された除草剤グリホサート耐性ワタ (GHB614)

改変 PAT 蛋白質をコードする改変 *bar* 遺伝子及び改変 *Cry1Ab* 蛋白質をコードする改変 *cry1Ab* 遺伝子が導入された除草剤グルホシネート耐性及びチョウ目害虫抵抗性ワタ (T304-40)

改変 PAT 蛋白質をコードする改変 *bar* 遺伝子及び *Cry2Ae* 蛋白質をコードする *cry2Ae* 遺伝子が導入された除草剤グルホシネート耐性及びチョウ目害虫抵抗性ワタ (GHB119)

改変 *Vip3A* 蛋白質をコードする改変 *vip3A* 遺伝子及び *APH4* 蛋白質をコードする *aph4* 遺伝子が導入されたチョウ目害虫抵抗性ワタ (COT102)

間において、複数の系統による交雑育種法により作出されるものである。

本スタック系統ワタに導入された遺伝子により産生する害虫抵抗性蛋白質 (改変 *Cry1Ab* 蛋白質、*Cry2Ae* 蛋白質及び改変 *Vip3A* 蛋白質) は、標的害虫に対して特異的に作用し、独立して殺虫活性を示すと考えられ、互いに影響を及ぼし合うことによる相乗効果や拮抗作用が生じることはないと考えられる。また、害虫抵抗性蛋白質には酵素活性が無いため、宿主の代謝系を変化させる可能性は低い。さらに、除草剤耐性蛋白質である 2mEPSPS 蛋白質、改変 PAT 蛋白質及び選抜マーカー蛋白質である *APH4* 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有し、関与する代謝経路も独立していることから、宿主の他の代謝系を変化させたり、予期しない代謝物が生じたりする可能性は低いと考えられる。このため、これら蛋白質間においても相互作用は考え難い。

以上のことから、本スタック系統ワタ並びに当該ワタ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。)の植物体内において形質間の相互作用が示される可能性は低く、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る。

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書の結論は妥当であると判断されている。

- (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

- GHB614

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1495&ref_no=2

- T304-40

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1638&ref_no=2

- GHB119

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1589&ref_no=2

- COT102

https://ch.biodic.go.jp/bch/OpenDocDownload.do?info_id=1576&ref_no=2

2 生物多様性影響評価を踏まえた結論

以上より、本スタック系統ワタ並びに当該ワタ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。)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。