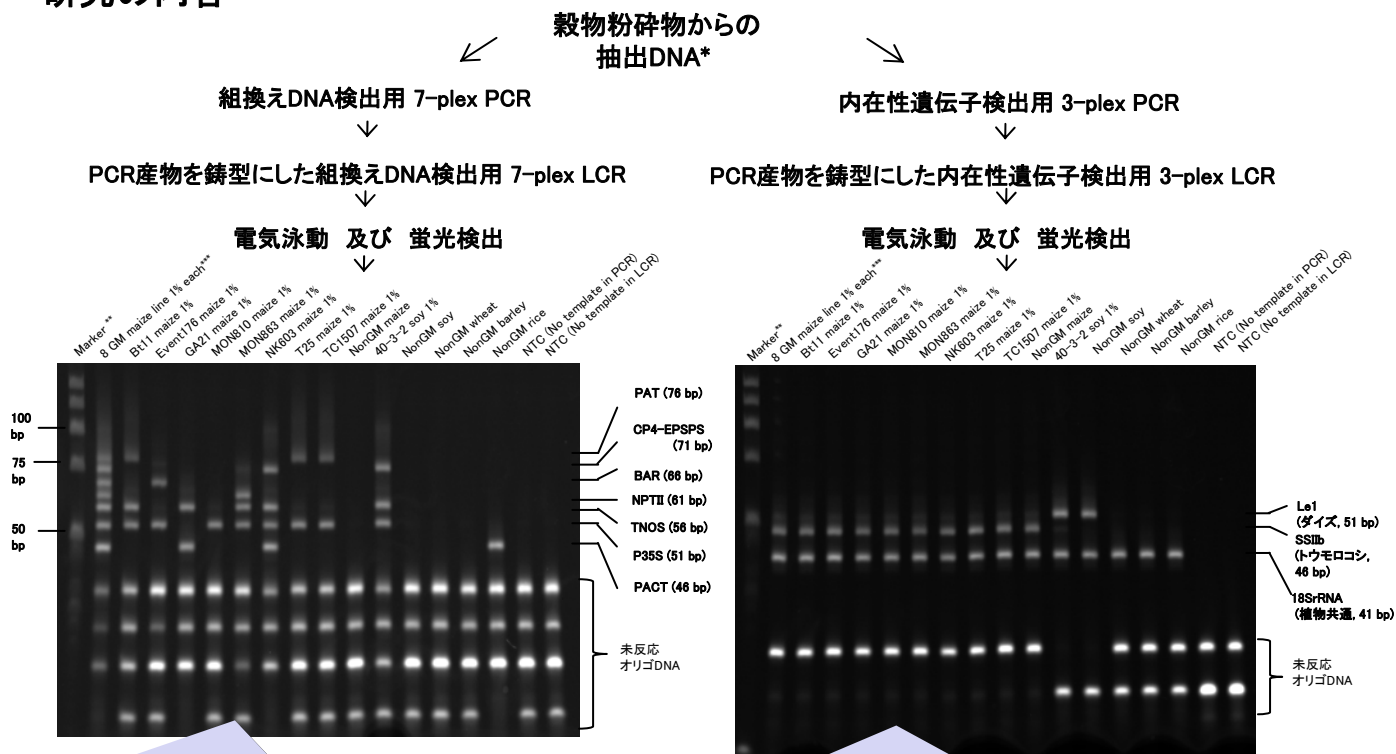


標的系統を特定しない汎用型遺伝子組換え農作物検出法 —MPCR-MLCR法の開発—

技術の特徴

・ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)及びリガーゼ連鎖反応(LCR)を利用して、多くの遺伝子組換え(GM)農作物に共通して導入されている7つの組換えDNA領域[カリフラワーモザイクウイルス由来35Sプロモーター(P35S)、リゾビウム属細菌由来NOSターミネーター(TNOS)、イネ由来アクチンプロモーター(PACT)、薬剤耐性遺伝子NPTII、除草剤耐性遺伝子PAT、BAR、CP4-EPSPS]を高感度に同時検出する方法(Multiplex PCR-Multiplex LCR法、MPCR-MLCR法)を開発した。また、コントロール試験としてトウモロコシ内在性遺伝子SSIIb、ダイズ内在性遺伝子Le1、植物共通DNA領域(18S rRNA)を検出するためのMPCR-MLCR法の開発も行った。これらの手法により、標的系統を特定せず幅広いGM農作物の混入を1度の検査で検出可能となった。

研究の内容



生物多様性影響評価書に基づく
組換えDNA領域の情報****

	GM農作物 系統									
	Bt11	Event 176	GA21	MON 810	MON 863	NK603	T25	TC1507	Non-GM maize	RRS
PAT	✓									
CP4-EPSPS						✓				
BAR		✓								
NPTII					✓					
TNOS	✓				✓	✓	✓	✓		✓
P35S	✓	✓		✓	✓	✓	✓	✓		✓
PACT			✓			✓				

内在性遺伝子の有無

	GM農作物 系統									
	Bt11	Event 176	GA21	MON 810	MON 863	NK603	T25	TC1507	Non-GM maize	RRS
Le1 (ダイズ)										✓
SSIIb (トウモロコシ)	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
18S rRNA (植物共通)	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓

・各GMトウモロコシ、GMダイズ系統が0.2%混入した場合も、予想される全ての組換えDNAの検出が確認された*。

* : 各種GM系統については、GM由来DNA (20 ng/μl) をNonGM由来DNA (20 ng/μl) へ1%もしくは0.2% (体積比) で混合した疑似混入DNAを調製し、分析に使用した。
** : Fluorescein Map marker 1000 (Bioventures, Inc.) を使用した。
*** : Bt11, Event 176, GA21, MON810, MON863, NK603, T25, 及びTC1507が各1%混入したサンプル
**** : 環境省バイオセーフティクリアリングハウス (<http://www.bch.biodic.go.jp/>) ウェブサイトより

今後の展開

- ・更なる反応の多重化を検討し、より広範囲のGM農作物を検出可能にする。
- ・より汎用性の高い分析法の開発を行う。



農研機構
食品総合研究所



代表研究者: 真野 潤一
所 属: 食品分析研究領域
GMO検知解析ユニット

問い合わせ先: 029-838-7308 jmano@affrc.go.jp