

GMトウモロコシ定量用内標比の算出

－リアルタイムPCR新機種への対応－

成果の特徴

安全性審査済み遺伝子組換え（GM）トウモロコシの混入率を算出するためには内標比が必要です（式1）。本研究では、GMトウモロコシのスクリーニング検査法の対象である4標的（カリフラワーモザイクウイルス35Sプロモーター（P35S）、GA21構造特異的領域、MIR604系統特異的領域、MIR162系統特異的領域）において、4種類のリアルタイムPCR新機種を用いて内標比を算出しました。本研究により、GMトウモロコシスクリーニング法が新機種にも適用可能となることが期待されます。

成果の内容

GMトウモロコシMON810、GA21、MIR604、MIR162の純粋な種子からゲノムDNAを抽出し、リアルタイムPCR新機種QuantStudio5、QuantStudio12K Flex、LightCycler 96およびLightCycler 480を用いて、標的組換え配列と種特異的内在性配列のコピー数を測定しました。その比率（組換え配列のコピー数/内在性配列のコピー数）を、それぞれP35S、GA21構造特異的領域、MIR604系統特異的領域、MIR162系統特異的領域の内標比として算出しました（表1）。

$$\text{GM 混入率 (\%)} = \frac{\text{GM系統特異的 DNA コピー数 (GM)}}{\text{内在性 DNA コピー数 (GM+non-GM)}} \times \frac{1}{\text{内標比}}$$

式1 各遺伝子組換え系統の混入率

表1 新たに算出した内標比

	QuantStudio5		QuantStudio12k		LightCycler 96		LightCycler 480		ABI7900	AB7500
	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD		
P35S	0.43	0.03	0.40	0.02	0.41	0.02	0.41	0.02	0.38	0.46
GA21	1.55	0.14	1.61	0.08	2.17	0.10	2.19	0.07	1.99	2.13
MIR604	0.44	0.01	0.44	0.01	0.43	0.07	0.44	0.03	0.44	0.44
MIR162	0.71	0.04	0.66	0.02	0.59	0.03	0.56	0.02	0.70	0.64

SD; Standard deviation

成果の活用

本研究で算出された内標比が我が国の公定法に掲載され、食品表示制度の信頼性を担保する検査法として活用されることが期待されます。