

遺伝子組換えワタ種子の混入の確認に用いた 検査法について

- 1 . 遺伝子組換えワタ種子の混入の確認には、遺伝子組換えワタだけが持つタンパク質（組換えタンパク質）を検出できるラテラルフロー法と、遺伝子組換えワタだけが持つ遺伝子（組換え遺伝子）を検出できる、以下の3種類のリアルタイム PCR 法を使用。

農林水産省が現在開発中の検査法

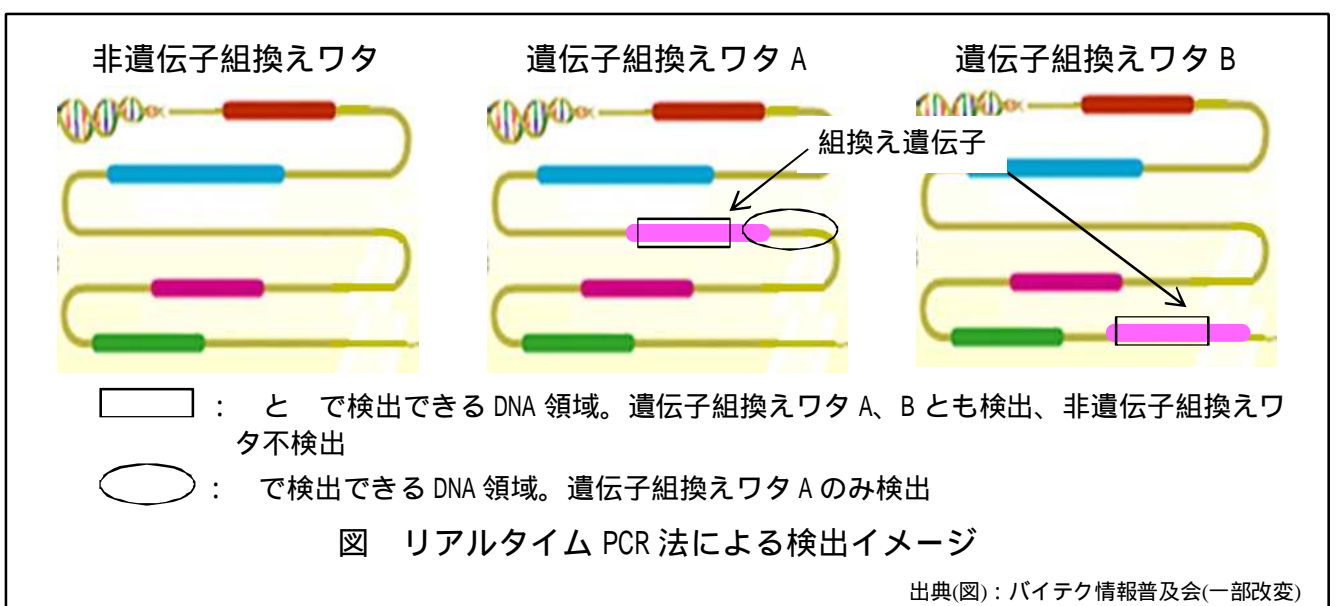
独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構（農研機構）食品総合研究所が妥当性を確認した検査法^{1,2)}

欧州の公的機関が妥当性を確認した検査法^{3,4)}

- 2 . 及び では、組換え遺伝子が検出されるか否かにより、ワタ種子が遺伝子組換えワタ種子を含むか否かを確認。

では、組換え遺伝子とワタの DNA とのつなぎ目の DNA 配列が検出されるか否かにより、ワタ種子が特定の遺伝子組換えワタ種子を含むか否かを確認。

組換え遺伝子が組み込まれた場所には組換え遺伝子とワタの DNA とのつなぎ目が生じる。また、組換え遺伝子が組み込まれる場所は遺伝子組換えワタの種類毎に異なる。



3 . 今回の検査では、ワタ種子から 531 又は 1445 が作る組換えタンパク質、そのタンパク質の産生に必要な遺伝子並びに 531 又は 1445 に特異的な DNA 配列が検出された。

(参照文献)

- 1) Mano et al., Real-Time PCR Array as a Universal Platform for the Detection of Genetically Modified Crops and Its Application in Identifying Unapproved Genetically Modified Crops in Japan. *J. Agric. Food Chem.* 2009, 57, 26-37.
- 2) Mano *et al.*, Comprehensive GMO Detection Using Real-Time PCR Array: Single-Laboratory Validation. *J. AOAC Int.* 2012, 95(2), 508-516. (11 の組換え遺伝子を判別可能。例 組換え遺伝子 P35S の検出下限値 0.25%(遺伝子組換えトウモロコシで確認)。)
- 3) Mazzara *et al.*, Event-specific Method for the Quantification of Cotton Line MON 531 Using Real-time PCR *JRC Online Publication* (2008) (531 の検出下限値 0.1%)
- 4) Mazzara *et al.*, Event-specific Method for the Quantification of Cotton Line MON 1445 Using Real-time PCR *JRC Online Publication* (2008) (1445 の検出下限値 0.04%)