

生物多様性影響評価検討会での検討の結果

名称：低飽和脂肪酸・高オレイン酸及び除草剤グリホサート耐性ダイズ (*FAD2-1A*, *FATB1-A*, 改変 *cp4 epsps*, *Glycine max* (L.) Merr.)(MON87705, OECD UI: MON-87705-6)

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

本組換えダイズは、大腸菌由来のプラスミド pBR322 などをもとに構築された PV-GMPQ/HT4404 をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

本組換えダイズは、ダイズ由来の Δ -12 デサチュラーゼをコードする *FAD2-1A* 遺伝子の断片、パルミトイルアシルキャリア蛋白質チオエステラーゼをコードする *FATB1-A* 遺伝子の断片及び *Agrobacterium* sp. CP4 株由来の 5-エノールピルビルシキミ酸-3-リン酸合成酵素蛋白質をコードする改変 *cp4 epsps* 遺伝子等を含む T-DNA I 領域及び T-DNA II 領域が隣接した形で染色体上に 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やサザンブロット分析により確認されている。本組換えダイズの *FAD2-1A* 遺伝子及び *FATB1-A* 遺伝子の発現については、移入された *FAD2-1A* 遺伝子の断片と *FATB1-A* 遺伝子の断片による RNAi よって抑制されていることがノーザンブロット解析により確認されている。また、改変 *cp4 epsps* 遺伝子の発現については、複数世代にわたり改変 CP4 EPSPS 蛋白質が安定して発現していることがウエスタンブロット分析によって検出されている。これらのことから、移入された核酸が染色体上に存在し、その伝達や発現は安定したものであると判断された。

(ア) 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、自生化しているとの報告はなされていない。

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諸形質について調査が行われた結果、発芽個体数、分枝数、一株当たりの精粒重及び百粒重において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が認められた。また、統計処理を行わなかった項目では、発芽期及び発芽揃いにおいて本組換えダイズと対照の非組換えダイズとの間に違いが認められた。

発芽個体数は、本組換えダイズが 944 個体、対照の非組換えダイズが 879 個体であった。しかしながら、収穫種子の発芽個体数において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なかった。さらに、米国で行われた発芽試験においても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な

かった。

発芽期については本組換えダイズが7月12日、対照の非組換えダイズが7月13日であり、発芽揃いについては、本組換えダイズが7月13日、対照の非組換えダイズが7月14日であり、それぞれの項目における差は1日のみであった。

分枝数は、本組換えダイズが7.0本、対照の非組換えダイズが6.1本であった。しかしながら、種子の生産に関わる項目(稔実莢数、一株当たりの粗粒重、一株当たりの精粒重及び百粒重)において、本組換えダイズの種子の生産性が高まるような違いは認められなかった。

一株当たりの精粒重は、本組換えダイズが41.3g、対照の非組換えダイズが44.6gであった。しかしながら、精粒重が低いことが本組換えダイズの種子の生産性を高めるものではないと考えられた。

百粒重は、本組換えダイズが18.2g、対照の非組換えダイズが19.4gであった。しかしながら、本組換えダイズの百粒重の平均値は、これまでに報告されている従来ダイズの百粒重の範囲内であった。

これらのことから、観察された差異は競合における優位性を高めるものではないと考えられた。

本組換えダイズでは移入された *FAD2-1A* 遺伝子の断片及び *FATB1-A* 遺伝子の断片による RNAi により、種子中の飽和脂肪酸含量が低下しており、また、オレイン酸からリノール酸へ不飽和化される量が減少することで、結果的にオレイン酸含量が増加しリノール酸含量が減少している。一般的にダイズ種子中の油分は、ダイズ種子におけるエネルギー源として貯蔵され、主に発芽などにおいて利用されることが知られている。しかしながら、本組換えダイズにおいて、種子中の飽和脂肪酸含量の低下やオレイン酸含量の増大が発芽におけるエネルギー供給において特に有用であるとの報告はない。また、本組換えダイズは改変 *cp4 epsps* 遺伝子の恒常的な発現により、除草剤グリホサートに耐性を持つ。しかしながら、グリホサートを散布されることが想定しにくい自然条件下において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の特定はされず、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。

(イ) 有害物質の産生性

宿主が属する生物種であるダイズについては、野生動植物等への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、改変 CP4 EPSPS 蛋白質を産生するが、当該蛋白質が有害物質であるとする報告はなく、既知のアレルゲンと構造的に類似性のある配列を有しないことが確認されている。改変 CP4 EPSPS 蛋白質は、芳香族アミノ酸の生合成経路であるシキミ酸経路において EPSPS 蛋白質と同様の酵素としてはたらくが、EPSPS 蛋白質は本経路における律速酵素ではなく、また、改変 CP4 EPSPS 蛋白質は基質特異性が高いため、当該蛋白質が宿主の代謝系に影響を及ぼし、新たな有害物質を産生する可能性は極めて低いと考えられた。移入された *FAD2-1A* 遺伝子の断片と *FATB1-A* 遺伝子の断片に

については、これら遺伝子の断片による RNAi よって本組換えダイズの *FAD2-1A* 遺伝子と *FATB1-A* 遺伝子の発現が抑制されるのみで、これらが起因となり新たな蛋白質が産生されることはないと考えられた。

我が国の隔離ほ場において、本組換えダイズの有害物質（根から分泌されて他の植物及び土壌微生物へ影響を与えるもの、植物体が内部に有し枯死した後に他の植物に影響を与えるもの）の産生性の有無を土壌微生物相試験、鋤込み試験及び後作試験により検討した結果、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なかった。

以上より、影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定はされず、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。

(ウ) 交雑性

ダイズの近縁種としてはツルマメが知られており、ともに染色体数が $2n=40$ であり交雑可能であることから、影響を受ける可能性のある野生植物としてツルマメを特定し、以下の検討を行った。

ダイズとツルマメの人為的な交雑を行った雑種の生育には特に障害が見られないことから、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、その雑種が生育するとともに、当該雑種からツルマメへの戻し交雑を経て、本組換えダイズに移入された遺伝子がツルマメの集団中で低い割合にとどまらずに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、河原や土手、畑の周辺や果樹園等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、

ダイズとツルマメの雑種形成及び後代への遺伝子浸透について、数年間、日本各地のダイズ畑周辺の集団を追跡調査した結果、ダイズとツルマメの雑種後代を示唆する遺伝マーカーは検出されなかったとの報告があること、
ダイズとツルマメは一般的に開花期が重なりにくいことが知られており、人為的に開花期を一致させて交互に株間 50cm の隣接栽培を行った場合でも、交雑率は 0.73 % であるとの報告があること、

除草剤グリホサート耐性組換えダイズ 40-3-2 系統とツルマメの開花期を一致させ、隣接して栽培しダイズにツルマメが巻きついた状態で生育させた交雑試験では、収穫したツルマメ種子 32,502 粒中 1 粒がダイズと交雑していたとの報告がある。

さらに、我が国の隔離ほ場において本組換えダイズと対照品種である非組換えダイズとを隣接した試験区で栽培し、非組換えダイズへの自然交雑を調査したところ、交雑は認められなかった。生殖に関わる形質(花粉の稔性、花粉形態、種子の生産性)を調査したが、本組換えダイズの特性は種の範囲を超えるものでなく、本組換えダイズとツルマメとの交雑性は従来のダイズとツルマメ同様に極めて低いと推測された。

また、本組換えダイズとツルマメが交雑した場合、その雑種は改変 *cp4 epsps* 遺伝子により、グリホサート耐性の形質を有すると考えられるが、本形質が競合における優位

性を高めるとは考え難く、グリホサート耐性の形質を有する雑種が生じたとしても、その雑種がツルマメの集団において優占化する可能性は低いと考えられる。

以上より、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。

生物多様性影響評価検討会での検討の結果

名称：ステアリドン酸産生ダイズ(改変 *Pj.D6D*, 改変 *Nc.Fad3*, *Glycine max* (L.) Merr.)
(MON87769, OECD UI: MON-87769-7)

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

本組換えダイズは、大腸菌由来のプラスミド pBR322 などをもとに構築された PV-GMPQ1972 をアグロバクテリウム法により導入し作出されている。

本組換えダイズは、サクラソウ由来の $\Delta 6$ デサチュラーゼをコードする改変 *Pj.D6D* 遺伝子及びアカパンカビ由来の $\Delta 15$ デサチュラーゼをコードする改変 *Nc.Fad3* 遺伝子等を含む T-DNA I 領域が染色体上に 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やサザンブロット分析により確認されている。また、これら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により確認されている。

(ア) 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、自生化しているとの報告はなされていない。

我が国の隔離ほ場及び米国の温室において、本組換えダイズの競合における諸形質について調査が行われた結果、種子の生産量における百粒重と低温ストレス実験における乾燥重、主茎長及び草勢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が認められた。また、統計処理を行わなかった項目については、発芽始めにおいて、本組換えダイズと対照の非組換えダイズとの間に違いが認められた。

百粒重については、本組換えダイズが 20.33g、対照の非組換えダイズが 21.58g であり、本組換えダイズのほうが低かった。しかしながら、本組換えダイズの百粒重の平均値は、これまでに報告されている従来ダイズ品種の百粒重の範囲内であった。

低温ストレス実験については、一部の項目において有意差が認められたが、関連項目においてそれらの差には一貫性がなかった。

発芽始めについては、本組換えダイズは 7 月 30 日、対照の非組換えダイズは 8 月 1 日であり、その違いの程度は僅かであった。また、発芽個体数及び収穫種子の発芽個体数において、本組換えダイズと対照の非組換えダイズとの間に有意差は観察されなかった。

このことから、観察された差異は競合における優位性を高めるものではないと考えられた。

本組換えダイズでは、移入された改変 *Pj.D6D* 遺伝子及び改変 *Nc.Fad3* 遺伝子につい

て胚特異的プロモーターを用いて発現させることにより、本組換えダイズの種子中では本来ダイズが産生することができない脂肪酸であるステアリドン酸(SDA)及び γ -リノレン酸 (GLA)が産生されており、種子中に蓄積されている。

一般的にダイズ種子中で産生された脂肪酸は、ダイズ種子におけるエネルギー源として貯蔵され、主に発芽などにおいて利用されることが知られていることから、本組換えダイズ種子中の SDA 及び GLA も同様の役割を果たしていると考えられた。実際に本組換えダイズの種子中に蓄積された SDA 及び GLA の含有量を経時的に調査したところ、SDA 及び GLA の含有量は発芽に伴って減少し、これらの脂肪酸がダイズの内在性脂肪酸と同様にエネルギー代謝に利用されていることが示唆された。また、本組換えダイズの隔離ほ場試験の結果において、本組換えダイズと対照の非組換えダイズの発芽特性に違いはないと判断された。

このことから、本組換えダイズ種子中で産生された SDA 及び GLA は内在性脂肪酸と同様の生物学的役割を果たしていると考えられた。よって、本組換えダイズにおいて産生される SDA や GLA は、本組換えダイズの競合における優位性を高めるものではないと考えられた。

以上より、影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定はされず、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。

(イ) 有害物質の産生性

宿主が属する生物種であるダイズについては、野生動植物等への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、改変 $\Delta 6$ デサチュラーゼ及び改変 $\Delta 15$ デサチュラーゼが発現しているが、当該蛋白質が有害物質であるとする報告はなく、既知アレルゲンと構造的に類似性のある配列を有しないことが確認されている。また、改変 $\Delta 6$ デサチュラーゼ及び改変 $\Delta 15$ デサチュラーゼは基質特異性が高いため、これらのデサチュラーゼが宿主の他の代謝系に影響を及ぼし、新たな有害物質を産生する可能性は極めて低いと考えられた。さらに、これまでに SDA や GLA が有害物質であるとする報告はなされていない。

本組換えダイズがダイズ種子を食害する野生生物に摂食された場合、本組換えダイズの種子に含まれる SDA や GLA が野生生物に影響を与える可能性が考えられた。しかしながら、これら野生生物に摂食された場合、本組換えダイズの種子に含まれる SDA や GLA は野生生物において代謝されると考えられるため、本組換えダイズの種子に含まれる SDA や GLA はこれらの野生生物に影響を与えるものではないと考えられた。

我が国の隔離ほ場において、本組換えダイズの有害物質（根から分泌されて他の植物及び土壌微生物へ影響を与えるもの、植物体が内部に有し枯死した後に他の植物に影響を与えるもの）の産生性の有無を土壌微生物相試験、鋤込み試験及び後作試験により検討した結果、本組換えダイズと対照の非組換えダイズとの間に差異は認められなかった。

以上より、影響を受ける可能性のある野生動植物等の特定はされず、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。

(ウ) 交雑性

ダイズの近縁種としてはツルマメが知られており、ともに染色体数が $2n=40$ であり交雑可能であることから、影響を受ける可能性のある野生植物としてツルマメを特定し、以下の検討を行った。

ダイズとツルマメの人為的な交雑を行った雑種の生育には特に障害が見られないことから、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、その雑種が生育するとともに、当該雑種からツルマメへの戻し交雑を経て、本組換えダイズに移入された遺伝子がツルマメの集団中で低い割合にとどまらずに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、河原や土手、畑の周辺や果樹園等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、

ダイズとツルマメの雑種形成及び後代への遺伝子浸透について、数年間、日本各地のダイズ畑周辺においてツルマメ集団を追跡調査し、遺伝子マーカー等を用いて交雑の有無を分析したところ、雑種後代の存在を示唆する結果は得られなかったとの報告があること、

ダイズとツルマメは一般的に開花期が重なりにくいことが知られており、人為的に開花期を一致させて交互に株間 50cm の隣接栽培を行った場合でも、交雑率は 0.73 % であるとの報告があること、

除草剤グリホサート耐性組換えダイズ 40-3-2 系統とツルマメの開花期を一致させ、隣接して栽培しダイズにツルマメが巻きついた状態で生育させた交雑試験では、収穫したツルマメ種子 32,502 粒中 1 粒がダイズと交雑していたとの報告があること

などに加え、我が国の隔離ほ場において本組換えダイズと対照の非組換えダイズとを隣接した試験区で栽培し、非組換えダイズへの自然交雑を調査したところ、交雑は認められなかった。また、生殖に関わる形質(花粉の稔性、花粉形態、種子の生産性)を調査したが、本組換えダイズの特性は種の範囲を超えるものでなく、本組換えダイズとツルマメとの交雑性は従来のダイズ品種とツルマメ同様に極めて低いと推測された。

さらに、本組換えダイズにおいては、導入遺伝子による影響が宿主の持つ代謝系を変化させ、交雑性に関わる生理学的又は生態学的特性について宿主との相違をもたらすことはないと考えられることから、本組換えダイズとツルマメの交雑率は、従来のダイズとツルマメの交雑率と同等に低いと考えられた。

以上より、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。

生物多様性影響評価検討会での検討の結果

名称：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 *cry1F*, 改変 *cry3Aa2*, *pat*, 改変 *cp4 epsps*, *Zea mays* subsp. *mays* (L.) Iltis) (1507×MIR604×NK603, OECD UI: DAS-Ø15Ø7-1×SYN-IR6Ø4-5×MON-ØØ6Ø3-6) (*B.t.* *Cry1F* maize line 1507、MIR604 及び NK603 それぞれへの導入遺伝子の組合せを有するものであって当該トウモロコシから分離した後代系統のもの（既に第一種使用規程の承認を受けたものを除く。）を含む。）

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：デュポン株式会社

(1) 生物多様性影響評価の結果について

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(*B.t.* *Cry1F* maize line 1507、MIR604 及び NK603 それぞれへの導入遺伝子の組合せを有するものであって当該トウモロコシから分離した後代系統のもの（既に第一種使用規程の承認を受けたものを除く。）を含む。)(以下「本スタック系統トウモロコシ」という。)は、改変 *Cry1F* 蛋白質をコードする改変 *cry1F* 遺伝子及び *PAT* 蛋白質（ホスフィノトリシンアセチルトランスフェラーゼ）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（DAS-01507-1）、改変 *Cry3Aa2* 蛋白質をコードする改変 *cry3Aa2* 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（SYN-IR604-5）及び改変 *CP4* *EPSPS* 蛋白質（*CP4* 菌株由来の 5-エノールピルビルシキミ酸-3-リン酸合成酵素）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トウモロコシ（MON-00603-6）を用いて、交雑育種法により作出されたものである。これら 3 系統については、生物多様性影響評価検討会において、本スタック系統と同一の第一種使用等をした場合に生物多様性影響が生ずるおそれはないと判断されている。

Bt 蛋白質の特異性には、その蛋白質の構造が関与していると考えられ、害虫の中腸細胞においてそれぞれで異なる受容体に結合すると考えられた。これに加え、これまでに承認されたスタック系統において、*Bt* 蛋白質が相乗的な効果を示したとの報告はなく、殺虫活性について親系統が有する形質を併せ持つのみであったことから、本スタック系統トウモロコシで発現する各 *Bt* 蛋白質（改変 *Cry1F* 蛋白質、改変 *Cry3Aa2* 蛋白質）が、相互に作用してこれら *Bt* 蛋白質の特異性を変化させることはないと考えられた。さらに、*PAT* 蛋白質及び改変 *CP4* *EPSPS* 蛋白質の基質及び作用は異なり、関与している代謝経路も互いに独立し、*Bt* 蛋白質が酵素活性を持つという報告はないことから、本スタック系統トウモロコシにおいてこれらの蛋白質が発現しても相互に作

用して宿主の代謝系を変化させ、予期しない代謝物が生じることはないと考えられた。

また、生物検定試験より本スタック系統トウモロコシの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耐性及びグリホサート耐性はそれぞれの親系統と同程度であると判断された。

これらのことから、各親系統由来であるこれらの蛋白質が本スタック系統トウモロコシの植物体内において機能的な相互作用を及ぼす可能性は低く、親系統が有する形質を併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。

(ア) 競合における優位性

宿主の属する分類学上の種であるトウモロコシは、我が国において長期にわたる使用等の実績があるが、我が国の自然環境下で自生することは報告されていない。

本スタック系統トウモロコシの親系統（DAS-01507-1、SYN-IR604-5、MON-00603-6）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、一部の特性において、非組換えトウモロコシとの間で統計学的有意差が認められたが、これらは競合における優位性を高めるような差異ではないと考えられた。

本スタック系統トウモロコシで発現する、改変 *cry1F* 遺伝子によりチョウ目害虫に対する抵抗性が、改変 *cry3Aa2* 遺伝子によりコウチュウ目害虫に対する抵抗性が付与されるが、チョウ目害虫及びコウチュウ目害虫による食害は我が国の自然環境下でトウモロコシが生育することを困難にさせる主な要因ではない。したがって、これらの形質の付与が栽培作物であるトウモロコシを自生させ、競合における優位性を高めるとは考え難い。

また、本スタック系統トウモロコシで発現する、*pat* 遺伝子及び改変 *cp4 epsps* 遺伝子により除草剤グルホシネート及びグリホサートに対する耐性が付与されるが、これら除草剤が散布されることが想定され難い自然環境下では、除草剤耐性形質が本スタック系統の競合における優位性を高めるとは考え難い。

以上より、本スタック系統トウモロコシは、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。

(イ) 有害物質の産生性

宿主の属する分類学上の種であるトウモロコシは、我が国において長期にわたる使用等の実績があるが、野生動植物等に対して影響を与える有害物質の産生性は知られていない。

本スタック系統トウモロコシで発現する改変 *Cry1F* 蛋白質、改変 *Cry3Aa2* 蛋白質、*PAT* 蛋白質及び改変 *CP4 EPSPS* 蛋白質は既知アレルゲンと相同性を持たないことが確認されている。また、本スタック系統の親系統における有害物質（根から分泌されて他の植物及び土壤微生物へ影響を与えるもの、植物体が内部に有し枯死した後に他の植物に影響を与えるもの）の産生性については、鋤込み試験、後作試験、土壤微生物相試験を行った結果、いずれの試験においても有害物質の産生性が高まっていることを示唆するような差異は認められなかった。し

たがって、本スタック系統中においても意図しない有害物質が産生されることは考え難い。

本スタック系統中で発現する改変 Cry1F 及び改変 Cry3Aa2 は、チョウ目及びコウチュウ目昆虫に対して殺虫活性を示すことから、影響を受ける可能性のある野生動植物としてチョウ目及びコウチュウ目昆虫が特定された。特定されたチョウ目及びコウチュウ目昆虫が影響を受ける状況として本スタック系統を直接食餌すること、又は本スタック系統から飛散した花粉を食餌植物とともに摂取することが考えられた。しかしながら、チョウ目及びコウチュウ目昆虫が本スタック系統の栽培ほ場周辺に局所的に生息しているとは考えにくいことから、個体群レベルで影響を受ける可能性は極めて低いと考えられた。

以上より、本スタック系統トウモロコシは、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。

(ウ) 交雑性

我が国の自然環境中にはトウモロコシと交雑可能な野生植物は生育していないことから、本スタック系統トウモロコシは、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、本スタック系統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。