

遺伝子組換え農産物の定量検知技術

ー競合PCR法を用いた遺伝子組換えダイズ簡易定量法の開発ー

技術の特徴

- ・高価なリアルタイムPCR装置を必要としない簡易定量法
- ・21bpの挿入断片を含む競合プラスミドを用いた競合PCR法
- ・妥当性の確認がなされている公定法の一部コンセプトを導入した定量手法

研究の内容

ダイズ粉砕物から抽出したDNAサンプルと、段階的に希釈した競合プラスミドを同じ反応液中で同時に増幅する。

競合プラスミドとサンプル中の標的配列の数が同じ点（等量点）において、増幅産物の量が等しくなる。

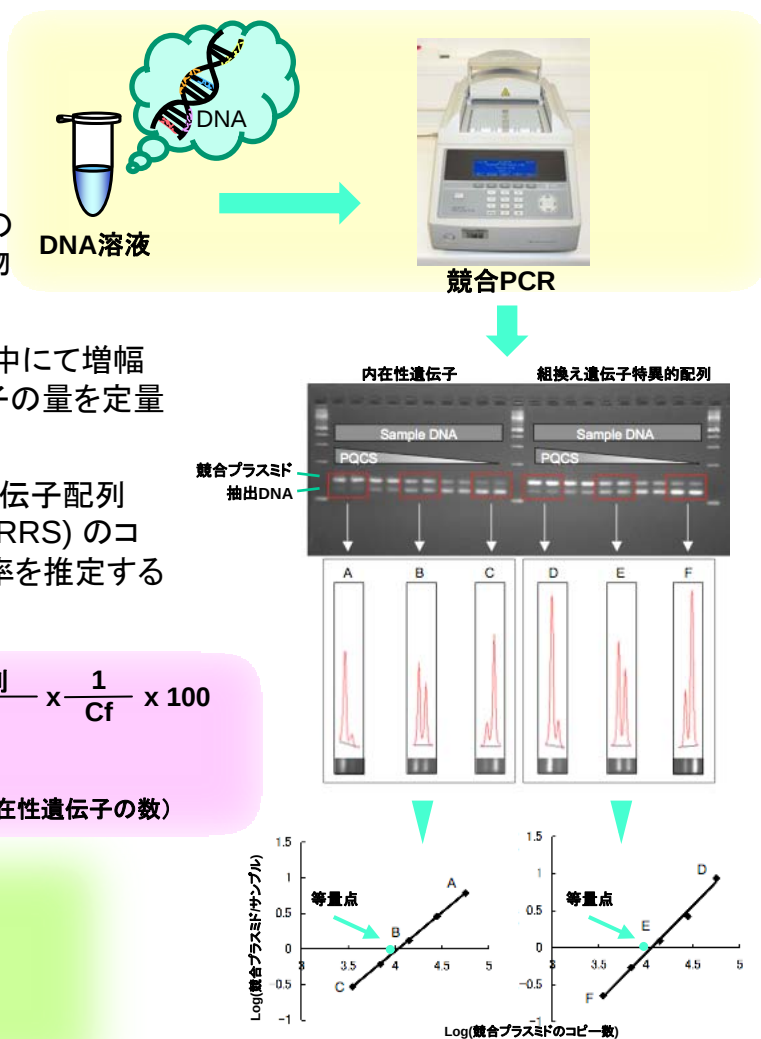
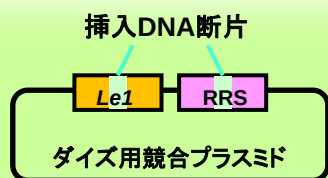
既知濃度の競合プラスミドと同一反応液中にて増幅することにより、サンプル中の目的遺伝子の量を定量できる。

これにより求めたサンプル中の内在性遺伝子配列（*Le1*）および組換え遺伝子特異的配列（RRS）のコピー数から遺伝子組換え農産物の混入率を推定することができる。

$$\text{GM混入率(\%)} = \frac{\text{組換え遺伝子特異的配列}}{\text{内在性遺伝子}} \times \frac{1}{\text{Cf}} \times 100$$

100%のGM種子において、

$$\text{Cf} = (\text{組換え遺伝子特異的配列の数}) / (\text{内在性遺伝子の数})$$



今後の展開

- ・本法を用いた遺伝子組換えトウモロコシ簡易定量法の開発を目指す。

参 考

Shimizu, E., et al. (2008) Development of a Screening Method for Genetically Modified Soybean by Plasmid-Based Quantitative Competitive Polymerase Chain Reaction. *J. Agric. Food Chem.*, 56(14); 5521-7