

厚生食監発 0330 第 4 号

令和 8 年 3 月 30 日

各

都 道 府 県
保健所設置市
特 別 区

 衛生主管部（局）長 殿

厚生労働省健康・生活衛生局食品監視安全課長

（公 印 省 略）

「安全性未審査の組換えDNA技術応用食品の検査方法」の一部改正について

安全性未審査の組換えDNA技術応用食品の検査方法については、令和6年3月28日付け厚生食監発0328第1号厚生労働省健康・生活衛生局食品監視安全課長通知「安全性未審査の組換えDNA技術応用食品の検査方法について」により通知しているところです。

今般、コムギの検査方法にHB4系統特異的検知試験法を追加したこと等から、当該通知の別添「安全性未審査の組換えDNA技術応用食品の検査方法」を別紙のとおり改正することとしましたので、その取扱いに遺漏のないようお願いいたします。

なお、参考として新旧対照表を添付します。

(別紙)

(別添)

安全性未審査の組換え DNA 技術応用食品の検査方法

目次

I. 検体採取方法

II. 個別検査方法

- ・亜麻 (FP967) の検査方法
- ・コムギ (MON71200、MON71100/71300、MON71700、MON71800、HB4) の検査方法
- ・コメ (63Bt、NNBt、CpTI) の検査方法
- ・コメ (LL601) の検査方法
- ・トウモロコシ (Bt10) の検査方法
- ・トウモロコシ (CBH351) の検査方法
- ・トウモロコシ (DAS59132) の検査方法
- ・ナタネ (RT73 *B. rapa*) の検査方法
- ・パパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) の検査方法
- ・ばれいしょ (F10、J3) の検査方法
- ・サケ (AquAdvantage) の検査方法
- ・ズッキーニ (ZW20、CZW3) の検査方法

III. 検査方法の同等性確認方法

I . 検体採取方法

1. 亜麻、コムギ、コメ、トウモロコシ、ナタネの検体採取

1.1. 亜麻、コムギ、コメ、トウモロコシ、ナタネの穀粒の検体採取

組換えDNA技術応用食品が不均一に分布しているということを前提として、ロットを代表するような検体採取を行うため、対象となるロットの大きさ、荷姿、包装形態に応じて、以下に掲げる検体採取を行う。検体採取に際しては、他ロットの穀粒が混入しないよう十分配慮し、使用する器具・容器包装等は使い捨てのものを使用するか、その都度、十分に洗浄等を行い使用する。

次に、検体採取した穀粒が均質になるよう十分に混合した後、この中から検査に必要な一定量を採り、粉砕器等を用いて均質に粉砕する。

ナタネの穀粒に関しては、1 検体（検体採取量 1 kg）のうち500 gを粉砕して用いる。残りの500 gは穀粒の状態で保管する。粒検査の時にはこれを用いる。

1.1.1. 袋又はカートン積みの場合

以下の表に従って検体採取を行う。

ロットの大きさ	検体採取のための開梱数	検体採取量 (kg)	検体数
≦ 15	2	1	1
16 ~ 25	3	1	1
26 ~ 90	5	1	1
91 ~ 150	8	1	1
151 ~ 280	13	1	1
281 ~ 500	20	1	1
501 ~ 1,200	32	1	1
1,201 ~ 3,200	50	1	1
3,201 ~ 10,000	80	1	1
10,001 ~ 35,000	125	1	1
35,001 ~ 150,000	200	1	1
150,001 ~ 500,000	315	1	1
≧ 500,001	500	1	1

1.1.2. ばら積みの場合

1.1.2.1. サイロ搬入時

サイロに搬入する際に 1 サイロを 1 ロットとして、ロット全体を代表する検体となるようオートサンプラー等を用いて検体採取を行うものとし、適正な時間的間隔をもって15回、計10 kg以上を検体採取したものを縮分してサイロ毎に1 検体（1 kg以上）とする。

既にサイロに搬入したものについては、他のサイロに移動させる時点で同様に検体採取を行う。

1.1.2.2. はしけ搬入時

はしけ（内航船を含む。）に搬入する際に1 はしけを1 ロットとして、ロット全体を代表する検体となるようオートサンプラー等を用いて検体採取を行うものとし、適正な時間的間隔をもって15回計10kg以上を検体採取したものを縮分してはしけ毎に1検体（1kg以上）とする。

1.1.2.3. はしけにおける検体採取

すでにはしけに搬入したものについて検体採取を行う場合、1 はしけを1 ロットとして、ロット全体を代表する検体となるよう上層、中層、下層毎に各5カ所、計15カ所から、計10kg以上を検体採取したものを縮分してはしけ毎に1検体（1kg以上）とする。

1.1.2.4. コンテナにおける検体採取

1コンテナを1ロットとして、ロット全体を代表する検体となるよう上層、中層、下層毎に各5カ所、計15カ所から、計10kg以上を採取したものを縮分してコンテナ毎に1検体（1kg以上）とする。

1.2. 加工食品の検体採取

加工食品の検体採取については、対象となるロットの大きさに応じて以下の表に従い検体採取を行う。

1.2.1. トウモロコシの粉砕加工品（コーングリッツ、コーンフラワー、コーンミール等、穀粒を粉砕したもの）

検体採取については、1.1.1.の袋又はカートン積みの場合に従う。

1.2.2. それ以外の加工食品

以下の表に従って検体採取を行う。

ロットの大きさ	検体採取のための開梱数	検体採取量 (g)	検体数
≦ 15	2	120	1
16 ~ 50	3	120	1
51 ~ 150	5	120	1
151 ~ 500	8	120	1
501 ~ 3,200	13	120	1

3,201	～	35,000	20	120	1
35,001	～	500,000	32	120	1
	≧	500,001	50	120	1

1.3. コムギの粉砕加工品の検体採取（小麦粉等、穀粒を粉砕したもの）

検体採取については、1.1.1.の袋積みの場合に従う。

2. パパイヤ、ばれいしょ、サケおよびズッキーニの検体採取

2.1. 生鮮のパパイヤ、生鮮のばれいしょ、生サケおよび生鮮のズッキーニの検体採取

生鮮のパパイヤ、生鮮のばれいしょ、生サケおよび生鮮のズッキーニの検体採取については、対象となるロットの大きさに応じて以下の表に従い検体採取を行う。

ロットの大きさ		検体採取のための開梱数	検体採取量(個)
	≦ 50	2	2
51	～ 500	3	3
501	～ 35,000	5	5
	≧ 35,001	8	8

2.2. パパイヤ、ばれいしょ、サケおよびズッキーニの加工食品の検体採取

パパイヤ、ばれいしょ、サケおよびズッキーニの加工食品の検体採取については、対象となるロットの大きさに応じて 1.2.2.の表に従い検体採取を行う。なお、果汁・飲料製品、氷菓等製品については、検体採取量を 480 g とする。また、パパイヤ、ばれいしょ、サケまたはズッキーニの含有量が少ない加工品について実施する場合は、製品分類ごとに複数回の前処理試行が可能となるよう適宜検体採取量を増やして採取すること。

検査原則

当検査は、生鮮および種々の加工食品が検査対象検体として想定されるため、その性状により測定結果は変動する。これらを縮小するための原則について記す。

- ・ 検査対象検体は、一検体数を一単位とする。
- ・ 原則として、検査対象検体の食さない部分を廃棄した可食部を試料とする。（例えば、生鮮のパパイヤについては種子・果皮を除いた果肉部分、ばれいしょについては皮を除いた塊茎部分、サケについては鱗を除いた皮や筋肉などのサケの細胞を十分に含む部分、生鮮のズッキーニについてはヘタを除いた果実部分）
- ・ 試料中の成分は、不均一に分布すると考えられるため、検査に供する前に試料全量を粉砕器

等*で十分に破碎し、均質混和して調製試料とする。

- 検査に供する調製試料は固体や液体の性状に関わらず、重量測定にて一定量を採取する。
- 試料調製を含む検査全般は、空気の動きがなく温度・湿度の変動が少ない区切られた空間で行い、コンタミネーションを防ぐよう実施する。
- 微量測定のため、粉碎用器具*容器、秤量用器具、凍結乾燥瓶は中性洗剤等で洗浄後、アルカリ洗剤に一晩浸け置きする。あるいは超音波洗浄機を用い、30分間の超音波処理を行う。洗浄後は、DNA Zap solution (Thermo Fisher Scientific社製)などを使用し器具・容器に付着したDNAを分解し、改めてよく洗浄した後に、実験に使用することを薦める。

* レッチェGM200(レッチェ社製)、ミルサー(イワタニ社製)、Force Mill(大阪ケミカル社製)、Xtream Blender(Waring社製)、磁製乳鉢・乳棒および同等の結果が得られるものを用いる。

3. その他

市販の亜麻、コメ、ナタネに関しては、検体採取量は検査を繰り返し行うのに十分な量とする。

Ⅱ．個別検査方法

(注1)本方法におけるCq値の取扱いについて

Roche Diagnostics 社製のリアルタイム PCR 機器の場合は、Automated Method 又は Second Derivative Maximum Method を用いて得られるCp値又はCq値をCq値とする。また、Thermo Fisher Scientific 社製のリアルタイム PCR 機器の場合は、ベースラインを3サイクルから15サイクルで設定し、 ΔRn のノイズ幅の最大値の上側で、安定した指数関数的な増幅曲線上で交わる Threshold line (Th. line)として0.2に設定し、得られるCt値をCq値とする。

(注2)Roche Diagnostic 社製 LightCycler480 使用時の Second Derivative Maximum Method によるCq値表示について

LightCycler480 使用時に Second Derivative Maximum Method によりCq値を算出した場合、設定する増幅サイクル数から5サイクルを引いた値([増幅サイクル数] - 5)以上のCq値は、一律([増幅サイクル数] - 5)で示される。これによって、本検査法記載の増幅サイクル数の設定で、判定不能になると予想される場合においては、判定が可能になるように増幅サイクル数の変更を推奨する。(例)増幅サイクル数45、陽性判定Cq値43未満の場合、Cq値40以上は一律Cq値40と表示される。そのため増幅サイクル数を45から50に変更する。

亜麻（FP967）の検査方法

本検査法では亜麻穀粒を検査対象とし、DNA抽出精製は、以下の陰イオン交換樹脂タイプキット法（QIAGEN Genomic-tip 20/G）を用いる。1 検体から2 併行でDNAを抽出し、各抽出DNA試料液を用いて定性リアルタイムPCR法を実施する。

1. DNA抽出精製

1.1. イオン交換樹脂タイプのDNA抽出精製キット法（QIAGEN Genomic-tip）

粉碎試料 0.5 g をポリプロピレン製遠沈管（50 mL 容）に量り採り、イオン交換樹脂タイプのDNA 抽出精製キット（QIAGEN Genomic-tip）を用いて以下のように DNA を抽出精製する。試料に、G2 緩衝液^{*1} 7.5 mL と α -Amylase^{*2} 20 μ Lを加えて、ボルテックスミキサー等で激しく混合し、37°Cで 1 時間保温する。さらにG2 緩衝液 7.5 mL、Proteinase K^{*3} 200 μ L、および、RNaseA^{*4} 20 μ Lを加え、サンプルがチューブの底に残らなくなるまで攪拌し、50 °Cで1 時間保温する。その間、2 ~3 回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。次いで、5,000 \times g、4 °Cで15 分間遠心分離し、得られた上清を2 mLずつ2 mL容チューブ5 本（計10 mL）に移し^{*5}、20,000 \times g、4 °Cで15 分間遠心分離する。あらかじめQBT 緩衝液^{*1} 1 mLで平衡化したQIAGEN Genomic-tip 20/G に、各2 mL 容チューブから上清を1 mLずつ採取し^{*5} 負荷する（計5 mL）。次いで、チップをQC 緩衝液^{*1} で2 mLずつ3 回洗浄した後、チップを新しい遠沈管に移し、あらかじめ50 °Cに加温したQF 緩衝液^{*1} 500 μ Lを負荷し、DNAを溶出する（溶出 1）。チップを新しい遠沈管に移し、さらにQF 緩衝液^{*1} 500 μ LでDNAを溶出する（溶出 2）。

次いで、溶出液と等量のイソプロパノールを溶出 1と溶出 2にそれぞれ添加し、ゆっくり10 回転倒混和した後、5 分間室温で静置する。12,000 \times g、4 °Cで15 分間遠心し、上清を廃棄した後に70 % エタノール500 μ Lを添加し、10 回転倒混和する。12,000 \times g、4 °Cで3 分間遠心した後、上清を破棄し、残った沈殿を適度に乾燥させる。溶出 2 の遠沈管にあらかじめ60 °Cに加温した滅菌蒸留水50 μ L を加えて沈殿物を溶解させ、その溶解液全量を溶出 1の遠沈管に移し入れ、よく混合し^{*6}、抽出DNA試料液とする。抽出DNA試料液は分光光度計を用いてDNA濃度測定を行う。

^{*1} G2緩衝液、QBT緩衝液、QC緩衝液、および、QF緩衝液はキットに付属しているが、足りない場合にはキットの説明書に従って調製可能である。

^{*2} α -Amylase（高濃度品）はニッポンジーン社製のもの、又は、同等の活性を持つものを用いる。

^{*3} Proteinase KはQIAGEN社製（20 mg/mL）または同等の効力をもつものを用いる。

^{*4} RNaseAはQIAGEN社製（100 mg/mL）または同等の効力をもつものを用いる。

^{*5} 沈殿物や上層の膜状の部位を取らないように注意する。

^{*6} 沈殿物（DNA）が溶解しない場合は、65 °Cで15分間振とう溶解する。それでも完全に溶解できず、不溶物が認められる場合は、12,000 \times g、4 °Cで3 分間遠心して得られた上清を新しい遠沈管に移

し、これを抽出DNA試料液とする。

1.2. DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存

DNA 試料原液の適当量を取り、滅菌蒸留水を用いて適宜希釈し^{*1}、200～320 nm の範囲で紫外部吸収スペクトルを測定し、260 および 280 nm の吸光度 (A_{260} および A_{280} ^{*2}) を記録する。次いで A_{260} の値 1 を 50 ng/ μ L DNA として DNA 濃度を算出する。また A_{260}/A_{280} を計算する。この比が 1.7～2.0 になれば、DNA が十分に精製されていることを示す^{*3}。得られた DNA 濃度から、滅菌蒸留水で DNA 試料原液を 50 ng/ μ L に希釈して調製し、DNA 試料液とする。DNA 試料液は 15 μ L ごとにマイクロ遠沈管に分注し、-20°C 以下で冷凍保存する。分注した DNA 試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA 試料原液の濃度が PCR で規定された濃度に達しないときは、そのまま DNA 試料液として用いる。

*1 希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量および濃度域が異なるため、適宜とする。

*2 A_{260} が DNA 由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。

*3 A_{260}/A_{280} の比が 1.7～2.0 の範囲外であっても精製等の更なる操作は要さない。

2. 定性リアルタイムPCR法 (ABI PRISM™ 7900または7500)

FP967の検出はFP967検知用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCRと亜麻陽性対照用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCRの2 試験を行い判定する。

FP967検知用として、NOSターミネーターとスペクチノマイシン耐性遺伝子の境界領域を検知するプライマー、プローブを用いる。また、亜麻陽性対照用としてstearoyl-acyl carrier protein desaturase 2 (SAD) 遺伝子配列を検知するプライマー、プローブを用いる。各プライマー、プローブは滅菌蒸留水に溶解する。プライマー対、プローブの塩基配列は以下のとおりである。

FP967検知用プライマー対、プローブ

NOST-Spec F: 5'- AGC GCG CAA ACT AGG ATA AA-3'

NOST-Spec R: 5'- ACC TTC CGG CTC GAT GTC TA-3'

NOST-Spec probe: 5'-FAM- CGC GCG CGG TGT CAT CTA TG-BHQ1-3'

亜麻陽性対照用プライマー対、プローブ

SAD F: 5'- GCT CAA CCC AGT CAC CAC CT -3'

SAD R: 5'- TGC GAG GAG ATC TGG AGG AG -3'

SAD probe: 5'-FAM- TGT TGA GGG AGC GTG TTG AAG GGA-BHQ1-3'

2.1. PCR用反応液の調製

PCR用反応液は25 $\mu\text{L}/\text{well}$ として調製する。組成は以下のとおりである。Universal PCR Master Mix^{*1} 12.5 μL 、対象プライマー対溶液（各プライマー、50 $\mu\text{mol}/\text{L}$ ）各 0.4 μL 、対象プローブ溶液（10 $\mu\text{mol}/\text{L}$ ）0.25 μL を混合し、滅菌蒸留水で全量 22.5 μL に調製後、50 ng/ μL DNA試料液 2.5 μL （125 ng）を添加する。PCRのブランク反応液として、必ずDNA試料液を加えないものについても同時に調製する^{*2}。分注操作終了後、真上からシーリング^{*3}し、完全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意し、専用のシーリング用アプリケーションャーを用いて行う。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。プレートの確認後、MicroAmp Optical Film Compression Pad^{*4}を茶色の面が上になるよう、プレートの上面にセットする。各DNA試料液あたりFP967検知用リアルタイムPCRと亜麻陽性対照用リアルタイムPCRをそれぞれ2 ウェル並行して行うものとする。

*1 Universal PCR Master Mix

本試薬は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCR がうまくいかない場合がある。使う直前には必ずボルテックスミキサーを用いて3秒程度混合した後、軽く遠心し、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

*2 Non-Template Control (NTC)

DNA 試料液の添加の際、NTC にはDNA 試料液の代わりに水をウェルに2.5 μL 添加する。

*3 96 ウェルプレート、シーリング、および、シーリングアプリケーションャー

MicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate、およびMicroAmp Optical Adhesive Film（Thermo Fisher Scientific社）を使用する。シーリングの詳細については製品付属のマニュアルを参考のこと。

*4 MicroAmp Optical Film Compression Pad（Thermo Fisher Scientific社）

ABI PRISMTM 7900の場合のみ使用する。ABI PRISMTM 7500では使用しない。

2.2. プレート情報の設定

反応に際しては、プレート情報の設定を行わなければならない。設定を行う項目は、検体の配置と種類、および、プローブ特性である。具体的には新規シート上で、調製したプレートの配置に対応するように気を付けながら、検体の種類（「NTC」：Non-Template Control、「UNKN」：DNA 試料液）の設定を行う。またプローブ特性に関しては、NOST-Spec、SAD とともにReporter が「FAM」、Quencher が「Non Fluorescent」となるように設定する。また、Passive Reference は「ROX」に設定する。なお、ランモードの設定は9600 emulation モードを選択する。

2.3. PCR 増幅

装置にプレートをセットし、反応とデータの取り込みを開始する。反応条件は以下のと

おりである。50 °C、2 分間の条件で保持した後、95 °Cで10 分間加温し、ホットスタート法で反応を開始する。その後、95 °Cで15 秒間、60 °Cで1 分間を1 サイクルとして、45 サイクルの増幅反応を行う。Remaining timeが0 分となっていることを確認し、反応を終了させた後、測定結果の解析を行う。

3. 結果の解析と判定 (図1参照)

FP967検知用試験および亜麻陽性対照用試験のいずれについても、結果の判定はAmplification plot上で指数関数的な増幅曲線とCq値の確認、および、multicomponent上での対象色素由来の蛍光強度 (FAM) の指数関数的な明確な増加の確認をもって行う。

まず目視でAmplification plot上にNOST-Specの指数関数的な増幅曲線が確認された場合には、FP967陽性を疑う。次いで、ベースラインを (3サイクルから15サイクル) 設定し、 ΔRn のノイズ幅の最大値の上側で、安定した指数関数的な増幅曲線上で交わるThreshold line (Th. line) として0.2に設定する。ただし、Th. lineがノイズや指数関数的でない増幅曲線と交わる場合は、それらと交わらないようTh. lineを適宜設定する。そのTh. lineからCq値が得られるか否かを解析する。

2併行抽出より得られたDNA試料液 (1抽出あたり2ウェル並行で測定) の合計4ウェルすべてを用いて判定する。

DNA試料液において、

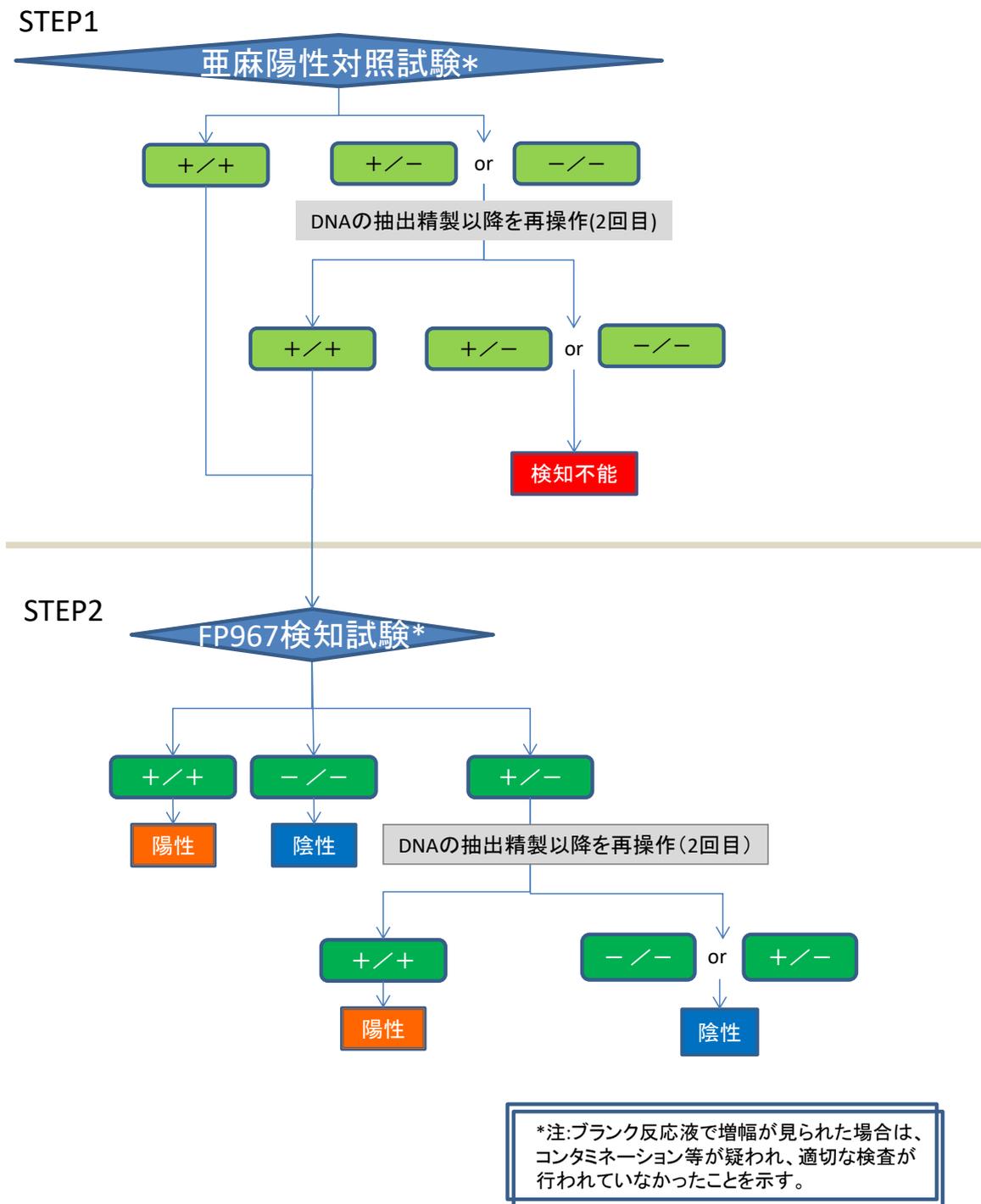
- (1) 亜麻陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつFP967検知用試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られた場合、当該試料は陽性と判定する。
- (2) 亜麻陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつFP967検知用試験のすべてのウェルにおいて43未満のCq値が得られない場合は陰性と判定する。
- (3) FP967検知用試験において、すべてのウェルで一致した結果が得られなかった場合は、粉碎・均質後の当該試料から改めて2 回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。2回目のDNA試料液を用いた場合でも陽性の判定が得られない場合には、FP967陰性と判定する。

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液 (各2ウェル) について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液 (合計4ウェル) について陽性と判定された検体を陽性と判断する。

なお上記判定によりFP967陽性が判定された結果についてmulticomponentを解析し、目視でFAMの蛍光強度の指数関数的な増加が観察でき、ROXの蛍光強度の明確な下降やFAMの蛍光強度の緩やかな上昇がないことを確認する。

また、亜麻陽性対照用試験で2ウェル並行の両方で43未満のCq値が得られないDNA試料液については、再度、検体からの「1. DNA抽出精製」以降の操作を行い、それでも2ウェル並行の両方で43未満のCq値が得られない場合には、本試料からの検知は不能とする。

図1 結果の判定スキーム



コムギ (MON71200、MON71100/71300、MON71700、MON71800、HB4) の検査方法

コムギ穀粒又は粉砕加工食品を検査対象として、1検体から2併行でDNAを抽出精製する。得られた各DNA試料液を用いて、2ウェル併行で定性リアルタイムPCRを実施する。

1. DNA 抽出精製

1.1. 試料の洗浄・粉砕（穀粒の場合）

コムギ穀粒を試料（重量）あたり3倍容の1% SDS水溶液を添加して攪拌する。その後、純水で泡が出なくなるまですすぎ、紙タオルの上に洗浄穀粒を広げ、乾燥器により40℃で40分間乾燥させる。乾燥後、ミルサー等の粉砕機で粉砕する。

1.2. シリカゲル膜タイプキット法（DNeasy Plant Maxi Kit, QIAGEN社製）^{*1}

試料1 gを50 mL容チューブに量り取り、100 mg/mL RNase A^{*2} 10 µL及びAP1緩衝液^{*3} 5 mLを添加する。試料塊がなくなるまでボルテックスミキサー等で激しく攪拌し、65℃で1時間保温する。その間、遠心管を2~3回反転させて転倒混和する。この試料に、P3緩衝液^{*4} 1.8 mLを添加し、ボルテックスミキサー等で攪拌した後、氷水中で15分間静置する。スイング式遠心分離機を使用し、3,000 × g、室温で15分間遠心分離する。上清を4.5 mL採取し、QIAshredder Maxi spin columnに負荷し、スイング式遠心分離機にかける（3,000 × g、室温、5分間）。上清を4 mL採取し、新しい50 mL容チューブに移す。AW1緩衝液^{*5} 6 mLを添加し、ボルテックスミキサー等で激しく攪拌する。溶液全量をDNeasy Maxi spin columnに負荷し、スイング式遠心分離機にかける（3,000 × g、室温、5分間）。素通り液を捨て、カラムにAW2緩衝液^{*6} 12 mLを加え、スイング式遠心分離機にかける（3,000 × g、室温、15分間）。カラムを新しい50 mL容チューブに移し、カラムにあらかじめ65℃に温めておいた純水1 mLを加える。5分間室温で静置後、スイング式遠心分離機にかける（3,000 × g、室温、10分間）。溶出液を2 mL容サンプルチューブに移し、溶出液と等量のイソプロパノールを添加する。上下にゆっくり10回転倒混和後、5分間室温で静置する。遠心分離機を使用し、12,000 × gで、4℃、15分間遠心分離後、上清を廃棄する。70%エタノール500 µLを添加し、沈殿物がチューブの底からはがれるまでチューブの底を指先ではじく。遠心分離機を使用し、12,000 × gで、4℃、3分間遠心分離後、上清を完全に廃棄し^{*7}、沈殿物を乾燥させる。純水130 µLを加え沈殿物をピペッティング操作等でよく溶解させ、DNA試料原液とする。

^{*1} 実験を通して、液体を分注するピペットやチップをサンプルごとに交換したりするなど、サンプル間のコンタミネーションが起こらないように十分注意する。DNeasy Plant Maxi Kitの他に同等の性能を有するキットを使用することができる。

^{*2} キット付属のもの、QIAGEN社より別途購入したもの（Cat. no. 19101）、又は同等の効力を持つものを用いる。

^{*3} キット付属のもの、あるいはQIAGEN社より別途購入したもの（Cat. no. 1014630）を用いる。

^{*4} キット付属のもの、あるいはQIAGEN社より別途購入したもの（Cat. no. 19053）を用いる。

^{*5} キット付属のもの、あるいはQIAGEN社より別途購入したもの（Cat. no. 19081）を用いる。

- *6 キット付属のもの、あるいはQIAGEN社より別途購入したもの (Cat. no. 19072) を用いる。
- *7 沈殿物が見えない場合でも、遠沈管内の底部付近にはできるだけ触れないように、上清を除去する。

1.3. DNAの純度確認・調製・保存

DNA試料原液の適当量を取り、純水を用いて適宜希釈し^{*1}、200～320 nmの範囲で紫外部吸収スペクトルを測定し、260 nm及び280 nmの吸光度 (A₂₆₀及びA₂₈₀) ^{*2}を記録する。次いでA₂₆₀の値1.0を50 ng/μL DNAと換算し、DNA濃度を算出する。また、A₂₆₀/ A₂₈₀を計算し、この比が1.7～2.0になれば、DNAが十分に精製されていることを示す^{*3}。得られたDNA濃度から、DNA試料原液を10 ng/μLに純水で希釈して調製し、DNA試料液とする。DNA試料液は120 μLごとに0.5 mL容又は1.5 mL容チューブに分注後、-20°C以下で冷凍保存する。分注したDNA試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA試料原液の濃度が10 ng/μLに達しないときは、そのままDNA試料液として用いる。

- *1 希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量及び濃度域が異なるため、適宜とする。
- *2 A₂₆₀がDNA由来の吸光度、A₂₈₀がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。
- *3 A₂₆₀/A₂₈₀の比が1.7～2.0の範囲外であっても精製等の更なる操作は要さない。

2. 定性リアルタイムPCR法

遺伝子組換えコムギの検出は、各系統特異的検知試験用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCR、及びコムギ陽性対照試験用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCRの2試験を行い判定する。MON71200、MON71700、MON71800、HB4系統特異的検知試験用として、コムギゲノム配列と遺伝子発現用ベクターの境界領域を検知するプライマー、プローブを用いる。MON71100/71300系統特異的検知試験用として、コムギゲノムに挿入されたトランスジェニック構造配列を検知するプライマー、プローブを用いる。また、コムギ陽性対照試験用として、Acetyl-CoA carboxylase 1 (ACC1) 遺伝子配列を検知するプライマー、プローブを用いる。各プライマー、プローブは純水に溶解する。プライマー、プローブの塩基配列は以下のとおりである。

MON71200系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

MON71200-3' junction-1F: 5'-CAC GAC GGT CAT CGA GC-3'

MON71200-3' junction-1R: 5'-CCG TTC GTC ATT GAC TGT T-3'

MON71200-3' junction-P*: 5'-HEX-CAT ACG GAA/ZEN/AAG ATG CTG CAG GGA ATA TAT TGA AC-IABkFQ-3'

* MON71200-3' junction-Pは、内部にZENと3'末端にIowaBlack™ (IABkFQ) を修飾したダブルクエンチャープローブである。HPLC精製グレードのものをIntegrated DNA Technologies (IDT) 社で入手可能である。

MON71100/71300系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

SQ0814: 5'-GCG CGG TGT CAT CTA TGT TAC TAG-3'

SQ0815: 5'-TGA CCT CGA GTA AGC TTG TTA ACG-3'

PB0103 probe: 5'-FAM-ACC AAG CTT GAT ATC C-MGB-3'

MON71700 系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

71700 forward primer: 5'-CCA TCA TAC TCA TTG CTG ATC CAT GT-3'

71700 reverse primer: 5'-CGG CAT GCG CCA ATC AGT-3'

71700 FAM-probe: 5'-FAM-TTC CCG GAC AGC GGC GGC GG-TAMRA-3'

MON71800 系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

SQ0718: 5'-TTC TTC TCT CTC TTT GAA TCT CAA TAC AA-3'

SQ0719: 5'-CCC CCA TTT GGA CGT GAA-3'

PB0101: 5'-FAM-TCC CCC TCT CTA ATT C-MGB-3'

HB4 系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

HB4wheat_MS F: 5'-CCT TTC GAC TCC CAT TGA GGG-3'

HB4wheat_MS R: 5'-TGT TGC CAT TGC TAC AGG CAT-3'

HB4wheat_MS P: 5'-FAM-CCC GGA TTA GGG GGT GTT TGG AAC ACC A-BHQ1-3'

コムギ陽性対照試験用のプライマー対及びプローブ*1

acc forward primer: 5'-GCC TAC CCC CTT CAA CAA GAT GA-3'

acc reverse primer: 5'-GTA CGC GCT TGA ACC CTT TTT TTG-3'

acc FAM-probe: 5'-FAM-CCA CCG ACG AGT TAA AAC CAA AGA TAC ACG-TAMRA-3'

*1 代替法として、以下のプライマー対及びプローブを使用することも可能である。

PRP8F: 5'-GCA CCC ATG ATG AGT ACT ACT ATT CTG TA-3'

PRPds6R: 5'-TGC AAA CGA ATA AAA GCA TGT G-3'

PRP-Taq5: 5'-FAM-CTG TGC ACA TGA CTC AGT TGT TCT TTC GTG-TAMRA-3'

2.1. リアルタイムPCR反応液の調製*1

DNA試料液あたり各試験は、それぞれ2ウェル併行して行うものとする。各ウェルのリアルタイムPCR反応液は25 μ L/wellとして調製する。

コムギ陽性対照試験、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71700 系統特異的検知試験、MON71800 系統特異的検知試験及びHB4 系統特異的検知試験の組成は以下のとおりである。FastStart Universal Probe Master (Rox) (Roche Diagnostics社) *2 12.5 μ L、各対象プライマー溶液 (各50 μ mol/L) 各0.25 μ L、対象プローブ溶液 (10 μ mol/L) 0.5 μ Lを混合し、純水で全量20 μ Lに調製後、DNA試料液5 μ Lを添加する*3。

MON71200 系統特異的検知試験の組成は以下のとおりである。FastStart Universal Probe Master (Rox) *2 12.5 μ L、MON71200-3' junction-1Fプライマー (50 μ mol/L) 0.2 μ L、MON71200-3' junction-1Rプライマー (50 μ mol/L) 0.4 μ L、対象プローブ溶液 (10 μ mol/L) 0.5 μ Lを混合し、純水で全量20 μ Lに調製後、DNA試料液5 μ Lを添加する*3。

リアルタイムPCRのブランク反応液*4として、必ずDNA試料液の代わりに純水を加えたものについても同時に調製する。

分注操作終了後、96ウェルプレートに真上からシールし、完全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意する (専用のシーリング用アプリケーションを用いて行うと良い)。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。

- *1 Thermo Fisher Scientific社製のリアルタイムPCR機器は、96ウェルプレートとしてMicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate (Thermo Fisher Scientific社)、シールとしてMicroAmp Optical Adhesive Film (Thermo Fisher Scientific社)を使用する。Roche Diagnostics社製のリアルタイムPCR機器は、96ウェルプレートとしてLightCycler480 Multiwell Plate 96 (Roche Diagnostics社)、シールとしてLightCycler 480 Sealing Foil (Roche Diagnostics社)を使用する。
- *2 FastStart Universal Probe Master (Rox)の代わりに、同等の性能を有するものを用いることができる。これらを含む溶液は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCRがうまくいかない場合がある。また、本試薬はボルテックス等による激しい攪拌が禁止されているため、使う直前には必ず転倒混和等で優しく混合し、遠心機でスピンドアウンして、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。
- *3 冷凍庫から出した試薬類は、必要なものにつき室温で融解後、氷上で保存する。氷上で保存した試薬につき、同一のチップを用い連続分注すると、ピペット内の空気が冷却されるため、2回目以降、通常のピペット操作では正確に分注されないので注意する。ピペットの説明書に書かれた、低温試料を扱う場合の操作法(通常、ふきとめと呼ばれる操作)を理解して使用する。
- *4 Non-Template Control (NTC) は、DNA試料液の代わりに純水を1ウェルに5 μ L添加したものとする。

2.2. リアルタイムPCRによる測定

2.2.1. ABI 7500、LightCycler 480、QuantStudio 5、又はQuantStudio 12K Flexを使用した操作方法

以下参考として、ABI 7500、LightCycler 480、QuantStudio 5 又は Quantstudio 12K Flex を使用した操作方を記述するが、上記4機種と同等の性能を有するものも使用可とする。

2.2.1.1. ABI 7500

(ソフトウェアバージョンが Ver.1.5.1 以前の場合)

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI 7500 本体の電源を入れ、30分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear]、{Template} は [Blank Template]、{Run Mode} を [9600 emulation] とし、[NEXT] ボタンをクリックする。
- ③ Detector の設定は、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「HEX」又は「VIC」、Quencher を「Non Fluorescent」、コムギ陽性対照試験及び MON71700 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「TAMRA」、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71800 系統特異的検知試験及び HB4 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「Non Fluorescent」、とし、[ADD] ボタンをクリックする。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認し、[NEXT] ボタンをクリックする。
- ④ 画面下枠で各ウェルを選択し、上枠で、Detector が [コムギ陽性対照試験] 又は [各検知試験] の行の {Use} 欄にチェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、[FINISH] ボタンをクリックする。

- ⑤ [Setup] タブ上の各ウェルをダブルクリックし、サンプル名を入力する。
- ⑥ [Instrument] タブ上の [Thermal Cycle Protocol] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 48 サイクル]。
- ⑦ {Sample Volume} を[25 µL] に設定する。
- ⑧ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑨ 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にして、装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑩ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み（所要時間：約 2 時間）を開始する。

(ソフトウェアのバージョンが Ver.2.0 以降の場合)

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI 7500 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。トップ画面で [Advanced Setup] を選択し、新規プレートファイルを起動する。Experiment Properties 画面で {What type of experiment do you want to set up} を [Quantification Standard Curve]、{Which reagents do you want to use to detect the target sequence} を [TaqMan® Reagents]、{Which ramp speed do you want to use in the instrument run} を [Standard] と設定する。
- ③ Setup 画面内の {Define Targets and Samples} 画面の {Define Targets} 欄で、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「HEX」又は「VIC」、Quencher を「None」、コムギ陽性対照試験及び MON71700 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「TAMRA」、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71800 系統特異的検知試験、HB4 系統特異的検知試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [None]となるよう設定する。また {Define Samples} 欄で測定するサンプルの名称を入力する。
- ④ {Assign Targets and Samples} 画面にて、ウェルごとに {Assign target(s) to the selected wells} 欄で target と task (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を、{Assign sample(s) to the selected wells} 欄でサンプル名を指定する。また {Select the dye to use as the Passive Reference} は [ROX] と設定する。
- ⑤ {Run method} 画面で、サーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 48 サイクル] なお ramp rate については、温度が上昇していく部分の ramp rate を 100%から 64%に変更する。なお、下降部分は 100%のまま使用される。
- ⑥ {Reaction Volume Per Well} を [25 µL] に設定する。
- ⑦ 設定条件をプレートドキュメント (.eds) として保存する。
- ⑧ 1.1. で調製した 96 ウェルプレートを装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑨ {Setup} 画面または {Run} 画面上の [Start Run] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み（所要時間：約 2 時間）を開始する。

2.2.1.2. LightCycler 480

- ① LightCycler 480 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待

機する。オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。

- ② デスクトップ上のアプリケーション [LightCycler480 SW] をダブルクリックし、[User Name]と[Password]を入力してソフトを立ち上げる。
- ③ [New Experiment from Template] をクリックし{Create Experiment from Template}の一覧から、コムギ陽性対照試験、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71700 系統特異的検知試験、MON71800 系統特異的検知試験及び HB4 系統特異的検知試験の場合は [Mono color HydrolysisProbe-UPL] を、MON71200 系統特異的検知試験の場合は [Dual color HydrolysisProbe-UPL] を選択し、OK する。
- ④ [Run Protocol] タブで、{Reaction Volume} を[25] に設定し、サーマルサイクラー条件を次のように設定する。[50°C, 2 分 → 95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 60°C, 1 分 [Single]) × 48 サイクル → 40°C, 30 秒] と設定する。
- ⑤ Save をクリックし設定条件を保存する。
- ⑥ 本体のプレートローディングボタンを押してプレートローダーを出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にしてセットした後、再度ボタンを押してプレートローダーを格納する。
- ⑦ [Start Run] をクリックし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑧ (反応中に) [Subset Editor]にて、(+) ボタンから New Subset を作成し、サンプルをセットしたウェルを選択した後 Apply をクリックする。
- ⑨ [Sample Editor]にて、Step1: [Select Workflow]で Abs Quant を選択する。Step2: [Select Samples]内の[Subset]のプルダウンメニューから、⑧で作成した Subset を選択する。Step3: [Edit Abs Quant Properties]で、各ウェルを選択し、[Sample Name]を入力し、{Sample Type} 欄でそれぞれの情報 (Negative Control 又は測定対象検体 : Unknown) を選択する。

2.2.1.3. QuantStudio 5

- ① オペレーション用PCの電源を入れ、起動させる。PCが完全に起動してから QuantStudio 5本体の電源を入れ、セルフテストが完了して本体が起動する事を確認する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [QuantStudio Design and Analysis Desktop Software v1.6.1] をダブルクリックして開く。トップ画面の「Create New Experiment」をクリックしてExperiment Properties画面を表示する。{Experiment type} は [Standard Curve]、{Chemistry} は[TaqMan Reagents]、{Run mode}は [Standard]を選択し、[NEXT] ボタンをクリックする。
- ③ {Method} タブでサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 48サイクル]と設定し、{Volume}を[25 µL] に設定する。[NEXT] ボタンをクリックする。
- ④ {Plate}タブの{Advanced Setup}画面で{Targets}の設定は、MON71200系統特異的検知試験ではReporterを [VIC]、Quencherを[None]、コムギ陽性対照試験及びMON71700 系統特異的検知試験ではReporterを[FAM]、Quencherを[TAMRA]、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71800系統特異的検知試験、HB4系統特異的検知試験は Reporterを [FAM]、Quencherを [None]となるよう設定する。
{Samples}で測定する未知サンプルの数だけAddボタンをクリックしてサンプルの名前を入力する。
- ⑤ 画面右枠で、ウェルごとに[target] と [task (Non-Template Control : N、測定対象検体 :

- U)]を選択する。
- ⑥ 画面右枠でサンプルの入っているウェルを選択し、該当するsample名を画面左枠の Samplesから選択してチェックボックスにチェックを入れる。
 - ⑦ {Quick setup}画面Plate Attributesの{Passive Reference}が [ROX] に設定されていることを確認し、[NEXT] ボタンをクリックする。
 - ⑧ 画面右上の[Save]ボタンをクリックして設定条件をプレートドキュメント (.eds) として保存する。
 - ⑨ 2.1. で調製した96ウェルプレートを、装置本体のステージ上に載せセットする。
 - ⑩ [Run]画面の [Start Run] ボタンをクリックし.edsファイルを保存してから、反応とデータの取り込み（所要時間：約2時間）を開始する。

2.2.1.4. QuantStudio 12K Flex

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから QuantStudio 12K 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して本体が起動する事を確認する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [QuantStudio 12K Flex Software] をダブルクリックして開く。トップ画面の「Create」をクリックして Experiment Properties 画面を表示する。96-well(0.2mL)ブロックが選択されていることを確認し、{What type of experiment do you want to setup?}は[Standard Curve]、{Which reagents do you want to use to detect the target sequence?}は[TaqMan Reagents]、{What properties do you want for the instrument run?} は [Standard]を選択し、画面左の[Define] をクリックする。
- ③ Define 画面で{Targets}の設定は、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「VIC」、Quencher を「None」、コムギ陽性対照試験及び MON71700 系統特異的検知試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [TAMRA]、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71800 系統特異的検知試験及び HB4 系統特異的検知試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [None]とする。{Samples}で測定する未知サンプルの数だけ New ボタンをクリックしてサンプルの名前を入力する。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認し、画面左の[Assign]をクリックする。
- ④ 画面右枠でコムギ陽性対照試験と GM コムギ検知試験のウェルを選択し、左枠の{Targets}で [コムギ陽性対照試験]または [GM コムギ系統特異的検知試験]を選択しチェックを入れる。次にウェルごとに[Task]欄でそれぞれの情報 (No-Template Control:NTC [N]、測定対象検体:Unknown [U])を選択する。
- ⑤ 画面右枠でサンプルの入っているウェルを選択し、該当する sample 名を画面左枠の Samples から選択してチェックボックスにチェックを入れ画面左の[Run Method]をクリックする。
- ⑥ サーマルサイクラー条件を以下のように設定する。
[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 48 サイクル]
- ⑦ {Reaction Volume per well} を[25 µL] に設定する。
- ⑧ 設定条件をプレートドキュメント(.eds)として保存する。
- ⑨ 2.1.で調製した 96 ウェルプレートを装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑩ [Run]画面の [Start Run] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み(所要時間:約 2 時間)を開始する。

2.2.1.5. その他の同等性能を有する機種での測定の留意点

2.2.1.5.1. プレート情報の設定

検体の配置とプローブの特性に注意しながら、リアルタイムPCR機器の製品付属のマニュアルを参考にして設定する。プローブ特性に関しては、MON71200系統特異的検知試験ではReporterを「HEX」又は「VIC」、Quencherを「Non Fluorescent」、コムギ陽性対照試験及びMON71700系統特異的検知試験ではReporterを「FAM」、Quencherを「TAMRA」、MON71100/71300系統特異的検知試験、MON71800系統特異的検知試験及びHB4系統特異的検知試験ではReporterを「FAM」、Quencherを「Non Fluorescent」となるように設定する。また、Passive Referenceの指定のあるリアルタイムPCR機器の場合は、「ROX」を設定する。Sample Volumeは25 µLに設定する。

2.2.1.5.2. PCR増幅

96ウェルプレートを装置にセットし、反応とデータの取り込みを開始する。反応条件は以下のとおりである。50°C、2分間の条件で保持した後、95°Cで10分間加温し、ホットスタート法で反応を開始する。その後、95°Cで15秒間、60°Cで1分間を1サイクルとして、48サイクルの増幅反応を行う。最終増幅反応終了後のcooling反応を適宜設定しても解析結果に影響はない。Remaining time が0分となっていることを確認し、反応を終了させた後、測定結果の解析を行う。

3. 結果の解析と判定

リアルタイムPCR反応の結果の判定は増幅曲線上で、蛍光色素由来の蛍光強度（FAM又はHEX）の指数関数的な明確な増加及びCq値の確認をもって行う。各系統特異的な検知試験において目視で指数関数的な増幅曲線が確認された場合には、遺伝子組換えコムギの陽性を疑う。

ABI 7500を使用した場合のデータの解析

- ① メニューバーの [Analysis] → [Analyze] を選択する。
- ② 画面右枠の [Result] タブをクリックして {Amplification Plot} 画面を表示させる。
- ③ {Amplification Plot} 画面上の {Plot} 欄で [ΔRn vs Cycle] を表示させ、ベースラインを3サイクルから15サイクルで設定し、{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
- ④ {Amplification Plot} 画面上の {Detector} 欄で [All] を選択する。表中に Ct (Cq) 値が表示される。

(ソフトウェアのバージョンがVer.2.0以降の場合)

- ① {Analysis} 画面を開き、画面上部の {Analysis Setting} をクリックする。
- ② {Ct Setting} タブをクリック。ベースラインを3サイクルから15サイクルで設定し、{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
- ③ {Applying Analysis Settings} をクリック。
- ④ {Amplification Plot} 画面で、表中に Ct (Cq) 値が表示される。

LightCycler 480を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis] ボタンをクリックし {Create new analysis} にて、[Abs Quant/2nd Derivative

Max] を選択し [Subset] プルダウンから作成した Subset を選択し [OK]をクリックする。

- ② 表示された画面で、[Calculate]をクリックする。
- ③ 増幅曲線と、[Result Table] に Cp (Cq)値が表示される。

QuantStudio 5を使用した場合のデータ解析

(ソフトウェアがQuantStudio Design and Analysis Desktop Software v1.6.1の場合)

- ① { Results }タブを選択する。
- ② 画面内のプルダウンから[Amplification Plot]を選択し{Amplification Plot}画面を表示させる。
- ③ 画面右上のAnalyzeボタン右にあるSettingボタン(歯車)をクリックしてAnalysis setting画面を表示させる。各試験について、Ct Settings to Use : Default Settingsのチェックボックスを外し、次にAutomatic Thresholdのチェックを外して{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。Automatic Baseline のチェックを外し、Baselineを3サイクルから15サイクルで設定する。この操作を実施したすべての試験について行って設定変更後に画面右下の[Apply]ボタンをクリックする。

QuantStudio 12K Flexを使用した場合のデータ解析

(ソフトウェアがQuantStudio 12K Flex Real-time PCR instrument Software v1.8の場合)

- ① { Analysis }タブを選択する。
- ② [Amplification Plot]を選択し{Amplification Plot}画面を表示させる。
- ③ 画面右上のAnalyzeボタン右にあるAnalysis SettingボタンをクリックしてAnalysis setting画面を表示させる。各試験について、Ct Settings to Use : Default Settingsのチェックボックスを外し、次にAutomatic Thresholdのチェックを外して{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。Automatic Baseline のチェックを外し、Baselineを3サイクルから15サイクルで設定するこの操作を実施したすべての試験について行って設定変更後に画面右下の[Apply]ボタンをクリックする。

2併行抽出したそれぞれのDNA試料液について、以下の結果の判定スキーム (図 1 参照) に従って判定する。

各DNA試料液において、

- (1) コムギ陽性対照試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られ、かついずれかの系統特異的検知試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られた場合、当該試料は「陽性」と判定する。
- (2) コムギ陽性対照試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られ、かついずれかの系統特異的検知試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られなかった場合、当該試料は「陰性」と判定する。
- (3) コムギ陽性対照試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られ、かついずれかの系統特異的検知試験にて2ウェル併行全てで一一致した結果が得られなかった場合は、再度、検体からの「1. DNA抽出精製」以降の操作を行い、判定する。再抽出精製したDNA試料液の試験においても「陽性」の判定が得られない場合には、「陰性」と判定する。

また、コムギ陽性対照試験にて少なくとも1ウェルで43未満のCq値が得られないDNA試料液については、再度、検体からの「1. DNA抽出精製」以降の操作を行い、それでもコムギ陽性対照試験にて少なくとも1ウェルで43未満のCq値が得られない場合には、本試料からは遺伝子組換えコムギは「検知不能」とする。

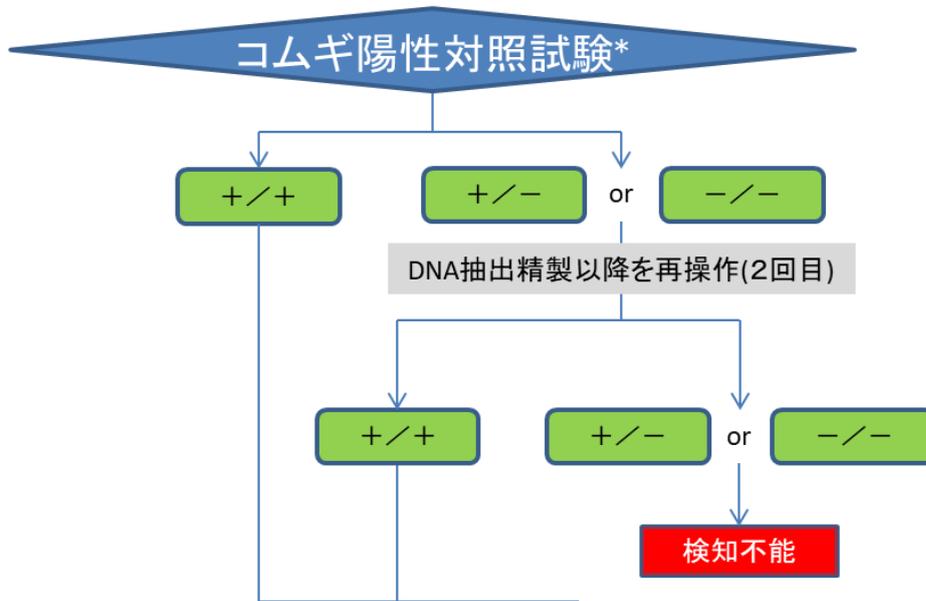
次に、上記の判定結果を基に、遺伝子組換えコムギの混入の有無を判断する。2併行抽出した両方のDNA試料液において、「陽性」と判定された検体は、「遺伝子組換えコムギ混入」と判断する（表1参照）。少なくとも一方のDNA試料液の試験において「陰性」と判定された検体は、「遺伝子組換えコムギ混入なし」と判断する。

表1. 「遺伝子組換えコムギが混入している」と判定される試験結果

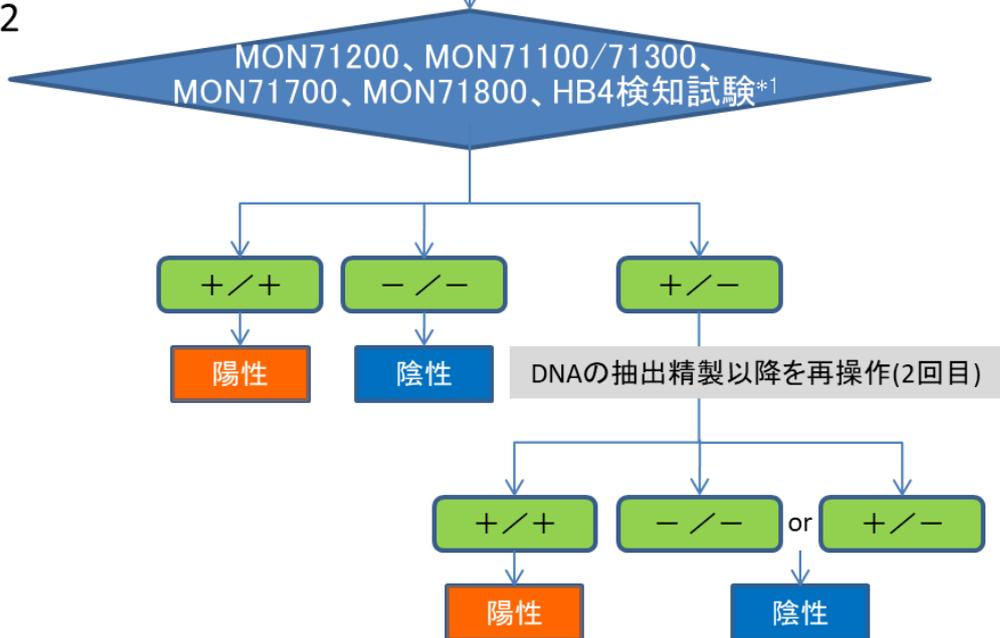
試料	コムギ陽性 対照試験	系統特異的検知試験法				
		MON71100/ 71300	MON71200	MON71700	MON71800	HB4
抽出DNA試料液-①	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)
抽出DNA試料液-②	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)
判定		↓ MON71100/ 71300混入	↓ MON71200 混入	↓ MON71700 混入	↓ MON71800 混入	↓ HB4 混入

図1 結果の判定スキーム

STEP1



STEP2



*注1:ブランク反応液で増幅が見られた場合は、コンタミネーション等が疑われ、適切な検査が行われていなかったことを示す。

コメ（63Bt、NNBt、CpTI）の検査方法

本検査法ではコメおよびコメ加工品（コメを主原料とするもので、コメ粉やビーフン等、非加熱又は加工の程度の低いもの）を検査対象とし、DNA 抽出精製は、以下のイオン交換樹脂タイプの DNA 抽出精製キット（QIAGEN Genomic-tip 100/G）を使用した DNA の抽出精製法を用いる。別法としてシリカゲル膜タイプの DNA 抽出精製キット（NIPPON GENE GM quicker 2）を使用した DNA 抽出精製法をコメおよび非加熱加工品に適用できる。

1 検体から 2 併行で DNA を抽出精製し、DNA 試料液を用いて定性リアルタイム PCR 法を実施する。

1. DNA 抽出精製

1.1. イオン交換樹脂タイプの DNA 抽出精製キット法（QIAGEN Genomic-tip）*1

DNA 収量が十分である検体については、以下の操作を、試料 0.5 g から緩衝液と酵素使用量を半分にして DNA の抽出精製を行うことができる。

均質に*2 細粉碎した試料 2 g をポリプロピレン製遠沈管（50 mL 容）に量り採り、G2 緩衝液*3 15 mL を加えて、試料が均質になるまでボルテックスミキサー等で混合し、 α -Amylase*4 12 μ L と RNase A *5 60 μ L を加え 37 °C で 30 分保温する。その間 2 ~3 回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。次に、Proteinase K*6 60 μ L を加え、サンプルがチューブの底に残らなくなるまで攪拌し、65 °C で 30 分保温する。その間 2 ~3 回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。酵素処理終了後、氷中で冷やし、その遠沈管を 3,000 \times g、低温下（4 °C）、15 分間遠心する*7。上清をポリプロピレン製遠沈管（15 mL 容）に移して、氷中に 60 分間静置後、3,000 \times g、低温下（4 °C）、15 分間遠心する。その間、あらかじめポリプロピレン製遠沈管（50 mL 容）上に QIAGEN Genomic-tip 100/G をセットし QBT 緩衝液*3 4 mL を通して平衡化させておく。遠心終了後、得られた上清を、平衡化した QIAGEN Genomic-tip 100/G に負荷する*8。この時の溶出液は捨てる。次に、QIAGEN Genomic-tip 100/G を QC 緩衝液*3 で 7.5 mL ずつ 3 回洗浄した後*9、あらかじめ 50 °C に温めておいた QF 緩衝液*3 1 mL を負荷し、溶出液は捨てる。QIAGEN Genomic-tip 100/G を新しいポリプロピレン製遠沈管（50 mL 容）上にセットし、再度 50 °C に温めておいた QF 緩衝液*3 2 mL を負荷し、DNA を溶出する。DNA 溶出液にイソプロピルアルコール 2 mL を加えよく混合する。マイクロ遠沈管（1.5 mL 容）に混合した溶液を分注し、10,000 \times g 以上で、低温下（4 °C）15 分間遠心し上清を捨てる。この際、上清を極力除去する*10。次いで、各遠沈管当たり 70%（v/v）エタノールを 1 mL ずつゆっくり加え、さらに 10,000 \times g 以上で、低温下（4 °C）5 分間遠心する。上清を捨て*10、残った沈殿を風乾させる。マイクロ遠沈管（1.5 mL 容）の沈殿を、予め 50 °C に温めた滅菌蒸留水 55 μ L に溶解し、DNA 試料原液とする*11。

- *1 実験を通して、液体を分注するピペットやフィルター付きピペットチップをサンプルごとに交換したりするなど、サンプルへのコンタミネーションが起こらないように十分注意する。
- *2 均質に細粉碎しないと抽出 DNA 量に変動があることがあるので、十分細粉碎し、均質化する。
- *3 G2緩衝液、QBT緩衝液、QC緩衝液およびQF緩衝液は、QIAGEN社 (Cat. No. 19060) に付属しているが、足りない場合にはキットの説明書に従って調製可能である。
- *4 α -Amylase (高純度品) はニッポンジーン社製のもの、又は、同等の活性を持つものを用いる。
- *5 RNase AはQIAGEN社製 (100 mg/mL, Cat. no. 19101)、又は、同等の効力をもつものを用いる。
- *6 Proteinase KはQIAGEN社製 (20 mg/mL, Cat. no. 19133)、又は、同等の効力をもつものを用いる。
- *7 遠心機のローターはスウィング式、アングル式のどちらを用いてもよい。使用するローターおよび50 mL 容チューブの特性を考慮したうえで、g が最大となるように遠心条件を設定する。
- *8 沈殿や浮遊物等を可能な限り取らないように上清を回収する。
- *9 液体の流速が著しく減少した場合には、カラム上方から 10 mL テルモシリンジ (コード番号: SS-10SZ) のプランジャーなどを用いて穏やかに加圧させ、流速を増加させる。プランジャーを利用する場合には、プランジャーをカラムに 1 cm 程度挿し込んで抜く操作を繰り返す。この際、プランジャーを挿し込む操作は、プランジャー先端のゴム部分とカラム内壁を密着させ、空気が漏れないように行う。一方、プランジャーを抜く操作は、逆流を防ぐために、プランジャーを斜めにしてプランジャー先端のゴム部分とカラム内壁との間に隙間を空け、カラム内へ空気を入れながら行う。
- *10 沈殿物が見えない場合でも、遠沈管内の底部付近にはできるだけ触れないように、上清を除去する。
- *11 溶解操作の際には、まず1本のマイクロ遠沈管に55 μ Lの滅菌蒸留水を入れ、沈殿したDNAを溶解する。次いでそのDNA溶液を次のマイクロ遠沈管に入れ、沈殿したDNAを溶解する。この操作を繰り返し、最終的に各検体から得られるDNA溶液を55 μ Lとなるようにする。

1.2. シリカゲル膜タイプの DNA 抽出精製キット法 (NIPPON GENE GM quicker 2) *1 (別法、コメおよび非加熱加工品に適用)

均質に*2細粉碎した試料 500 mg をポリプロピレン製遠沈管 (15 mL 容) に量り採り、GE1 緩衝液*3 2.1 mL を加えて、試料が均質になるまでボルテックスミキサー等で混合し、 α -Amylase*4 6 μ L と RNase A *3 30 μ L を加え 37 °C で 30 分保温する。その間 2 ~3 回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。次に、Proteinase K*3 60 μ L を加え、サンプルがチューブの底に残らなくなるまで攪拌し、65 °C で 30 分保温する。その間 2 ~3 回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。GE2-K 緩衝液*3 255 μ L を加え、ボルテックスミキサーで十分に混和後*5、氷上に 10 分間静置する。6,000 \times g 以上、4 °C の条件で 15 分間*6遠心する。上清*7を新しいチューブ (2 mL 容) に移し、13,000 \times g 以上、4 °C の条件で 5 分間遠心する。次いでその上清*8を新しいチューブ (15 mL 容) に移し、上清 1 mL に対して GB3 緩衝液*3 375 μ L およびイソプロパノール 375 μ L を添加した後、10~12 回転倒混和する*9。混合液を 700 μ L ずつ spin column に負荷した後、13,000 \times g 以上、4 °C の条件で 30 秒間遠心し、溶出液を捨てる。すべての混合液を負荷するまでこの操作を繰り返す。次いで GW 緩衝液*3 650 μ L を負荷し、13,000 \times g 以上、4 °C の条件で 1 分間遠心し、溶出液を捨てる。spin column を新しいチューブ (1.5 mL 容) に移し、滅菌蒸留水 55 μ L を加え 3 分間室温で静置した後、13,000 \times g 以上、4 °C の条件で 1 分間遠心し、得られた溶出液を DNA 試料原液とする。

- *1 実験を通して、液体を分注するピペットやフィルター付きピペットチップをサンプルごとに交換したりするなど、サンプルへのコンタミネーションが起こらないように十分注意する。
- *2 均質に細粉碎しないと抽出 DNA 量に変動があることがあるので、十分細粉碎し、均質化する。
- *3 GE1 緩衝液、GE2-K 緩衝液、GB3 緩衝液、GW 緩衝液、Proteinase K、 α -Amylase および RNase A はシリカゲル膜タイプのキット (NIPPON GENE GM quicker 2) 付属のもの、又は、同等の効力を持つものを用いる。
- *4 攪拌操作が不十分であると、DNA の収量が著しく減少する。ボルテックスに対して 15 mL 容チューブを垂直にあて、そのまま 30 秒間しっかりと攪拌する。攪拌が不十分な場合はさらに 30~60 秒間攪拌する。
- *5 発生した泡がチューブ内に残っていても、続けて GE2-K 緩衝液を添加することが可能である。抽出液には粘性が生じているので、添加した GE2-K 緩衝液が十分に均一となるよう混合する。
- *6 使用するローターおよび 15 mL 容チューブの特性を考慮したうえで、g が最大となるように遠心条件を設定する。
- *7 できる限り多くの上清を回収する。
- *8 沈殿や浮遊物等を可能な限り取らないように上清を回収する。
- *9 GB3 緩衝液を添加し、続いてイソプロパノールを添加した後に、攪拌操作を行う。析出物が生じて白濁している場合は、液が透明になるまで十分転倒混和する。チューブの蓋の部分に液が付着した場合は軽くスピンドウンして全量を spin column に負荷する。

1.3. DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存

DNA 試料原液の適当量を取り、滅菌蒸留水を用いて適宜希釈し^{*1}、200~320 nm の範囲で紫外部吸収スペクトルを測定し、260 および 280 nm の吸光度 (A_{260} および A_{280} ^{*2}) を記録する。次いで A_{260} の値 1 を 50 ng/ μ L DNA として DNA 濃度を算出する。また A_{260}/A_{280} を計算する。この比が 1.7~2.0 になれば、DNA が十分に精製されていることを示す^{*3}。得られた DNA 濃度から、滅菌蒸留水で DNA 試料原液を 10 ng/ μ L に希釈して調製し、DNA 試料液とする。DNA 試料液は 55 μ L ごとにマイクロ遠沈管に分注し、-20°C 以下で冷凍保存する。分注した DNA 試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA 試料原液の濃度が PCR で規定された濃度に達しないときは、そのまま DNA 試料液として用いる。

*1 希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量および濃度域が異なるため、適宜とする。

*2 A_{260} が DNA 由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。

*3 A_{260}/A_{280} の比が 1.7~2.0 の範囲外であっても精製等の更なる操作は要さない。

2. 定性リアルタイムPCR法 (ABI PRISM™ 7900または7500)

害虫抵抗性遺伝子組換えコメ検出用 3試験においては、63Btコメ検出用試験としてBtコ

メ検出用のプライマー対および63Btコメ検出用プローブ、NNBtコメ検出用試験としてBtコメ検出用のプライマー対およびNNBtコメ検出用プローブ、CpTIコメ検出用試験としてCpTI2検出用プライマー対およびプローブをそれぞれ用い、リアルタイムPCRの3 試験を行い判定する。

また、試験にあたっては、コメ陽性対照用試験としてphospholipase D遺伝子配列を検知するプライマー対およびプローブを用いる。各プライマー*およびプローブ*の塩基配列は以下の通りである。

- コメ陽性対照用試験

コメ陽性対照用プライマー対、プローブ

PLD3959F : 5'-GCT TAG GGA ACA GGG AAG TAA AGTT-3'

PLD4038R : 5'-CTT AGC ATA GTC TGT GCC ATC CA-3'

PLD-P : FAM-TGA GTA TGA ACC TGC AGG TCGC-TAMRA

- 害虫抵抗性遺伝子組換えコメ検出用 3 試験

63Bt コメ検出用試験

Bt コメ検出用のプライマー対

T52-SF : 5'-GCA GGA GTG ATT ATC GAC AGA TTC-3'

OsNOS-R2 : 5'- AAG ACC GGC AAC AGG ATT CA-3'

63Bt コメ検出用プローブ

GM63-Taq : FAM-AAT AAG TCG AGG TAC CGA GCT CGA ATT TCCC-TAMRA

NNBt コメ検出用試験

Bt コメ検出用のプライマーは 63Bt コメ検出用試験のプライマー(T52-SF と OsNOS-R2)と同様である。

NNBt コメ検出用プローブ

NGMr-Taq : FAM-AAT GAG AAT TCG GTA CCC CGA CCT GCA-TAMRA

CpTI コメ検出用試験

CpTI2 検出用プライマー対、プローブ

CpTI-2F : 5'- TGC AAG TCC AGG GAT GAA GAT-3'

NOS-1R : 5'- ACC GGC AAC AGG ATT CAA TC-3'

KDEL-P : FAM- ATG AGA AAG ATG AAC TCT AG-MGB

* 各プライマー、プローブは水に溶解する。

2.1. PCR 用反応液の調製

各試験のPCR用反応液は25 μ L/wellとして調製する。その組成は以下のとおりである。
Universal PCR Master Mix*¹ 12.5 μ L、各対象プライマー（各50 μ mol/L）各0.4 μ L、各対象プローブ（各10 μ mol/L）各0.25 μ Lを混合し、滅菌蒸留水で全量20 μ Lに調製後、DNA試料液

5 μL (10 ng/ μL) を添加する。分注操作終了後、真上からシール^{*2} し、完全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意し、専用のシーリング用アプリケーションャターを用いて行う。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。プレートの確認後、MicroAmp Optical Film Compression Pad^{*3} を茶色の面が上になるよう、プレートの上面にセットする。

各試験は、各DNA試料液あたり2 ウェル並行で行うものとし、リアルタイムPCRのブランク反応液として、DNA試料液を加えず水を代替試料液として加えたもの 1 ウェル分についても同時に調製する。

*1 Universal PCR Master Mix

本試薬は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCR がうまくいかない場合がある。使う直前には必ず転倒混和した後、軽く遠心し、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

*2 96 ウェルプレート、シールおよびシーリングアプリケーションャター

MicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate および MicroAmp Optical Adhesive Film (Thermo Fisher Scientific 社) を使用する。シーリングの詳細については製品付属のマニュアルを参考のこと。

*3 MicroAmp Optical Film Compression Pad (Thermo Fisher Scientific 社)

ABI PRISMTM 7900の場合のみ使用する。ABI PRISMTM 7500では使用しない。

2.2. プレート情報の設定

反応に際しては、プレート情報の設定を行わなければならない。設定を行う項目は、検体の配置と種類および、プローブ特性である。具体的には新規シート上で、調製したプレートの配置に対応するように気を付けながら、検体の種類(「NTC」: Non-Template Control、 「UNKN」: DNA 試料液) の設定を行う。またプローブ特性に関しては、コメ陽性対照用試験、63Bt コメ検出用試験および NNBt コメ検出用試験の場合には Reporter が「FAM」、Quencher が「TAMRA」となるように、また CpTI コメ検出用試験の場合で Reporter が「FAM」、Quencher が「None」となるように設定する。なお、コメ陽性対照用、害虫抵抗性遺伝子組換えコメ検出用試験各 3 試験のいずれとも、Passive Reference を「ROX」と設定する。

2.3. PCR 増幅

装置にプレートをセットし、反応とデータの取り込みを開始する。反応条件は以下のとおりである。95 $^{\circ}\text{C}$ で 10 分間加温し、ホットスタート法で反応を開始する。なお、反応条件の設定において、9600 emulation モードのチェックを入れておく。その後、95 $^{\circ}\text{C}$ 20 秒、60 $^{\circ}\text{C}$ で 1 分を 1 サイクルとして、50 サイクルの増幅反応を行う。Remaining time が 0 分となっていることを確認し、反応を終了させた後、測定結果の解析を行う。

3. 結果の解析と判定 (図1参照)

コメ陽性対照用試験および害虫抵抗性遺伝子組換えコメ検出用試験 3 試験の各試験のいずれについても、結果の判定はAmplification plot上で指数関数的な増幅曲線とCq値の確認、および、multicomponent上での対象色素由来の蛍光強度 (FAM) の指数関数的な明確な増加の確認をもって行う。害虫抵抗性遺伝子組換えコメ検出用試験 3 試験において目視でAmplification plot上に指数関数的な増幅曲線が確認された場合には、害虫抵抗性遺伝子組換えコメ陽性を疑う。次いで、ベースラインを (3 サイクルから15 サイクル) 設定し、 ΔRn のノイズ幅の最大値の上側で、安定した指数関数的な増幅曲線上で交わる Threshold line (Th. line) として0.2に設定する。ただし、Th. lineがノイズや指数関数的でない増幅曲線と交わる場合は、それらと交わらないようTh. lineを適宜設定する。

2併行抽出より得られたDNA試料液 (1抽出あたり2ウェル並行で測定) の合計4ウェルすべてを用いて判定する。

DNA試料液において、

- (1) コメ陽性対照用試験の2併行すべてのウェルで48未満のCq値が得られ、かつ害虫抵抗性遺伝子組換えコメ検出用試験 3 試験のいずれかの試験において、すべてのウェルで48未満のCq値が得られた場合に、当該試料は害虫抵抗性遺伝子組換えコメ陽性と判定する。
- (2) コメ陽性対照用試験の2併行すべてのウェルで48未満のCq値が得られ、かつ害虫抵抗性遺伝子組換えコメ検出用試験の3 試験のすべての試験において、すべてのウェルで48未満のCq値が得られない場合は、害虫抵抗性遺伝子組換えコメ陰性と判定する。
- (3) コメ陽性対照用試験の2併行すべてのウェルで48未満のCq値が得られ、かつ害虫抵抗性遺伝子組換えコメ検出用試験 3試験のいずれかの試験においてすべてのウェルの結果が一致しない場合は、粉碎・均質後の当該試料から改めて2 回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して判定を行う。2回目のDNA試料液を用いた場合でも陽性の判定が得られない場合には、害虫抵抗性遺伝子組換えコメ陰性と判定する。

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液 (各2ウェル) について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液 (合計4ウェル) について陽性と判定された検体を陽性と判断する。

陽性検体のパターン	陽性対照用PLD	63Bt	NNBt	CpTI
抽出DNA試料液①	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)
抽出DNA試料液②	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)
		↓	↓	↓
		63Bt コメ陽性	NNBt コメ陽性	CpTI コメ陽性

なお上記判定により害虫抵抗性遺伝子組換えコメ陽性が判定された結果について **multicomponent** を解析し、目視でFAMの蛍光強度の指数関数的な増加が観察でき、ROXの蛍光強度の明確な降下やFAMの蛍光強度の緩やかな上昇がないことを確認する。また、コメ陽性対照用試験のすべてのウェルで48未満のCq値が得られないDNA試料については、再度、粉砕・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を行い、それでもコメ陽性対照用試験のすべてのウェルで48未満のCq値が得られない場合には、本試料からの検知は不能とする。

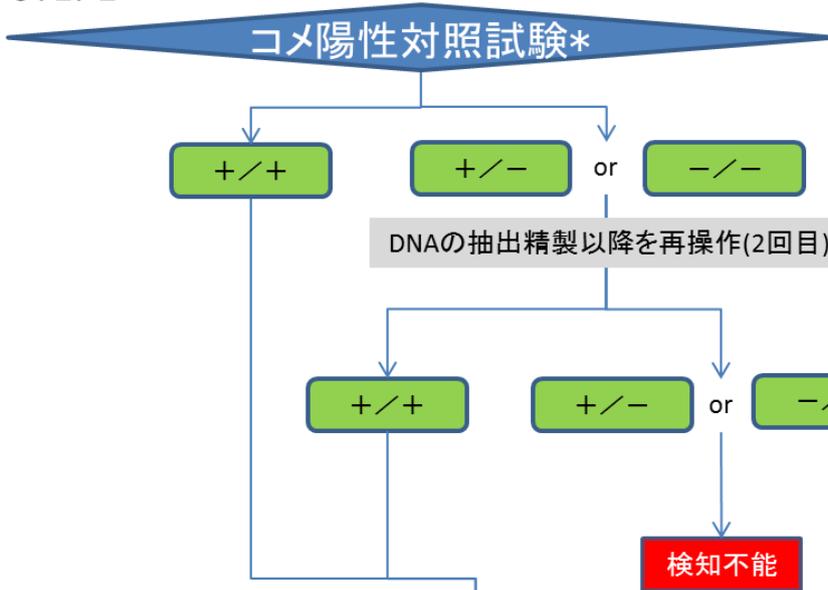
ABI PRISM™ 7900 または 7500 以外のリアルタイム PCR 機器として、ABI PRISM™ 7700、7000 等が適用可能である。使用するリアルタイム PCR 機器によって感度が異なるので、標準プラスミド DNA 溶液（下記参考）を用いて事前に PCR 用反応液の調製法、PCR 条件、解析方法を最適化する。

(参考)

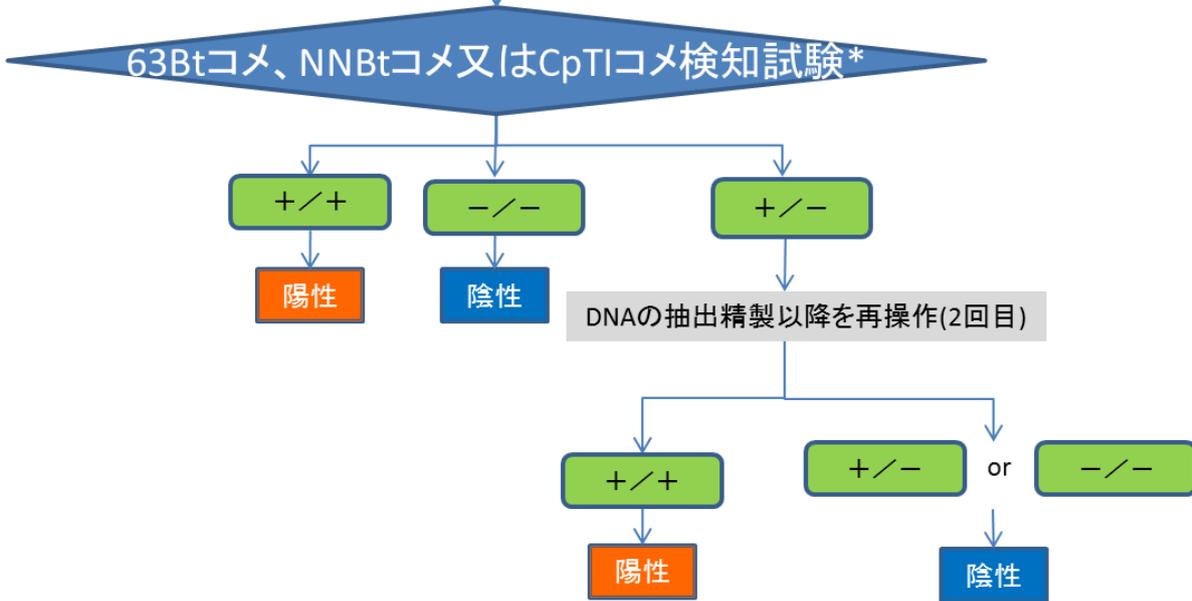
- (1) イオン交換樹脂タイプの DNA 抽出精製キット (QIAGEN Genomic-tip) は、QIAGEN 社から購入可能である。シリカゲル膜タイプキット法 (NIPPON GENE GM quicker 2 変法) の NIPPON GENE GM quicker 2 キットは、ニッポンジーン社から購入可能である。
- (2) コメの検査法に用いるプライマー対、プローブ (CpTIコメ検出用プローブ (KDEL-P) を除く。) およびリアルタイムPCR法用標準プラスミド (GMコメ害虫抵抗性コメ検査用陽性コントロールプラスミド) は、ニッポンジーン社又はファスマック社から購入可能である。
- (3) コメの検査法に用いるプローブのうち、CpTIコメ検出用プローブ (KDEL-P) についてはThermo Fisher Scientific社から購入可能である。

図1 結果判定スキーム

STEP1



STEP2



*注:ブランク反応液で増幅が見られた場合は、コンタミネーション等が疑われ、適切な検査が行われていなかったことを示す。

コメ（LL601）の検査方法

本検査法ではコメおよびコメ加工品（コメを主原料とするもので、非加熱加工品に限る。）を対象とし、DNA抽出精製は、シリカゲル膜タイプキット法（NIPPON GENE GM quicker 2）を用いる。1 検体から2 併行でDNAを抽出精製し、各抽出DNA試料液を用いて定性リアルタイムPCR法を実施する。

1. DNA 抽出精製

1.1. シリカゲル膜タイプのDNA抽出精製キット法（NIPPON GENE GM quicker 2）

均質に粉砕した試料500 mgをポリプロピレン製遠沈管（2 mL容）に量り採り、GE1 緩衝液*1 700 μ L、Proteinase K（20 mg/mL）20 μ L、 α -Amylase（高濃度品）2 μ LおよびRNase A（100 mg/mL）10 μ Lを加え、試料塊がないようにボルテックスミキサーで30 秒間混合した後*2、65 $^{\circ}$ Cの条件で15 分間加温する。GE2-K 緩衝液*3 85 μ Lを加え、ボルテックスミキサーで十分に混和後*4、氷上に10 分間静置する。13,000 \times g以上、4 $^{\circ}$ Cの条件で5 分間遠心*5する。次いでその上清*6 400 μ Lを1.5 mLチューブに移し、GB3 緩衝液 150 μ Lおよびイソプロパノール（100%）150 μ Lを添加した後、10 ～12 回転倒混和する*7。混合液700 μ Lをspin columnに負荷した後、13,000 \times g 以上、4 $^{\circ}$ Cの条件で30 秒間遠心し、溶出液を捨てる。次いでGW 緩衝液650 μ Lを負荷し、13,000 \times g 以上、4 $^{\circ}$ Cの条件で1 分間遠心し、溶出液を捨てる。spin columnを新たな1.5 mL容チューブに移し、TE緩衝液 30 μ Lを加え3 分間室温で静置した後、13,000 \times g以上、4 $^{\circ}$ Cの条件で1 分間遠心し、得られた溶出液をDNA試料原液とする。

*1 GE1緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット（NIPPON GENE GM quicker2）付属のもの、あるいは別途購入したものをを用いる。

*2 攪拌操作が不十分であると、DNAの収量が著しく減少する。ボルテックスに対して2 mL容チューブを垂直にあて、そのまま30 秒間しっかりと攪拌する。攪拌が不十分な場合はさらに30～60 秒間攪拌する。

*3 GE2-K緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット（NIPPON GENE GM quicker2）付属のもの、あるいは別途購入したものをを用いる。

*4 発生した泡がチューブ内に残っていても、続けてGE2-K緩衝液を添加することが可能である。抽出液には粘性が生じているので、添加したGE2-K緩衝液が十分に均一となるよう混合する。

*5 使用するローターおよび2 mL容チューブの特性を考慮したうえで、gが最大となるように遠心条件を設定する。

*6 沈殿や浮遊物等を可能な限り取らないように上清を回収する。

*7 GB3緩衝液を添加し、続いてイソプロパノールを添加した後に、攪拌操作を行う。析出物が生じて白濁している場合は、液が透明になるまで十分転倒混和する。

1.2. DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存

DNA 試料原液の適当量を取り、滅菌蒸留水を用いて適宜希釈し^{*1}、200～320 nm の範囲で紫外吸収スペクトルを測定し、260 および 280 nm の吸光度 (A_{260} および A_{280} ^{*2}) を記録する。次いで A_{260} の値 1 を 50 ng/ μ L DNA として DNA 濃度を算出する。また A_{260}/A_{280} を計算する。この比が 1.7～2.0 になれば、DNA が十分に精製されていることを示す^{*3}。得られた DNA 濃度から、滅菌蒸留水で DNA 試料原液を 40 ng/ μ L に希釈して調製し、DNA 試料液とする。DNA 試料液は 50 μ L ごとにマイクロ遠沈管に分注し、-20°C 以下で冷凍保存する。分注した DNA 試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA 試料原液の濃度が PCR で規定された濃度に達しないときは、そのまま DNA 試料液として用いる。

*1 希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量および濃度域が異なるため、適宜とする。

*2 A_{260} が DNA 由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。

*3 A_{260}/A_{280} の比が 1.7～2.0 の範囲外であっても精製等の更なる操作は要さない。

2. 定性リアルタイムPCR法 (ABI PRISMTM 7900または7500)

LL601 の検出はGM コメ検出用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCR とコメ陽性対照用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCR の2 試験を行い判定する。

また、試験にあたっては、コメ陽性対照用試験としてphospholipase D 遺伝子配列を検知するプライマー対およびプローブを用いる。各プライマーおよびプローブの塩基配列は以下の通りである。

・コメ陽性対照用試験

コメ陽性対照用プライマー対、プローブ

F-primer (KVM159) : 5'-TGG TGA GCG TTT TGC AGT CT-3'

R-primer (KVM160) : 5'-CTG ATC CAC TAG CAG GAG GTCC-3'

KVM-P: VIC-TGT TGT GCT GCC AAT GTG GCC TG-TAMRA

・LL601コメ検出用試験

LL601検出用プライマー対、プローブ

F-primer (MDB498) : 5'-TAT CCT TCG CAA GAC CCT TCC-3'

R-primer (DPA143) : 5'-ATG TCG GCC GGG CGT CGT TCTG-3'

LL601-P : FAM-TCT ATA TAA GGA AGT TCA TTT CATT-MGB

2.1. PCR用反応液の調製

PCR用反応液は25 μ L/wellとして調製する。その組成は以下のとおりである。Universal

PCR Master Mix^{*1} 12.5 μL、対象プライマー対溶液（各プライマー、10 μmol/L）1 μL^{*2}、対象プローブ溶液（10 μmol/L）0.5 μL、滅菌蒸留水5 μL、40 ng/μL DNA試料液^{*3}5.0 μL。分注操作終了後、真上からシールし、完全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意し、専用のシーリング用アプリケーションを用いて行う。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。プレートの確認後、MicroAmp Optical Film Compression Pad^{*4} を茶色の面が上になるよう、プレートの上面にセットする。

*1 Universal PCR Master Mix

本試薬は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCRがうまくいかない場合がある。使う直前には必ずボルテックスミキサーを用いて3秒程度混合した後、軽く遠心し、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

*2 対象プライマー対溶液量

コメ陽性対象用の各プライマーを用いる場合には0.5 μLを加えること。

*3 DNA試料原液の濃度が規定された濃度に達しないときは、そのままDNA試料液として用いる。

*4 MicroAmp Optical Film Compression Pad（Thermo Fisher Scientific社）

ABI PRISM™ 7900の場合のみ使用する。ABI PRISM™ 7500では使用しない。

2.2. プレート情報の設定

反応に際しては、プレート情報の設定を行わなければならない。設定を行う項目は、検体の配置と種類および、プローブ特性である。具体的には新規シート上で、調製したプレートの配置に対応するように気を付けながら、検体の種類（「UNKN」：DNA試料液）の設定を行う。またプローブ特性に関しては、コメ陽性対象用の場合には、Reporterが「VIC」、Quencherが「TAMRA」となるように、またLL601検出用の場合には、Reporterが「FAM」、Quencherが「MGB」となるように、設定する。なお、コメ陽性対象用、LL601検出用ともに、Passive Referenceを「ROX」と設定する。

2.3. PCR増幅

装置にプレートをセットし、反応とデータの取り込みを開始する。反応条件は以下のとおりである。50 °C、2 分間の条件で保持した後、95 °Cで10 分間加温し、ホットスタート法で反応を開始する。その後、95 °Cで15 秒、60 °Cで1 分を1 サイクルとして、45 サイクルの増幅反応を行う。Remaining timeが0 分となっていることを確認し、反応を終了させた後、測定結果の解析を行う。

3. 結果の解析と判定（図1参照）

コメ陽性対象用試験およびLL601検出用試験のいずれについても、結果の判定は、Th. LineとPCR産物の増加を示すAmplification plotとの交点（Cq値）が得られるか否かをもって行う。

次いで、ベースラインを（3 サイクルから15 サイクル）設定し、 ΔRn のノイズ幅の最大値の上側で、安定した指数関数的な増幅曲線上で交わるThreshold line（Th. line）として0.2に設定する。ただし、Th. lineがノイズや指数関数的でない増幅曲線と交わる場合は、それらと交わらないようTh. lineを適宜設定する。Cq値についてはAmplification plot上で目視にて確認するとともに、結果として出力される数値について確認する。

2併行抽出より得られたDNA試料液（1抽出あたり2ウェル並行で測定）の合計4ウェルすべてを用いて判定する。

DNA試料液において、

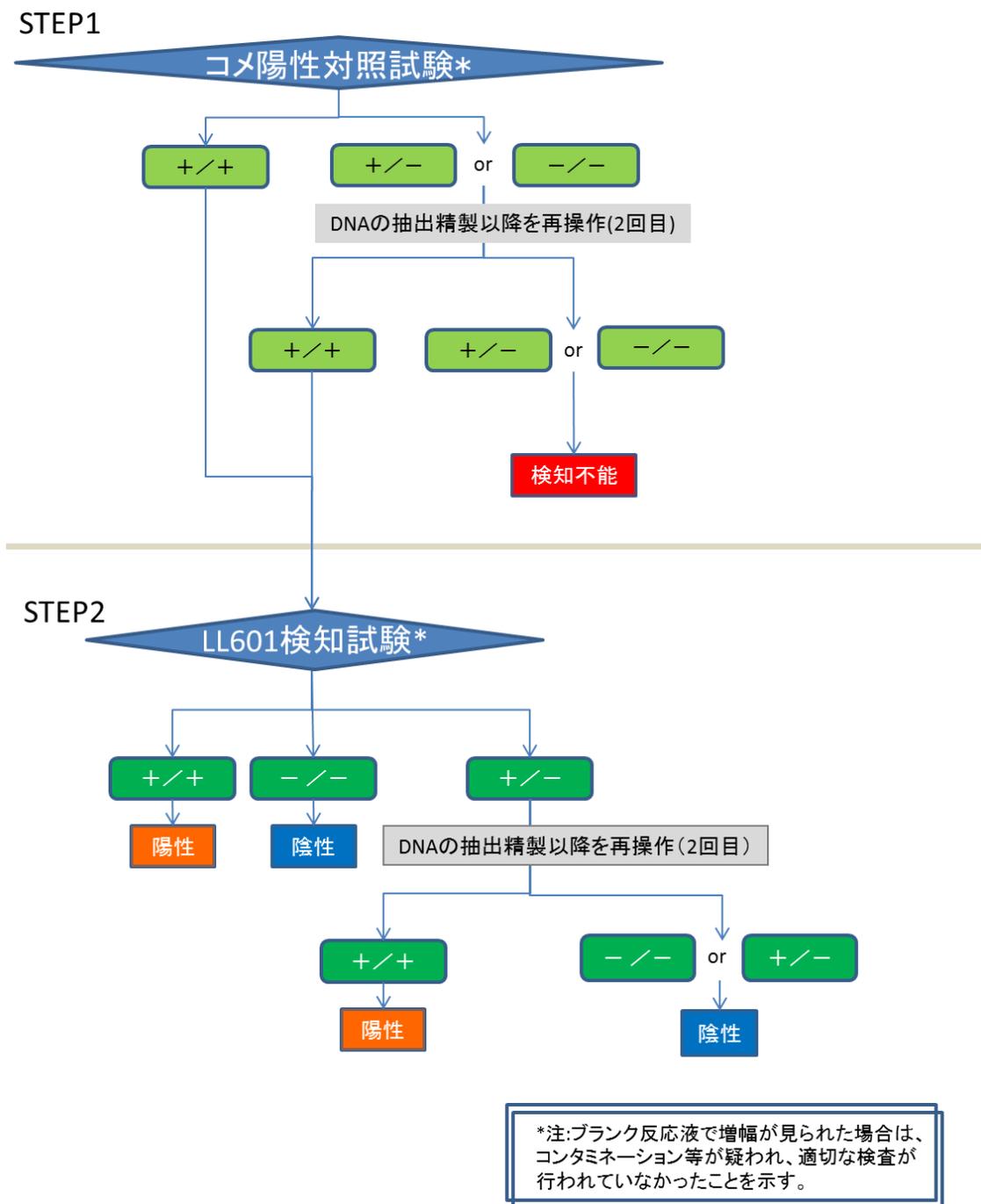
- （1） コメ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつLL601検知用試験ですべてのウェルで43未満のCq値が得られた場合当該試料は陽性と判定する。
- （2） コメ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、LL601検知用試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合は陰性と判定する。
- （3） コメ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、LL601検知用試験において、すべてのウェルで一致した結果が得られない場合は、粉碎・均質後の当該試料から改めて2 回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。2 回目のDNA試料液を用いた場合でも陽性の判定が得られない場合には、LL601陰性と判定する。

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液（各2ウェル）について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液（合計4ウェル）について陽性と判定された検体を陽性と判断する。

なお上記判定によりLL601陽性が判定された結果についてmulticomponentを解析し、目視でFAMの蛍光強度の指数関数的な増加が観察でき、ROXの蛍光強度の明確な下降やFAMの蛍光強度の緩やかな上昇がないことを確認する。

また、コメ陽性対照用試験ですべてのウェルで43未満のCq値が得られないDNA試料液については、再度、検体からの「1. DNA抽出精製」以降の操作を行い、それでもすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合には、本試料からの検知は不能とする。

図1 結果の判定スキーム



トウモロコシ (Bt10) の検査方法

トウモロコシ穀粒又はトウモロコシ半製品について、定性 PCR 法で行う。なお、DNA 抽出精製は、シリカゲル膜タイプキット法 (DNeasy Plant Mini Kit, QIAGEN 社製) を用いる。

1 検体から 2 併行で DNA を抽出精製し、各抽出 DNA 試料液を用いて定性 PCR 法を実施する。

1. DNA 抽出精製

1.1. シリカゲル膜タイプの DNA 抽出精製キット法 (DNeasy Plant Mini Kit)

均質に粉砕した試料 2 g をポリプロピレン製遠沈管 (50 mL 容) に量り採り、あらかじめ 65 °C に温めておいた AP1 緩衝液^{*1} 10 mL と RNase A 20 µL を加え、試料塊がないようにボルテックスミキサーで激しく混合し、65 °C で 15 分間加温する。その間 2、3 回、遠沈管を反転させて試料を攪拌する。P3 緩衝液^{*2} 3,250 µL を加え、氷上に 10 分間静置した後、4,000 × g 以上、4 °C の条件で 20 分間遠心する^{*3}。次いでその上清 500 µL を QIAshredder spin column に負荷し、10,000 × g 以上で 4 分間遠心後、溶出液を遠沈管 (15 mL 容) に移す。この操作を再度繰り返した後、その溶出液の 1.5 倍量の AW1 緩衝液^{*4} を加える。その混合液 500 µL を mini spin column に負荷し、10,000 × g 以上で 1 分間^{*5} 遠心する。残りの混合液のうち、さらに 500 µL を同じ mini spin column に負荷し、同条件で遠心し溶出液を捨てる。最終的に混合液がすべてなくなるまで同様の操作を繰り返す。次いで AW2 緩衝液^{*6} 500 µL を負荷し、10,000 × g 以上で 1 分間^{*5} 遠心し、溶出液を捨てる。同様の操作を計 3 回繰り返す。溶出液を捨て、mini spin column を乾燥させるため、10,000 × g 以上で 20 分間遠心する。mini spin column をキットの遠沈管に移し、あらかじめ 65 °C に温めておいた滅菌蒸留水 70 µL を加え、5 分間静置した後、10,000 × g 以上で 1 分間遠心し DNA を溶出する。もう一度水を加え、同じ操作を行い、得られた溶出液を合わせ、DNA 試料原液とする。

*1 AP1 緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット (DNeasy Plant Mini Kit) 付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

*2 P3 緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット (DNeasy Plant Mini Kit) 付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

*3 遠心後の上清

上清を確認し、澄明でない場合には、同条件での遠心操作を再度繰り返し、以降の操作を行う。

*4 AW1 緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット (DNeasy Plant Mini Kit) 付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

*5 遠心時間

mini spin column に負荷する液の性状により、カラムの通過に時間がかかることがある。すべての液が

カラムを通過するのに必要な遠心時間を適宜、調整する。

^{*6} AW2 緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット (DNeasy Plant Mini Kit) 付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

1.2. DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存

DNA 試料原液の適当量を取り、滅菌蒸留水あるいは TE 緩衝液を用いて適宜希釈し^{*1}、200~320 nm の範囲で紫外吸収スペクトルを測定し、260 および 280 nm の吸光度 (A_{260} および A_{280} ^{*2}) を記録する。次いで A_{260} の値 1 を 50 ng/ μ L DNA として DNA 濃度を算出する。また A_{260}/A_{280} を計算する。この比が 1.7~2.0 になれば、DNA が十分に精製されていることを示す。得られた DNA 濃度から、DNA 試料原液を以後の試験に必要な濃度に水で希釈して DNA 試料液とし、20 μ L ごとにマイクロ試料管に分注し、-20 $^{\circ}$ C 以下で冷凍保存する。分注した DNA 試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA 試料原液の濃度が PCR で規定された濃度に達しないときは、そのまま DNA 試料液として用いる。

^{*1} 試験の目的により、DNA 試料原液は滅菌蒸留水もしくは TE 緩衝液で調製されている。希釈する場合には、DNA 試料原液の調製に使用した溶解液を用いる。また、希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量および濃度域が異なるため、適宜とする。

^{*2} A_{260} が DNA 由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。

2. 定性 PCR 法

定性 PCR 法は、抽出された DNA の一部をプライマー対を用いて PCR 増幅し、電気泳動により分離した後に、その増幅産物を検知する方法である^{*1*2}。Bt10 の検出は検出用プライマーを用いた定性 PCR と陽性対照用プライマーを用いた定性 PCR の 2 試験を行い判定する。各プライマーの塩基配列は以下の通りである。

・ Bt10 検出用プライマー対

F-primer (JSF5) : 5'-CAC ACA GGA GAT TAT TAT AGG GTT ACT CA-3'

R-primer (JSR5) : 5'-ACA CGG AAA TGT TGA ATA CTC ATA CTCT-3'

・ 陽性対照用のプライマー対

F-primer (Zein n-5') : 5'-CCT ATA GCT TCC CTT CTT CC-3'

R-primer (Zein n-3') : 5'-TGC TGT AAT AGG GCT GAT GA-3'

^{*1} PCR 法では、鋳型 DNA が微量存在しても増幅産物が検知されうる。したがって、目的外の DNA (特に PCR 増幅産物) の混入に特に注意を払う必要がある。また、DNA は、人間の皮膚表面から分泌され

ている DNA 分解酵素により分解されるので、本酵素の混入を防止しなければならない。これらの点を考慮し、使い捨てのチューブ、チップ等を使用し、DNA、DNase 等がコンタミネーションしないよう注意して用いること。また、定性 PCR の際に用いる水は、特に断り書きがない限りすべて逆浸透膜精製した RO 水又は蒸留水を Milli-Q 等で 17 MΩ/cm まで精製した超純水など、DNA、DNase 等がコンタミネーションしていないものを用いること。

*2 また、独立行政法人農林水産消費技術センター作成の JAS 分析試験ハンドブック「遺伝子組換え食品検査・分析マニュアル コンタミネーション防止編」も参考にし、コンタミネーション防止に細心の注意を払うこと。

2.1. PCR 用反応液の調製

PCR 用反応試料管に反応液を以下のように調製する。反応液は、PCR 緩衝液*1、0.16 mmol/L dNTP、1.5 mmol/L 塩化マグネシウム、0.6 μmol/L 5'および 3'プライマー並びに 0.8 units Taq DNA ポリメラーゼ*2 を含む液に、10 ng/μL に調製した DNA 試料液 5.0 μL (DNA として 50 ng) を氷中で加え、全量を 25 μL にする。

*1 PCR 緩衝液

PCR buffer II (Thermo Fisher Scientific 社、塩化マグネシウムを含まないもの) 又は同等の結果が得られるものを用いる。

*2 Taq DNA ポリメラーゼ

AmpliTaq Gold DNA ポリメラーゼ (Thermo Fisher Scientific 社) 又は同等の結果が得られるものを用いる。

2.2. PCR 増幅

PCR 用反応試料管を PCR 増幅装置*にセットする。反応条件は次の通りである。94 °C に 10 分間保ち反応を開始させた後、94 °C で 25 秒間、62 °C で 30 秒間、72 °C で 45 秒間を 1 サイクルとして、40 サイクルの PCR 増幅を行う。次に終了反応として 72 °C で 7 分間保った後、4 °C で保存し、得られた反応液を PCR 増幅反応液とする。PCR のブランク反応液として、必ずプライマー対を加えないものおよび DNA 試料液を加えないものについても同時に調製する。また、試料から DNA が抽出されていることの確認として、DNA 試料液ごとに、Bt10 検出用プライマー対の代わりに陽性対照用プライマー対を用い、同様に PCR 増幅を行う。

* PCR 増幅装置

GeneAmp PCR System 9700 (Thermo Fisher Scientific 社製) 又は同等の結果が得られるものを用いる。

2.3. アガロースゲル電気泳動

PCR 増幅反応液をアガロースゲル電気泳動により分離し、PCR 増幅バンドを確認する。

2.3.1. アガロースゲルの作成

必要量のアガロースを秤量し、TAE 緩衝液^{*1}を加え、加熱してアガロースを溶解する。次に 100 mL 当たり 5 μ L のエチジウムブロミド溶液^{*2} (10 mg/mL) を加え、ゲルを 50°C 前後まで冷やした後ゲルメーカーに流し込み、室温で十分に冷やし固めてゲルを作製する^{*3}。ゲルはすぐに使用するのが望ましいが、緩衝液に浸して数日間保存することもできる。ゲルの濃度は泳動する DNA の長さに応じて決める必要があるため、目的とする PCR 増幅産物のバンド長にあわせてゲル濃度 (1.0~4.0%) を決める。

*1 TAE 緩衝液

各最終濃度が 40 mmol/L Tris-酢酸、1 mmol/L EDTA となるように蒸留水を用いて調製したものを TAE 緩衝液とする。

*2 エチジウムブロミド溶液

2 本鎖 DNA の鎖の間に入り込む蛍光試薬であり、強力な発ガン作用と毒性がある。取扱いには必ず手袋をはめ、マスクを着用すること。

*3 前染色

ここでは、前染色法を述べる。この段階でエチジウムブロミド溶液を加えず、電気泳動終了後、2.3.3. に従って、ゲルを後染色しても良い。

2.3.2. 電気泳動

TAE 緩衝液を満たした電気泳動槽にゲルをセットする。PCR 増幅反応液 7.5 μ L と適当量のゲルローディング緩衝液を混ぜ合わせた後、ゲルのウェルに注入する。ゲルへの試料注入に時間がかかりすぎると、DNA が拡散し鮮明な結果が得られにくくなるので注意する。次に、100V 定電圧で電気泳動を行い、ゲルローディング緩衝液に含まれる Bromophenol blue (BPB) がゲルの 1/2 から 2/3 まで進んだところで電気泳動を終了する。

2.3.3. ゲルの染色 (後染色)

前染色を行った場合は本項の操作は必要ない。

ゲルが浸る量の TAE 緩衝液が入った容器に、泳動後のゲルを移し入れる。次に緩衝液 100 mL 当たり、5 μ L のエチジウムブロミド溶液 (10 mg/mL) を加え、容器を振とう器に乗せて軽く振とうしながら 30 分程度染色する。その後、TAE 緩衝液のみの入った容器に染色済みのゲルを移し、30 分程度軽く浸透しながら脱染色を行う。

2.4. ゲルイメージ解析

ゲルイメージ解析装置内のステージに食品包装用ラップ*を置き、その上に電気泳動と染色が終了したゲルをのせて紫外線（312 nm）を照射する。ゲルイメージ解析装置の画面で電気泳動パターンを確認する。DNA 分子量標準と比較して目的の PCR 増幅バンドの有無を判定する。ブランク反応液で対応する PCR 増幅バンドが検知された場合は、DNA 抽出操作以降の結果を無効として、改めて実験をやり直す。泳動結果は画像データとして保存しておく。

* ポリ塩化ビニリデン製のフィルムでないと紫外線は吸収されてしまい、像が得られない場合があるので注意を要する。

2.5. 結果の判定

陽性対照用プライマー対を用いたレーンで 157 bp の PCR 増幅バンドが検出され、Bt10 検出用プライマー対を用いたレーンで 117 bp の PCR 増幅バンドが検出された場合、新たに同一の DNA 試料液を用い PCR 用反応液を調製し、Bt10 確認用プライマー対*1 を用い PCR 増幅を行う*2。得られた PCR 増幅反応液についてアガロースゲル電気泳動、ゲルイメージ解析を行い、151 bp の PCR 増幅バンドが検出された場合、本検体は Bt10 系統陽性と判定する。なお、2 つの DNA 抽出液での結果が異なった場合は陽性と判定する。また、どちらか一方の抽出液において、陽性対照用プライマー対で予定長の PCR 増幅バンドが検出されない場合には、再度電気泳動以降の操作を行い、それでも予定長の PCR 増幅バンドが検出されない場合には、その抽出液での結果を無効とし、もう一方の抽出液の結果だけで判定する。2 つの DNA 抽出液とも陽性対照用プライマー対を用いたレーンで対応する PCR 増幅バンドが検出できない場合には、改めて 2 回目の抽出を行い、さらに PCR 以降の操作を実施して、判定を行う。2 回目の DNA 抽出液を用いた場合でも陽性対照用プライマー対で PCR 増幅バンドが検出されないときは、本試料からの安全性未審査の組換え DNA 技術応用食品の検知は不能とする。以下に判定例を示す。

判定例

試料番号		1	2	3	4	5	6	7	8	9
抽出 1	陽性対照用プライマー	+	+	+	+	+	+	+	+	-
	検出用プライマー	+	+	+	+	-	-	+	+	/
	確認用プライマー	+	+	+	+	/	/	-	-	/
抽出 2	陽性対照用プライマー	+	+	+	-	+	-	+	-	-
	検出用プライマー	+	+	-	-	-	-	+	-	/
	確認用プライマー	+	-	/	/	/	/	-	/	/
判定		陽性	陽性	陽性	陽性	陰性	陰性	陰性	陰性	/

試料番号 9 の例の場合には、2 回目の抽出を行う。

+ は陽性、- は陰性、/ は検査不要を表す。

*1 Bt10 確認用プライマー対は以下の通りである。

F-primer (Bt10LS-5') : 5'-GCC ACA ACA CCC TCA ACC TCA -3'

R-primer (Bt10LS-3') : 5'-GAA GTC GTT GCT CTG AAG AAC AT-3'

*2 Bt10 確認用プライマー対を用いる場合の PCR 条件は以下の通りである。94℃に 10 分間保ち反応を開始させた後、94 °C で 25 秒間、65 °C で 30 秒間、72 °C で 45 秒間を 1 サイクルとして、40 サイクルの PCR 増幅を行う。次に終了反応として 72 °C で 7 分間保った後、4 °C で保存し、得られた反応液を PCR 増幅反応液とする。

トウモロコシ (CBH351) の検査方法

トウモロコシの穀粒については、ラテラルフロー法で行う。また、コーングリッツ、コーンフラワー、コーンミール等、遺伝子組換えにより新たに発現されるタンパク質が物理化学的な変化を受けていない粉碎加工品（以下、「トウモロコシ半製品」という。）についても、ラテラルフロー法で行う。

その他のトウモロコシ加工品については定性 PCR 法で行う。

なお、トウモロコシ半製品については、ラテラルフロー法で行った後、定性 PCR 法による確認試験を行う。

1. トウモロコシ穀粒からの CBH351 トウモロコシの検知

1.1. ラテラルフロー法

市販の Test Kit は、Strategic Diagnostics 社 (SDI) 製 Trait・Bt9 Corn Grain 5-Minute Test Kit (Part# 7000012) を用いる方法である。以下に記述する方法は、キットの説明書に記載の方法と基本的に同一である。なお、実験室で実験を行う場合には、水は、特に断り書きがない限りすべて逆浸透膜精製した RO 水又は蒸留水を用いることを推奨する。

1.1.1. 実験操作

採取したトウモロコシ穀粒から無作為に 800 粒を採取し粉碎した後、粉碎物*を 500 mL 容程度の口の広い蓋付きの容器に採り、水 288 mL を加えた後、10~20 秒間、試料が全て濡れるまでよく振とうする。もしこの段階で上澄み液が生じなければ、少量の水を加え、試料をよく振とうし、振とう後上澄み液が生じたかどうか観察する。振とう後、数 mL 程度の上澄み液が生じるまで水を加える。次に、試料の上澄み液 0.5 mL をキット付属の 1.5 mL 容試料管に移し、その試料管に Trait・Bt9 テストストリップを垂直に立てる。

* 通常 230 g を量り採り粉碎したもの (230 g で 800 粒に満たないときは 800 粒の粉碎物)。

1.1.2. 結果の判定

テストストリップを試料管に立て、5 分経過した時点*で、テストストリップの表示部を観察する。赤色のラインがテストストリップ表示部に 2 本現れれば陽性、コントロールラインだけが現れれば陰性と判定する。また、1 本も現れなければ、その試験は無効と判定する。

* 5 分間以上経過すると赤色のラインが濃くなる場合があり、正しく判定することができないので注意が必要。

2. トウモロコシ加工品からの CBH351 トウモロコシの検知

以下の手法に従って、一試料につき 2 回並行で抽出を行い、得られた DNA 溶液を用い、以下の条件で定性 PCR を行う。

2.1. DNA 抽出精製

2.1.1. タコス、トルティーヤ、コーンチップおよびコーンフレーク（加熱加工されているものに限る）からの DNA 抽出精製

試料を凍結乾燥した後、ミキサーミル等で粉砕する。次いで粉砕試料 1 g をポリプロピレン製遠沈管（50 mL 容）に量り採り、イオン交換樹脂タイプの DNA 抽出精製キット（QIAGEN Genomic-tip 20/G）を用い以下のように DNA を抽出精製する。

試料に G2 緩衝液^{*1} 4 mL を加えて、ボルテックスミキサー等で激しく混合し、さらに G2 緩衝液 4 mL、Proteinase K^{*2} 100 μ L と RNase A 10 μ L を加えて、よく振って混合した後、50 $^{\circ}$ C で 2 時間放置する。その間 2 ~ 3 回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。次いで、3,000 \times g 以上で、低温下（4 $^{\circ}$ C）15 分遠心し、得られた上清をポリプロピレン製遠沈管（15 mL 容）に移し、さらに軽く遠心する。次いで、QBT 緩衝液^{*1} 1 mL を用い平衡化した QIAGEN Genomic-tip 20/G に 2 mL ずつ数回に分けて負荷する。次いで、チップを QC 緩衝液^{*1} で 2 mL ずつ 3 回洗浄した後、チップを新しい遠沈管に移し、あらかじめ 50 $^{\circ}$ C に温めておいた QF 緩衝液^{*2} を 1 mL ずつ 2 回加え、DNA を溶出する。溶出液を遠沈管に移し、0.7 倍量のイソプロピルアルコールを加えよく混合し、10,000 \times g 以上で、低温下（4 $^{\circ}$ C）15 分間遠心し、上清を捨てた後、70 %エタノール 1 mL を加え、さらに 10,000 \times g 以上で、低温下（4 $^{\circ}$ C）5 分間遠心する。さらに上清を捨て、残った沈殿をアスピレーターを用い乾燥した後、滅菌蒸留水 100 μ L を加え、65 $^{\circ}$ C で 5 分間放置し、ピペッティングにより DNA を溶解させ、DNA 試料原液とする。

^{*1} G2 緩衝液、QBT 緩衝液、QC 緩衝液および QF 緩衝液はキットに付属しているが、足りない場合にはキットの説明書に従って調製可能である。

^{*2} QIAGEN 社のもの又は同等の効力を持つものを用いる。

2.1.2. 上記以外のトウモロコシ加工品からの DNA 抽出精製

平成 12 年農林水産省告示第 517 号第 3 条に規定する別表 2 の加工食品からの DNA の抽出精製は、独立行政法人農林水産消費技術センター作成の JAS 分析試験ハンドブック「遺伝子組換え食品検査・分析マニュアル 個別品目編」に記載されている方法を準用する。

2.1.3. DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存

DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存を行う。

DNA 試料原液の適当量を取り、滅菌蒸留水あるいは TE 緩衝液を用いて適宜希釈し^{*1}、200～320 nm の範囲で紫外吸収スペクトルを測定し、260 および 280 nm の吸光度 (A_{260} および A_{280} ^{*2}) を記録する。次いで A_{260} の値 1 を 50 ng/ μ L DNA として DNA 濃度を算出する。また A_{260}/A_{280} を計算する。この比が 1.7～2.0 になれば、DNA が十分に精製されていることを示す。得られた DNA 濃度から、DNA 試料原液を以後の試験に必要な濃度に水で希釈して DNA 試料液とし、20 μ L ごとにマイクロ試料管に分注し、-20°C 以下で冷凍保存する。分注した DNA 試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA 試料原液の濃度が PCR で規定された濃度に達しないときは、そのまま DNA 試料液として用いる。

^{*1} 試験の目的により、DNA 試料原液は滅菌蒸留水もしくは TE 緩衝液で調製されている。希釈する場合には、DNA 試料原液の調製に使用した溶解液を用いる。また、希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量および濃度域が異なるため、適宜とする。

^{*2} A_{260} が DNA 由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。

2.2. 定性 PCR 法

定性 PCR 法は、抽出された DNA の一部をプライマー対を用いて PCR 増幅し、電気泳動により分離した後に、その増幅産物を検知する方法である^{*1*2}。CBH351 の検出は検出用プライマーを用いた定性 PCR と陽性対照用プライマーを用いた定性 PCR の 2 試験を行い判定する。各プライマーの塩基配列は以下の通りである。

- CBH351 検出用プライマー対

F-primer (CaM03-5') : 5'-CCT TCG CAA GAC CCT TCC TCT ATA-3'

R-primer (CBH02-3') : 5'-GTA GCT GTC GGT GTA GTC CTC GT-3'

- 陽性対照用のプライマー対

F-primer (Zein n-5') : 5'-CCT ATA GCT TCC CTT CTT CC-3'

R-primer (Zein n-3') : 5'-TGC TGT AAT AGG GCT GAT GA-3'

^{*1} PCR 法では、鋳型 DNA が微量存在しても増幅産物が検知されうる。したがって、目的外の DNA (特に PCR 増幅産物) の混入に特に注意を払う必要がある。また、DNA は、人間の皮膚表面から分泌されている DNA 分解酵素により分解されるので、本酵素の混入を防止しなければならない。これらの点を考慮し、使い捨てのチューブ、チップ等を使用し、DNA、DNase 等がコンタミネーションしないよう注意して用いること。また、定性 PCR の際に用いる水は、特に断り書きがない限りすべて逆浸透膜精製した RO 水又は蒸留水を Milli-Q 等で 17 M Ω /cm まで精製した超純水など、DNA、DNase 等がコンタミネーションしていないものを用いること。

^{*2} また、独立行政法人農林水産消費技術センター作成の JAS 分析試験ハンドブック「遺伝子組換え食品検査・分析マニュアル コンタミネーション防止編」も参考にし、コンタミネーション防止に細心の注意を払うこと。

2.2.1. PCR 用反応液の調製

PCR 用反応試料管に反応液を以下のように調製する。反応液は、PCR 緩衝液^{*1}、0.20 mmol/L dNTP、3 mmol/L 塩化マグネシウム、0.2 μmol/L 5'および3'プライマー並びに 0.625 units Taq DNA ポリメラーゼ^{*2} を含む液に、10 ng/μL に調製した DNA 試料液 2.5 μL (DNA として 25 ng) を氷中で加え、全量を 25 μL にする。

*1 PCR 緩衝液

PCR buffer II (Thermo Fisher Scientific 社、塩化マグネシウムを含まないもの) 又は同等の結果が得られるものを用いる。

*2 Taq DNA ポリメラーゼ

AmpliTaq Gold DNA ポリメラーゼ (Thermo Fisher Scientific 社) 又は同等の結果が得られるものを用いる。

2.2.2. PCR 増幅

PCR 用反応試料管を PCR 増幅装置^{*}にセットする。反応条件は次の通りである。95°C に 10 分間保ち反応を開始させた後、95°C で 0.5 分間、60°C で 0.5 分間、72°C で 0.5 分間を 1 サイクルとして、40 サイクルの PCR 増幅を行う。次に終了反応として 72°C で 7 分間保った後、4°C で保存し、得られた反応液を PCR 増幅反応液とする。PCR のブランク反応液として、必ずプライマー対を加えないものおよび DNA 試料液を加えないものについても同時に調製する。また、試料から DNA が抽出されていることの確認として、DNA 試料液ごとに、CBH351 検出用プライマー対の代わりに陽性対照用プライマー対 を用い、同様に PCR 増幅を行う。

* PCR 増幅装置

GeneAmp PCR System 9700 (Thermo Fisher Scientific 社) 又は同等の結果が得られるものを用いる。

2.2.3. アガロースゲル電気泳動

PCR 増幅反応液をアガロースゲル電気泳動により分離し、PCR 増幅バンドを確認する。

2.2.3.1. アガロースゲルの作成

必要量のアガロースを秤量し、TAE 緩衝液^{*1} を加え、加熱してアガロースを溶解する。ゲルを 50°C 前後まで冷やした後に、100 mL 当たり 5 μL のエチジウムブロミド溶液^{*2} (10 mg/mL) を加えよく混合して、ゲルメーカーに流し込み、室温で十分に冷やし固めてゲルを作製する^{*3}。ゲルはすぐに使用するのが望ましいが、緩衝液に浸して数日間保存すること

もできる。ゲルの濃度は泳動する DNA の長さに応じて決める必要があるので、目的とする PCR 増幅産物のバンド長にあわせてアガロース濃度（1.0～4.0 %）を決める。

*1 TAE 緩衝液

各最終濃度が 40 mmol/L Tris-酢酸、1 mmol/L EDTA となるように蒸留水を用いて調製したものを TAE 緩衝液とする。

*2 エチジウムブロミド溶液

2 本鎖 DNA の鎖の間に入り込む蛍光試薬であり、強力な発ガン作用と毒性がある。取扱いには必ず手袋をはめ、マスクを着用すること。

*3 前染色

ここでは、前染色法を述べる。この段階でエチジウムブロミド溶液を加えず、電気泳動終了後、2.2.3.3. に従って、ゲルを後染色しても良い。

2.2.3.2. 電気泳動

TAE 緩衝液を満たした電気泳動槽にゲルをセットする。PCR 増幅反応液 7.5 μ L と適当量のゲルローディング緩衝液を混ぜ合わせた後、ゲルのウェルに注入する。ゲルへの試料注入に時間がかかりすぎると、DNA が拡散し鮮明な結果が得られにくくなるので注意する。次に、100V 定電圧で電気泳動を行い、ゲルローディング緩衝液に含まれる BPB がゲルの 1/2 から 3/2 まで進んだところで電気泳動を終了する。

2.2.3.3. ゲルの染色（後染色）

前染色を行った場合は本項の操作は必要ない。

ゲルが浸る量の TAE 緩衝液が入った容器に、泳動後のゲルを移し入れる。次に緩衝液 100 mL 当たり、5 μ L のエチジウムブロミド溶液（10 mg/mL）を加え、容器を振とう器に乗せて軽く振とうしながら 30 分程度染色する。その後、TAE 緩衝液のみの入った容器に染色済みのゲルを移し、30 分程度軽く浸透しながら脱染色を行う。

2.2.4. ゲルイメージ解析

ゲルイメージ解析装置内のステージに食品包装用ラップ*を置き、その上に電気泳動と染色が終了したゲルをのせて紫外線（312 nm）を照射する。ゲルイメージ解析装置の画面で電気泳動パターンを確認する。DNA 分子量標準と比較して目的の PCR 増幅バンドの有無を判定する。ブランク反応液で対応する PCR 増幅バンドが検知された場合は、DNA 抽出操作以降の結果を無効として、改めて実験をやり直す。泳動結果は画像データとして保存しておく。

2.2.5. 結果の判定

陽性対照用プライマー対を用いたレーンで157 bpのPCR増幅バンドが検出され、CBH351検出用プライマー対を用いたレーンで170 bpのPCR増幅バンドが検出された場合、新たに同一のDNA試料液を用いPCR用反応液を調製し、確認用プライマー対*を用いPCR増幅を行う。得られたPCR増幅反応液についてアガロースゲル電気泳動、ゲルイメージ解析を行い、171 bpのPCR増幅バンドが検出された場合、本検体はCBH351陽性と判定する。なお、2つのDNA抽出液での結果が異なった場合は陽性と判定する。また、どちらか一方の抽出液において陽性対照用プライマー対で予定長のPCR増幅バンドが検出されない場合には、再度電気泳動以降の操作を行い、それでも予定長のPCR増幅バンドが検出されない場合には、その抽出液での結果を無効とし、もう一方の抽出液の結果だけで判定する。2つのDNA抽出液とも陽性対照用プライマー対を用いたレーンで対応するPCR増幅バンドが検出できない場合には、改めて2回目の抽出を行い、さらにPCR以降の操作を実施して、判定を行う。2回目のDNA抽出液を用いた場合でも陽性対照用プライマー対でPCR増幅バンドが検出されないときは、本試料からの安全性未審査の組換えDNA技術応用食品の検知は不能とする。以下に判定例を示す。

判定例

	試料番号	1	2	3	4	5	6	7	8	9
抽出 1	陽性対照用プライマー	+	+	+	+	+	+	+	+	-
	検出用プライマー	+	+	+	+	-	-	+	+	/
	確認用プライマー	+	+	+	+	/	/	-	-	/
抽出 2	陽性対照用プライマー	+	+	+	-	+	-	+	-	-
	検出用プライマー	+	+	-	-	-	-	+	-	/
	確認用プライマー	+	-	/	/	/	/	-	/	/
判定		陽性	陽性	陽性	陽性	陰性	陰性	陰性	陰性	/

試料番号9の例の場合には、2回目の抽出を行う。

+ は陽性、- は陰性、/ は検査不要を表す。

*CBH351 確認用プライマー対は以下の通りである。

F-primer (Cry9C-5') : 5'-TAC TAC ATC GAC CGC ATC GA-3'

R-primer (35Ster-3') : 5'-CCT AAT TCC CTT ATC TGG GA-3'

3. トウモロコシ半製品(コーングリッツ、コーンフラワー、コーンミール等)からのCBH351 トウモロコシの検知

試料について粉砕せず、そのまま230g採る他は1.1.ラテラルフロー法に従って行う。ラテラルフロー法により陽性の結果が得られた検体については、「2.1.DNA抽出精製」に従い2回並行でDNAを抽出し、DNA試料液を用いて更に2.2.の定性PCRを実施し、どちらか

の抽出液由来の PCR 増幅反応液において、陽性対照用プライマー対を用いたレーンで 157 bp の PCR 増幅バンドが検出され、CBH351 検出用プライマー対を用いたレーンで 170 bp の PCR 増幅バンドが検出された場合、陽性と判定する。

トウモロコシ (DAS59132) の検査方法

トウモロコシ穀粒について、DNA 抽出精製はシリカゲル膜タイプキット法 (DNeasy Plant Mini Kit, QIAGEN 社製) に従って、1 検体から 2 併行で DNA を抽出精製し、得られた DNA 試料液を用いて以下の定性リアルタイム PCR 法を実施する。なお、トウモロコシ陽性対照用プライマー対およびプローブは、トウモロコシに普遍的に存在する内在性遺伝子として、スターチシンターゼ IIb (SSIIb) 遺伝子を用い、同遺伝子を標的とするプライマー対 SSIIb-3 とプローブ SSIIb-Taq を用いる。

1. DNA 抽出精製

1.1. シリカゲル膜タイプの DNA 抽出精製キット法 (DNeasy Plant Mini Kit)

均質に粉碎した試料 2 g をポリプロピレン製遠沈管 (50 mL 容) に量り採り、あらかじめ 65 °C に温めておいた AP1 緩衝液^{*1} 10 mL と RNase A 20 µL を加え、試料塊がないようにボルテックスミキサーで激しく混合し、65 °C で 15 分間加温する。その間 2、3 回、遠沈管を反転させて試料を攪拌する。P3 緩衝液^{*2} 3,250 µL を加え、氷上に 10 分間静置した後、4,000 × g 以上、4 °C の条件で 20 分間遠心する^{*3}。次いでその上清 500 µL を QIAshredder spin column に負荷し、10,000 × g 以上で 4 分間遠心後、溶出液を遠沈管 (15 mL 容) に移す。この操作を再度繰り返した後、その溶出液の 1.5 倍量の AW1 緩衝液^{*4} を加える。その混合液 500 µL を mini spin column に負荷し、10,000 × g 以上で 1 分間^{*5} 遠心する。残りの混合液のうち、さらに 500 µL を同じ mini spin column に負荷し、同条件で遠心し溶出液を捨てる。最終的に混合液がすべてなくなるまで同様の操作を繰り返す。次いで AW2 緩衝液^{*6} 500 µL を負荷し、10,000 × g 以上で 1 分間^{*5} 遠心し、溶出液を捨てる。同様の操作を計 3 回繰り返す。溶出液を捨て、mini spin column を乾燥させるため、10,000 × g 以上で 20 分間遠心する。mini spin column をキットの遠沈管に移し、あらかじめ 65 °C に温めておいた滅菌蒸留水 70 µL を加え、5 分間静置した後、10,000 × g 以上で 1 分間遠心し DNA を溶出する。もう一度滅菌蒸留水を加え、同じ操作を行い、得られた溶出液を合わせ、DNA 試料原液とする。

*1 AP1 緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット (DNeasy Plant Mini Kit) 付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

*2 P3 緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット (DNeasy Plant Mini Kit) 付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

*3 遠心後の上清

上清を確認し、澄明でない場合には、同条件での遠心操作を再度繰り返し、以降の操作を行う。

*4 AW1 緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット (DNeasy Plant Mini Kit) 付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

る。

*5 遠心時間

mini spin column に負荷する液の性状により、カラムの通過に時間がかかることがある。すべての液がカラムを通過するのに必要な遠心時間を適宜、調整する。

*6 AW2 緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット (DNeasy Plant Mini Kit) 付属のもの、あるいは別途購入したものをを用いる。

1.2. DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存

DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存を行う。

DNA 試料原液の適当量を取り、滅菌蒸留水あるいは TE 緩衝液を用いて適宜希釈し^{*1}、200~320 nm の範囲で紫外外部吸収スペクトルを測定し、260 および 280 nm の吸光度 (A_{260} および A_{280} ^{*2}) を記録する。次いで A_{260} の値 1 を 50 ng/ μ L DNA として DNA 濃度を算出する。また A_{260}/A_{280} を計算する。この比が 1.7~2.0 になれば、DNA が十分に精製されていることを示す。得られた DNA 濃度から、DNA 試料原液を以後の試験に必要な濃度に水で希釈して DNA 試料液とし、20 μ L ごとにマイクロ試料管に分注し、-20 $^{\circ}$ C 以下で冷凍保存する。分注した DNA 試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA 試料原液の濃度が PCR で規定された濃度に達しないときは、そのまま DNA 試料液として用いる。

^{*1} 試験の目的により、DNA 試料原液は滅菌蒸留水もしくは TE 緩衝液で調製されている。希釈する場合には、DNA 試料原液の調製に使用した溶解液を用いる。また、希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量および濃度域が異なるため、適宜とする。

^{*2} A_{260} が DNA 由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。

2. 定性リアルタイム PCR 法 (ABI PRISMTM 7900、7500 または 7700)

2.1. PCR 用反応液の調製

PCR 用反応液は 25 μ L/well として調製する。その組成は以下のとおりである。Universal PCR Master Mix^{*1} 12.5 μ L、対象プライマー対溶液 (各プライマー、10 μ mol/L) 1.0 μ L^{*2}、対象プローブ溶液 (10 μ mol/L) 0.5 μ L^{*3} を混合し、滅菌蒸留水で全量 20 μ L に調製後、10 ng/ μ L DNA 試料液 5.0 μ L (50 ng) を添加する。PCR のブランク反応液として、必ず DNA 試料液を加えないものについても同時に調製する。分注操作終了後、真上からシール^{*4} し、完全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意し、専用のシーリング用アプリケーションターを用いて行う。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。プレートの確認後、ABI PRISM Optical Cover Compression Pad^{*5} を茶色の面が上になるよう、プレートの上面にセットする。試験は、1 DNA 試料液当たり 2 ウェル並行で行うものとし、PCR 用反応試薬は 2 ウェル分を同時

に調製する。

*1 Universal PCR Master Mix

本試薬は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCR がうまくいかない場合がある。使う直前には必ずボルテックスミキサーを用いて3秒程度混合した後、軽く遠心し、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

*2 対象プライマー対（各プライマーは水で溶解する。）

DAS59132 検知用プライマー対は以下のとおりである。

F-primer (32f) : 5'-CCG CAA TGT GTT ATT AAG TTG TCT AAG-3'

R-primer (32r) : 5'-GGT GAA TGT CGC CGT GTGT-3'

SSIIb 検知用プライマー対は以下のとおりである。

F-primer (SSIIb 3-5') : 5'-CCA ATC CTT TGA CAT CTG CTCC-3'

R-primer (SSIIb 3-3') : 5'-GAT CAG CTT TGG GTC CGGA-3'

なお、各プライマー濃度 (25 μmol/L) を用いる場合には 0.5 μL を加えること。

*3 対象プローブ（プローブは水で溶解する。）

DAS59132 検知用プローブは以下のとおりである。

5'-FAM-CAA TTT GTT TAC ACC AGA GGC CGA CACG-TAMRA-3'

SSIIb 検知用プローブ(SSIIb-Taq)は以下のとおりである。

5'-FAM-AGC AAA GTC AGA GCG CTG CAA TGC A-TAMRA-3'

*4 96 ウェルプレート、シールおよびシーリングアプリケーション

MicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate および MicroAmp Optical Adhesive Film (Thermo Fisher Scientific 社) を使用する。シーリングの詳細については、製品付属のマニュアルを参考のこと。

*5 MicroAmp Optical Film Compression Pad (Thermo Fisher Scientific社)

ABI PRISM™ 7900 の場合のみ使用する。なお、20 回以上の繰り返し使用は、定量結果に影響を及ぼす可能性があるため、避けること。

2.2. プレート情報の設定

反応に際しては、プレート情報の設定を行わなければならない。設定を行う項目は、検体の配置と種類および、プローブ特性である。具体的には新規シート上で、調製したプレートの配置に対応するように気を付けながら、検体の種類（「UNKN」: DNA 試料液）の設定を行う。また、プローブ特性に関しては、トウモロコシ陽性対照用、DAS59132 検出用ともに、Reporter が「FAM」、Quencher が「TAMRA」となるように設定する。なお、トウモロコシ陽性対照用、DAS59132 検出用ともに、Passive Reference を「ROX」と設定する。

2.3. PCR 増幅

装置にプレートを設定し、反応とデータの取込みを開始する。反応条件は以下のとおりである。50℃、2分間の条件で保持した後、95℃で10分間加温し、ホットスタート法で反応を開始する。その後、95℃で15秒、60℃で1分を1サイクルとして、40サイクルの増幅反応を行う。なお、反応条件の設定において9600 emulationモードのチェックを入れておく。Remaining timeが0分となっていることを確認し、反応を終了させた後、測定結果の解析を行う。

3. 結果の解析と判定 (図1参照)

DAS59132検知用試験およびトウモロコシ陽性対照用試験のいずれについても、結果の判定はAmplification plot上で指数関数的な増幅曲線とCq値の確認、および、multicomponent上での対象色素由来の蛍光強度 (FAM) の指数関数的な明確な増加の確認をもって行う。

まず目視でAmplification plot上にDAS59132の指数関数的な増幅曲線が確認された場合には、DAS59132陽性を疑う。次いで、ベースラインを(3サイクルから15サイクル)設定し、 ΔRn のノイズ幅の最大値の上側で、安定した指数関数的な増幅曲線上で交わるThreshold line (Th. line)として0.2に設定する。ただし、Th. lineがノイズや指数関数的でない増幅曲線と交わる場合は、それらと交わらないようTh. lineを適宜設定する。そのTh. lineからCq値が得られるか否かを解析する。

2併行抽出より得られたDNA試料液(1抽出あたり2ウェル並行で測定)の合計4ウェルすべてを用いて判定する。

DNA試料液において

- (1) トウモロコシ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで38未満のCq値が得られ、かつDAS59132検知用試験ですべてのウェルで38未満のCq値が得られた場合当該試料は陽性と判定する。
- (2) トウモロコシ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで38未満のCq値が得られ、かつDAS59132検知用試験のすべてのウェルで38未満のCq値が得られない場合は陰性と判定する。
- (3) トウモロコシ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで38未満のCq値が得られ、かつDAS59132検知用試験において、すべてのウェルで一致した結果が得られない場合は、粉碎・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。2回目のDNA試料液を用いた場合でも陽性の判定が得られない場合には、DAS59132陰性と判定する。

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液(各2ウェル)について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液(合計4ウェル)について陽性と判定された検体

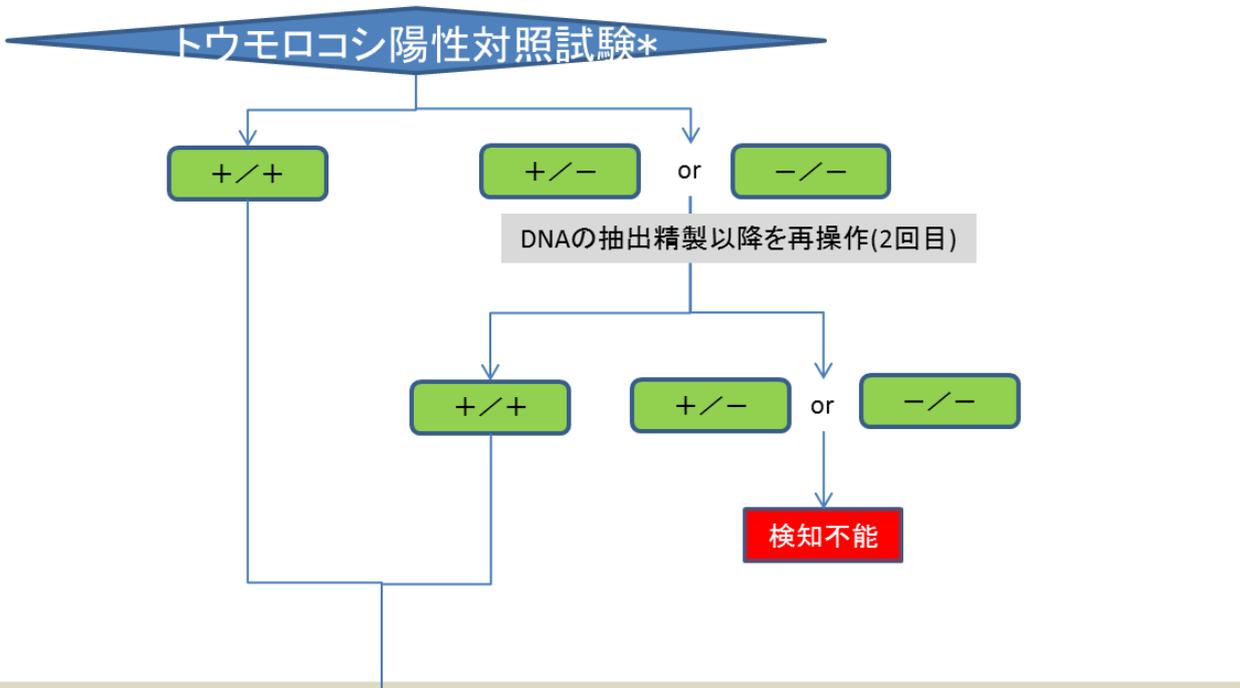
を陽性と判断する。

なお上記判定によりDAS59132陽性が判定された結果についてmulticomponentを解析し、目視でFAMの蛍光強度の指数関数的な増加が観察でき、ROXの蛍光強度の明確な下降やFAMの蛍光強度の緩やかな上昇がないことを確認する。

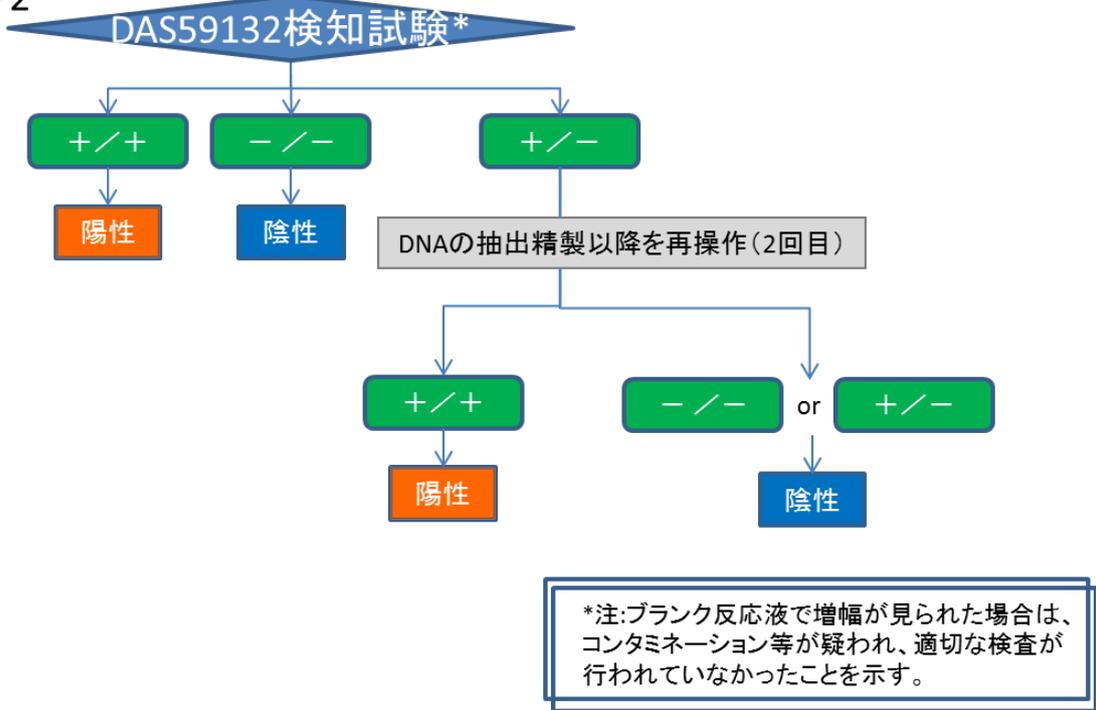
また、トウモロコシ陽性対照用試験ですべてのウェルで38未満のCq値が得られないDNA試料液については、再度、検体からの「1. DNA抽出精製」以降の操作を行い、それでもすべてのウェルで38未満のCq値が得られない場合には、本試料からの検知は不能とする。

図1 結果の判定スキーム

STEP1



STEP2



*注:ブランク反応液で増幅が見られた場合は、コンタミネーション等が疑われ、適切な検査が行われていなかったことを示す。

ナタネ (RT73 *B. rapa*) の検査方法

本検査法ではナタネ穀粒を検査対象とし、DNA抽出精製は、以下のシリカゲル膜タイプキット法 (NIPPON GENE GM quicker 2) を用いる。1 検体から2 併行でDNAを抽出精製し、各抽出DNA試料液を用いて定性リアルタイムPCR法を実施する。

除草剤耐性の遺伝子組換えナタネであるRT73 *Brassica rapa* (RT73 *B.rapa*) は、我が国において安全性審査が終了した除草剤耐性RT73 *Brassica napus* (RT73 *B.napus*) と非遺伝子組換えナタネ (*B.rapa*) が交配し作出された遺伝子組換えナタネである。そのためRT73 *B.rapa* を検知するためには、1つの穀粒において*B.rapa* と*B.napus* の識別検査と遺伝子組換えナタネの特異的領域の検査をする必要がある。従って、以下の1.のスクリーニング検査を行った後、*B. rapa* の混入と遺伝子組換えナタネの特異的領域が検知された場合は、
2.の粒確認検査を行って判定する。

1. スクリーニング検査

1.1. DNA 抽出精製法

ナタネからのDNA 抽出精製は、シリカゲル膜タイプキット法 (NIPPON GENE GM quicker 2) を用いる。1 検体から2 併行でDNAを抽出精製し、各DNA 試料液を用いて以下の定性リアルタイムPCR法を実施する。均質に粉碎した試料200 mg を2 mL 容チューブに量り採り、GE1 緩衝液^{*1} 800 µL、Proteinase K 20 µL、RNase A 10 µL を加え、試料塊がないようにボルテックスミキサーで30 秒間混合した後^{*2}、65 °C 15 分間静置する。GE2-K 緩衝液^{*3*4} 100 µLを加え、ボルテックスミキサーで混合する。13,000 × g 以上、4 °Cの条件で5 分間遠心^{*5} する。次いでその上清^{*6} 350 µL を1.5 mL 容チューブに移し、GB3 緩衝液 130 µL およびイソプロパノール 130 µL を添加した後、10~12 回転倒混合する^{*7}。混合液610 µL (全量) をspin column に負荷した後、13,000 × g以上、4 °Cの条件で30 秒間遠心し、溶出液を捨てる。次いでGW 緩衝液 650 µL を負荷し、13,000 × g 以上、4 °Cの条件で1 分間遠心し、溶出液を捨てる。spin column を新たな1.5 mL容チューブに移し、滅菌蒸留水 50 µL を加え室温で3 分間静置した後、13,000 × g 以上で1 分間遠心し、得られた溶出液をDNA試料原液^{*8} とする。

*1 GE1緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット (NIPPON GENE GM quicker 2) 付属のもの、あるいは別途購入したものをを用いる。

*2 攪拌操作が不十分であると、DNA の収量が著しく減少する。ボルテックスミキサー回転部に対して 2 mL 容チューブを垂直にあて、そのまま30 秒間しっかりと攪拌する。攪拌が不十分な場合はさらに30~60 秒間攪拌する。

*3 GE2 緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット（NIPPON GENE GM quicker 2）付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

*4 発生した泡がチューブ内に残っていても、続けてGE2-K緩衝液を添加することが可能である。抽出液には粘性が生じているので、添加したGE2-K緩衝液が十分に均一となるよう混合する。

*5 使用するローターおよび2 mL 容チューブの特性を考慮したうえで、g が最大となるように遠心条件を設定する。

*6 上清を回収する際は、可能な限り沈殿や浮遊物等を取らないように注意する。

*7 GB3緩衝液を添加し、続いてイソプロパノールを添加した後に、攪拌操作を行う。析出物が生じて白濁している場合は、液が透明になるまで十分転倒混合する。

*8 DNA 試料原液を滅菌蒸留水で10 ng/μLに調製し、DNA試料液とする。

1.2. 定性リアルタイムPCR法（ABI PRISM™ 7900又はABI PRISM™7500）

定性リアルタイムPCR法において用いるプライマー対およびプローブは、以下の通りである。各プライマーは水で溶解し、使用する。

B. rapa 識別試験

B. rapa 識別用プライマー対,プローブ

B. rapa 識別試験は、*B. rapa* acetyl CoA carboxylase（ACCg8）遺伝子配列および *B. napus* cruciferin（BnC1）遺伝子配列を検知するプライマー対とプローブを用いる。

ACCg8 検出用プライマー対,プローブ

B.rapa-ACCg8 F: 5'-GGT TAT ATA CGG CTT TGT GGT TGC-3'

B.rapa-ACCg8 R: 5'-AAC ATC AGG CTG TCC AAG AAA GAT-3'

B.rapa-ACCg8: 5'-VIC-CTA TGT CTG AGG AAT TAT AA-MGB-3'

BnC1 検出用プライマー対,プローブ

B.napus BnC1-969F: 5'- GAA GCT CTC CTT CGT GGC TAAA-3'

B.napus BnC1-1043R: 5'- TCA CGA ATT TGA ATC TCG ATA CTCA-3'

B.napus BnC1-994T: 5'-FAM-ACG TGA ATC TGA TTT TGA-MGB-3'

RT73 検出試験

RT73検出用プライマー,プローブ

RT73 検出試験はRT73 検出用プライマー対とプローブと、ナタネ陽性対照用として acyl-ACP thioesterase（FatA）遺伝子配列を検知するプライマー対とプローブを用いる。

RT73 検出用プライマー対,プローブ

RT73 Primer1: 5'-CCA TAT TGA CCA TCA TAC TCA TTG CT-3'

RT73 Primer2: 5'-GCT TAT ACG AAG GCA AGA AAA GGA-3'

RT73 Probe: 5'-FAM-TTC CCG GAC ATG AAG ATC ATC CTC CTT-TAMRA-3'

FatA 検出用プライマー対,プローブ

FatA Primer1: 5'-GGT CTC TCA GCA AGT GGG TGAT-3'

FatA Primer2: 5'-TCG TCC CGA ACT TCA TCT GTAA-3'

FatA Probe: 5'-VIC-ATG AAC CAA GAC ACA AGG CGG CTT CA-TAMRA-3'

1.2.1. PCR用反応液の調製

PCR 用反応液は25 μL /well として調製する。組成は以下のとおりである。Universal PCR MasterMix^{*1} 12.5 μL 、対象プライマー対溶液（各プライマー、50 $\mu\text{mol/L}$ ）0.25 μL 、対象プローブ溶液（10 $\mu\text{mol/L}$ ）0.5 μL を混合し、滅菌蒸留水で全量22.5 μL に調製後、DNA 試料液2.5 μL （スクリーニング試験ではDNA 試料液10 ng/ μL を用いる）を添加する^{*2*3}。分注操作終了後、真上からシール^{*4} し、完全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意し、専用のシーリング用アプリーケーターを用いて行う。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。プレートの確認後、MicroAmp Optical Film Compression Pad^{*5} を茶色の面が上になるよう、プレートの上面にセットする。1 DNA 試料液あたり*B. rapa* 識別試験とRT73 検出試験の2 試験を行うものとし、*B. rapa* 識別試験はACCg8 とBnC1の各プライマー対とプローブを混合してリアルタイムPCR を行い、RT73 検出試験はRT73とFatA の各プライマー対とプローブを混合して

リアルタイムPCRを行う。スクリーニング試験は、1 DNA 試料液あたり*B. rapa* 識別試験の2 ウェル並行、RT73検出試験の2 ウェル並行で行うものとする^{*6}。

*1 Universal PCR Master Mix

本試薬は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCR がうまくいかない場合がある。使う直前には必ずボルテックスミキサーを用いて3秒程度混合した後、軽く遠心し、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

*2 粒検査試験では濃度未調整のDNA 試料原液を2.5 μL 用いる。

*3 検体試料液（測定対象）の他に3種のControl すなわちNon-Template Control (NTC) 1 ウェル分、*B. rapa* Positive Control 1 ウェル分および*B. napus* Positive Control 2 ウェル分についてもそれぞれ調製する。DNA試料液の添加の際、NTCには水を、*B. rapa* Positive Control には*B. rapa* 標準プラスミドを、*B. napus* Positive Control には *B. napus* 標準プラスミドを、それぞれのウェルに2.5 μL 、DNA試料液の代わりに添加する。

*4 96 ウェルプレート、シールおよびシーリングアプリーケーター

MicroAmp Optical 96-Well Reaction PlateおよびMicroAmp Optical Adhesive Film（Thermo Fisher Scientific社）を使用する。シーリングの詳細については製品付属のマニュアルを参考のこと。

*5 MicroAmp Optical Film Compression Pad（Thermo Fisher Scientific社）

ABI PRISM™ 7900の場合のみ使用する。ABI PRISM™ 7500では使用しない。

*6 粒確認試験では*B. rapa* 識別試験、RT73検出試験ともにそれぞれ 1 ウェルで行う。

1.2.2. プレート情報の設定

反応に際しては、プレート情報の設定を行わなければならない。設定を行う項目は、検体の配置と種類および、プローブ特性である。具体的には新規シート上で、調製したプレートの配置に対応するように気を付けながら、検体の種類（「NTC」：Non-Template Control、「UNKN」：DNA 試料液）の設定を行う。またプローブ特性に関しては、ACCg8 検出用はReporter が「VIC」、Quencher が「Non Fluorescent」に、BnC1 は Reporter が「FAM」、Quencher が「Non Fluorescent」に、RT73 検出用はReporter が「FAM」、Quencher が「TAMRA」に、FatA 検出用はReporter が「VIC」、Quencher が「TAMRA」となるように設定する。なお、*B. rapa* 識別試験、RT73 検出試験ともに、Passive Reference を「ROX」と設定する。

1.2.3. PCR増幅

装置にプレートをセットし、反応とデータの取り込みを開始する。反応条件は以下のとおりである。50 °C、2 分間の条件で保持した後、95 °Cで10分間加温し、ホットスタート法で反応を開始する。その後、95 °Cで15秒、60 °Cで1 分30 秒を1サイクルとして、40サイクルの増幅反応を行う。反応終了後、Remaining timeが0分となっていることを確認し、測定結果の解析を行う。

1.2.4. End-point解析（ABI PRISM™ 7900）

B. rapa 識別試験に関してはリアルタイムPCR反応終了後、直ちにEnd-point解析を行う。サンプルはリアルタイムPCR反応が終了したプレートをそのまま用いる。[Marker Manager]ダイアログにおいて、DetectorにはリアルタイムPCRで設定した『ACCg8』、『BnC1』を選択し設定を行う。この設定条件で測定を開始し読み取り終了後、[System Table Pane]に表示されたACCg8、BnC1のRn値をそれぞれの蛍光強度として結果の解析を行う。

1.2.5. End-point解析（ABI PRISM™7500）

B. rapa 識別試験に関してはリアルタイムPCR反応終了後、直ちにEnd-point試験を行う。サンプルはリアルタイムPCR反応が終了したプレートをそのまま用いる。[Select Markers]ダイアログにおいて、DetectorにはリアルタイムPCRで設定した『ACCg8』、『BnC1』を選択し設定を行う。この設定条件で測定を開始し読み取り終了後、[Report]タブに表示されたACCg8、BnC1のRn値をそれぞれの蛍光強度として結果の解析を行う。

1.3. 結果の解析と判定 (図1参照)

2併行抽出より得られたDNA試料液 (1抽出あたり2ウェル並行で測定) の合計4ウェルすべてを用いて判定する。1 DNA 試料液あたり*B. rapa* 識別試験の2 ウェル並行、RT73 検出試験の2 ウェル並行で行うものとする。

B. rapa 識別試験についてはEnd-point解析の結果により判定を行い、RT73検出試験については明確な増幅曲線の有無で判定を行う。*B. rapa* の混入が判断され、かつRT73が検出された場合のみ2.の粒確認検査を実施する。

B. rapa 識別試験のEnd-point解析結果で、DNA試料液のACCg8 (VIC) の蛍光強度 (2 ウェルの結果の平均値) と*B.napus* Positive ControlのACCg8 (VIC) の蛍光強度 (2 ウェルの結果の平均値) との比が2.04以上 (ABI PRISM™ 7900) , 1.40以上 (ABI PRISM™ 7500) の場合、*B. rapa* が混入していると判断する。

また、RT73検出試験については、Amplification plot上で指数関数的な増幅曲線とCq値の確認およびmulticomponent上での対象色素由来の蛍光強度 (FAM) の指数関数的な明確な増加の確認をもって行う。第一に目視でAmplification plot上に指数関数的な増幅曲線が確認された場合にRT73陽性を疑う。次いで、ベースラインを (3サイクルから15サイクル) 設定し、 ΔRn のノイズ幅の最大値の上側で、安定した指数関数的な増幅曲線上で交わるThreshold line (Th. line) として0.2に設定する。ただし、Th. lineがノイズや指数関数的でない増幅曲線と交わる場合は、それらと交わらないようTh. lineを適宜設定する。そのTh.LineからCq値が得られるか否かを解析する。

DNA試料液において、

- (1) FatA検出用プローブ (VIC) を用いた試験のすべてのウェルで38未満のCq値が得られ、かつ同時に行ったRT73検出用プローブ (FAM) を用いた試験のすべてのウェルで38未満のCq値が得られた場合にRT73陽性と判定する。
- (2) FatA検出用プローブ (VIC) を用いた試験のすべてのウェルで38未満のCq値が得られ、RT73検出用プローブ (FAM) を用いた試験のすべてのウェルで38未満のCq値が得られない場合はRT73陰性と判定する。
- (3) FatA検出用プローブ (VIC) を用いた試験で38未満のCq値が得られ、RT73検出用プローブ (FAM) を用いた試験で38未満のCq値がすべてのウェルで一致した結果が得られない場合は、改めて2 回目のDNA抽出精製を行い、さらに「1.2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。2 回目のDNA試料液を用いた場合でも陽性の判定が得られない場合には、陰性と判定する。

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液 (各2ウェル) について、結果の判定スキームに従って判定し、*B.rapa*識別試験およびRT73検出試験の両方について陽性と判定された検体を陽性と判断し、さらに、2.の粒確認試験を行う。

なお上記判定によりRT73陽性が判定された結果についてmulticomponentを解析し、目視でFAMあるいはVICの蛍光強度の指数関数的な増加が観察でき、ROXの蛍光強度の明確な

下降やFAMあるいはVICの蛍光強度の緩やかな上昇がないことを確認する。また、FatA検出用プローブを用いた試験（VIC）で38未満のC_q値が得られないウェルについては、再度、リアルタイムPCRを用いた定性PCR法以降の操作を行い、それでも38未満のC_q値が得られない場合には、本試料からの安全性未審査の組換えDNA技術応用食品の検知は不能とする。

2. 粒確認検査

1.のスクリーニング検査において*B. rapa* の混入とRT73の増幅が確認された場合、当該検体の粒試料から無作為に92粒を採取し、各粒毎にDNA抽出を行い、各DNA試料原液を対象に上記の1.のスクリーニング検査における1.2.の定性リアルタイムPCR法（*B. rapa* 識別試験とRT73検出試験）を行う。

2.1. DNA抽出精製法（1粒抽出）

ナタネ粒からのDNA抽出精製は、シリカゲル膜タイプキット法（NIPPON GENE GM quicker 96ナタネに適用）を用いる。抽出するにあたり事前にナタネを洗浄しておく必要がある、洗浄方法は以下に示す。ナタネの入ったビーカーに10% SDSを加え、スパーテルで攪拌し、SDSを破棄する、この工程を3回行う。次にビーカーに超純水を加えてすすぎ洗いし、超純水を破棄する、この工程も3回行う。洗浄後、粉碎用プレート（RCD-96）の各ウェルにナタネを1粒ずつ入れ、65℃に設定した恒温槽で1時間乾燥させる。十分にナタネが乾燥したら、粉碎用プレートの各ウェルにメタルコーン（MC-96415R）を1つずつ入れCPD-96でフタをした後、MULTI-BEADS SHOCKER（安井器械）を用いて1,500 rpmの条件で20秒間粉碎する*1。粉碎後、粉碎用プレートにGE1緩衝液*2 500 µL、Proteinase K 20 µL、RNase A 10 µLを加え、MULTI-BEADS SHOCKERにセットし1,500 rpmの条件で15秒間混合する。プレートごと65℃で15分間静置する*3。GE2-K緩衝液*4*5 85 µLを加え、MULTI-BEADS SHOCKERにセットし1,500 rpmの条件で15秒間混合し、METALFUGE（安井器械: MBG 100）で2,900 rpmの条件で5分間遠心する。次いでその上清*6

400 µLを、コレクションプレートをセットしたフィルタープレート*7に添加し、METALFUGEで2,900 rpmの条件で5分間遠心する。コレクションプレートの各ウェルにGB3緩衝液 150 µL およびイソプロパノール 150 µLを添加した後、ピペッティングして混合する*8。混合液700 µL（全量）を、コレクションプレートをセットしたspin columnプレートに負荷した後、METALFUGEで2,900 rpmの条件で5分間遠心し、コレクションプレートに溜まった溶出液を捨てる。次いでGW緩衝液650 µLを負荷し、METALFUGEで2,900 rpmの条件で5分間遠心し、溶出液を捨てる。spin columnプレート内のエタノールを完全に除去するため、METALFUGEで2,900 rpmの条件で20分間遠心する。spin columnプレートを新たなコレクションプレートに移し、滅菌蒸留水 50 µLを加え室温で3分間静置した後、METALFUGEで2,900 rpmの条件で5分間遠心し、得られた溶出液をDNA試料

原液とする。

*1 粉碎後、METALFUGE（安井器械）を用いてプレートごと2900 rpm の条件で1 分間スピンドアウンすることで、フタに付着したサンプルを落としコンタミネーションを予防する。

*2 GE1緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット（NIPPON GENE GM quicker 96）付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

*3 65 °Cで静置する際、ウェル内の空気が膨張してフタが開きやすくなりコンタミネーションが起こる可能性がある。これを防ぐため、しっかりとフタをし、プレートごとラップで覆うなどする。

*4 GE2緩衝液

シリカゲル膜タイプのキット（NIPPON GENE GM quicker 96）付属のもの、あるいは別途購入したものを用いる。

*5 泡が他のウェルに混入するのを防ぐため、フタを空ける前にMETALFUGE（安井器械）を用いてプレートごと2900 rpm の条件で 1 分間スピンドアウンすることで、フタに付着した泡を消しコンタミネーションを予防する。抽出液には粘性が生じているので、添加したGE2-K緩衝液が十分に均一となるよう混合する。

*6 沈殿や浮遊物等を可能な限り取らないように上清を回収する。

*7 フィルタープレートはWhatmanの容量800 µL、ポアサイズ0.45 µLのポリプロピレンフィルターを使用する。

*8 GB3緩衝液を添加し、続いてイソプロパノールを添加した後に、攪拌操作を行う。析出物が生じて白濁している場合は、液が透明になるまで十分転倒混合する。

2.2. 結果の解析と判定（図1参照）

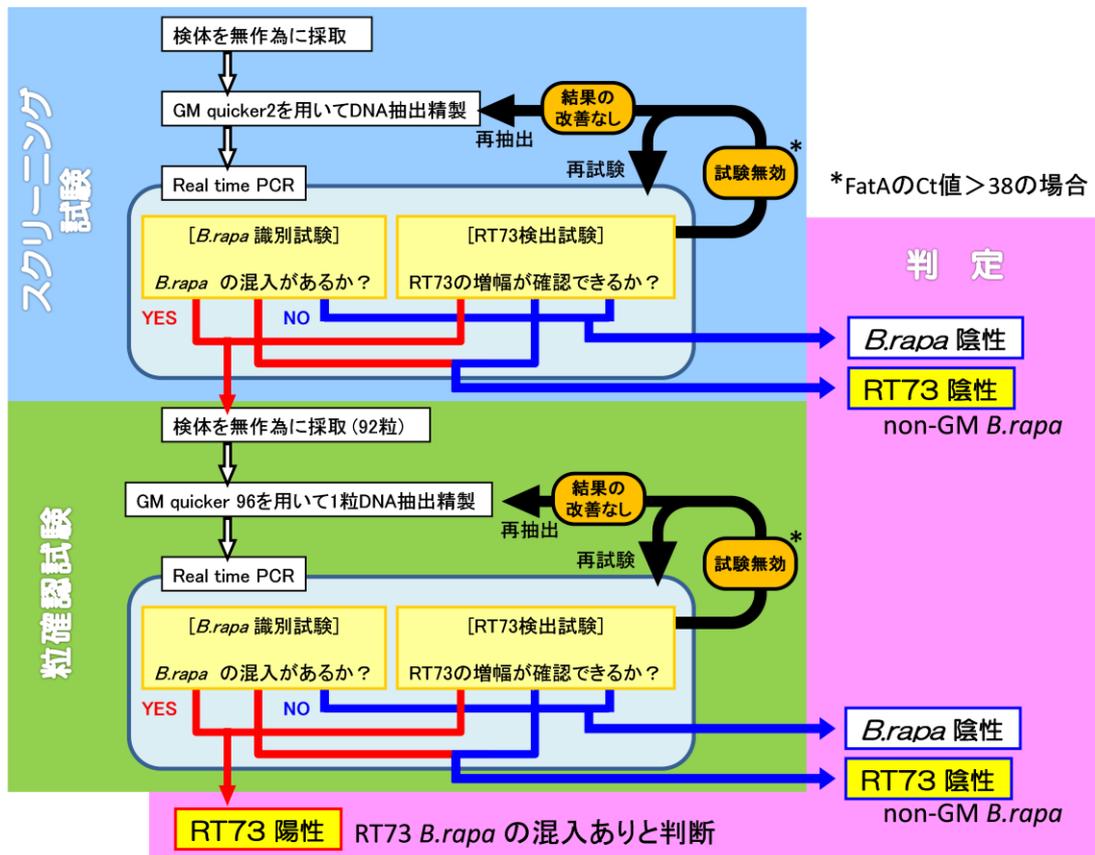
各DNA試料原液における結果の判定は、*B. rapa* 識別試験についてはEnd-point解析の結果により判定を行い、RT73検出試験については明確な増幅曲線の有無で判定を行う。*B. rapa*であると判断され、かつRT73が検出された検体はRT73 *B. rapa*であると判定する。

B. rapa 識別試験のEnd-point解析結果で、DNA試料原液のACCg8（VIC）の蛍光強度と*B. napus* Positive ControlのACCg8（VIC）の蛍光強度（2ウェルの結果の平均値）との比が2.63以上（ABI PRISM™ 7900）、1.69以上（ABI PRISM™ 7500）で、BnC1（FAM）の蛍光強度と*B. napus* Positive Controlの蛍光強度（2ウェルの結果の平均値）の比が0.28以下（ABI PRISM™ 7900）、0.35以下（ABI PRISM™ 7500）の場合、そのDNA試料原液は*B. rapa*であると判断し、当該DNA試料原液のRT73の検出を確認する。RT73検出試験については、Amplification plot上で指数関数的な増幅曲線とCq値の確認およびmulticomponent上での対象色素由来の蛍光強度（FAM）の指数関数的な明確な増加の確認をもって行う。第一に目視でAmplification plot上に指数関数的な増幅曲線が確認された場合にRT73陽性を疑う。次いで、ベースラインを（3サイクルから15サイクル）設定し、 ΔRn のノイズ幅の最大値の上側で、安定した指数関数的な増幅曲線上で交わるThreshold line（Th. Line）として0.2に設定する。ただし、Th. lineがノイズや指数関数的でない増幅曲線と交わる場合

は、それらと交わらないようTh. lineを適宜設定する。そのTh. LineからCq値が得られるか否かを解析する。FatA検出用プローブ（VIC）を用いた試験で38未満のCq値が得られ、かつ同時に行ったRT73検出用プローブ（FAM）を用いた試験で、38未満のCq値が得られた場合、RT73陽性と判定する。FatA検出用プローブ（VIC）を用いた試験で38未満のCq値が得られ、RT73検出用プローブ（FAM）を用いた試験で38未満のCq値が得られない場合はRT73陰性と判定する。また、FatAの1.3倍以上のCq値がRT73検出用プローブ（FAM）で得られた場合は、他の粒の粉砕物のコンタミネーションが起こっていると判断し、当該DNA試料原液はRT73陰性と判定する。なお上記判定によりRT73陽性が判定された結果についてmulticomponentを解析し、目視でFAMあるいはVICの蛍光強度の指数関数的な増加が観察でき、ROXの蛍光強度の明確な下降やFAMあるいはVICの蛍光強度の緩やかな上昇がないことを確認する。また、FatA検出用プローブを用いた試験（VIC）で38未満のCq値が得られないDNA試料原液については、再度、当該DNA試料原液に対して定性リアルタイムPCR法以降の操作を行い、それでも同様の結果の場合には、そのDNA試料原液での結果を無効とする。92粒のDNA試料原液中で90粒以上のDNA試料原液でFatA検出用プローブ（VIC）を用いた試験で38未満のCq値が得られる場合は、本試験は成立する。再度リアルタイムPCRを行い、それでもFatAで38未満のCq値が得られたDNA試料原液が89粒以下の場合、本試験は不成立として、改めて92粒を無作為に採取し、「2.1. DNA抽出（1粒抽出）」以降から行う。

B. rapa 識別試験において*B. rapa*と判断され、かつRT73検出試験においてRT73陽性と判断されたDNA試料原液が1検体でもある場合は、当該検体はRT73 *B. rapa*陽性と判定する。

図1. RT73 *B.rapa*検査システムのフロー



パパイヤ（PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN）の検査方法

本法では生鮮パパイヤおよびパパイヤ加工食品を検査対象とし、DNA抽出精製は、以下の陰イオン交換樹脂タイプキット法（QIAGEN Genomic-tip 100/G）を用いる。別法として、シリカゲル膜タイプ法（DNeasy Plant Mini Kit, QIAGEN社製）を使用したDNA抽出精製を生鮮パパイヤおよび乾燥パパイヤなど加工度の低い製品*に適用できる。1検体から2併行でDNAを抽出精製し、DNA試料液を得る。そのDNA試料液を用いて定性リアルタイムPCR法を実施する。

*繰り返し検査に必要な十分量のDNAが抽出精製できるもの。

1. 生鮮パパイヤおよびパパイヤ加工食品からのDNA抽出精製

生鮮パパイヤおよびパパイヤ加工食品は以下の7種類の製品に細分類し、以下に示したそれぞれの試料前処理プロトコルに従ってDNA抽出精製前の試料調製を行う。

- ① 生鮮および調味漬け製品（生鮮パパイヤ、缶詰、漬物など乾固されていないある程度パパイヤの原型を保持している試料）
- ② 乾物製品（乾燥パパイヤ）
- ③ 砂糖漬け乾燥製品（ドライフルーツ）
- ④ 乾燥製品（健康食品、お茶など）
- ⑤ 果肉含有ゲル状製品（ジャム、ピューレなど）
- ⑥ 果汁・飲料製品（フルーツミックスジュース、ドリンク剤など）
- ⑦ 氷菓等製品（アイス、シャーベットなど）

1.1. 試料前処理

1.1.1. 生鮮および調味漬け製品

製品から目視でパパイヤと判断されるもののみを全て取り出し（生鮮パパイヤについては種子・果皮を除いた果肉部分）、その重量の2倍以上の滅菌蒸留水で3回洗浄した後、よく水分をきり、Millser等で粉砕する（生鮮パパイヤに関しては果肉を洗浄せず粉砕する）。粉砕した試料10gをポリプロピレン製遠沈管（50 mL容）に量りとり、G2緩衝液* 30 mLを加え、よく転倒混和して均質にする。

1.1.2. 乾物製品

製品から目視でパパイヤと判断されるもののみを全て取り出し、Millser等で粉砕する。粉砕した試料2gをポリプロピレン製遠沈管（50 mL容）に量りとり、G2緩衝液* 30 mLを加え、よく転倒混和して均質にする。

1.1.3. 砂糖漬け乾燥製品

製品から目視でパイヤと判断されるもののみを全て取り出し、その重量の2倍以上の滅菌蒸留水で3回洗浄した後、等重量分の滅菌蒸留水を加え、Millser等で粉砕する。粉砕した試料10gをポリプロピレン製遠沈管（50 mL容）に量りとり、G2緩衝液* 30 mLを加え、よく転倒混和して均質にする。

1.1.4. 乾燥製品

Millser等で粉砕し均質にした試料2gをポリプロピレン製遠沈管（50 mL容）に量りとり、G2緩衝液* 30 mLを加え、よく転倒混和して均質にする。

1.1.5. 果肉含有ゲル状製品

Millser等で粉砕し均質にした試料10gをポリプロピレン製遠沈管（50 mL容）に量りとり、G2緩衝液* 30 mLを加え、よく転倒混和して均質にする。

1.1.6. 果汁・飲料製品

開封前によく転倒混和して均質にした製品100 mLをメスシリンダーで量りとり、凍結乾燥用容器（500 mL容量）に移し、傾けた状態で-80°C冷凍庫中で2時間凍結させる。その後、凍結乾燥機にセットし、24時間乾燥後、試料30gを乳鉢に量りとりG2緩衝液* 20 mLに乳棒を用いて溶解させる。次いで全量をポリプロピレン製遠沈管（50 mL容）に移し、乳鉢と乳棒の残存試料を新たにG2緩衝液* 10 mLを追加し洗いいれ、よく転倒混和して均質にする。

1.1.7. 氷菓等製品

試料100gを凍結乾燥用容器に量りとり、24時間凍結乾燥する。その後、試料10gを先にG2緩衝液* 30 mLを入れたポリプロピレン製遠沈管（50 mL容）に少しずつ加えながら溶解させ、よく転倒混和して均質にする。

* G2緩衝液はQIAGEN社（Cat. No. 19060）に付属しているが、足りない場合には単品で購入するかキットの説明書に従って調製可能である。

1.2. パパイヤ試料からのDNA抽出精製

1.2.1. DNAの抽出精製

1.2.1.1. 陰イオン交換樹脂タイプキット法（QIAGEN Genomic-tip 100/G）

DNA 抽出用試料に、100 mg/mL RNase A^{*1} 20 µL、cellulase^{*2} 500 µL を加えて（なお、⑤ 果肉含量ゲル状製品のジャム製品に限り、α-Amylase^{*3} 20 µL も同時に加える）、転倒混合し均質化した後、50 °C で1時間放置する。その間2~3回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。次いで Proteinase K^{*4} 200 µL を加え 50 °C で1時間放置する。その間も2~3回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。次いで、その遠沈管を 3,000 × g、低温下（4 °C）、20 分間遠心し、得られた上清（約 25~35 mL）を採取し、あらかじめ QBT 緩衝液^{*5} 4 mL を用い平衡化した QIAGEN Genomic-tip 100/G に負荷する。次いで、100/G を QC 緩衝液^{*5} で 7.5 mL ずつ 3 回洗浄した後、あらかじめ 50 °C に温めておいた QF 緩衝液^{*5} 1 mL を負荷し、はじめの溶出液は捨てる。新しい遠沈管に移し、再度 50 °C に温めておいた QF 緩衝液^{*5} 2 mL を負荷し、DNA を溶出する。溶出液と等量のイソプロピルアルコールを加えよく混合し、遠沈管（1.5 mL もしくは 2.0 mL 容）に移し、10,000 × g 以上で、低温下（4 °C）15 分間遠心する。上清を捨てる。この際、上清を極力除去する^{*6}。70%エタノール 1 mL を加え、さらに 10,000 × g 以上で、低温下（4 °C）5 分間遠心する。さらに上清を捨て^{*6}、残った沈殿を、乾燥させた後、予め 50 °C に温めた滅菌蒸留水 70 µL に溶解し、DNA 試料原液とする。

^{*1} QIAGEN 社（Cat. no. 1018048）のもの又は同等の効力を持つものを用いる。

^{*2} Sigma-Aldrich 社（Cat. no. C2730-50ML）のもの又は同等の効力を持つものを用いる。

^{*3} ニッポンジーン社（Cat. no. 312-06671）のもの又は同等の効力を持つものを用いる。

^{*4} Promega 社（Cat. no. V3021）100 mg を滅菌水 5 mL に溶解したもの又は同等の効力を持つものを用いる。

^{*5} QBT 緩衝液、QC 緩衝液および QF 緩衝液は QIAGEN 社（Cat. No. 19060）に付属しているが、足りない場合には単品で購入するかキットの説明書に従って調製可能である。

^{*6} 沈殿物が見えない場合でも、遠沈管内の底部付近にはできるだけ触れないように、上清を除去する。

1.2.1.2. シリカゲル膜タイプキット法（DNeasy Plant Mini Kit, QIAGEN 社製）

採取したパパイヤから種子を除いた果肉部分をおよそ 10 mm 角に切り出し、凍結乾燥を行う。次にミルサー等でこれらを混合し、粉碎する。粉碎試料を用い、以下の方法に従って DNA を抽出精製する。

粉碎試料 80 mg をマイクロ遠沈管（2 mL 容）に量り採り、あらかじめ 65 °C に温めておいた AP1 緩衝液 600 µL と RNase A^{*1} 4 µL を加え、試料塊がないよう混合し、65 °C で 15 分間放置する。その間数回遠沈管を反転させ試料を攪拌する。その後 P3 緩衝液 195 µL を加え、氷上に 5 分放置後、室温下 10,000 × g で 5 分間遠心する。上清を QIAshredder spin column に負荷し、室温下 10,000 × g で 2 分間遠心し、溶出液をマイクロ遠沈管（2 mL 容）に移す。遠沈管に 1.5 倍量の AW1 緩衝液を加え、10 秒間ボルテックスミキサーで攪拌した後、得られた混合液のうち 500 µL を mini spin column に負荷し、室温下 10,000 × g で 5 分間遠心し^{*2}、溶出液を捨てる。次いで、残りの混合液のうち、さらに 500 µL を同じ mini spin column に負荷し、同条件で遠心し溶出液を捨てる。最終的に混合液がすべてなくなるまで同様の操作を繰り返す。次いで、column に AW2 緩衝液 500 µL を加え、室温下 10,000 × g で 5 分間遠心し、溶出液を捨てもう一度 AW2 緩衝液

を加え、同じ操作を繰り返す。溶出液を捨て、mini spin column を乾燥させるため、 $10,000 \times g$ 以上で15分間遠心する。mini spin column をキットの遠沈管に移し、あらかじめ 50°C 温めておいた水 $50 \mu\text{L}$ を加え、5分間放置した後、 $10,000 \times g$ で1分間遠心しDNAを溶出する。もう一度水を加え、同様の操作を行い、得られた溶出液を合わせ、DNA 試料原液とする。

*¹ QIAGEN 社 (Cat. no. 1018048) のもの又は同等の効力を持つものを用いる。

*² 混合液中に析出物が有る場合columnが詰まりやすくなる。その場合、完全に溶出させるため遠心時間を10分程度まで延ばす。

1.2.2. DNA試料原液中のDNAの純度の確認並びにDNA試料液の調製と保存

DNA試料原液の適当量を取り、滅菌蒸留水を用いて適宜希釈^{*1}し、 $200\sim 320 \text{ nm}$ の範囲で紫外部吸収スペクトルを測定し、 260 および 280 nm の吸光度^{*2}(A_{260} および A_{280})を記録する。次いで A_{260} の値 1 を $50 \text{ ng}/\mu\text{L}$ DNAと換算し、DNA濃度を算出する。また A_{260}/A_{280} を計算する。この比が $1.7\sim 2.0$ になれば、DNAが十分に精製されていることを示す^{*3}。得られたDNA濃度から、DNA試料原液を $10 \text{ ng}/\mu\text{L}$ に滅菌蒸留水で希釈して調製し、DNA試料液とする。DNA試料液は $40 \mu\text{L}$ ごとにマイクロ試料管に分注後、 -20°C 以下で冷凍保存する。分注したDNA試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA試料原液の濃度が $10 \text{ ng}/\mu\text{L}$ に達しないときは、そのままDNA試料液として用いる。

*¹ 希釈する場合には、滅菌蒸留水を用いる。また、希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量および濃度域が異なるため、適宜とする。

*² A_{260} が DNA 由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。

*³ A_{260}/A_{280} の比が $1.7\sim 2.0$ の範囲外であっても精製等の更なる操作は要さない。

2. 定性リアルタイムPCR法

遺伝子組換えパパイヤ2系統 (PRSV-YK、PRSV-SC) 検知試験用として、カリフラワーモザイクウイルス35Sプロモーター配列とそれぞれの系統に特異的に導入されているPapaya Ringspot Virus coat protein (PRSV-cp) 遺伝子の境界領域を検知するプライマー、プローブを用いる。遺伝子組換えパパイヤ1系統 (PRSV-HN) 検知試験用として、パパイヤゲノムと系統特異的に導入されている配列の境界領域を検知するプライマー、プローブを用いる。カリフラワーモザイクウイルス35Sプロモーター配列 (CaM) 検知試験用として、CaMを検知するプライマー対、および、プローブを用いる。また、パパイヤ陽性対照試験用として、Chymopapain遺伝子配列を検知するプライマー、プローブを用いる。各プライマー、プローブは滅菌蒸留水に溶解する。プライマー、プローブの塩基配列は以下のとおりである。

遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK) 検知試験用プライマー対、および、プローブ
YK-2F: 5'-ACA CGG GGG ACT CTA GAG -3'
YK-2R: 5'-ACC GGT ATC CAC AGC TTC -3'
YK-2P: 5'-FAM- TCC CTT CCA TGG CGTC-TAMRA-3'

遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-SC) 検知試験用プライマー対、および、プローブ
SC-F: 5'-CAT TTC ATT TGG AGA GAA CACG-3'
SC-R: 5'-ACC AGC ATC CAC AGC TTC-3'
SC-P: 5'-FAM-ACT CTA GAG GAT CCA TGT CCAA-TAMRA -3'

遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-HN) 検知試験用プライマー対、および、プローブ
HN-F: 5'-GAC GAG TAC AAG GAG ACG CC-3'
HN-R: 5'-GTT GTC ACT GAA GCG GGA AG-3'
HN-P: 5'-FAM-TGG CTG CTA TTG GGC GAA TCA ACT AC-BHQ1-3'

CaM配列検知試験用プライマー対、プローブ
35S-F : 5'-GCC TCT GCC GAC AGT GGT -3'
35S-R : 5'-AAG ACG TGG TTG GAA CGT CTTC-3'
35S-P : 5'-FAM- CAA AGA TGG ACC CCC ACC CACG-TAMRA-3'

パパイヤ陽性対照試験用プライマー対、プローブ
Q-Chy-1F2: 5'-CCA TGC GAT CCT CCCA-3'
Q-Chy-2R: 5'-CAT CGT AGC CAT TGT AAC ACT AGC TAA-3'
Q-Chy-P(new): 5'-FAM-TTC CCT TCA TCC ATT CCC ACT CTT GAGA-TAMRA-3'

2.1. PCR用反応液の調製

PCR用反応液は25 μ L/wellとして調製する。組成は以下のとおりである。TaqMan Gene Expression Master Mix^{*1} またはFastGeneTM QPCR Probe Mastermix w/ROX^{*1,2} 12.5 μ L、対象プライマー溶液（各プライマー、50 μ mol/L）各0.4 μ L、対象プローブ溶液（10 μ mol/L）0.25 μ Lを混合し、DNA試料液5 μ Lを添加し滅菌蒸留水で全量25 μ Lに調製する。PCRの空白反応液として、必ずDNA試料液を加えないものについても同時に調製する^{*3}。分注操作終了後、真上からシール^{*4}し、完全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意し、専用のシーリング用アプリケーションを用いて行う。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。プレートの確認後、MicroAmp Optical Film Compression Pad^{*5}を茶色の面が上になるよう、プレートの上面にセットする。DNA試料液あたりパパイヤ陽性対照試験、遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) 検知試験、およびCaM配列検知試験をそれぞれ2ウェル並行して行うものとする。

^{*1} TaqMan Gene Expression Master Mix または FastGeneTM QPCR Probe Mastermix w/ROX

本試薬は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCR がうまくいかない場合がある。使う直前には必ず軽く攪拌後、遠心し、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

*² FastGene™ QPCR Probe Mastermix w/ROX (日本ジェネティクス)

旧 EagleTaq Master Mix with ROX (Roche Diagnostics) と同等の性能を有する。

*³ Non-Template Control (NTC)

DNA 試料液の添加の際、NTC には DNA 試料液の代わりに滅菌蒸留水をウェルに 5 μL 添加する。

*⁴ 96 ウェルプレート、シール、および、シーリングアプリーター

ABI PRISM 7900HT または ABI 7500 を使用する場合は、MicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate (Thermo Fisher Scientific 社)、および、MicroAmp Optical Adhesive Film (Thermo Fisher Scientific 社) を使用する。LightCycler 96 または 480 を使用する場合は、LightCycler®480 Multiwell Plate 96 または LightCycler 8-Tube Strips(white) (LightCycler 480 の場合は LightCycler 8-Tube Strip Adapter Plate を用いる) (Roche Diagnostics 社) を使用する。

シーリングの詳細については製品付属のマニュアルを参考のこと。

*⁵ MicroAmp Optical Film Compression Pad (Thermo Fisher Scientific社)

ABI PRISM 7900HT の場合のみ使用する。ABI PRISM 7500 や LightCycler 96 又は 480 では使用しない。

2.2. リアルタイム PCR による測定 (ABI PRISM 7900HT、ABI 7500、LightCycler 96 または LightCycler 480 を使用する)

2.2.1. ABI PRISM 7900HT

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI PRISM 7900HT 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [ABI PRISM 7900 SDS Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear Plate]、{Template} は [Blank Template] を選択し、[OK] ボタンをクリックする。
- ③ メニューバーの [Tools] → [Detector Manager] を選択し、{Detector Manager} ダイアログを表示させる。[New] ボタンをクリックし、{Add Detector} ダイアログを開く。Detector の設定は、YK-2P、SC-P、HN-P、35S-P、Q-Chy-P(new)ともに Reporter を [FAM]、Quencher は YK-2P、SC-P、35S-P、Q-Chy-P(new)は[TAMRA]、HN-P は[Non Fluorescent] となるように設定し、[OK] ボタンをクリックする。{Detector Manager} ダイアログ上で使用する Detector (リアルタイム PCR 反応陽性対照試験、各検知試験) を選択し、[Copy To Plate Document] ボタンをクリックし、[Set Up] タブ上に使用する Detector を登録し、最後に [Done] ボタンをクリックする。
- ④ 画面左上枠でリアルタイム PCR 反応陽性対照試験または、検知試験のウェルを選択し、右枠の [Set Up] タブ上で、Detector が [リアルタイム PCR 反応陽性対照試験] または [各検知試験 (YK-2P、SC-P、HN-P、35S-P)] の行の {Use} 欄にチェックを入

れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、{Sample Name} フィールドにサンプル番号を入力する。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認する。

- ⑤ [Instrument] タブ上の [Thermal Profile] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 45 サイクル]
- ⑥ {Sample Volume} を[25 µL] に設定し、{9600 emulation モード} にチェックが入っていることを確認する。
- ⑦ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑧ [Instrument] タブ上の [Connect] ボタンをクリックし、PC と ABI PRISM 7900HT 本体を connect 状態にする。[Instrument] タブ上の [Open / Close] ボタンをクリックし、ステージを装置本体から出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にしてステージ上に載せる。再び [Open / Close] ボタンをクリックし、96 ウェルプレートを装置本体にセットする。
- ⑨ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み (所要時間 : 約 2 時間) を開始する。

2.2.2. ABI 7500

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI 7500 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear]、{Template} は [Blank Template]、Ver.1.5.1 以前のソフトウェアの場合は、{Run Mode} を [9600 emulation] とし、[NEXT] ボタンをクリックする。Ver.2.0 以降のソフトウェアの場合は ramp rate の変更が必要で温度が上昇していく部分の ramp rate を 100% から 64% に変更する。なお、下降部分は 100% のままで使用する。
- ③ Detector の設定は、YK-2P、SC-P、HN-P、35S-P、Q-Chy-P(new) (リアルタイム PCR 反応陽性対照試験) とともに Reporter が [FAM]、Quencher は YK-2P、SC-P、35S-P、Q-Chy-P(new) を [TAMRA]、HN-P を [Non Fluorescent] とし、[ADD] ボタンをクリックする。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認し、[NEXT] ボタンをクリックする。
- ④ 画面下枠で 3 種類の遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) 検知試験、CaM 配列検知試験、およびパパイヤ陽性対照試験のウェルを選択し、上枠で、Detector が [PCR 反応陽性対照試験] または [YK-2P、SC-P、HN-P、35S-P 検知試験] の行の {Use} 欄にチェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、[FINISH] ボタンをクリックする。
- ⑤ [Setup] タブ上の各ウェルをダブルクリックし、サンプル名を入力する。
- ⑥ [Instrument] タブ上の [Thermal Cycle Protocol] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 45 サイクル]
- ⑦ {Sample Volume} を[25 µL] に設定する。
- ⑧ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑨ 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にして、装置本体のステージ上に載せセットする。

- ⑩ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み（所要時間：約 2 時間）を開始する。

2.2.3. LightCycler® 96

- ① LightCycler 96 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。
- ② LightCycler 96 本体タッチパネル右の [New] をタッチし {Create New Experiment} を表示させる。 [New experiment based on Roche template] から [RunTemplate_Hydrolysis Probe_Amp] を選択し、 {Experiment Name} を入力して [Create] する。
- ③ [Run Editor] タブの [Measurement] タブで、 {Reaction Volume(ul)} を [25] に設定する。
- ④ [Run Editor] タブの [Profile] タブでサーマルサイクラー条件を [95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 60°C, 1 分) × 45 サイクル] と設定する。 60°C の Step の Acquisition Mode が [Single] となっていることを確認する。
- ⑤ [Eject] をタッチしてローダーを出し、 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にして、サーマルブロック上にセットして閉じる。
- ⑥ 本体画面右上の [Start] をタッチし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑦ 反応の終わったファイルを LC96 Application Software で開く。
- ⑧ [Sample Editor] タブ画面を表示し、右側の 96 ウェルフォーマット図で 3 種類の遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) 検知試験、CaM 配列検知試験およびパパイヤ陽性対照試験のウェルを選択し、Gene の {FAM} 欄に検出する遺伝子名を入力する。（一度入力すると、プルダウンから選択する事が出来る）
- ⑨ 次にウェルごとに Sample の {Type} 欄で、それぞれのサンプルタイプ (Negative Control、または測定対象検体：Unknown) を選択する。
- ⑩ 96 ウェルフォーマット図の各ウェルを選択し、Sample の {Name} 欄にサンプル名を入力する。（一度入力すると、プルダウンから選択する事が出来る）

2.2.4. LightCycler® 480

- ① LightCycler® 480 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [LightCycler480 SW] をダブルクリックし、 [User Name] と [Password] を入力してソフトを立ち上げる。
- ③ [New Experiment from Template] をクリックし {Create Experiment from Template} の一覧から [Mono color HydrolysisProbe-UPL] を選択し、OK する。
- ④ [Run Protocol] タブで、 {Reaction Volume} を [25] に設定し、サーマルサイクラー条件を次のように設定する。 [95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 60°C, 1 分) × 45 サイクル → 40°C, 30 秒] と設定する。 60°C の Step の Acquisition Mode が [Single] となっていることを確認する。
- ⑤ Save をクリックし設定条件を保存する。
- ⑥ 本体のプレートローディングボタンを押してプレートローダーを出し、 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にしてセットした後、再度ボタンを押してプレートローダーを格納する。
- ⑦ [Start Run] をクリックし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑧ (反応中に) [Subset Editor] にて、 (+) ボタンから New Subset を作成し、サンプルをセットしたウェルを選択した後 Apply をクリックする。
- ⑨ [Sample Editor] にて、 Step1: [Select Workflow] で Abs Quant を選択する。 Step2: [Select

Samples]内の[Subset]のプルダウンメニューから、⑧で作成した Subset を選択する。
Step3: [Edit Abs Quant Properties]で、各ウェルを選択し、[Sample Name]を入力し、
{Sample Type} 欄でそれぞれの情報 (Negative Control、または測定対象検体: Unknown)
を選択する。

3. 結果の解析と判定 (図1.参照)

3種類の遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) 検知試験、CaM配列検知試験およびパパイヤ陽性対照試験のいずれについても、結果の判定はAmplification plot上で指数関数的な増幅曲線とCq値の確認、および、multicomponent上での対象色素由来の蛍光強度 (FAM) の指数関数的な明確な増加の確認をもって行う。

遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) 検知試験、および、CaM配列検知試験の両試験とも目視でAmplification plot上に指数関数的な増幅曲線が確認された場合には、遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) 陽性を疑う。

ABI PRISM 7900HTまたはABI 7500を使用した場合のデータの解析

- ① メニューバーの [Analysis] → [Analyze] を選択する。
- ② 画面右側の [Result] タブをクリックして {Amplification Plot} 画面を表示させる。
- ③ {Amplification Plot} 画面上の {Plot} 欄で [ΔRn vs Cycle] を表示させ、ベースラインを3サイクルから15サイクルで設定し、{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
- ④ {Amplification Plot} 画面上の {Detector} 欄で [All] を選択する。表中に Ct (Cq)値が表示される。

LightCycler 96を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis]タブをクリックし[Add Analysis] を選択し{Create New Analysis}ウィンドウを表示させる。[Abs Quant]を選択し[OK]をクリックする。
- ② [Amplification Curves]に増幅曲線が、[Result Table] に Cq 値が表示される。

LightCycler 480を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis]ボタンをクリックし{Create new analysis}にて、[Abs Quant/2nd Derivative Max] を選択し [Subset] プルダウンから作成した Subset を選択し [OK]をクリックする。
- ② 表示された画面で、[Calculate]をクリックする。
- ③ 増幅曲線と、[Result Table] に Cp (Cq)値が表示される。

PRSV-YK、PRSV-SCまたはPRSV-HNの判定は、2併行抽出より得られたDNA試料液 (1抽出あたり2ウェル並行で測定) の合計8ウェルすべてを用いて判定する (PRSV-YKを判定する場合は、PRSV-YKの2併行4ウェルとCaMの2併行4ウェルの計8ウェル、PRSV-SCを判定する場合は、PRSV-SCの2併行4ウェルとCaMの2併行4ウェルの計8ウェル、PRSV-HNを判定する場合は、PRSV-HNの2併行4ウェルとCaMの2併行4ウェルの計8ウェル) 。

*CaMの結果は、PRSV-YK、PRSV-SCとPRSV-HNで共通

PRSV-YKの判定：

DNA試料液において、

- (1) パパイヤ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつ遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK) 検知試験およびCaM配列検知試験の両試験ともすべてのウェルで43未満のCq値が得られた場合 (STEP 2のパターン①) に、当該試料はPRSV-YK陽性と判定する。
- (2) パパイヤ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK) 検知試験およびCaM配列検知試験の両試験ともすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合 (STEP 2のパターン②) には、PRSV-YK陰性と判定する。
- (3) パパイヤ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK) 検知試験あるいはCaM配列検知試験の結果の組み合わせがSTEP 2のパターン①又はSTEP 2のパターン②のいずれにも該当しない場合は、粉碎・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。2回目のDNA試料液を用いた場合でも陽性の判定が得られない場合には、遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-YK) 陰性と判定する。

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液 (各2ウェル) について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液についてPRSV-YKおよびCaMの両方で陽性と判定された検体を陽性と判断する。

PRSV-YK 陽性検体のパターン

	陽性対照用Chy	PRSV-YK	CaM
抽出DNA試料液-①	(+/+)	(+/+)	(+/+)
抽出DNA試料液-②	(+/+)	(+/+)	(+/+)


PRSV-YK 陽性

PRSV-SCの判定：

DNA試料液において、

- (1) パパイヤ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつ遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-SC) 検知試験およびCaM配列検知試験の両試験ともすべてのウェルで43未満のCq値が得られた場合 (STEP 2のパターン①) に、当該試料はPRSV-SC陽性と判定する。
- (2) パパイヤ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-SC) 検知試験およびCaM配列検知試験の両試験ともすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合 (STEP 2のパターン②) には、PRSV-SC陰性と判定する。
- (3) パパイヤ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、遺伝子組換えパパイヤ (PRSV-SC) 検知試験あるいはCaM配列検知試験の結果の組み合わせがSTEP 2のパターン①又はSTEP 2のパターン②のいずれにも該当しない場合は、

粉砕・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。2回目のDNA試料液を用いた場合でも陽性の判定が得られない場合には、遺伝子組換えパパイヤ（PRSV-SC）陰性と判定する。

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液（各2ウェル）について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液についてPRSV-SCおよびCaMの両方で陽性と判定された検体を陽性と判断する。

PRSV-SC 陽性検体のパターン

	陽性対照用Chy	PRSV-SC	CaM
抽出DNA試料液-①	(+/+)	(+/+)	(+/+)
抽出DNA試料液-②	(+/+)	(+/+)	(+/+)



PRSV-SC 陽性

PRSV-HNの判定：

DNA試料液において、

- (1) パパイヤ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつ遺伝子組換えパパイヤ（PRSV-HN）検知試験およびCaM配列検知試験の両試験ともすべてのウェルで43未満のCq値が得られた場合（STEP 2のパターン①）に、当該試料はPRSV-HN陽性と判定する。
- (2) パパイヤ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、遺伝子組換えパパイヤ（PRSV-HN）検知試験およびCaM配列検知試験の両試験ともすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合（STEP 2のパターン②）には、PRSV-HN陰性と判定する。
- (3) パパイヤ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、遺伝子組換えパパイヤ（PRSV-HN）検知試験あるいはCaM配列検知試験の結果の組み合わせがSTEP 2のパターン①又はSTEP 2のパターン②のいずれにも該当しない場合は、粉砕・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。2回目のDNA試料液を用いた場合でも陽性の判定が得られない場合には、遺伝子組換えパパイヤ（PRSV-HN）陰性と判定する。

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液（各2ウェル）について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液についてPRSV-HNおよびCaMの両方で陽性と判定された検体を陽性と判断する。

PRSV-HN 陽性検体のパターン

	陽性対照用Chy	PRSV-HN	CaM
抽出DNA試料液－①	(+/+)	(+/+)	(+/+)
抽出DNA試料液－②	(+/+)	(+/+)	(+/+)



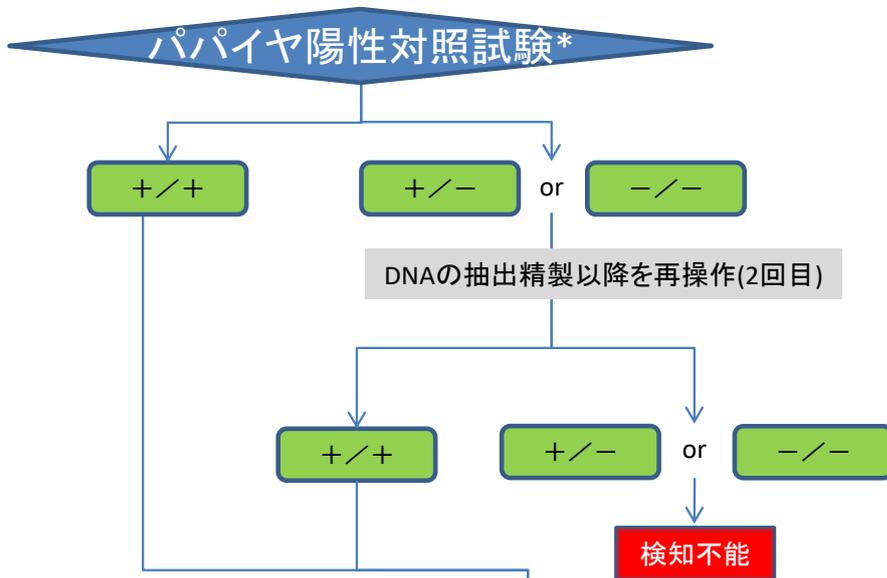
PRSV-HN 陽性

また、パパイヤ陽性対照試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られないDNA試料液については、再度、粉碎・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を行い、それでもパパイヤ陽性対照試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合には、本試料からの検知は不能とする。

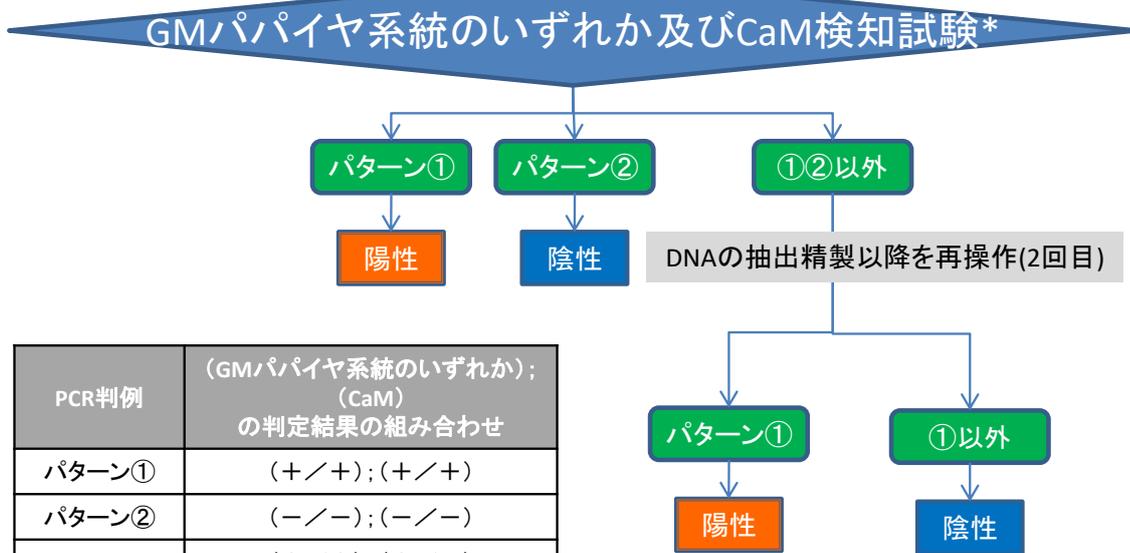
* DNA抽出精製を行うために必要な試料量が不足している場合には、「1.1. 試料前処理」から実施する。

図1. 結果の判定スキーム

STEP1



STEP2



PCR判例	(GMパイパヤシステムのいずれか); (CaM) の判定結果の組み合わせ
パターン①	(+ / +); (+ / +)
パターン②	(- / -); (- / -)
①②以外	(+ / +); (+ / -) (+ / +); (- / -) (+ / -); (+ / +) (+ / -); (+ / -) (+ / -); (- / -) (- / -); (+ / +) (- / -); (+ / -)

*注: ブランク反応液で増幅が見られた場合は、コンタミネーション等が疑われ、適切な検査が行われていなかったことを示す。

ばれいしょ (F10、J3) の検査方法

ばれいしょ含有食品を検査対象として、1検体から2併行でDNAの抽出精製を行い、DNA試料液を得る。そのDNA試料液を用いて、遺伝子組換えばれいしょ2系統 (F10、J3) をそれぞれ検知するリアルタイムPCRを使用した検査を行う。

1. DNA抽出精製

ばれいしょ含有食品は様々な形態が想定されるため、本試験法では生鮮ばれいしょ (通常食するばれいしょの塊茎) を例に試料前処理及びイオン交換樹脂タイプのDNA抽出精製キット* (QIAGEN Genomic-tip 100/G) を用いたDNA抽出精製法を記す。

* DNA抽出精製は、QIAGEN社製Genomic-tip 100/G又は同等の性能 (収量及び精製度) を有するDNA抽出精製キットを使用することができる。

1.1. 試料前処理

生鮮ばれいしょの塊茎は、水でよく洗浄後、皮を剥いた上で、芽の出る「目」付近を中心に約 30 g を採取する。加工品は、分別可能な場合、ばれいしょのみを採取する。最後にフードプロセッサー等^{*1} を使用し、均質に粉砕したものの^{*2} から DNA 抽出精製を行う。

^{*1} フードプロセッサー等、試料前処理に用いた器具は全てコンタミネーションを防ぐため、市販の DNA ZAP (Ambion 社、Cat. No.AM9890) 又は同等の効力を持つ製品を用いて DNA 分解処理したものを用いる。

^{*2} 実験に使用せず残った試料は、ポリプロピレン製遠沈管 (50 mL 容) に移し冷凍庫 (-20℃) で保管することができる。

1.2. 試料からの DNA 抽出精製

1.2.1. DNA の抽出精製 (陰イオン交換樹脂タイプキット法[QIAGEN Genomic-tip 100/G])

粉砕した試料からの DNA の抽出精製は、イオン交換樹脂タイプの DNA 抽出精製キット (QIAGEN Genomic-tip 100/G) を用いた改変法を使用する。詳細は以下のとおりである。試料は、ポリプロピレン製遠沈管 (50 mL 容) に 4 g^{*1} 量り採り、G2 緩衝液^{*2} 20 mL、 α -amylase^{*3} 20 μ L、RNaseA^{*4} 20 μ L と cellulase^{*5} 500 μ L を加える。サンプルがチューブの底に残存しないようボルテックスミキサーで激しく混合し、50℃で 1 時間保温する。保温している間、2~3 回遠沈管反転させて混和する。さらに、Proteinase K^{*6} 200 μ L を加え、再び 50℃で 1 時間保温する。その間 2~3 回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。次いで、8,000 \times g、4℃で 20 分間遠心分離し、得られた上清を、あらかじめ QBT 緩衝液^{*2} 4 mL を用い平衡化した QIAGEN Genomic-tip 100/G に負荷する^{*7}。一回の遠心で上清がうまく採取できない場合は、8,000 \times g、4℃で 10 分間遠心分離し、できる限り採取する。次いで、チップを QC 緩衝液^{*2} で 7.5 mL ずつ 3 回洗浄した後、カラムを新しい遠沈管に移し、QF 緩衝液^{*2} 3 mL を負荷し、DNA を溶出する。次いで、イソプロパノールを 3 mL 添加してよく混合する。マイクロチューブ (1.5 mL 容) 4~6 本に均等になるように移し、遠沈管を遠心分離機で軽く遠心し残りも均等になるようにマイクロチューブに移す。13,000 \times g、4℃で 20 分

間遠心し、上清を廃棄した後、 -20°C で冷却した70% (v/v) エタノール1 mLを加え、さらに $13,000 \times g$ 、 4°C で10分間遠心した後、上清を破棄し、残った沈殿を乾燥させる。水55 μL を一つのマイクロチューブに加えて沈殿物を溶解させ、その溶解液全量を別のマイクロチューブに移し入れ、よく混合し、この作業を繰り返して全てのマイクロチューブから沈殿物を溶解させ、抽出DNA原液とする。

- *1 ばれいしょデンプン（例：片栗粉など）やばれいしょデンプンを加工した製品（例：春雨など）は、DNA含有量が少ないので注意する。抽出DNA原液の濃度が10 $\text{ng}/\mu\text{L}$ に達しない場合は、改めて抽出を行い、2回の抽出を合わせたDNA原液（110 μL ）に対して1/10倍量の3 M酢酸ナトリウム溶液（11 μL ）と2.5倍量の -20°C で冷却したエタノール（275 μL ）を加えDNAをエタノール沈殿させ、 $13,000 \times g$ 、 4°C で20分間遠心し、上清を廃棄した後、 -20°C で冷却した70% (v/v) エタノール1 mLを加え、さらに $13,000 \times g$ 、 4°C で10分間遠心した後、上清を破棄し、残った沈殿を乾燥させる。水55 μL で沈殿物を溶解させ抽出DNA原液とする。それでも10 $\text{ng}/\mu\text{L}$ に達しない場合は、抽出DNA原液をそのままDNA試料液として用いる。
- *2 G2緩衝液、QBT緩衝液、QC緩衝液及びQF緩衝液はQIAGEN社製キット（Cat. No. 19060）に付属しているが、足りない場合には単品で購入するかキットの説明書に従って調製可能である。
- *3 α -amylase（高純度品）はニッポンジーン社製のもの又は同等の活性を持つものを用いる。
- *4 RNase AはQIAGEN社製のもの（100 mg/mL 、Cat. no. 19101）又は同等の効力をもつものを用いる。
- *5 cellulaseはSigma-Aldrich社製のもの（Cat. no. C2730-50ML）又は同等の効力を持つものを用いる。
- *6 Proteinase KはQIAGEN社製のもの（20 mg/mL 、Cat. no. 19133）又は同等の効力をもつものを用いる。
- *7 沈殿物や上層の膜状の部位を取らないようにする。また、沈殿物が見えない場合でも、遠沈管内の底部付近にはできるだけ触れないように、上清を負荷する。

1.2.2. DNA試料原液中のDNAの純度の確認並びにDNA試料液の調製と保存

DNA試料原液の適当量を取り、滅菌蒸留水を用いて適宜希釈^{*1}し、200~320 nmの範囲で紫外吸収スペクトルを測定し、260及び280 nmの吸光度^{*2}（ A_{260} 及び A_{280} ）を記録する。次いで A_{260} の値1を50 $\text{ng}/\mu\text{L}$ DNAと換算し、DNA濃度を算出する。また A_{260}/A_{280} を計算する。この比が1.7~2.0になれば、DNAが十分に精製されていることを示す^{*3}。得られたDNA濃度から、DNA試料原液を滅菌蒸留水で希釈して10 $\text{ng}/\mu\text{L}$ に調製し、DNA試料液とする。DNA試料液は55 μL ごとにマイクロ試料管に分注後、 -20°C 以下で冷凍保存する。分注したDNA試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、2回の抽出を合わせたDNA試料原液の濃度でも10 $\text{ng}/\mu\text{L}$ に達しない場合は、そのままDNA試料液として用いる。

- *1 希釈する場合には、滅菌蒸留水を用いる。また、希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量及び濃度域が異なるため、適宜とする。
- *2 A_{260} がDNA由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。
- *3 A_{260}/A_{280} の比が1.7~2.0の範囲外であっても精製等の更なる操作は要さない。

2. 定性リアルタイムPCR法

遺伝子組換えばれいしょ2系統（F10、J3）検知試験用として、F10系統については、F10及びX17系統に特異的に導入されている配列を検知するプライマー・プローブを用い、J3系統については、J3及びY9系統に特異的に導入されている配列を検知するプライマー・プローブを用いる。ばれいしょ陽性対照試験は、ばれいしょ由来Adenine Phosphoribosyl

Transferase (APRT) 遺伝子を検知するプライマー・プローブを用いる。検知用プライマー対及びプローブは以下の塩基配列のものを滅菌蒸留水に溶解し使用する。

- F10検知試験用プライマー対、プローブ
F10 F: 5'-GAAGCTATAACAATAACTGGTCC-3'
F10 R: 5'-CACACACTTCGTTTACAC-3'
F10 P: 5'-FAM-TATATATCCTGCTGGACCAGTTG-TAMRA-3'
- X17検知試験用プライマー対、プローブ
X17- F: 5'-TAGCAAAATGGATTTGTGAG-3'
X17- R: 5'-GATTTTGGATCAACCACAC-3'
X17- P: 5'-FAM-CGCTGCAGGATATATACCGGTGT-TAMRA-3'
- J3検知試験用プライマー対、プローブ
J3 F: 5'-ATCAAAACCGGTACTIONCAAATTT-3'
J3 R: 5'-GAGTTGTCAAATGTGAATTTATTTTC-3'
J3 P: 5'-FAM-CAACAGGACAACCACAAGCTAGGAAACTCAC-TAMRA-3'
- Y9検知試験用プライマー対、プローブ
Y9- F: 5'-CCTTCTTTCCGATCCTCAAC-3'
Y9- R: 5'-GTTCATTTTTAATGTTTGACTATG-3'
Y9- P: 5'-FAM-CCAGTCACCGGAAGTCCC-TAMRA-3'
- ばれいしょ陽性対照試験用プライマー対、プローブ
APRT F: 5'-TGAAAACGATCCCGATCG-3'
APRT R: 5'-CAATCCCAGCGATACGTTTC-3'
APRT P: 5'-FAM-TGGCGCCTCATGATCCG-TAMRA-3'

2.1. PCR用反応液の調製

PCR用反応液は25 μ L/wellとして調製する。組成は以下のとおりである。FastStart Universal Probe Master (ROX)^{*1} 12.5 μ L、対象プライマー溶液（各プライマー、50 μ mol/L）各0.4 μ L、対象プローブ溶液（10 μ mol/L）0.25 μ Lを混合し、DNA試料液5 μ Lを添加し滅菌蒸留水で全量25 μ Lに調製する。PCRのブランク反応液として、必ずDNA試料液を加えないものについても同時に調製する^{*2}。分注操作終了後、真上からシール^{*3}し、完全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意し、専用のシーリング用アプリケーションャーを用いて行う。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。プレートの確認後、MicroAmp Optical Film Compression Pad^{*4}を茶色の面が上になるよう、プレートの上面にセットする。

DNA試料液あたりばれいしょ陽性対照試験と遺伝子組換えばれいしょ（F10系統については、F10及びX17、J3系統についてはJ3及びY9）検知試験をそれぞれ2ウェル併行して行うものとする。

^{*1} FastStart Universal Probe Master (ROX)

本試薬は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCR がうまくいかない場合がある。本試薬はボルテックス等による激しい攪拌が禁止されているため、使う直前には必ず転倒混和等で優しく混合し、遠心機でスピンドウンして、溶液を試

料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

^{*2} Non-Template Control (NTC)

DNA 試料液の添加の際、NTC には DNA 試料液の代わりに滅菌蒸留水をウェルに 5 µL 添加する。

^{*3} 96 ウェルプレート、シール及びシーリングアプリーター

ABI PRISM 7900HT 又は ABI 7500 を使用する場合は、MicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate (Thermo Fisher Scientific 社) 及び MicroAmp Optical Adhesive Film (Thermo Fisher Scientific 社) を使用する。LightCycler 96 又は 480 を使用する場合は、LightCycler®480 Multiwell Plate 96 又は LightCycler 8-Tube Strips(white) (LightCycler 480 の場合は LightCycler 8-Tube Strip Adapter Plate を用いる。) (Roche Diagnostics 社) を使用する。

シーリングの詳細については製品付属のマニュアルを参考のこと。

^{*4} MicroAmp Optical Film Compression Pad (Thermo Fisher Scientific 社)

ABI PRISM 7900HT の場合のみ使用する。ABI PRISM 7500 や LightCycler 96 又は 480 では使用しない。

2.2. リアルタイム PCR による測定

以下、ABI PRISM 7900HT、ABI 7500、LightCycler 96 又は LightCycler 480 を使用した操作方法を記述するが、上記 4 機種と同等の性能を有するものも使用可とする。

2.2.1. ABI PRISM 7900HT

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI PRISM 7900HT 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [ABI PRISM 7900 SDS Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear Plate]、{Template} は [Blank Template] を選択し、[OK] ボタンをクリックする。
- ③ メニューバーの [Tools] → [Detector Manager] を選択し、{Detector Manager} ダイアログを表示させる。[New] ボタンをクリックし、{Add Detector} ダイアログを開く。Detector の設定は、ばれいしよ陽性対照試験及び各遺伝子組換えばれいしよ検知試験 (F10、J3、X17、Y9) とともに Reporter を [FAM]、Quencher は [TAMRA] となるように設定し、[OK] ボタンをクリックする。{Detector Manager} ダイアログ上で使用する Detector (ばれいしよ陽性対照試験、各検知試験) を選択し、[Copy To Plate Document] ボタンをクリックし、[Set Up] タブ上に使用する Detector を登録し、最後に [Done] ボタンをクリックする。
- ④ 画面左上枠で各ウェルを選択し、右枠の [Set Up] タブ上で、Detector が [ばれいしよ陽性対照試験] 又は [各遺伝子組換えばれいしよ検知試験 (F10、J3、X17、Y9)] の行の {Use} 欄にチェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、{Sample Name} フィールドにサンプル番号を入力する。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認する。
- ⑤ [Instrument] タブ上の [Thermal Profile] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2 分 → 95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 55°C, 1 分) × 45 サイクル]

- ⑥ {Sample Volume} を[25 μ L] に設定し、{9600 emulation モード} にチェックが入っていることを確認する。
- ⑦ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑧ [Instrument] タブ上の [Connect] ボタンをクリックし、PC と ABI PRISM 7900HT 本体を connect 状態にする。[Instrument] タブ上の [Open / Close] ボタンをクリックし、ステージを装置本体から出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にしてステージ上に載せる。再び [Open / Close] ボタンをクリックし、96 ウェルプレートを装置本体にセットする。
- ⑨ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み（所要時間：約 2 時間）を開始する。

2.2.2. ABI 7500

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI 7500 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear]、{Template} は [Blank Template]、Ver.1.5.1 以前のソフトウェアの場合は、{Run Mode} を[9600 emulation]とし、[NEXT] ボタンをクリックする。Ver.2.0 以降のソフトウェアの場合は ramp rate の変更が必要で温度が上昇していく部分の ramp rate を 100% から 64%に変更する。なお、下降部分は 100%のまま使用する。
- ③ Detector の設定は、ばれいしょ陽性対照試験及び各遺伝子組換えばれいしょ検知試験 (F10、J3、X17、Y9) とともに Reporter が[FAM]、Quencher は[TAMRA]、とし、[ADD] ボタンをクリックする。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認し、[NEXT] ボタンをクリックする。
- ④ 画面下枠で各ウェルを選択し、上枠で、Detector が [ばれいしょ陽性対照試験] 又は [F10、J3、X17、Y9 検知試験] の行の {Use} 欄にチェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、[FINISH] ボタンをクリックする。
- ⑤ [Setup] タブ上の各ウェルをダブルクリックし、サンプル名を入力する。
- ⑥ [Instrument] タブ上の [Thermal Cycle Protocol] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2 分 → 95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 55°C, 1 分) × 45 サイクル]。
- ⑦ {Sample Volume} を[25 μ L] に設定する。
- ⑧ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑨ 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にして、装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑩ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み（所要時間：約 2 時間）を開始する。

2.2.3. LightCycler[®] 96

- ① LightCycler 96 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。
- ② LightCycler 96 本体タッチパネル右の[New] をタッチし {Create New Experiment} を表示させる。 [New experiment based on Roche template] から [RunTemplate_Hydrolysis Probe_Amp] を選択し、 {Experiment Name} を入力して [Create] する。
- ③ [Run Editor] タブの [Measurement] タブで、 {Reaction Volume(μl)} を [25] に設定する。
- ④ [Run Editor] タブの [Profile] タブでサーマルサイクラー条件を [95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 55°C, 1 分) × 45 サイクル] と設定する。 55°C の Step の Acquisition Mode が [Single] となっていることを確認する。
- ⑤ [Eject] をタッチしてローダーを出し、 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にして、サーマルブロック上にセットして閉じる。
- ⑥ 本体画面右上の [Start] をタッチし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑦ 反応の終わったファイルを LC96 Application Software で開く。
- ⑧ [Sample Editor] タブ画面を表示し、右側の 96 ウェルフォーマット図で 4 種類の遺伝子組換えばれいしょ (F10、J3、X17、Y9) 検知試験及びばれいしょ陽性対照試験のウェルを選択し、 Gene の {FAM} 欄に検出する遺伝子名を入力する (一度入力すると、プルダウンから選択する事が出来る。)
- ⑨ 次にウェルごとに Sample の {Type} 欄で、それぞれのサンプルタイプ (Negative Control 又は測定対象検体 : Unknown) を選択する。
- ⑩ 96 ウェルフォーマット図の各ウェルを選択し、 Sample の {Name} 欄にサンプル名を入力する (一度入力すると、プルダウンから選択する事が出来る。)

2.2.4. LightCycler® 480

- ① LightCycler® 480 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。 オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [LightCycler480 SW] をダブルクリックし、 [User Name] と [Password] を入力してソフトを立ち上げる。
- ③ [New Experiment from Template] をクリックし {Create Experiment from Template} の一覧から [Mono color Hydrolysis Probe-UPL] を選択し、OK する。
- ④ [Run Protocol] タブで、 {Reaction Volume} を [25] に設定し、サーマルサイクラー条件を次のように設定する。 [95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 55°C, 1 分) × 45 サイクル → 40°C, 30 秒] と設定する。 55°C の Step の Acquisition Mode が [Single] となっていることを確認する。
- ⑤ Save をクリックし設定条件を保存する。
- ⑥ 本体のプレートローディングボタンを押してプレートローダーを出し、 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にしてセットした後、再度ボタンを押してプレートローダーを格納する。
- ⑦ [Start Run] をクリックし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑧ (反応中に) [Subset Editor] にて、 (+) ボタンから New Subset を作成し、サンプルをセットしたウェルを選択した後 Apply をクリックする。
- ⑨ [Sample Editor] にて、 Step1: [Select Workflow] で Abs Quant を選択する。 Step2: [Select Samples] 内の [Subset] のプルダウンメニューから、 ⑧ で作成した Subset を選択する。 Step3: [Edit Abs Quant Properties] で、各ウェルを選択し、 [Sample Name] を入力し、

{Sample Type} 欄でそれぞれの情報 (Negative Control 又は測定対象検体 : Unknown) を選択する。

3. 結果の解析と判定 (図1参照)

遺伝子組換えばれいしょ (F10、J3、X17、Y9) 検知試験及びばれいしょ陽性対照試験のいずれについても、結果の判定はAmplification plot上で指数関数的な増幅曲線とCq値の確認及びmulticomponent上での対象色素由来の蛍光強度 (FAM) の指数関数的な明確な増加の確認をもって行う。

ABI PRISM 7900HT又はABI 7500を使用した場合のデータの解析

- ① メニューバーの [Analysis] → [Analyze] を選択する。
- ② 画面右枠の [Result] タブをクリックして {Amplification Plot} 画面を表示させる。
- ③ {Amplification Plot} 画面上の {Plot} 欄で [ΔRn vs Cycle] を表示させ、ベースラインを3サイクルから15サイクルで設定し、{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
- ④ {Amplification Plot} 画面上の {Detector} 欄で [All] を選択する。表中に Ct(Cq) 値が表示される。

LightCycler 96を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis]タブをクリックし[Add Analysis] を選択し{Create New Analysis}ウィンドウを表示させる。[Abs Quant]を選択し[OK]をクリックする。
- ② [Amplification Curves]に増幅曲線が、[Result Table] に Cq 値が表示される。

LightCycler 480を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis]ボタンをクリックし{Create new analysis}にて、[Abs Quant/2nd Derivative Max] を選択し [Subset] プルダウンから作成した Subset を選択し [OK]をクリックする。
- ② 表示された画面で、[Calculate]をクリックする。
- ③ 増幅曲線と、[Result Table] に Cp (Cq)値が表示される。

ばれいしょ陽性対照試験、F10及びJ3検知試験を実施する。2併行抽出より得られるDNA試料液の判定は、1抽出あたり2ウェル併行で測定を行い、合計4ウェルすべてを用いて判定する (F10検知試験を判定する場合は、F10検知試験の2併行4ウェル、J3検知試験を判定する場合は、J3検知試験の2併行4ウェル)。上記のばれいしょ陽性対照試験で陽性であり、かつF10及びJ3 検知試験が陰性の場合、遺伝子組換えばれいしょ陰性判定とする。ばれいしょ陽性対照試験で陽性であり、かつF10またはJ3検知試験において陽性の場合、F10検知試験陽性の場合にはX17検知試験を、J3検知試験陽性の場合にはY9検知試験を追加で実施し、1抽出あたり2ウェル併行で測定を行い、合計4ウェルすべてを用いて判定する (図 1 参照)。

F10、J3系統の判定：

DNA試料液において、

- (1) ばれいしょ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつ

F10検知試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られ、X17検知試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合、またはJ3検知試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られ、Y9検知試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合、当該試料はそれぞれ安全性未審査遺伝子組換えばれいしょF10またはJ3系統陽性と判定する。

- (2) ばれいしょ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつF10検知試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られ、X17検知試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られた場合、またはJ3検知試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られ、Y9検知試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られた場合、当該試料はそれぞれ安全性未審査遺伝子組換えばれいしょF10またはJ3系統陰性と判定する。
- (3) ばれいしょ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつF10検知試験及びJ3検知試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合には、当該試料は遺伝子組換えばれいしょ陰性と判定する。
- (4) ばれいしょ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、遺伝子組換えばれいしょ検知試験で2ウェルの結果が一致しない場合は、粉碎・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。2回目のDNA試料液を用いた場合でも一致した結果が得られない場合には、遺伝子組換えばれいしょ陰性と判定する。

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液（各2ウェル）について、結果の判定スキームに従って判定する。両方の抽出DNA試料液（合計4ウェル）について、ばれいしょ陽性対照試験及びF10検知試験で陽性であって、X17検知試験で陰性と判定された検体を安全性未審査遺伝子組換えばれいしょF10系統陽性と判断する。両方の抽出DNA試料液（合計4ウェル）について、ばれいしょ陽性対照試験及びJ3検知試験が陽性であって、Y9検知試験で陰性と判定された検体を安全性未審査遺伝子組換えばれいしょJ3系統陽性と判断する。

F10 系統陽性検体のパターン

	陽性対照用 APRT	F10	X17
抽出 DNA 試料液-①	(+/+)	(+/+)	(-/-)*
抽出 DNA 試料液-②	(+/+)	(+/+)	(-/-)*

* X17検知試験において、再試験を経て(+/-)の結果となった際は、厚生労働省健康・生活衛生局食品監視安全課まで連絡すること。



F10 系統陽性

J3 系統陽性検体のパターン

	陽性対照用 APRT	J3	Y9
抽出 DNA 試料液-①	(+/+)	(+/+)	(-/-)*
抽出 DNA 試料液-②	(+/+)	(+/+)	(-/-)*

* Y9検知試験において、再試験を経て(+/-)の結果となった際は、厚生労働省健康・生活衛生局食品監視安全課まで連絡すること。



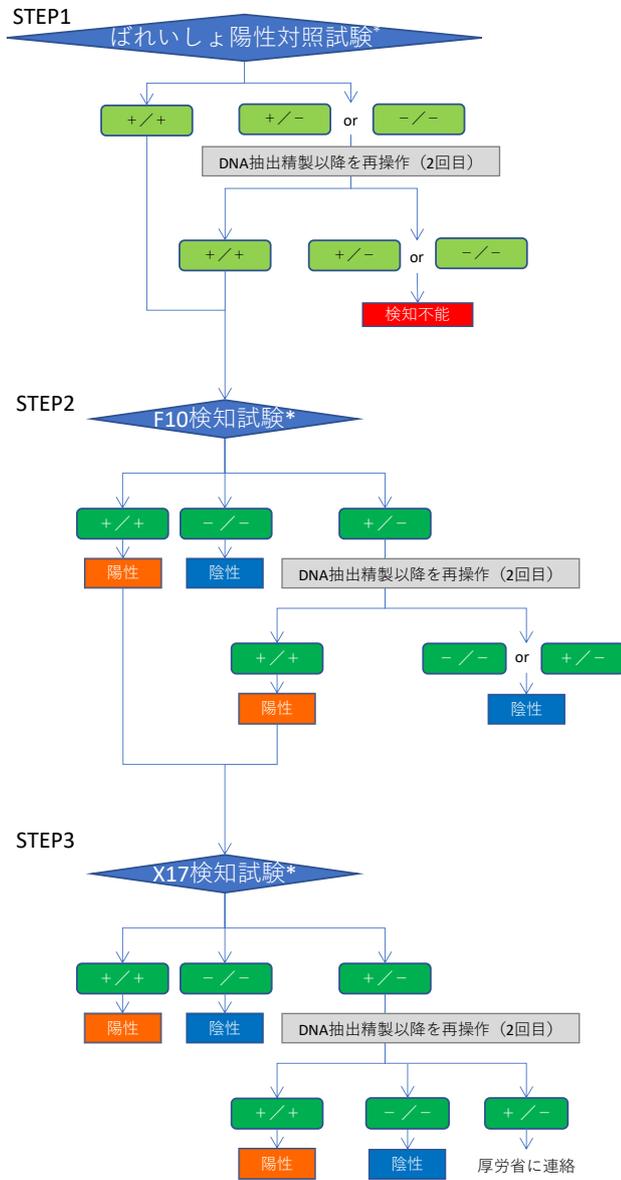
J3 系統陽性

なお、上記判定により遺伝子組換えばれいしょ陽性が判定された結果について **multicomponent** を解析し、目視でFAMの蛍光強度の指数関数的な増加が観察でき、ROXの蛍光強度の明確な下降やFAMの蛍光強度の緩やかな上昇がないことを確認する。

また、ばれいしょ陽性対照試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られないDNA試料液については、再度、粉碎・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を行い、それでもばれいしょ陽性対照試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合には、本試料からの検知は不能とする。

図1 結果の判定スキーム

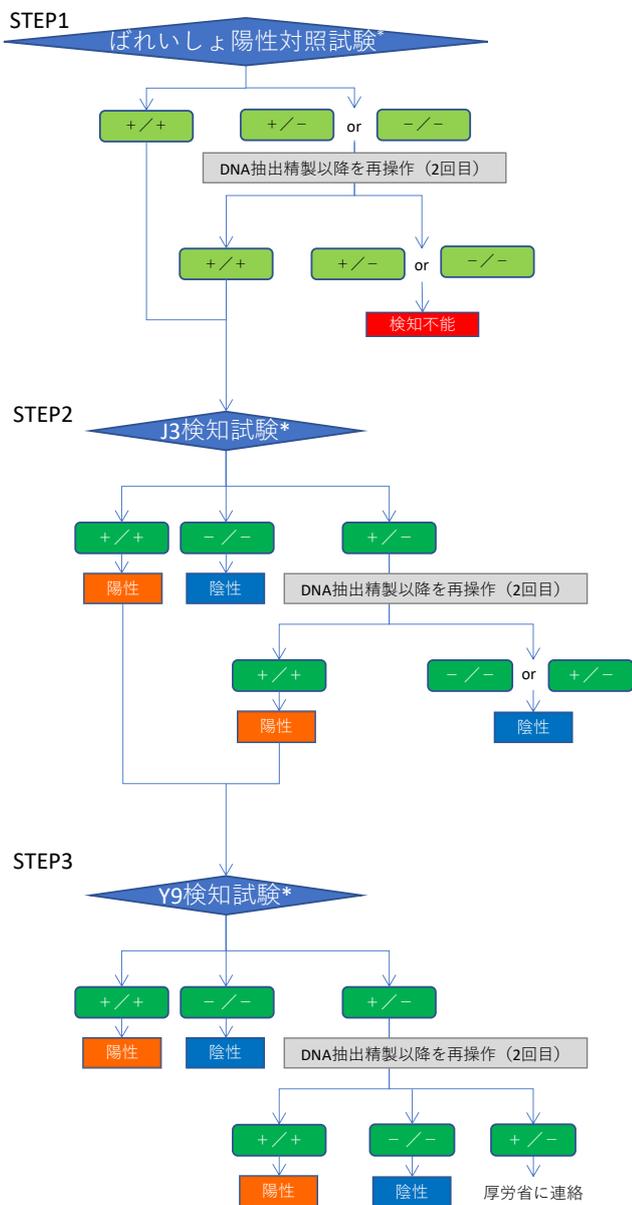
F10 系統



安全性未審査遺伝子組換えばれいしょ F10 系統の判定については、F10系統陽性検体のパターンを参照すること。

*注：ブランク反応液で増幅が見られた場合は、コンタミネーション等が疑われ、適切な検査が行われていなかったことを示す。

J3 系統



安全性未審査遺伝子組換えばれいしょ J3 系統の判定については、J3系統陽性検体のパターンを参照すること。

*注：ブランク反応液で増幅が見られた場合は、コンタミネーション等が疑われ、適切な検査が行われていなかったことを示す。

サケ（AquAdvantage）の検査方法

本法では生サケ及びサケ加工食品を検査対象とし、DNAの抽出精製は、以下のシリカゲル膜タイプキット（NIPPON GENE GM quicker 3）又はイオン交換樹脂タイプキット（QIAGEN Genomic-tip 20/G）を用いる。GMサケAquAdvantageの検出は、AquAdvantage検知用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCRとリアルタイムPCR陽性対照試験用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCRの2試験を行い判定する。

AquAdvantage検知用として、大西洋サケゲノム配列と北太平洋サケ（マスノスケ）由来の成長ホルモン遺伝子プロモーター領域の境界領域を検知するよう設計したプライマー、プローブを用いる。また、リアルタイムPCR反応陽性対照用としてサケ由来18S rRNA遺伝子配列を検知するプライマー、プローブを用いる。

1検体から2併行でDNAを抽出精製し、DNA試料液を得る。そのDNA試料液を用いて定性リアルタイムPCR法を実施する。

1. 生サケ及びサケ加工食品からのDNA抽出精製

生サケ及びサケ加工食品は以下の3種類の製品に細分類し、以下に示したそれぞれの試料前処理プロトコルに従ってDNA抽出精製前の試料調製を行う。

- ①生サケ等（スモークサーモン、缶詰（水煮など）、サケフレークなど）
- ②乾燥製品（ふりかけ、お茶漬けなど）
- ③サケの卵（すじこ、いくら）及びその加工食品

1.1. 試料前処理

1.1.1. 生サケ等（スモークサーモン、缶詰（水煮など）、サケフレークなど）

一包装分（又は多い場合は脂肪分を除いたサケの可食部 120 g）を採取し、等重量分の滅菌蒸留水を加え、Millser 等で粉碎し、均質にした試料 1 g をポリプロピレン製遠沈管（50 mL 容）に量り取る。

1.1.2. 乾燥製品（ふりかけ、お茶漬けなど）

一包装分（又は 120 g）を採取し、Millser 等で粉碎し、均質にした試料 0.5 g をポリプロピレン製遠沈管（50 mL 容）に量り取る。

1.1.3. サケの卵（すじこ、いくら）及びその加工食品

卵 50 g を採取する。等重量分の滅菌蒸留水を加え、Millser 等で粉砕する。粉砕した試料 1 g をポリプロピレン製遠沈管（50 mL 容）に量りとる。

1.2. 試料からの DNA の抽出精製

DNA の抽出精製法は、前処理済検体に緩衝液の特段の吸収性のないもの（生サケ、スモークサーモン、缶詰（水煮など）、サケフレークなど）については、1.2.1.1. シリカゲル膜タイプキット（NIPPON GENE GM quicker 3）A 法、前処理済検体に緩衝液の吸収性のあるもの（乾燥製品（ふりかけ、お茶漬けなど）など）については、1.2.1.2. シリカゲル膜タイプキット（NIPPON GENE GM quicker 3）B 法、又は魚卵など油分の多い加工食品（すじこ、いくらなど）については、1.2.1.3. イオン交換樹脂タイプの DNA 抽出精製キット（QIAGEN Genomic-tip 20/G）法を使用する。

1.2.1. DNA の抽出精製

1.2.1.1. シリカゲル膜タイプキット（NIPPON GENE GM quicker 3）A法

（生サケ、スモークサーモン、缶詰（水煮など）、サケフレークなど、緩衝液の特段の吸収性のないものに適用。）

ポリプロピレン製遠沈管（50 mL 容）に量りとした DNA 抽出用試料に、GE1 緩衝液^{*1} 1 mL、RNase A^{*1} 10 μ L 及び Proteinase K^{*1} 5 μ L を加え、試料塊がないように試験管ミキサーで 30 秒間以上混合した後^{*2}、65°C で 30 分間加温する。その間、10 分間毎に 2 回、試験管ミキサーで 10 秒間激しく攪拌する。GE2-P 緩衝液^{*1} 200 μ L を加え、試験管ミキサーでよく混合する。4,000 \times g 以上^{*3}、4°C の条件で 10 分間遠心し、上清^{*4} 800 μ L を 2.0 mL 容チューブに移す。GB3 緩衝液^{*1} 600 μ L を添加した後、10～12 回転倒混和する。12,000 \times g 以上、4°C の条件で 15 分間遠心し、上清を可能な限り採取する。その上清 700 μ L を spin column に負荷し、10,000 \times g 以上、4°C の条件で 30 秒間遠心し、溶出液を捨てる。残りの混合液全量を同じ spin column に負荷し、同条件で遠心し溶出液を捨てる。次いで GW 緩衝液^{*1} 600 μ L を負荷し、10,000 \times g 以上、4°C の条件で 1 分間遠心し、溶出液を捨てる。spin column を新たな 1.5 mL 容チューブに移し、水 50 μ L を加え、3 分間室温で静置した後、10,000 \times g 以上で 1 分間遠心し、得られた溶出液を DNA 試料原液とする。

^{*1} GE1 緩衝液、GE2-P 緩衝液、GB3 緩衝液、GW 緩衝液、RNase A、Proteinase K はシリカゲル膜タイプのキット（NIPPON GENE GM quicker）付属のもの又は同等の活性を有するものを用いる。

^{*2} ボルテックスに対して 50 mL 容チューブを垂直にあて、そのまま 30 秒間しっかりと攪拌する。

^{*3} 使用するローター及び 50 mL 容チューブの特性を考慮したうえで、g が最大となるように遠心条件を設定する。遠心機のローターはスウィング式、アングル式のどちらを用いてもよい。

^{*4} 沈殿や浮遊物等を可能な限り取らないように上清を回収する。

1.2.1.2. シリカゲル膜タイプキット（NIPPON GENE GM quicker 3）B法

（乾燥製品（ふりかけ、お茶漬けなど）など、緩衝液の吸収性のあるものに適用。）

ポリプロピレン製遠沈管（50 mL容）に量りとったDNA抽出用試料に、GE1緩衝液^{*1} 2.25 mL、RNase A^{*1} 10 µL及びProteinase K^{*1} 5 µLを加え、試験管ミキサーで30秒間以上混合した後^{*2}、65°Cで30分間加温する。その間、10分間毎に2回、試験管ミキサーで10秒間激しく攪拌する。GE2-P緩衝液^{*1} 250 µLを加え、試験管ミキサーでよく混合する。4,000 × g以上^{*3}、4°Cの条件で10分間遠心し、上清^{*4} 800 µLを2.0 mL容チューブに移す。GB3緩衝液^{*1} 600 µLを添加した後、10～12回転倒混和する。12,000 × g以上、4°Cの条件で15分間遠心し、上清を可能な限り採取する。その上清700 µLをspin columnに負荷し、10,000 × g以上、4°Cの条件で30秒間遠心し、溶出液を捨てる。残りの混合液全量を同じspin columnに負荷し、同条件で遠心し溶出液を捨てる。次いでGW緩衝液^{*1} 600 µLを負荷し、10,000 × g以上、4°Cの条件で1分間遠心し、溶出液を捨てる。spin columnを新たな1.5 mL容チューブに移し、水50 µLを加え、3分間室温で静置した後、10,000 × g以上で1分間遠心し、得られた溶出液をDNA試料原液とする。

^{*1} GE1緩衝液、GE2-P緩衝液、GB3緩衝液、GW緩衝液、RNase A、Proteinase Kはシリカゲル膜タイプのキット（NIPPON GENE GM quicker）付属のもの又は同等の活性を有するものを用いる。

^{*2} 攪拌操作が不十分であると、DNAの収量が減少する。ボルテックスに対して50 mL容チューブを垂直にあて、そのまま30秒間しっかりと攪拌する。攪拌が不十分な場合はさらに30～60秒間攪拌する。

^{*3} 使用するローター及び50 mL容チューブの特性を考慮したうえで、gが最大となるように遠心条件を設定する。遠心機のローターはスウィング式、アングル式のどちらを用いてもよい。

^{*4} 沈殿や浮遊物等を可能な限り取らないように上清を回収する。

1.2.1.3. イオン交換樹脂タイプキット（QIAGEN Genomic-tip 20/G）法 （すじこやいくらなど、油分の多い加工食品に適用。）

ポリプロピレン製遠沈管（50 mL容）に量りとったDNA抽出用試料に、G2緩衝液^{*1} 8 mL、Proteinase K^{*2} 50 µLとRNase A^{*2} 10 µLを加えて、試験管ミキサー又は転倒混和により激しく攪拌した後、50°Cで1時間放置する。その間、2、3回遠沈管を反転させて試料を転倒混和する。次いで、3,000 × g以上で、低温下（4°C）15分間遠心^{*3}し、得られた上清をポリプロピレン製遠沈管（15 mL容）に移し、さらに、3,000 × g以上で、低温下（4°C）5分間遠心する。次いで、得られた上清は、QBT緩衝液^{*1} 1 mLを用い平衡化したQIAGEN Genomic-tip 20/Gに2 mLずつ数回に分けて負荷する^{*4}。次いで、QIAGEN Genomic-tip 20/GはQC緩衝液^{*1}で2 mLずつ3回洗浄した後、新しい遠沈管に移す。予め50°Cに温めておいたQF緩衝液^{*1}を1 mLずつ2回加え、DNAを溶出する。溶出液は、高速遠心に耐えられる遠沈管に移し、等量のイソプロピルアルコールを加えよく混合し、10,000 × g以上で、低温下（4°C）、15分間遠心し、上清を捨てる。70%（v/v）エタノール1 mLを加え、さらに10,000 × g以上で、低温下（4°C）5分間遠心する。上清は捨て^{*5}、沈殿物を乾燥させた後、50°Cに温めた滅菌水50 µLを加え、ピペッティングによりDNAを溶解させ、DNA試料原液とする。

^{*1} G2緩衝液、QBT緩衝液、QC緩衝液、QF緩衝液はQIAGEN社（Cat. No. 19060）に付属しているが、足りない場合には単品で購入するかキットの説明書に従って調製可能である。

^{*2} キットに付属のもの又は同等の効力を持つものを用いる。

^{*3} 遠心機のローターはスウィング式、アングル式のどちらを用いてもよい。

^{*4} 浮遊物は出来るだけ負荷しないようにする。

^{*5} 沈殿物が見えない場合でも、遠沈管内の底部付近にはできるだけ触れないように、上清を完全に除去する。

1.2.2 DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存

DNA 試料原液の適当量を取り、滅菌蒸留水を用いて適宜希釈し^{*1}、200～320 nm の範囲で紫外吸収スペクトルを測定し、260 及び 280 nm の吸光度 (A_{260} 及び A_{280} ^{*2}) を記録する。次いで A_{260} の値 1.0 を 50 ng/ μ L DNA として DNA 濃度を算出する。また、 A_{260}/A_{280} を計算し、この比が 1.7～2.0 になれば、DNA が十分に精製されていることを示す^{*3}。得られた DNA 濃度から、滅菌蒸留水で DNA 試料原液を 10 ng/ μ L に希釈して調製し、DNA 試料液とする。DNA 試料液は 25 μ L ずつマイクロ遠沈管に分注し、-20°C 以下で冷凍保存する。分注した DNA 試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA 試料原液の濃度がリアルタイム PCR で規定された濃度に達しないときは、そのまま DNA 試料液として用いる。

^{*1} 希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量及び濃度域が異なるため、適宜とする。

^{*2} A_{260} が DNA 由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。

^{*3} A_{260}/A_{280} の比が 1.7～2.0 の範囲外であっても精製等の更なる操作は要さない。

2. 定性リアルタイムPCR法

AquAdvantageの検出は、AquAdvantage検知用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCRとリアルタイムPCR反応陽性対照用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCRの2試験を行い判定する。各プライマー、プローブは滅菌蒸留水に溶解する。プライマー、プローブの塩基配列は以下のとおりである。

- AquAdvantage検知用プライマー対、プローブ
AquAd-F: 5'-TGCTGATGCCTCTGATACCAC-3'
AquAd-R: 5'-ATGCCTCTAGTGCAAGTTCAGTC-3'
AquAd-P: 5'-FAM- CAGTAGTACAACGTTGGCAGATGTATGAGAACT-BHQ1-3'
- リアルタイムPCR反応陽性対照用プライマー対、プローブ
18S F: 5'- TGT GCC GCT AGA GGT GAA ATT -3'
18S R: 5'-GCA AAT GCT TTC GCT TTC G -3'
18S P: 5'-FAM- TTG GAC CGG CGC AAG ACG G-TAMRA-3'

2.1. PCR用反応液の調製

リアルタイムPCR用反応液は25 μ L/well として調製する^{*1}。組成は以下のとおりである。FastStart Universal Probe Master (Rox) ^{*2} 12.5 μ L、対象プライマー対溶液（各プライマー、50 μ mol/L）各 0.4 μ L、対象プローブ溶液（10 μ mol/L）0.25 μ Lを混合し、滅菌蒸留水で全量 20 μ L に調製後、10 ng/ μ L DNA試料液 5 μ L（50 ng）を添加する。PCRのブランク反応液^{*3}

として、必ずDNA試料液を加えないものについても同時に調製する。各DNA試料液あたり AquAdvantage検知用とリアルタイムPCR反応陽性対照用のリアルタイムPCRをそれぞれ2ウェル併行して行うものとする。分注操作終了後、真上からシール^{*4}し、完全にウェルを密閉する（チューブの場合は専用キャップをする。）。このとき、しわが寄らないよう注意し、専用のシーリング用アプリーケーター^{*4}を用いて行う。ABI PRISMの場合は、最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。プレート遠心機で反応液をスピンドウン（目安：1,500g、2分間）する。ABI PRISM 7900HTの場合は、MicroAmp Optical Film Compression Pad^{*5}を茶色の面が上になるよう、プレートの上面にセットする。

^{*1} ABI PRISM 7900HT又はABI 7500を使用する場合は、MicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate（Thermo Fisher Scientific社）を、LightCycler 96又は480を使用する場合は、LightCycler®480 Multiwell Plate 96又はLightCycler 8-Tube Strips（white）（LightCycler 480の場合は、LightCycler 8-Tube Strip Adapter Plateを用いる。）（Roche Diagnostics社）を用いる。

^{*2} FastStart Universal Probe Master（Rox）本試薬は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCRがうまくいかない場合がある。本試薬はボルテックス等による激しい攪拌が禁止されているため、使う直前には必ず転倒混和等で優しく混合し、遠心機でスピンドウンして、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

^{*3} Non-Template Control（NTC）

DNA 試料液の添加の際、NTC にはDNA 試料液の代わりに水をウェルに5 µL添加する。

^{*4} シール及びシーリング用アプリーケーター

ABI PRISM 7900HT又はABI 7500の場合は、MicroAmp Optical Adhesive Film（Thermo Fisher Scientific社）を使用する。LightCycler 96又は480の場合は、LightCycler® 480 Sealing Foil（Roche Diagnostics社）を使用する。シーリングの詳細については製品付属のマニュアルを参考のこと。

^{*5} MicroAmp Optical Film Compression Pad（Thermo Fisher Scientific社）

ABI PRISM 7900HTの場合のみ使用する。ABI PRISM 7500やLightCycler 96又は480では使用しない。

2.2. リアルタイムPCRによる測定

（ABI PRISM 7900HTの他、同等の性能を持つABI 7500、LightCycler 96又はLightCycler 480を使用する。）

2.2.1. ABI PRISM 7900HT

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI PRISM 7900HT 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [ABI PRISM 7900 SDS Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear Plate]、{Template} は [Blank Template] を選択し、[OK] ボタンをクリックする。
- ③ メニューバーの [Tools] → [Detector Manager] を選択し、{Detector Manager} ダイアログを表示させる。[New] ボタンをクリックし、{Add Detector} ダイアログを開く。

Detector の設定は、AquAdvantage 検知試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [BHQ] とし、リアルタイム PCR 反応陽性対照試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [TAMRA]として[OK] ボタンをクリックする。{Detector Manager} ダイアログ上で使用する Detector (リアルタイム PCR 反応陽性対照試験、AquAdvantage 検知試験) を選択し、[Copy To Plate Document] ボタンをクリックし、[Set Up] タブ上に使用する Detector を登録し、最後に [Done] ボタンをクリックする。

- ④ 画面左上枠でリアルタイム PCR 反応陽性対照試験又は AquAdvantage 検知試験のウェルを選択し、右枠の [Set Up] タブ上で、Detector が [リアルタイム PCR 反応陽性対照試験]又は [AquAdvantage 検知試験] の行の {Use} 欄にチェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、{Sample Name} フィールドにサンプル番号を入力する。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認する。
- ⑤ [Instrument] タブ上の [Thermal Profile] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 57°C, 1分) × 45 サイクル]
- ⑥ {Sample Volume} を[25 µL] に設定し、{9600 emulation モード} にチェックが入っていることを確認する。
- ⑦ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑧ [Instrument] タブ上の [Connect] ボタンをクリックし、PC と ABI PRISM 7900HT 本体を connect 状態にする。[Instrument] タブ上の [Open/Close] ボタンをクリックし、ステージを装置本体から出し、2.1.で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にしてステージ上に載せる。再び [Open / Close] ボタンをクリックし、96 ウェルプレートを装置本体にセットする。
- ⑨ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み (所要時間 : 約 2 時間) を開始する。

2.2.2. ABI 7500

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI7500 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear]、{Template} は [Blank Template]、Ver.1.5.1 以前のソフトウェアの場合は、{Run Mode} を [9600 emulation]とし、[NEXT] ボタンをクリックする。Ver.2.0 以降のソフトウェアの場合は ramp rate の変更が必要で温度が上昇していく部分の ramp rate を 100%から 64%に変更する。なお、下降部分は 100%のまま使用する。
- ③ Detector の設定は、AquAdvantage 検知試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [BHQ] とし、リアルタイム PCR 反応陽性対照試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [TAMRA]として、[ADD] ボタンをクリックする。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認し、[NEXT] ボタンをクリックする。
- ④ 画面下枠でリアルタイム PCR 反応陽性対照試験又は AquAdvantage 検知試験のウェルを選択し、上枠で、Detector が [サケ陽性対照試験] 又は [AquAdvantage 検知試験] の行の {Use} 欄にチェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、[FINISH] ボタンをクリックする。

- ⑤ [Setup] タブ上の各ウェルをダブルクリックし、サンプル名を入力する。
- ⑥ [Instrument] タブ上の [Thermal Cycle Protocol] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 57°C, 1分) × 45 サイクル]
- ⑦ {Sample Volume} を[25 µL] に設定する。
- ⑧ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑨ 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にして、装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑩ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み（所要時間：約 2 時間）を開始する。

2.2.3. LightCycler 96

- ① LightCycler 96 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。
- ② LightCycler 96 本体タッチパネル上の[New] をタッチし {Create New Experiment} を表示させる。[Roche template] から [RunTemplate_HydrolysisProbes_Amp] を選択し、{Experiment Name} を設定し[Create]する。
- ③ [Run Editor] タブの[Measurement]で、{Reaction Volume(µl)} を[25 µL] に設定する。
- ④ [Run Editor] タブの[Profile]でサーマルサイクラー条件を[95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 57°C, 1分) × 45 サイクル]のように設定する。57°Cの Step の Acquisition .Mode が [Single]となっていることを確認する。
- ⑤ [Eject]をタッチしてブロックを引出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にして、サーマルブロック上に載せセットして閉じる。
- ⑥ [Start] をタッチし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑦ 反応の終わったファイルを LC96 Application Software で開く。
- ⑧ [Sample Editor]タブ画面のウェルフォーマット図でリアルタイム PCR 反応陽性対照試験又は AquAdvantage 検知試験のウェルを選択し、Gene の{FAM}欄に該当する遺伝子名を入力する（一度入力すると、プルダウンから選択する事が出来る。）。次にウェルごとに Sample の{Type} 欄でそれぞれの情報（Negative Control、測定対象検体：Unknown）を選択する。
- ⑨ ウェルフォーマット図の各ウェルをクリックし、Sample の{Name}欄にサンプル名を入力する（一度入力すると、プルダウンから選択する事が出来る。）。

2.2.4. LightCycler 480

- ① LightCycler 480 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [LightCycler480 SW] をダブルクリックし、[User Name]と[Password]を入力してソフトを立ち上げる。
- ③ [New Experiment from Template] をクリックし {Create Experiment from Template} から [Mono color HydrolysisProbe-UPL]を選択し、OK する。
- ④ [Run Protocol] タブで、{Reaction Volume} を[25] に設定し、サーマルサイクラー条件を次のように設定する [95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 57°C, 1分「Single」) × 45 サイクル→40°C,30秒]。 57°Cの Step の Acquisition Mode が[Single]となっていることを

確認する。

- ⑤ Save をクリックし設定条件を保存する。
- ⑥ 本体のプレートローディングボタンを押してプレートローダー出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にしてセットした後、再度ボタンを押してプレートローダーを格納する。
- ⑦ [Start Run] をクリックし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑧ (反応中に) [Subset Editor]にて、(+) ボタンから New Subset を作成し、サンプルをセットしたウェルを選択した後 Apply をクリックする。
- ⑨ [Sample Editor]にて、Step1:[Select Workflow]で Abs Quant を選択する。Step2:[Select Samples]の[Subset]プルダウンから⑧で作成した Subset を選択する。Step3:[Edit Abs Quant Properties]で、各ウェルを選択し、[Sample Name]を入力し、{Sample Type} 欄でそれぞれの情報 (Negative Control、測定対象検体 : Unknown) を選択する。

3. 結果の解析と判定 (図 1 参照)

リアルタイムPCR反応陽性対照試験と AquAdvantage 検知試験のいずれについても、結果の判定は Amplification plot 上で指数関数的な増幅曲線と Cq 値の確認及び対照色素由来の蛍光強度 (FAM) の指数関数的な明確な増加の確認をもって行う。

ABI PRISM 7900HT 又は ABI 7500 を使用した場合のデータの解析

- ① メニューバーの [Analysis] → [Analyze] を選択する。
- ② 画面右枠の [Result] タブをクリックして {Amplification Plot} 画面を表示させる。
- ③ {Amplification Plot} 画面上の {Plot} 欄で [ΔRn vs Cycle] を表示させ、{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
- ④ {Amplification Plot} 画面上の {Detector} 欄で [All] を選択する。表中に Ct (Cq) 値が表示される。

LightCycler 96 を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis] タブをクリックし [Add Analysis] を選択し {Create New Analysis} を表示させる。[Abs Quant] を選択し [OK] をクリックする。
- ② [Amplification Curves] に増幅曲線が、[Result Table] に Cq 値が表示される。

LightCycler 480 を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis] ボタンをクリックし {Create new analysis} にて、[Abs Quant/2nd Derivative Max] を選択し [Subset] プルダウンから 2.2.4⑧ で作成した Subset を選択し [OK] をクリックする。
- ② 表示された画面で、[Calculate] をクリックする。
- ③ 増幅曲線と、[Result Table] に Cp (Cq) 値が表示される。

2 併行抽出より得られた DNA 試料液 (1 抽出あたり 2 ウェル併行で測定。) の合計 4 ウェルすべてを用いて判定する。

DNA 試料液において、

- (1) リアルタイム PCR 反応陽性対照試験の 2 併行すべてのウェルで 43 未満の Cq 値が得ら

れ、かつAquAdvantage検知用試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られた場合、当該試料は陽性と判定する。

- (2) リアルタイムPCR反応陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつAquAdvantage検知用試験のすべてのウェルにおいて43未満のCq値が得られない場合は陰性と判定する。
- (3) AquAdvantage検知用試験において、すべてのウェルで一致した結果が得られなかった場合は、粉碎・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。2回目のDNA試料液を用いた場合でも陽性の判定が得られない場合には、AquAdvantage陰性と判定する。

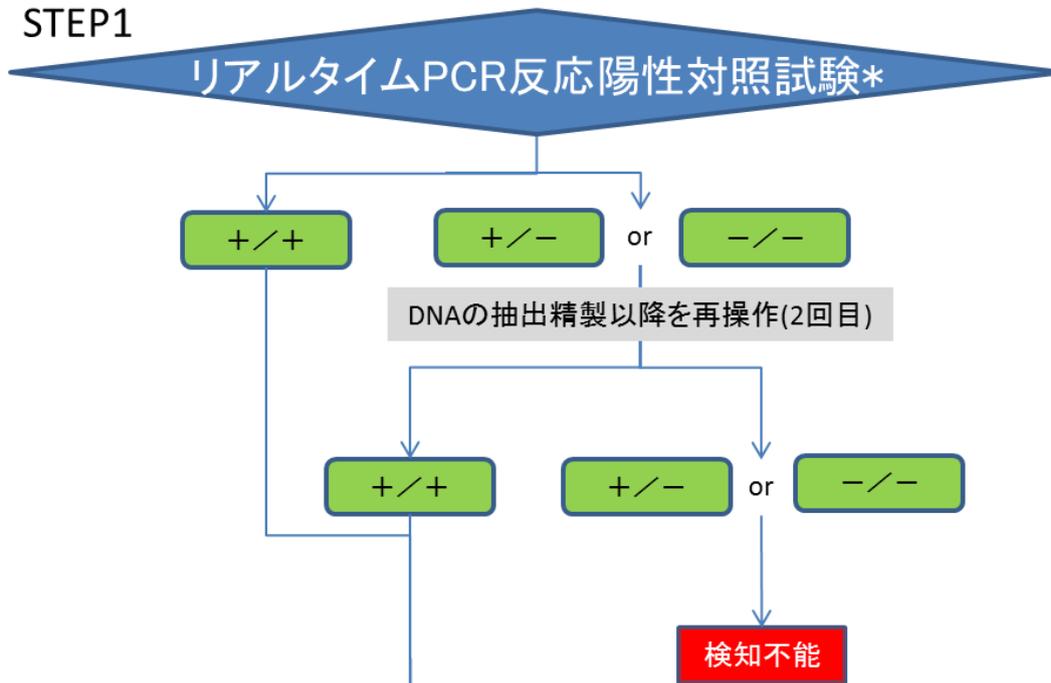
2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液（各2ウェル）について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液（合計4ウェル）について陽性と判定された検体を陽性と判断する。

なお、ABI PRISM 7900HT又はABI 7500を使用した場合は、上記判定によりAquAdvantage陽性が判定された結果についてmulticomponentを解析し、目視でFAMの蛍光強度の指数関数的な増加が観察でき、ROXの蛍光強度の明確な下降やFAMの蛍光強度の緩やかな上昇がないことを確認する。

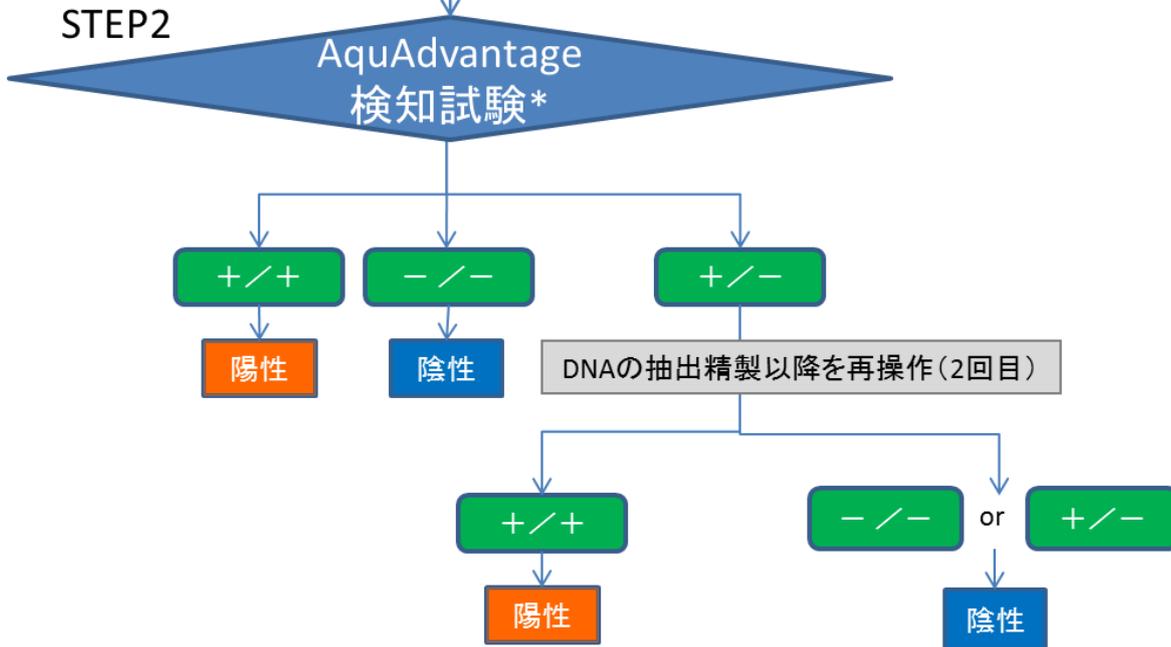
また、リアルタイムPCR反応陽性対照用試験で2ウェル併行の両方で43未満のCq値が得られないDNA試料液については、再度、検体からの「1.2. 試料からのDNAの抽出精製」以降の操作を行い、それでも2ウェル併行の両方で43未満のCq値が得られない場合には、本試料からの検知は不能とする。

図1 結果の判定スキーム

STEP1



STEP2



*注:ブランク反応液で増幅が見られた場合は、コンタミネーション等が疑われ、適切な検査が行われていなかったことを示す。

ズッキーニ（ZW20、CZW3）の検査方法

本法では生鮮ズッキーニおよびズッキーニ加工食品を検査対象とし、DNA抽出精製は、以下のシリカゲル膜タイプキット(NIPPON GENE GM quicker 4)を用いる。1検体から2併行でDNAを抽出精製し、DNA試料液を得る。そのDNA試料液を用いて定性リアルタイムPCR法を実施する。

1. 生鮮ズッキーニおよびズッキーニ加工食品からの DNA 抽出精製

生鮮ズッキーニおよびズッキーニ加工食品は以下の4種類の製品に細分類し、それぞれの試料前処理プロトコルに従ってDNA抽出精製前の試料調製を行う。加工品は、分別可能な場合、ズッキーニのみを採取する。最後にフードプロセッサー等^{*1}を使用し、均質に粉砕したもの^{*2}からDNA抽出精製を行う。

^{*1} フードプロセッサー等、試料前処理に用いた器具は全てコンタミネーションを防ぐため、市販の DNA ZAP (Ambion 社、Cat. No.AM9890) または同等の効力を持つ製品を用いて DNA 分解処理したものを用いる。

^{*2} 実験に使用せず残った試料は、ポリプロピレン製遠沈管 (50 mL) に移し冷凍庫 (-20℃) で保管することができる。

- ① 生鮮ズッキーニ
- ② 冷凍ズッキーニ
- ③ 乾燥品
- ④ ペースト製品 (野菜ペーストなど、含まれるズッキーニ片が 1 cm 角未満のもの。)
- ⑤ 調味漬け製品 (オイル漬けやレトルトカレーなど、1 cm 角以上のズッキーニ片が確認できるもの。)

1.1. 試料前処理

1.1.1. 生鮮ズッキーニおよび冷凍ズッキーニ

生鮮ズッキーニはヘタを除いた果実部分とする。凍結乾燥させた試料を、Millser 等で粉砕する。粉砕した試料 0.5 g をポリプロピレン製遠沈管 (50 mL) に量り取る。

1.1.2. 乾燥品

Millser 等で粉砕する。粉砕した試料 0.5 g をポリプロピレン製遠沈管 (50 mL) に量り取る。

1.1.3. ペースト製品

Millser 等で粉砕する*。粉砕した試料 1 g をポリプロピレン製遠沈管 (50 mL) に量り取る。

* 加工度が高く、粉砕の必要がない場合はそのまま使用することができる。

1.1.4. 調味漬け製品

製品から目視でズッキーニと判断されるもののみを全て取り出し^{*1}、Millser等^{*2}で粉砕する。粉砕した試料1gをポリプロピレン製遠沈管（50 mL）に量り取る。

^{*1} 油分や調味料が多く付着している場合、キッチンペーパー等で取り除く。

^{*2} 分別採取できる固形物が少量の場合は乳鉢・乳棒等で粉砕する。

1.2. ズッキーニ試料からのDNA抽出精製

1.2.1. DNAの抽出精製法（シリカゲル膜タイプキット法 [NIPPON GENE GM quicker 4]）

1.2.1.1. 生鮮ズッキーニ、冷凍ズッキーニおよび乾燥品について

ポリプロピレン製遠沈管（50 mL）に量り取ったDNA抽出用試料に、GE1緩衝液^{*1} 4 mL、RNase A^{*1} 10 µL、α-Amylase^{*1} 2 µLおよびProteinase K^{*1} 20 µLを加え、試料塊がないように試験管ミキサーで30秒間以上混合した後^{*2}、65°Cで30分間加温する。その間、10分間毎に2回、試験管ミキサーで10秒間激しく攪拌する。GE2-M緩衝液^{*1} 400 µLを加え、試験管ミキサーでよく混合する。4,000 × g以上^{*3}、4°Cの条件で10分間遠心し、上清^{*4} 800 µLを2 mLチューブに移す。GB3緩衝液^{*1} 600 µLを添加した後、10～12回転倒混和する。10,000 × g以上、4°Cの条件で5分間遠心し、上清を可能な限り採取する。その上清700 µLをspin columnに負荷し、10,000 × g以上、4°Cの条件で1分間遠心し、溶出液を捨てる。残りの混合液全量を同じspin columnに負荷し、同条件で遠心し溶出液を捨てる。次いでGW緩衝液^{*1} 600 µLを負荷し、10,000 × g以上、4°Cの条件で1分間遠心し、溶出液を捨てる。spin columnを新たな1.5 mLチューブに移し、純水50 µLを加え、3分間室温で静置した後、10,000 × g以上で1分間遠心し、得られた溶出液をDNA試料原液とする。

^{*1} GE1緩衝液、GE2-M緩衝液、GB3緩衝液、GW緩衝液、RNase A、α-Amylase、Proteinase Kはシリカゲル膜タイプのキット（NIPPON GENE GM quicker 4）付属のものまたは同等の活性を有するものを用いる。

^{*2} 攪拌操作が不十分であると、DNAの収量が減少する。ボルテックスに対して50 mLチューブを垂直にあて、そのまま30秒間しっかりと攪拌する。攪拌が不十分な場合はさらに30～60秒間攪拌する。

^{*3} 使用するローターおよび50 mLチューブの特性を考慮したうえで、gが最大となるように遠心条件を設定する。遠心機のローターはスウィング式、アングル式のどちらを用いてもよい。

^{*4} 沈殿や浮遊物等を可能な限り取らないように上清を回収する。

1.2.1.2. ペースト製品および調味漬け製品について

ポリプロピレン製遠沈管（50 mL）に量り取ったDNA抽出用試料に、GE1緩衝液^{*1} 1 mL、RNase A^{*1} 10 µL、α-Amylase^{*1} 2 µLおよびProteinase K^{*1} 20 µLを加え、試料塊がないように試験管ミキサーで30秒間以上混合した後^{*2}、65°Cで30分間加温する。その間、10分間毎に2回、試験管ミキサーで10秒間激しく攪拌する。GE2-M緩衝液^{*1} 200 µLを加え、試験管ミキサーでよく混合する。4,000 × g以上^{*3}、4°Cの条件で10分間遠心し、上清^{*4} 800 µLを2 mLチューブに移す。GB3緩衝液^{*1} 600 µLを添加した後、10～12回転倒混和する。10,000 × g以上、4°C

の条件で5分間遠心し、上清を可能な限り採取する。その上清700 μL をspin columnに負荷し、10,000 \times g以上、4°Cの条件で1分間遠心し、溶出液を捨てる。残りの混合液全量を同じspin columnに負荷し、同条件で遠心し溶出液を捨てる。次いでGW緩衝液*¹ 600 μL を負荷し、10,000 \times g以上、4°Cの条件で1分間遠心し、溶出液を捨てる。spin columnを新たな1.5 mLチューブに移し、純水50 μL を加え、3分間室温で静置した後、10,000 \times g以上で1分間遠心し、得られた溶出液をDNA試料原液とする。

*¹ GE1緩衝液、GE2-M緩衝液、GB3緩衝液、GW緩衝液、RNase A、 α -Amylase、Proteinase Kはシリカゲル膜タイプのキット（NIPPON GENE GM quicker 4）付属のものまたは同等の活性を有するものを用いる。

*² 攪拌操作が不十分であると、DNAの収量が減少する。ボルテックスに対して50 mLチューブを垂直にあて、そのまま30秒間しっかりと攪拌する。攪拌が不十分な場合はさらに30～60秒間攪拌する。

*³ 使用するローターおよび50 mLチューブの特性を考慮したうえで、gが最大となるように遠心条件を設定する。遠心機のローターはスウィング式、アングル式のどちらを用いてもよい。

*⁴ 沈殿や浮遊物等を可能な限り取らないように上清を回収する。

1.2.2. DNA 試料原液中の DNA の純度の確認並びに DNA 試料液の調製と保存

DNA試料原液の適当量を取り純水を用いて適宜希釈*¹し、200～320 nmの範囲で紫外部吸収スペクトルを測定し、260および280 nmの吸光度*² (A_{260} および A_{280})を記録する。次いで A_{260} の値 1 を50 ng/ μL DNAと換算し、DNA濃度を算出する。また A_{260}/A_{280} を計算する。この比が1.7～2.0になれば、DNAが十分に精製されていることを示す*³。得られたDNA濃度から、DNA試料原液を10 ng/ μL に純水で希釈して調製し、DNA試料液とする。DNA試料液は40 μL ごとにマイクロ試料管に分注後、-20 °C以下で冷凍保存する。分注したDNA試料液は、融解後直ちに使用し、残った溶液は再度保存せず廃棄する。なお、DNA試料原液の濃度が10 ng/ μL に達しないときは、そのままDNA試料液として用いる。

*¹ 希釈する場合には、純水を用いる。また、希釈倍率は、吸光度測定装置により適切な測定に要する液量および濃度域が異なるため、適宜とする。

*² A_{260} が DNA 由来の吸光度、 A_{280} がタンパク質等不純物由来の吸光度と考える。

*³ A_{260}/A_{280} の比が1.7～2.0の範囲外であっても精製等の更なる操作は要さない。

2. 定性リアルタイム PCR 法

遺伝子組換えズッキーニ系統（ZW20、CZW3）検知試験用として、カリフラワーモザイクウイルス35Sプロモーター配列と2系統に導入されている Zucchini Yellow Mosaic Virus coat protein (ZYMV-cp) 遺伝子の境界領域を検知するプライマーとプローブ、およびカリフラワーモザイクウイルス35Sプロモーター配列とCZW3系統に導入されているCucumber Mosaic Virus coat protein (CMV-cp) の境界領域を検知するプライマーとプローブを用いる。また、ズッキーニ陽性対照試験用として、NAM, ATAF1/2 and CUC2 (NAC) domain containing protein の遺伝子配列を検知するプライマーとプローブを用いる。各プライマーとプローブは純水に溶解する。プライマーとプローブの塩基配列は以下のとおりである。

ZYMV-cp配列検知試験用プライマー対、および、プローブ
ZYMV/CMV-F: 5'-TTC GCA AGA CCC TTC CTC TAT ATA AG-3'
ZYMV-R: 5'-TCT TTG TAA CTC TAG CGT CTG CCA C-3'
ZYMV-P: 5'-FAM-AGT TGG TTG AGT GCC-MGBEQ-3'

CMV-cp配列検知試験用プライマー対、および、プローブ
ZYMV/CMV-F: 5'-TTC GCA AGA CCC TTC CTC TAT ATA AG-3'
CMV-R: 5'-CTG CTG CGA CAA GAC TCT AAA GTT AG-3'
CMV-P: 5'-FAM-AGC GGG AAC CAC GAC GCG G-BHQ1-3'

ズッキーニ陽性対照試験用プライマー対、および、プローブ
NAC-F: 5'-GAA GGA TGT TAA GAA ACG AAA AAA ATG C-3'
NAC-R: 5'-AGT GGT GGT GGT TGT TGG GC-3'
NAC-P: 5'-FAM-TGA GGC AAA TGA TTT TTG TAT TCT TGT CG-TAMRA-3'

2.1. PCR用反応液の調製

PCR用反応液は25 μ L/wellとして調製する。組成は以下のとおりである。FastStart Universal Probe Master (ROX)^{*1} 12.5 μ L、対象プライマー溶液（各プライマー、50 μ mol/L）各0.25 μ L、対象プローブ溶液（10 μ mol/L）0.5 μ Lを混合し、DNA試料液5 μ Lを添加し純水で全量25 μ Lに調製する。PCRのブランク反応液として、必ずDNA試料液を加えないものについても同時に調製する^{*2}。分注操作終了後、真上からシール^{*3}し、完全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意し、専用のシーリング用アプリケーションャーを用いて行う。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。DNA試料液あたりズッキーニ陽性対照試験、ZYMV-cp配列検知試験およびCMV-cp配列検知試験をそれぞれ2ウェル並行して行うものとする。

^{*1} FastStart Universal Probe Master (Rox) (Roche Diagnostics 社) を含む溶液は粘性が高いため、混合操作および採取を行う際には注意が必要である。混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCR がうまくいかない場合がある。使う直前には必ず軽く攪拌後、遠心し、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

^{*2} Non-Template Control (NTC)

DNA 試料液の添加の際、NTC には DNA 試料液の代わりに純水をウェルに 5 μ L 添加する。

^{*3} 96 ウェルプレート、シール、およびシーリングアプリケーションャー

ABI 7500 を使用する場合は、MicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate (Thermo Fisher Scientific 社) および ABI PRISM Optical Adhesive Cover (Thermo Fisher Scientific 社) を使用する。LightCycler 96 または 480 を使用する場合は、LightCycler®480 Multiwell Plate 96 または LightCycler 8-Tube Strips (white) (LightCycler 480 の場合は LightCycler 8-Tube Strip Adapter Plate を用いる) (Roche Diagnostics 社) を使用する。シーリングの詳細については製品付属のマニュアルを参考のこと。

2.2. リアルタイム PCR による測定 (ABI 7500、LightCycler 96 または LightCycler 480 を使用する)

2.2.1. ABI 7500

(ソフトウェアのバージョンが Ver.1.5.1 以前の場合)

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI 7500 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear]、{Template} は [Blank Template]、{Run Mode} を [9600 emulation] とし、[NEXT] ボタンをクリックする。
- ③ Detector の設定は、ズッキーニ陽性対照試験は Reporter を [FAM] Quencher を [TAMRA] とし、ZYMV-cp 配列検知試験は Reporter を [FAM] Quencher を [NFQ-MGB] とし、CMV-cp 配列検知試験は Reporter を [FAM] Quencher を [None] とし、[ADD] ボタンをクリックする。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認し、[NEXT] ボタンをクリックする。
- ④ 画面下枠で ZYMV-cp 配列検知試験、CMV-cp 配列検知試験、およびズッキーニ陽性対照試験のウェルを選択し、上枠で、Detector が [ズッキーニ陽性対照試験] または [各検知試験 (ZYMV-cp、CMV-cp)] の行の {Use} 欄にチェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、[FINISH] ボタンをクリックする。
- ⑤ [Setup] タブ上の各ウェルをダブルクリックし、サンプル名を入力する。
- ⑥ [Instrument] タブ上の [Thermal Cycle Protocol] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2 分 → 95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 60°C, 1 分) × 45 サイクル]
- ⑦ {Sample Volume} を [25 µL] に設定する。
- ⑧ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑨ 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にして、装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑩ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み (所要時間 : 約 2 時間) を開始する。

(ソフトウェアのバージョンが Ver.2.0 以降の場合)

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI 7500 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。トップ画面で [Advanced Setup] を選択し、新規プレートファイルを起動する。Experiment Properties 画面で {What type of experiment do you want to set up} を [Quantification Standard Curve]、{Which reagents do you want to use to detect the target sequence} を [TaqMan® Reagents]、{Which ramp speed do you want to use in the instrument run} を [Standard] と設定する。

- ③ Setup 画面内の {Define Targets and Samples} 画面の {Define Targets} 欄で、ズッキーニ陽性対照試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [TAMRA] とし、ZYMV-cp 配列検知試験は Reporter を [FAM] Quencher を [NFQ-MGB] とし、CMV-cp 配列検知試験は Reporter を [FAM] Quencher を [None]となるよう設定する。また {Define Samples} 欄で測定するサンプルの名称を入力する。
- ④ {Assign Targets and Samples} 画面にて、ウェルごとに {Assign target(s) to the selected wells} 欄で target と task (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を、{Assign sample(s) to the selected wells} 欄でサンプル名を指定する。また {Select the dye to use as the Passive Reference} は [ROX] と設定する。
- ⑤ {Run method} 画面で、サーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 45 サイクル]
なお ramp rate については、温度が上昇していく部分の ramp rate を 100%から 64%に変更する。
- ⑥ {Reaction Volume Per Well} を [25 µL] に設定する。
- ⑦ 設定条件をプレートドキュメント (.eds) として保存する。
- ⑧ 2.1. で調製した 96 ウェルプレート装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑨ {Setup} 画面または {Run} 画面上の [Start Run] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み (所要時間 : 約 2 時間) を開始する。

2.2.2. LightCycler® 96

- ① LightCycler 96 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。
- ② LightCycler 96 本体タッチパネル右の [New] をタッチし {Create New Experiment} を表示させる。[New experiment based on Roche template] から [RunTemplate_Hydrolysis Probe_Amp] を選択し、{Experiment Name} を入力して [Create] する。
[Run Editor] タブの [Measurement] タブで、{Reaction Volume (µl)} を [25] に設定する。
- ③ [Run Editor] タブの [Profile] タブでサーマルサイクラー条件を [95°C, 10分 → (95°C, 1秒 → 60°C, 1分) × 45 サイクル] と設定する。60°C の Step の Acquisition Mode が [Single] となっていることを確認する。
- ④ [Eject] をタッチしてローダーを出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にして、サーマルブロック上にセットして閉じる。
- ⑤ 本体画面右上の [Start] をタッチし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑥ 反応の終わったファイルを LC96 Application Software で開く。
- ⑦ [Sample Editor] タブ画面を表示し、右側の 96 ウェルフォーマット図で ZYMV-cp 配列検知試験、CMV-cp 配列検知試験、およびズッキーニ陽性対照試験のウェルを選択し、Gene の {FAM} 欄に検出する遺伝子名を入力する。(一度入力すると、プルダウンから選択する事が出来る)
- ⑧ 次にウェルごとに Sample の {Type} 欄で、それぞれのサンプルタイプ (Negative Control、または測定対象検体 : Unknown) を選択する。
- ⑨ 96 ウェルフォーマット図の各ウェルを選択し、Sample の {Name} 欄にサンプル名を入力する。(一度入力すると、プルダウンから選択する事が出来る)

2.2.3. LightCycler® 480

- ① LightCycler® 480 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [LightCycler480 SW] をダブルクリックし、[User Name]と[Password]を入力してソフトを立ち上げる。
- ③ [New Experiment from Template] をクリックし{Create Experiment from Template}の一覧から [Mono color HydrolysisProbe-UPL] を選択し、OK する。
- ④ [Run Protocol] タブで、{Reaction Volume} を[25] に設定し、サーマルサイクラー条件を次のように設定する。[95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 60°C, 1 分) × 45 サイクル → 40°C, 30 秒] と設定する。60°Cの Step の Acquisition Mode が[Single]となっていることを確認する。
- ⑤ Save をクリックし設定条件を保存する。
- ⑥ 本体のプレートローディングボタンを押してプレートローダーを出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にしてセットした後、再度ボタンを押してプレートローダーを格納する。
- ⑦ [Start Run] をクリックし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑧ (反応中に) [Subset Editor]にて、(+) ボタンから New Subset を作成し、サンプルをセットしたウェルを選択した後 Apply をクリックする。
- ⑨ [Sample Editor]にて、Step1: [Select Workflow]で Abs Quant を選択する。Step2: [Select Samples]内の[Subset]のプルダウンメニューから、⑧で作成した Subset を選択する。Step3: [Edit Abs Quant Properties]で、各ウェルを選択し、[Sample Name]を入力し、{Sample Type} 欄でそれぞれの情報 (Negative Control、または測定対象検体 : Unknown) を選択する。

3. 結果の解析と判定 (図 1. 結果判定スキーム参照)

ZYMV-cp配列検知試験、CMV-cp配列検知試験、およびズッキーニ陽性対照試験のいずれについても、結果の判定はAmplification plot上で指数関数的な増幅曲線とCq値の確認、および、multicomponent上での対象色素由来の蛍光強度 (FAM) の指数関数的な明確な増加の確認をもって行う。

ZYMV-cp 配列検知試験およびズッキーニ陽性対照試験においてのみ、目視でAmplification plot 上に指数関数的な増幅曲線が確認された場合には、遺伝子組換えズッキーニ (ZW20) 陽性を疑う。

ZYMV-cp配列検知試験、CMV-cp配列検知試験およびズッキーニ陽性対照試験の全てにおいて、目視でAmplification plot上に指数関数的な増幅曲線が確認された場合には、遺伝子組換えズッキーニ (CZW3) 陽性を疑う。

ABI 7500を使用した場合のデータの解析

- ① {Analysis} 画面を開き、画面上部の {Analysis Setting} をクリックする。
- ② {Ct Setting} タグをクリック。ベースラインを 3 サイクルから 15 サイクルで設定し、

- {Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
- ③ {Applying Analysis Settings} をクリック。
 - ④ {Amplification Plot} 画面で、表中に Ct (Cq) 値が表示される。

LightCycler 96を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis]タブをクリックし[Add Analysis] を選択し{Create New Analysis}ウィンドウを表示させる。[Abs Quant]を選択し[OK]をクリックする。
- ② [Amplification Curves]に増幅曲線が、[Result Table] に Cq 値が表示される。

LightCycler 480を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis]ボタンをクリックし{Create new analysis}にて、[Abs Quant/2nd Derivative Max] を選択し [Subset] プルダウンから作成した Subset を選択し [OK]をクリックする。
- ② 表示された画面で、[Calculate]をクリックする。
- ③ 増幅曲線と、[Result Table] に Cp (Cq) 値が表示される。

ZW20またはCZW3の判定は、2併行抽出より得られたDNA試料液（1抽出あたり2ウェル並行で測定）の合計12ウェルすべてを用いて判定する。すなわち、ズッキーニ陽性対照試験の2併行4ウェル、ZYMV-cp配列検知試験の2併行およびCMV-cp配列検知試験の2併行4ウェルの計12ウェルを用いる。

3.1. ZYMV-cp 配列検知試験および CMV-cp 配列検知試験についての判定

DNA試料液において、

- (1) ズッキーニ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつ ZYMV-cp配列検知試験およびCMV-cp配列検知試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られる場合は、当該試料はZYMV-cp配列検知試験陽性かつCMV-cp配列検知試験陽性と判定する。
- (2) ズッキーニ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつ ZYMV-cp配列検知試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られCMV-cp配列検知試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合は、当該試料はZYMV-cp配列検知試験陽性かつCMV-cp配列検知試験陰性と判定する。
- (3) ズッキーニ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、かつ ZYMV-cp配列検知試験およびCMV-cp配列検知試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合は、当該試料はZYMV-cp配列検知試験陰性かつCMV-cp配列検知試験陰性と判定する。
- (4) ズッキーニ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られ、ZYMV-cp配列検知試験およびCMV-cp配列検知試験の2併行のウェルで上記(1) - (3)に当てはまる結果が得られない場合は、粉碎・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を実施して、判定を行う。

*DNA抽出精製を行うために必要な試料量が不足している場合には、「1.1. 試料前処理」から

実施する。

3.2. 遺伝子組換えズッキーニ ZW20 および CZW3 系統の判定

3.2.1. ZW20 系統の判定

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液（各2ウェル）について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液についてZYMV-cpが陽性、CMV-cpが陰性と判定された検体をZW20陽性と判断する。

ZW20 陽性検体のパターン

	陽性対照用 NAC	ZYMV-cp	CMV-cp
抽出 DNA 試料液-①	(+/+)	(+/+)	(-/-)*
抽出 DNA 試料液-②	(+/+)	(+/+)	(-/-)*

* CMV-cp配列検知試験については、再試験を経て (+/-)の場合も含む



ZW20 陽性

3.2.2. CZW3 系統の判定

2併行抽出のそれぞれの抽出DNA試料液（各2ウェル）について、結果の判定スキームに従って判定し、両方の抽出DNA試料液についてZYMV-cpおよびCMV-cpの両方で陽性と判定された検体をCZW3陽性と判断する。

CZW3 陽性検体のパターン

	陽性対照用 NAC	ZYMV-cp	CMV-cp
抽出 DNA 試料液-①	(+/+)	(+/+)	(+/+)
抽出 DNA 試料液-②	(+/+)	(+/+)	(+/+)



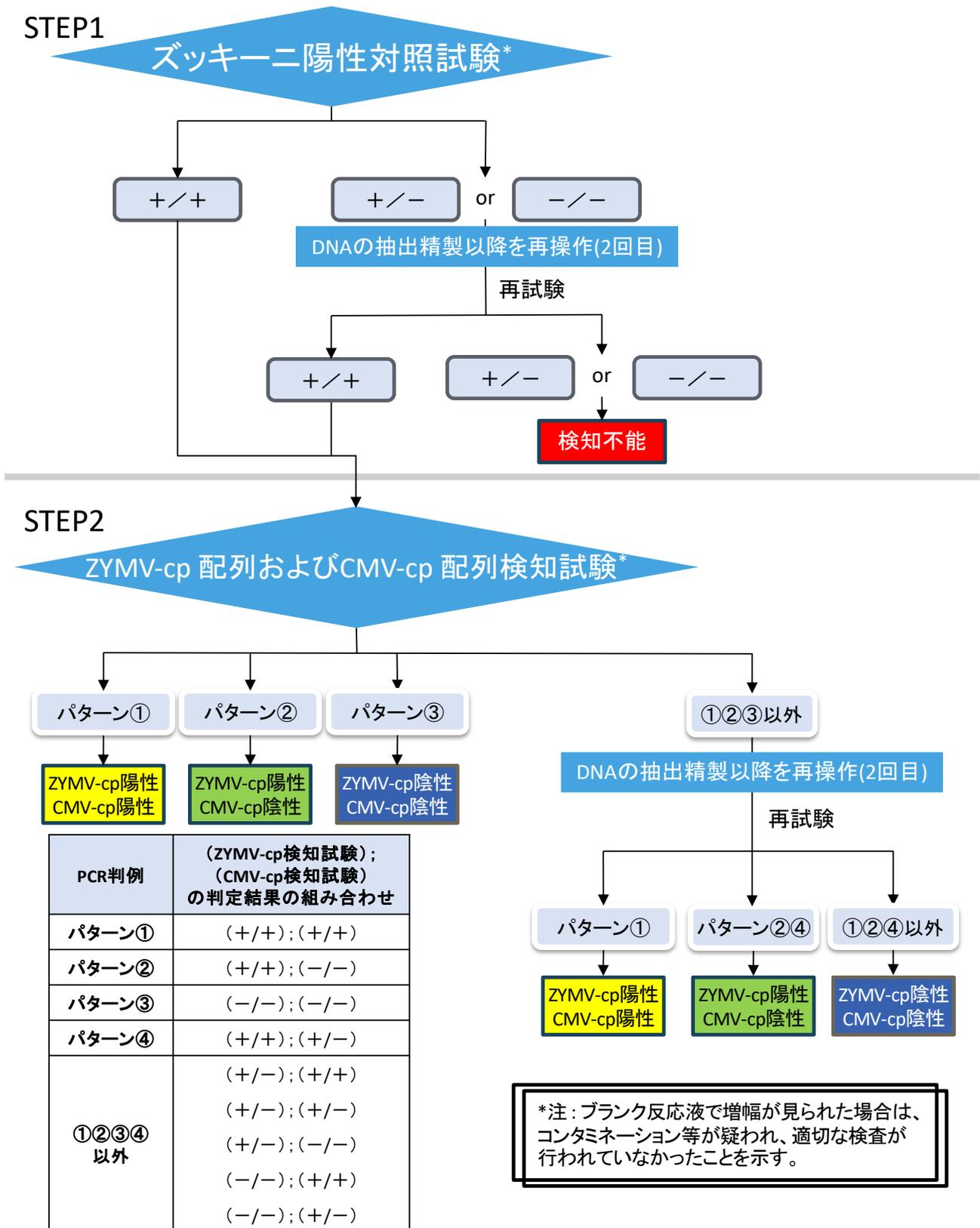
CZW3 陽性

3.2.3. 判定不能であった抽出 DNA 試料液について

ズッキーニ陽性対照試験の2併行すべてのウェルで43未満のCq値が得られないDNA試料液については、再度、粉碎・均質後の当該試料から改めて2回目のDNA抽出精製を行い、さらに「2. 定性リアルタイムPCR法」以降の操作を行い、それでもズッキーニ陽性対照試験のすべてのウェルで43未満のCq値が得られない場合には、本試料からの検知は不能とする。

* DNA 抽出精製を行うために必要な試料量が不足している場合には、「1.1. 試料前処理」から実施する。

図 1. 結果判定スキーム



Ⅲ. 検査方法の同等性確認方法

1. DNA抽出精製方法について

「Ⅱ. 個別検査方法」では代表的な方法を示している。現在、DNA抽出キットとしてDNeasy Plant Mini (Maxi) Kit、Genomic tip-20 (50、100)、GM quicker 3等の製品が市販されている。検査を実施する機関により扱う検体は異なり、試料中のマトリックスも大きく異なる場合がある。そのため、実施する試験や検体の種類に適した抽出精製方法を用いることができる。DNA抽出精製法においては、再現性良く検査に必要な純度と量が得られることが必要である。例えば、新たに用いるDNA抽出精製法を、6併行で異なる3日間行って、既存の方法と比べて最終的にリアルタイムPCRまでを実施した結果が同じであることを確認する。内在性遺伝子の検出（陽性対照試験）の結果を確認して、既存の方法を比較してCq 値に差がないか確認する（少なくともCq 値が1以上大きくならない。）。

2. リアルタイム PCR 装置について

「Ⅱ. 個別検査方法」で主に用いられている ABI7500 又は LightCycler96 等の他にも同等の性能を有する機種を用いる事ができる。同等の性能の確認は、感度、繰り返し再現性、ウェル間差及び増幅効率（特に定量する場合）などを考慮して行う。例えば、市販陽性対照プラスミド（例えば、コメ用）を用意し、現行機種（ABI 7500 等）を用いて検出限界より少し高い濃度（10 回中 10 回すべて検出される最低濃度）の希釈溶液を作製する。その溶液を用いて、確認したい機種で同様の試験を行い、また、日を変えて 3 回以上行った結果、すべて検出されること。96 ウェル間で差がないことを確認する（Cq 値に最大でも 1 以上の差がない。）。

3. マスターミックスについて

「Ⅱ. 個別検査方法」記載のもの又は同等性が確認されたリアルタイム PCR 装置を用いて、検知対象作物試料（作物試料が入手可能な場合はそれを用い、入手できない場合は加工度が高くない加工製品等でもよい。）を用いて内在性遺伝子検知法試験を繰り返し 3 回以上実施する。その結果、Cq 値やエンドポイントにおいて「Ⅱ. 個別検査方法」記載のものと大きな差がないことを確認する。また、遺伝子組換え検知法部分については、市販の陽性プラスミドを希釈せずに用いて、3 回以上測定を行った結果、Cq 値やエンドポイント差が大きな差がないことを確認する（Cq 値に最大でも 1 以上の差がない。）。

(参考)

(下線部は改正部分)

改正後	改正前
<p>目次</p> <p>I. 検体採取方法</p> <p>II. 個別検査方法</p> <ul style="list-style-type: none">・ 亜麻 (FP967) の検査方法・ コムギ (MON71200、MON71100/71300、MON71700、<u>MON71800、HB4</u>) の検査方法・ コメ (63Bt、NNBt、CpTI) の検査方法・ コメ (LL601) の検査方法・ トウモロコシ (Bt10) の検査方法・ トウモロコシ (CBH351) の検査方法・ トウモロコシ (DAS59132) の検査方法・ ナタネ (RT73 <i>B. rapa</i>) の検査方法・ パパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) の検査方法・ ばれいしょ (F10、J3) の検査方法・ サケ (AquAdvantage) の検査方法・ ズッキーニ (ZW20、CZW3) の検査方法 <p>III. 検査方法の同等性確認方法</p> <p>I. 検体採取方法 (略)</p>	<p>目次</p> <p>I. 検体採取方法</p> <p>II. 個別検査方法</p> <ul style="list-style-type: none">・ 亜麻 (FP967) の検査方法・ コムギ (MON71200、MON71100/71300、MON71700、<u>MON71800</u>) の検査方法・ コメ (63Bt、NNBt、CpTI) の検査方法・ コメ (LL601) の検査方法・ トウモロコシ (Bt10) の検査方法・ トウモロコシ (CBH351) の検査方法・ トウモロコシ (DAS59132) の検査方法・ ナタネ (RT73 <i>B. rapa</i>) の検査方法・ パパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) の検査方法・ ばれいしょ (F10、J3) の検査方法・ サケ (AquAdvantage) の検査方法・ ズッキーニ (ZW20、CZW3) の検査方法 <p>III. 検査方法の同等性確認方法</p> <p>I. 検体採取方法 (略)</p>

II. 個別検査方法

(略)

亜麻 (FP967) の検査方法

(略)

コムギ (MON71200、MON71100/71300、MON71700、MON71800、HB4)
の検査方法

(略)

1. DNA 抽出精製

(略)

2. 定性リアルタイム PCR 法

遺伝子組換えコムギの検出は、各系統特異的検知試験用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCR、及びコムギ陽性対照試験用のプライマー、プローブを用いたリアルタイムPCRの2試験を行い判定する。MON71200、MON71700、MON71800、HB4 系統特異的検知試験用として、コムギゲノム配列と遺伝子発現用ベクターの境界領域を検知するプライマー、プローブを用いる。MON71100/71300系統特異的検知試験用として、コムギゲノムに挿入されたトランスジェニック構造配列を検知するプライマー、プローブを用いる。また、コムギ陽性対照試験用とし

II. 個別検査方法

(略)

亜麻 (FP967) の検査方法

(略)

コムギ (MON71200、MON71100/71300、MON71700、MON71800)
の検査方法

(略)

1. DNA 抽出精製

(略)

2. 定性リアルタイム PCR 法

遺伝子組換えコムギの検出は、各系統特異的検知試験用のプライマー、プローブを用いたリアルタイム PCR、及びコムギ陽性対照試験用のプライマー、プローブを用いたリアルタイム PCR の 2 試験を行い判定する。MON71200、MON71700、MON71800 系統特異的検知試験用として、コムギゲノム配列と遺伝子発現用ベクターの境界領域を検知するプライマー、プローブを用いる。MON71100/71300 系統特異的検知試験用として、コムギゲノムに挿入されたトランスジェニック構造配列を検知するプライマー、プローブを用いる。また、コムギ陽性対照試験用とし

て、Acetyl-CoA carboxylase 1 (ACC1) 遺伝子配列を検知するプライマー、プローブを用いる。各プライマー、プローブは純水に溶解する。プライマー、プローブの塩基配列は以下のとおりである。

MON71200系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

MON71200-3' junction-1F: 5' -CAC GAC GGT CAT CGA GC-3'

MON71200-3' junction-1R: 5' -CCG TTC GTC ATT GAC TGT T-3'

MON71200-3' junction-P*: 5' -HEX-CAT ACG GAA/ZEN/AAG ATG CTG CAG GGA ATA TAT TGA AC-IABkFQ-3'

* MON71200-3' junction-P は、内部に ZEN と 3' 末端に IowaBlack™ (IABkFQ) を修飾したダブルクエンチャープローブである。HPLC精製グレードのものを Integrated DNA Technologies (IDT) 社で入手可能である。

MON71100/71300系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

SQ0814: 5' -GCG CGG TGT CAT CTA TGT TAC TAG-3'

SQ0815: 5' -TGA CCT CGA GTA AGC TTG TTA ACG-3'

PB0103 probe: 5' -FAM-ACC AAG CTT GAT ATC C-MGB-3'

MON71700 系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

71700 forward primer: 5' -CCA TCA TAC TCA TTG CTG ATC CAT GT-3'

て、Acetyl-CoA carboxylase 1 (ACC1) 遺伝子配列を検知するプライマー、プローブを用いる。各プライマー、プローブは純水に溶解する。プライマー、プローブの塩基配列は以下のとおりである。

MON7120 系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

MON71200-3' junction-1F: 5' -CAC GAC GGT CAT CGA GC-3'

MON71200-3' junction-1R: 5' -CCG TTC GTC ATT GAC TGT T-3'

MON71200-3' junction-P*: 5' -HEX-CAT ACG GAA/ZEN/AAG ATG CTG CAG GGA ATA TAT TGA AC-IABkFQ-3'

* MON71200-3' junction-P は、内部に ZEN と 3' 末端に IowaBlack™ (IABkFQ) を修飾したダブルクエンチャープローブである。HPLC 精製グレードのものを Integrated DNA Technologies (IDT) 社で入手可能である。

MON71100/71300 系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

SQ0814: 5' -GCG CGG TGT CAT CTA TGT TAC TAG-3'

SQ0815: 5' -TGA CCT CGA GTA AGC TTG TTA ACG-3'

PB0103 probe: 5' -FAM-ACC AAG CTT GAT ATC C-MGB-3'

MON71700 系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ

71700 forward primer: 5' -CCA TCA TAC TCA TTG CTG ATC CAT GT-3'

71700 reverse primer: 5' -CGG CAT GCG CCA ATC AGT-3'
71700 FAM-probe: 5' -FAM-TTC CCG GAC AGC GGC GGC GG-TAMRA-3'
MON71800系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ
SQ0718: 5' -TTC TTC TCT CTC TTT GAA TCT CAA TAC AA-3'
SQ0719: 5' -CCC CCA TTT GGA CGT GAA-3'
PB0101: 5' -FAM-TCC CCC TCT CTA ATT C-MGB-3'
HB4系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ
HB4wheat_MS F: 5' -CCT TTC GAC TCC CAT TGA GGG-3'
HB4wheat_MS R: 5' -TGT TGC CAT TGC TAC AGG CAT-3'
HB4wheat_MS P: 5' -FAM-CCC GGA TTA GGG GGT GTT TGG AAC ACC A-BHQ1-3'
コムギ陽性対照試験用のプライマー対及びプローブ*1
acc forward primer: 5' -GCC TAC CCC CTT CAA CAA GAT GA-3'
acc reverse primer: 5' -GTA CGC GCT TGA ACC CTT TTT TTG-3'
acc FAM-probe:5' -FAM-CCA CCG ACG AGT TAA AAC CAA AGA TAC ACG-TAMRA-3'
*1 代替法として、以下のプライマー対及びプローブを使用することも可能である。
PRP8F: 5' -GCA CCC ATG ATG AGT ACT ACT ATT CTG TA-3'
PRPds6R: 5' -TGC AAA CGA ATA AAA GCA TGT G-3'

71700 reverse primer: 5' -CGG CAT GCG CCA ATC AGT-3'
71700 FAM-probe: 5' -FAM-TTC CCG GAC AGC GGC GGC GG-TAMRA-3'
MON71800 系統特異的検知試験用のプライマー対及びプローブ
SQ0718: 5' -TTC TTC TCT CTC TTT GAA TCT CAA TAC AA-3'
SQ0719: 5' -CCC CCA TTT GGA CGT GAA-3'
PB0101: 5' -FAM-TCC CCC TCT CTA ATT C-MGB-3'
(新設)
コムギ陽性対照試験用のプライマー対及びプローブ*1
acc forward primer: 5' -GCC TAC CCC CTT CAA CAA GAT GA-3'
acc reverse primer: 5' -GTA CGC GCT TGA ACC CTT TTT TTG-3'
acc FAM-probe:5' -FAM-CCA CCG ACG AGT TAA AAC CAA AGA TAC ACG-TAMRA-3'
*1 代替法として、以下のプライマー対及びプローブを使用することも可能である。
PRP8F: 5' -GCA CCC ATG ATG AGT ACT ACT ATT CTG TA-3'
PRPds6R: 5' -TGC AAA CGA ATA AAA GCA TGT G-3'

PRP-Taq5: 5' -FAM-CTG TGC ACA TGA CTC AGT TGT TCT TTC
GTG-TAMRA-3'

2.1. リアルタイムPCR反応液の調製^{*1}

DNA試料液あたり各試験は、それぞれ2ウェル併行して行うものとする。各ウェルのリアルタイムPCR反応液は25 µL/wellとして調製する。

コムギ陽性対照試験、MON71100/71300系統特異的検知試験、MON71700系統特異的検知試験、MON71800系統特異的検知試験及びHB4系統特異的検知試験の組成は以下のとおりである。

FastStart Universal Probe Master (Rox) (Roche Diagnostics 社) ^{*2} 12.5 µL、各対象プライマー溶液 (各50 µmol/L) 各0.25 µL、対象プローブ溶液 (10 µmol/L) 0.5 µLを混合し、純水で全量20 µLに調製後、DNA試料液5 µLを添加する^{*3}。

MON71200系統特異的検知試験の組成は以下のとおりである。FastStart Universal Probe Master (Rox) ^{*2} 12.5 µL、MON71200-3' junction-1Fプライマー (50 µmol/L) 0.2 µL、MON71200-3' junction-1Rプライマー (50 µmol/L) 0.4 µL、対象プローブ溶液 (10 µmol/L) 0.5 µLを混合し、純水で全量20 µLに調製後、DNA試料液5 µLを添加する^{*3}。

リアルタイムPCRのブランク反応液^{*4}として、必ずDNA試料液の代わりに純水を加えたものについても同時に調製する。

分注操作終了後、96ウェルプレートに真上からシールし、完

PRP-Taq5: 5' -FAM-CTG TGC ACA TGA CTC AGT TGT TCT TTC
GTG-TAMRA-3'

2.1. リアルタイム PCR 反応液の調製^{*1}

DNA 試料液あたり各試験は、それぞれ 2 ウェル併行して行うものとする。各ウェルのリアルタイム PCR 反応液は 25 µL/well として調製する。

コムギ陽性対照試験、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71700 系統特異的検知試験及び MON71800 系統特異的検知試験の組成は以下のとおりである。FastStart Universal Probe

Master (Rox) (Roche Diagnostics 社) ^{*2} 12.5 µL、各対象プライマー溶液 (各 50 µmol/L) 各 0.25 µL、対象プローブ溶液 (10 µmol/L) 0.5 µL を混合し、純水で全量 20 µL に調製後、DNA 試料液 5 µL を添加する^{*3}。

MON71200 系統特異的検知試験の組成は以下のとおりである。FastStart Universal Probe Master (Rox) ^{*2} 12.5 µL、MON71200-3' junction-1F プライマー (50 µmol/L) 0.2 µL、MON71200-3' junction-1R プライマー (50 µmol/L) 0.4 µL、対象プローブ溶液 (10 µmol/L) 0.5 µL を混合し、純水で全量 20 µL に調製後、DNA 試料液 5 µL を添加する^{*3}。

リアルタイム PCR のブランク反応液^{*4}として、必ず DNA 試料液の代わりに純水を加えたものについても同時に調製する。

分注操作終了後、96 ウェルプレートに真上からシールし、完

全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意する（専用のシーリング用アプリケーションを用いて行うと良い）。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。

*1 Thermo Fisher Scientific社製のリアルタイムPCR機器は、96 ウェルプレートとしてMicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate (Thermo Fisher Scientific社)、シールとしてMicroAmp Optical Adhesive Film (Thermo Fisher Scientific社) を使用する。Roche Diagnostics社製のリアルタイムPCR機器は、96 ウェルプレートとしてLightCycler480 Multiwell Plate 96 (Roche Diagnostics社)、シールとしてLightCycler 480 Sealing Foil (Roche Diagnostics社) を使用する。

*2 FastStart Universal Probe Master (Rox)の代わりに、同等の性能を有するものを用いることができる。これらを含む溶液は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCRがうまくいかない場合がある。また、本試薬はボルテックス等による激しい攪拌が禁止されているため、使う直前には必ず転倒混和等で優しく混合し、遠心機でスピンドウンして、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

全にウェルを密閉する。このとき、しわが寄らないよう注意する（専用のシーリング用アプリケーションを用いて行うと良い）。最後にウェルの底を観察し、底に気泡がある場合は、プレートの縁を軽く叩いて気泡を抜いておく。

*1 Thermo Fisher Scientific社製のリアルタイムPCR機器は、96 ウェルプレートとしてMicroAmp Optical 96-Well Reaction Plate (Thermo Fisher Scientific社)、シールとしてMicroAmp Optical Adhesive Film (Thermo Fisher Scientific社) を使用する。Roche Diagnostics社製のリアルタイムPCR機器は、96 ウェルプレートとしてLightCycler480 Multiwell Plate 96 (Roche Diagnostics社)、シールとしてLightCycler 480 Sealing Foil (Roche Diagnostics社) を使用する。

*2 FastStart Universal Probe Master (Rox)の代わりに、同等の性能を有するものを用いることができる。これらを含む溶液は粘性が高いため、混合操作を行う際には、混合が確実に行われるように注意する。不十分な場合には、PCRがうまくいかない場合がある。また、本試薬はボルテックス等による激しい攪拌が禁止されているため、使う直前には必ず転倒混和等で優しく混合し、遠心機でスピンドウンして、溶液を試料管の底に集めておいてから使用する。また、ウェルに分注する際は、以後攪拌、遠心が困難なことを考慮し、ウェルの底に確実に入れる。

*3 冷凍庫から出した試薬類は、必要なものにつき室温で融解後、氷上で保存する。氷上で保存した試薬につき、同一のチップを用い連続分注すると、ピペット内の空気が冷却されるため、2回目以降、通常のピペット操作では正確に分注されないので注意する。ピペットの説明書に書かれた、低温試料を扱う場合の操作法（通常、ふきとめと呼ばれる操作）を理解して使用する。

*4 Non-Template Control (NTC) は、DNA試料液の代わりに純水を1ウェルに5 μ L添加したものとする。

2.2. リアルタイムPCRによる測定

(削る)

*3 冷凍庫から出した試薬類は、必要なものにつき室温で融解後、氷上で保存する。氷上で保存した試薬につき、同一のチップを用い連続分注すると、ピペット内の空気が冷却されるため、2回目以降、通常のピペット操作では正確に分注されないので注意する。ピペットの説明書に書かれた、低温試料を扱う場合の操作法（通常、ふきとめと呼ばれる操作）を理解して使用する。

*4 Non-Template Control (NTC) は、DNA試料液の代わりに純水を1ウェルに5 μ L添加したものとする。

2.2. リアルタイムPCRによる測定

2.2.1. プレート情報の設定

検体の配置とプローブの特性に注意しながら、リアルタイムPCR機器の製品付属のマニュアルを参考にして設定する。プローブ特性に関しては、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「HEX」又は「VIC」、Quencher を「Non Fluorescent」、コムギ陽性対照試験及び MON71700 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「TAMRA」、MON71100/71300 系統特異的検知試験及び MON71800 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「Non Fluorescent」となるように設定する。また、Passive Reference の指定のあるリアルタイムPCR機器の場合は、「ROX」を設定する。Sample Volume は 25 μ L に設定する。

(削る)

2.2.1. ABI 7500、LightCycler 480、QuantStudio 5、又は QuantStudio 12K Flexを使用した操作方法

以下参考として、ABI 7500、LightCycler 480、QuantStudio 5 又は Quantstudio 12K Flexを使用した操作方法を記述するが、上記 4 機種と同等の性能を有するものも使用可とする。

(削る)

2.2.2. PCR 増幅

96 ウェルプレートを装置にセットし、反応とデータの取り込みを開始する。反応条件は以下のとおりである。50°C、2 分間の条件で保持した後、95°C で 10 分間加温し、ホットスタート法で反応を開始する。その後、95°C で 15 秒間、60°C で 1 分間を 1 サイクルとして、48 サイクルの増幅反応を行う。最終増幅反応終了後の cooling 反応を適宜設定しても解析結果に影響はない。Remaining time が 0 分となっていることを確認し、反応を終了させた後、測定結果の解析を行う。

2.2.3. ABI PRISM 7900HT、ABI 7500 又は LightCycler 480を使用した操作方法

以下参考として、ABI PRISM 7900HT、ABI 7500 又は LightCycler 480を使用した操作方法を記述するが、上記 3 機種と同等の性能を有するものも使用可とする。

2.2.3.1. ABI PRISM 7900HT

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI PRISM 7900HT 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [ABI PRISM 7900 SDS Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを

表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear Plate]、{Template} は [Blank Template] を選択し、[OK] ボタンをクリックする。

③ メニューバーの [Tools] → [Detector Manager] を選択し、{Detector Manager} ダイアログを表示させる。[New] ボタンをクリックし、{Add Detector} ダイアログを開く。Detector の設定は、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「HEX」又は「VIC」、Quencher を「Non Fluorescent」、コムギ陽性対照試験及び MON71700 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「TAMRA」、MON71100/71300 系統特異的検知試験及び MON71800 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「Non Fluorescent」となるように設定し、[OK] ボタンをクリックする。{Detector Manager} ダイアログ上で使用する Detector (各試験) を選択し、[Copy To Plate Document] ボタンをクリックし、[Set Up] タブ上に使用する Detector を登録し、最後に [Done] ボタンをクリックする。

④ 画面左上枠で各ウェルを選択し、右枠の [Set Up] タブ上で、Detector が [コムギ陽性対照試験] 又は [各検知試験] の行の {Use} 欄にチェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、{Sample Name} フィールド

2.2.1.1. ABI 7500

(ソフトウェアバージョンが Ver. 1.5.1 以前の場合)

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI 7500 本体の電源を入れ、30 分以上ウ

ドにサンプル番号を入力する。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認する。

- ⑤ [Instrument] タブ上の [Thermal Profile] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2 分 → 95°C, 10 分 → (95°C, 15 秒 → 60°C, 1 分) × 48 サイクル]
- ⑥ {Sample Volume} を [25 µL] に設定し、{9600 emulation モード} にチェックが入っていることを確認する。
- ⑦ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑧ [Instrument] タブ上の [Connect] ボタンをクリックし、PC と ABI PRISM 7900HT 本体を connect 状態にする。
[Instrument] タブ上の [Open / Close] ボタンをクリックし、ステージを装置本体から出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にしてステージ上に載せる。再び [Open / Close] ボタンをクリックし、96 ウェルプレートを装置本体にセットする。
- ⑨ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み (所要時間: 約 2 時間) を開始する。

2.2.3.2. ABI 7500

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI 7500 本体の電源を入れ、30 分以上ウ

オーミングアップしたのちに反応を開始する。

- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear]、{Template} は [Blank Template]、{Run Mode} を [9600 emulation] とし、[NEXT] ボタンをクリックする。

- ③ Detector の設定は、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「HEX」又は「VIC」、Quencher を「Non Fluorescent」、コムギ陽性対照試験及び MON71700 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「TAMRA」、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71800 系統特異的検知試験及び HB4 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「Non Fluorescent」、とし、[ADD] ボタンをクリックする。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認し、[NEXT] ボタンをクリックする。

- ④ 画面下枠で各ウェルを選択し、上枠で、Detector が [コムギ陽性対照試験] 又は [各検知試験] の行の {Use} 欄に

オーミングアップしたのちに反応を開始する。

- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。メニューバーの [File] → [New] を選択し、{New Document} ダイアログを表示させる。{Assay} は [Absolute Quantification (Standard Curve)]、{Container} は [96 Wells Clear]、{Template} は [Blank Template]、Ver. 1.5.1 以前のソフトウェアの場合は、{Run Mode} を [9600 emulation] とし、[NEXT] ボタンをクリックする。Ver. 2.0 以降のソフトウェアの場合は ramp rate の変更が必要で温度が上昇していく部分の ramp rate を 100% から 64% に変更する。なお、下降部分は 100% のままで使用する。

- ③ Detector の設定は、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「HEX」又は「VIC」、Quencher を「Non Fluorescent」、コムギ陽性対照試験及び MON71700 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「TAMRA」、MON71100/71300 系統特異的検知試験及び MON71800 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「Non Fluorescent」、とし、[ADD] ボタンをクリックする。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認し、[NEXT] ボタンをクリックする。

- ④ 画面下枠で各ウェルを選択し、上枠で、Detector が [コムギ陽性対照試験] 又は [各検知試験] の行の {Use} 欄に

チェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、[FINISH] ボタンをクリックする。

- ⑤ [Setup] タブ上の各ウェルをダブルクリックし、サンプル名を入力する。
- ⑥ [Instrument] タブ上の [Thermal Cycle Protocol] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 48サイクル]。
- ⑦ {Sample Volume} を[25 μL] に設定する。
- ⑧ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑨ 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にして、装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑩ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み (所要時間 : 約 2 時間) を開始する。

(ソフトウェアのバージョンが Ver. 2.0 以降の場合)

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完全に起動してから ABI 7500 本体の電源を入れ、30 分以上ウォーミングアップしたのちに反応を開始する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [7500 System Software] をダブルクリックして開く。トップ画面で [Advanced Setup] を選択し、新規プレートファイルを起

チェックを入れる。次にウェルごとに {Task} 欄でそれぞれの情報 (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を選択し、[FINISH] ボタンをクリックする。

- ⑤ [Setup] タブ上の各ウェルをダブルクリックし、サンプル名を入力する。
- ⑥ [Instrument] タブ上の [Thermal Cycle Protocol] よりサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 48サイクル]。
- ⑦ {Sample Volume} を[25 μL] に設定する。
- ⑧ 設定条件をプレートドキュメント (.sds) として保存する。
- ⑨ 2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右上にして、装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑩ [Instrument] タブ上の [Start] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み (所要時間 : 約 2 時間) を開始する。

(新設)

動する。Experiment Properties 画面で {What type of experiment do you want to set up} を [Quantification Standard Curve]、{Which reagents do you want to use to detect the target sequence} を [TaqMan® Reagents]、{Which ramp speed do you want to use in the instrument run} を [Standard] と設定する。

- ③ Setup 画面内の {Define Targets and Samples} 画面の {Define Targets} 欄で、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「HEX」又は「VIC」、Quencher を「None」、コムギ陽性対照試験及び MON71700 系統特異的検知試験では Reporter を「FAM」、Quencher を「TAMRA」、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71800 系統特異的検知試験、HB4 系統特異的検知試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [None]となるよう設定する。また {Define Samples} 欄で測定するサンプルの名称を入力する。
- ④ {Assign Targets and Samples} 画面にて、ウェルごとに {Assign target(s) to the selected wells} 欄で target と task (Non-Template Control : NTC、測定対象検体 : Unknown) を、{Assign sample(s) to the selected wells} 欄でサンプル名を指定する。また {Select the dye to use as the Passive Reference} は [ROX] と設定する。
- ⑤ {Run method} 画面で、サーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C,

15 秒 → 60°C, 1分) × 48 サイクル] なお ramp rate については、温度が上昇していく部分の ramp rate を 100% から 64%に変更する。なお、下降部分は 100%のまま使用する。

- ⑥ {Reaction Volume Per Well} を [25 µL] に設定する。
- ⑦ 設定条件をプレートドキュメント (. eds) として保存する。
- ⑧ 1.1. で調製した 96 ウェルプレートを装置本体のステージ上に載せセットする。
- ⑨ {Setup} 画面または {Run} 画面上の [Start Run] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み (所要時間 : 約 2 時間) を開始する。

2.2.1.2. LightCycler 480

- ① LightCycler 480 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [LightCycler480 SW] をダブルクリックし、[User Name]と[Password]を入力してソフトを立ち上げる。
- ③ [New Experiment from Template] をクリックし {Create Experiment from Template} の一覧から、コムギ陽性対照試験、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71700 系統特異的検知試験、MON71800 系統特異的検知試験及び HB4 系統

2.2.3.3. LightCycler® 480

- ① LightCycler® 480 本体の電源を入れ、セルフテストが完了して起動するまで約 5 分待機する。オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [LightCycler480 SW] をダブルクリックし、[User Name]と[Password]を入力してソフトを立ち上げる。
- ③ [New Experiment from Template] をクリックし {Create Experiment from Template} の一覧から、コムギ陽性対照試験、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71700 系統特異的検知試験及び MON71800 系統特異的検知試験の場合は

特異的検知試験の場合は [Mono color HydrolysisProbe-UPL] を、MON71200 系統特異的検知試験の場合は [Dual color HydrolysisProbe-UPL] を選択し、OK する。

- ④ [Run Protocol] タブで、{Reaction Volume} を[25] に設定し、サーマルサイクラー条件を次のように設定する。
[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分 [Single]) × 48サイクル → 40°C, 30秒] と設定する。
- ⑤ Save をクリックし設定条件を保存する。
- ⑥ 本体のプレートローディングボタンを押してプレートローダーを出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にしてセットした後、再度ボタンを押してプレートローダーを格納する。
- ⑦ [Start Run] をクリックし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑧ (反応中に) [Subset Editor]にて、(+) ボタンから New Subset を作成し、サンプルをセットしたウェルを選択した後 Apply をクリックする。
- ⑨ [Sample Editor]にて、Step1: [Select Workflow]で Abs Quant を選択する。Step2: [Select Samples]内の [Subset] のプルダウンメニューから、⑧で作成した Subset を選択する。Step3: [Edit Abs Quant Properties]で、各ウェルを選択し、[Sample Name]を入力し、{Sample Type} 欄でそれぞれの情報 (Negative Control 又は測定対象検体 : Unknown)

[Mono color HydrolysisProbe-UPL] を、MON71200 系統特異的検知試験の場合は [Dual color HydrolysisProbe-UPL] を選択し、OK する。

- ④ [Run Protocol] タブで、{Reaction Volume} を[25] に設定し、サーマルサイクラー条件を次のように設定する。
[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分 [Single]) × 48サイクル → 40°C, 30秒] と設定する。
- ⑤ Save をクリックし設定条件を保存する。
- ⑥ 本体のプレートローディングボタンを押してプレートローダーを出し、2.1. で調製した 96 ウェルプレートの切欠き部を右下にしてセットした後、再度ボタンを押してプレートローダーを格納する。
- ⑦ [Start Run] をクリックし、反応とデータの取り込みを開始する。
- ⑧ (反応中に) [Subset Editor]にて、(+) ボタンから New Subset を作成し、サンプルをセットしたウェルを選択した後 Apply をクリックする。
- ⑨ [Sample Editor]にて、Step1: [Select Workflow]で Abs Quant を選択する。Step2: [Select Samples]内の [Subset] のプルダウンメニューから、⑧で作成した Subset を選択する。Step3: [Edit Abs Quant Properties]で、各ウェルを選択し、[Sample Name]を入力し、{Sample Type} 欄でそれぞれの情報 (Negative Control 又は測定対象検体 : Unknown)

を選択する。

2.2.1.3. QuantStudio 5

- ① オペレーション用PCの電源を入れ、起動させる。PCが完全に起動してからQuantStudio 5本体の電源を入れ、セルフテストが完了して本体が起動する事を確認する。
- ② デスクトップ上のアプリケーション [QuantStudio Design and Analysis Desktop Software v1.6.1] をダブルクリックして開く。トップ画面の「Create New Experiment」をクリックしてExperiment Properties画面を表示する。{Experiment type} は [Standard Curve]、{Chemistry} は [TaqMan Reagents]、{Run mode} は [Standard]を選択し、[NEXT] ボタンをクリックする。
- ③ {Method} タブでサーマルサイクラー条件を以下のように設定する。[50°C, 2分 → 95°C, 10分 → (95°C, 15秒 → 60°C, 1分) × 48サイクル]と設定し、{Volume}を[25 µL]に設定する。[NEXT] ボタンをクリックする。
- ④ {Plate}タブの{Advanced Setup}画面で{Targets}の設定は、MON71200系統特異的検知試験ではReporterを [VIC]、Quencherを [None]、コムギ陽性対照試験及びMON71700系統特異的検知試験ではReporterを [FAM]、Quencherを [TAMRA]、MON71100/71300系統特異的検知試験、MON71800系統特異的検知試験、HB4系統特異的検知試験はReporter

を選択する。

(新設)

を [FAM]、Quencherを [None]となるよう設定する。
{Samples}で測定する未知サンプルの数だけAddボタンを
クリックしてサンプルの名前を入力する。

- ⑤ 画面右枠で、ウェルごとに [target] と [task (Non-
Template Control : N、測定対象検体 : U)]を選択する。
- ⑥ 画面右枠でサンプルの入っているウェルを選択し、該当す
るsample名を画面左枠のSamplesから選択してチェックボ
ックスにチェックを入れる。
- ⑦ {Quick setup} 画面 Plate Attributes の {Passive
Reference}が [ROX] に設定されていることを確認し、
[NEXT] ボタンをクリックする。
- ⑧ 画面右上の [Save] ボタンをクリックして設定条件をプレ
ートドキュメント (.edt) として保存する。
- ⑨ 2.1. で調製した96ウェルプレートを、装置本体のステー
ジ上に載せセットする。
- ⑩ [Run]画面の [Start Run] ボタンをクリックし、edsファ
イルを保存してから、反応とデータの取り込み(所要時間:
約2時間)を開始する。

2.2.1.4. QuantStudio 12K Flex

- ① オペレーション用 PC の電源を入れ、起動させる。PC が完
全に起動してから QuantStudio 12K 本体の電源を入れ、セ
ルフテストが完了して本体が起動する事を確認する。

(新設)

- ② デスクトップ上のアプリケーション [QuantStudio 12K Flex Software] をダブルクリックして開く。トップ画面の「Create」をクリックして Experiment Properties 画面を表示する。96-well (0.2mL) ブロックが選択されていることを確認し、{What type of experiment do you want to setup?} は [Standard Curve]、{Which reagents do you want to use to detect the target sequence?} は [TaqMan Reagents]、{What properties do you want for the instrument run?} は [Standard] を選択し、画面左の [Define] をクリックする。
- ③ Define 画面で {Targets} の設定は、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「VIC」、Quencher を「None」、コムギ陽性対照試験及び MON71700 系統特異的検知試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [TAMRA]、MON71100/71300 系統特異的検知試験、MON71800 系統特異的検知試験及び HB4 系統特異的検知試験は Reporter を [FAM]、Quencher を [None] とする。{Samples} で測定する未知サンプルの数だけ New ボタンをクリックしてサンプルの名前を入力する。{Passive Reference} が [ROX] に設定されていることを確認し、画面左の [Assign] をクリックする。
- ④ 画面右枠でコムギ陽性対照試験と GM コムギ検知試験のウェルを選択し、左枠の {Targets} で [コムギ陽性対照試験] または [GM コムギ系統特異的検知試験] を選択しチェック

を入れる。次にウェルごとに[Task]欄でそれぞれの情報 (No-Template Control : NTC [N]、測定対象検体 : Unknown [U]) を選択する。

⑤ 画面右枠でサンプルの入っているウェルを選択し、該当する sample 名を画面左枠の Samples から選択してチェックボックスにチェックを入れ画面左の [Run Method] をクリックする。

⑥ サーマルサイクラー条件を以下のように設定する。
[50℃, 2分 → 95℃, 10分 → (95℃, 15秒 → 60℃, 1分) × 48 サイクル]

⑦ {Reaction Volume per well} を [25 µL] に設定する。

⑧ 設定条件をプレートドキュメント (.eds) として保存する。

⑨ 2.1. で調製した 96 ウェルプレートを装置本体のステージ上に載せセットする。

⑩ [Run]画面の [Start Run] ボタンをクリックし、反応とデータの取り込み (所要時間 : 約 2 時間) を開始する。

2.2.1.5. その他の同等性能を有する機種での測定の留意点

2.2.1.5.1. プレート情報の設定

検体の配置とプローブの特性に注意しながら、リアルタイム PCR機器の製品付属のマニュアルを参考にして設定する。プローブ特性に関しては、MON71200 系統特異的検知試験では Reporter を「HEX」又は「VIC」、Quencher を「Non Fluorescent」、

(新設)

コムギ陽性対照試験及びMON71700系統特異的検知試験ではReporterを「FAM」、Quencherを「TAMRA」、MON71100/71300系統特異的検知試験、MON71800系統特異的検知試験及びHB4系統特異的検知試験ではReporterを「FAM」、Quencherを「Non Fluorescent」となるように設定する。また、Passive Referenceの指定のあるリアルタイムPCR機器の場合は、「ROX」を設定する。Sample Volumeは25 µLに設定する。

2.2.1.5.2. PCR増幅

96ウェルプレートを装置にセットし、反応とデータの取り込みを開始する。反応条件は以下のとおりである。50°C、2分間の条件で保持した後、95°Cで10分間加温し、ホットスタート法で反応を開始する。その後、95°Cで15秒間、60°Cで1分間を1サイクルとして、48サイクルの増幅反応を行う。最終増幅反応終了後のcooling反応を適宜設定しても解析結果に影響はない。Remaining time が0分となっていることを確認し、反応を終了させた後、測定結果の解析を行う。

3. 結果の解析と判定

リアルタイムPCR反応の結果の判定は増幅曲線上で、蛍光色素由来の蛍光強度（FAM又はHEX）の指数関数的な明確な増加及びCq値の確認をもって行う。各系統特異的な検知試験において目視で指数関数的な増幅曲線が確認された場合には、遺伝子

3. 結果の解析と判定

リアルタイム PCR 反応の結果の判定は増幅曲線上で、蛍光色素由来の蛍光強度（FAM 又は HEX）の指数関数的な明確な増加及び Cq 値の確認をもって行う。各系統特異的な検知試験において目視で指数関数的な増幅曲線が確認された場合には、遺伝子

組換えコムギの陽性を疑う。

ABI 7500を使用した場合のデータの解析

- ① メニューバーの [Analysis] → [Analyze] を選択する。
- ② 画面右枠の [Result] タブをクリックして {Amplification Plot} 画面を表示させる。
- ③ {Amplification Plot} 画面上の {Plot} 欄で [ΔRn vs Cycle] を表示させ、ベースラインを3サイクルから15サイクルで設定し、{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
- ④ {Amplification Plot} 画面上の {Detector} 欄で [All] を選択する。表中に Ct (Cq) 値が表示される。

(ソフトウェアのバージョンがVer. 2.0以降の場合)

- ① {Analysis} 画面を開き、画面上部の {Analysis Setting} をクリックする。
- ② {Ct Setting} タグをクリック。ベースラインを3サイクルから15サイクルで設定し、{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
- ③ {Applying Analysis Settings} をクリック。
- ④ {Amplification Plot} 画面で、表中に Ct (Cq) 値が表示される。

組換えコムギの陽性を疑う。

ABI PRISM 7900HT 又は ABI 7500 を使用した場合のデータの解析

- ① メニューバーの [Analysis] → [Analyze] を選択する。
- ② 画面右枠の [Result] タブをクリックして {Amplification Plot} 画面を表示させる。
- ③ {Amplification Plot} 画面上の {Plot} 欄で [ΔRn vs Cycle] を表示させ、ベースラインを3サイクルから15サイクルで設定し、{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
- ④ {Amplification Plot} 画面上の {Detector} 欄で [All] を選択する。表中に Ct (Cq) 値が表示される。

(新設)

LightCycler 480を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis]ボタンをクリックし{Create new analysis}にて、[Abs Quant/2nd Derivative Max] を選択し [Subset]プルダウンから作成したSubsetを選択し [OK]をクリックする。
- ② 表示された画面で、[Calculate]をクリックする。
- ③ 増幅曲線と、[Result Table] に Cp (Cq)値が表示される。

QuantStudio 5を使用した場合のデータ解析

(ソフトウェアがQuantStudio Design and Analysis Desktop Software v1.6.1の場合)

- ① { Results }タブを選択する。
- ② 画面内のプルダウンから[Amplification Plot]を選択し{Amplification Plot}画面を表示させる。
- ③ 画面右上のAnalyzeボタン右にあるSettingボタン (歯車)をクリックしてAnalysis setting画面を表示させる。各試験について、Ct Settings to Use : Default Settingsのチェックボックスを外し、次にAutomatic Thresholdのチェックを外して{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。
Automatic Baseline のチェックを外し、Baselineを3サイクルから15サイクルで設定する。この操作を実施したすべての試験について行って設定変更後に画面右下の[Apply]ボタンをクリックする。

LightCycler 480 を使用した場合のデータの解析

- ① [Analysis]ボタンをクリックし{Create new analysis}にて、[Abs Quant/2nd Derivative Max] を選択し [Subset]プルダウンから作成したSubsetを選択し [OK]をクリックする。
- ② 表示された画面で、[Calculate]をクリックする。
- ③ 増幅曲線と、[Result Table] に Cp (Cq)値が表示される。

(新設)

QuantStudio 12K Flexを使用した場合のデータ解析

(ソフトウェアがQuantStudio 12K Flex Real-time PCR instrument Software v1.8の場合)

- ① {Analysis} タブを選択する。
- ② [Amplification Plot]を選択し{Amplification Plot}画面を表示させる。
- ③ 画面右上のAnalyzeボタン右にあるAnalysis SettingボタンをクリックしてAnalysis setting画面を表示させる。各試験について、Ct Settings to Use : Default Settingsのチェックボックスを外し、次にAutomatic Thresholdのチェックを外して{Threshold} 欄に [0.2] と入力する。Automatic Baseline のチェックを外し、Baselineを3サイクルから15サイクルで設定するこの操作を実施したすべての試験について行って設定変更後に画面右下の[Apply] ボタンをクリックする。

2 併行抽出したそれぞれのDNA試料液について、以下の結果の判定スキーム (図 1 参照) に従って判定する。

各DNA試料液において、

- (1) コムギ陽性対照試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られ、かついずれかの系統特異的検知試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られた場合、当該試料は「陽性」と判定する。

(新設)

2 併行抽出したそれぞれの DNA 試料液について、以下の結果の判定スキーム (図 1 参照) に従って判定する。

各 DNA 試料液において、

- (1) コムギ陽性対照試験にて 2 ウェル併行全てで 43 未満の Cq 値が得られ、かついずれかの系統特異的検知試験にて 2 ウェル併行全てで 43 未満の Cq 値が得られた場合、当該試料は「陽性」*と判定する。

(2) コムギ陽性対照試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られ、かついずれかの系統特異的検知試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られなかった場合、当該試料は「陰性」と判定する。

(3) コムギ陽性対照試験にて2ウェル併行全てで43未満のCq値が得られ、かついずれかの系統特異的検知試験にて2ウェル併行全てで一致した結果が得られなかった場合は、再度、検体からの「1. DNA抽出精製」以降の操作を行い、判定する。再抽出精製したDNA試料液の試験においても「陽性」の判定が得られない場合には、「陰性」と判定する。

また、コムギ陽性対照試験にて少なくとも1ウェルで43未満のCq値が得られないDNA試料液については、再度、検体からの「1. DNA抽出精製」以降の操作を行い、それでもコムギ陽性対照試験にて少なくとも1ウェルで43未満のCq値が得られない場合には、本試料からは遺伝子組換えコムギは「検知不能」とする。

次に、上記の判定結果を基に、遺伝子組換えコムギの混入の有無を判断する。2 併行抽出した両方の DNA 試料液において、「陽性」と判定された検体は、「遺伝子組換えコムギ混入」と判断する（表 1 参照）。少なくとも一方の DNA 試料液の試験において「陰性」と判定された検体は、「遺伝子組換えコムギ混入なし」と判断する。

(2) コムギ陽性対照試験にて 2 ウェル併行全てで 43 未満の Cq 値が得られ、かついずれかの系統特異的検知試験にて 2 ウェル併行全てで 43 未満の Cq 値が得られなかった場合、当該試料は「陰性」と判定する。

(3) コムギ陽性対照試験にて 2 ウェル併行全てで 43 未満の Cq 値が得られ、かついずれかの系統特異的検知試験にて 2 ウェル併行全てで一致した結果が得られなかった場合は、再度、検体からの「1. DNA 抽出精製」以降の操作を行い、判定する。再抽出精製した DNA 試料液の試験においても「陽性」の判定が得られない場合には、「陰性」と判定する。

また、コムギ陽性対照試験にて少なくとも 1 ウェルで 43 未満の Cq 値が得られない DNA 試料液については、再度、検体からの「1. DNA 抽出精製」以降の操作を行い、それでもコムギ陽性対照試験にて少なくとも 1 ウェルで 43 未満の Cq 値が得られない場合には、本試料からは遺伝子組換えコムギは「検知不能」とする。

次に、上記の判定結果を基に、遺伝子組換えコムギの混入の有無を判断する。2 併行抽出した両方の DNA 試料液において、「陽性」と判定された検体は、「遺伝子組換えコムギ混入」と判断する（表 1 参照）。少なくとも一方の DNA 試料液の試験において「陰性」と判定された検体は、「遺伝子組換えコムギ混入なし」と判断する。

表1. 「遺伝子組換えコムギが混入している」と判定される試験結果

試料	コムギ陽性対照試験	系統特異的検知試験法				
		MON71100/71300	MON71200	MON71700	MON71800	HB4
抽出DNA試料液-①	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)
抽出DNA試料液-②	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)
判定		↓	↓	↓	↓	↓
		MON71100/71300混入	MON71200混入	MON71700混入	MON71800混入	HB4混入

図1 結果の判定スキーム

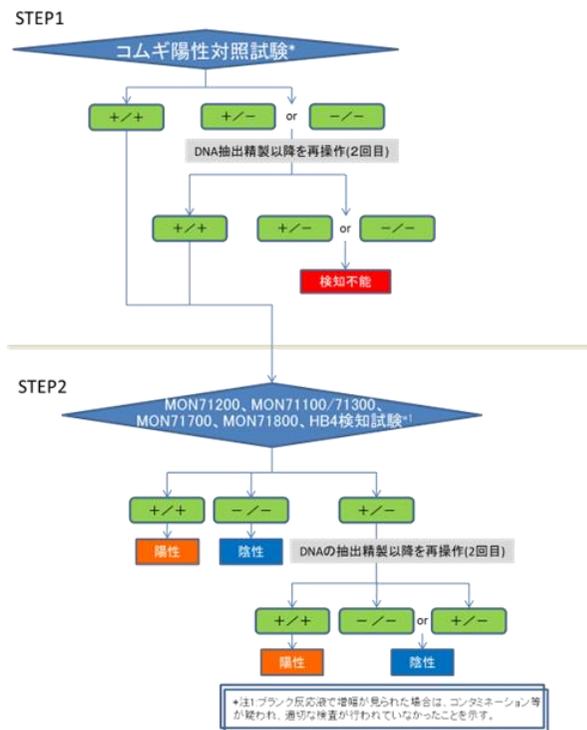
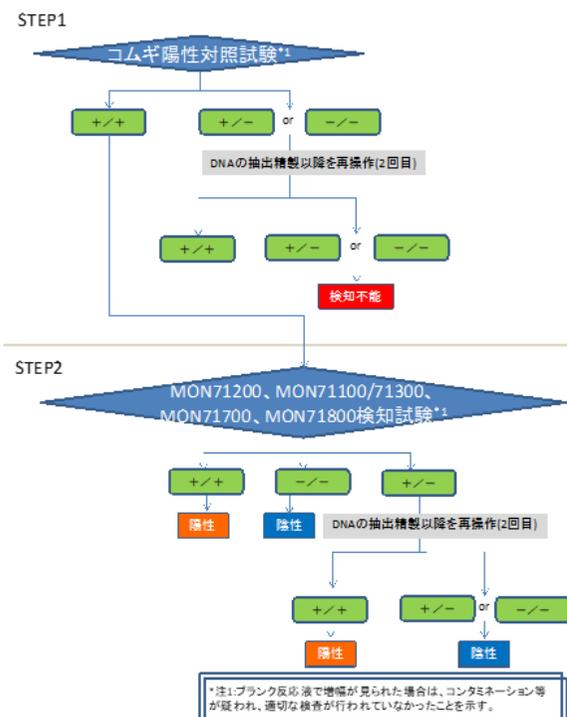


表1. 「遺伝子組換えコムギが混入している」と判定される試験結果

試料	コムギ陽性対照試験	系統特異的検知試験法			
		MON71100/71300	MON71200	MON71700	MON71800
抽出DNA試料液 - ①	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)
抽出DNA試料液 - ②	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)	(+/+)
判定		↓	↓	↓	↓
		MON71100/71300混入	MON71200混入	MON71700混入	MON71800混入

図1 結果判定スキーム



コメ (63Bt、NNBt、CpTI) の検査方法

(略)

1. DNA 抽出精製

(略)

2. 定性リアルタイム PCR 法 (ABI PRISM™ 7900 または 7500)

(略)

3. 結果の解析と判定 (図 1 参照)

(略)

(参考)

(1) イオン交換樹脂タイプの DNA 抽出精製キット (QIAGEN Genomic-tip) は、QIAGEN 社から購入可能である。シリカゲル膜タイプキット法 (NIPPON GENE GM quicker 2 変法) の NIPPON GENE GM quicker 2 キットは、ニッポンジーン社から購入可能である。

(2) コメの検査法に用いるプライマー対、プローブ (CpTI コメ検出用プローブ (KDEL-P) を除く。) およびリアルタイム PCR 法用標準プラスミド (GM コメ害虫抵抗性コメ検出用陽性コントロールプラスミド) は、ニッポンジーン社又はファスマック社から購入可能である。

コメ (63Bt、NNBt、CpTI) の検査方法

(略)

1. DNA 抽出精製

(略)

2. 定性リアルタイム PCR 法 (ABI PRISM™ 7900 または 7500)

(略)

3. 結果の解析と判定 (図 1 参照)

(略)

(参考)

(1) イオン交換樹脂タイプの DNA 抽出精製キット (QIAGEN Genomic-tip) は、QIAGEN 社 (〒104-0054 東京都中央区勝どき 3-13-1 FOREFRONT TOWER II. Tel. 03-6890-7300 Fax. 03-5547-0818) から購入可能である。シリカゲル膜タイプキット法 (NIPPON GENE GM quicker 2 変法) の NIPPON GENE GM quicker 2 キットは、ニッポンジーン社 (〒930-0834 富山市問屋町 1-8-7. Tel. 076-451-6548 Fax. 076-451-6547) から購入可能である。

(2) コメの検査法に用いるプライマー対、プローブ (CpTI コメ検出用プローブ (KDEL-P) を除く。) およびリアルタイム PCR 法用標準プラスミド (GM コメ害虫抵抗性コメ検出用陽性コントロールプラスミド) は、ニッポンジーン社 (〒930-0834 富山市問屋町 1-8-7. Tel. 076-451-6548 Fax. 076-451-6547) 又はファスマック社 (〒243-0041 厚

(3) コメの検査法に用いるプローブのうち、CpTI コメ検出用
プローブ (KDEL-P) については Thermo Fisher Scientific
社から購入可能である。

(略)

コメ (LL601) の検査方法

(略)

トウモロコシ (Bt10) の検査方法

(略)

トウモロコシ (CBH351) の検査方法

(略)

トウモロコシ (DAS59132) の検査方法

(略)

ナタネ (RT73 *B. rapa*) の検査方法

(略)

本市緑ヶ丘 5-1-3. Tel. 046-295-8787 Fax. 046-294-
3738) から購入可能である。

(3) コメの検査法に用いるプローブのうち、CpTI コメ検出用
プローブ (KDEL-P) については Thermo Fisher Scientific
社 (〒108-0023 港区芝浦 4-2-8 住友不動産三田ツインビ
ル東館 Tel. 03-6832-9300) から購入可能である。

(略)

コメ (LL601) の検査方法

(略)

トウモロコシ (Bt10) の検査方法

(略)

トウモロコシ (CBH351) の検査方法

(略)

トウモロコシ (DAS59132) の検査方法

(略)

ナタネ (RT73 *B. rapa*) の検査方法

(略)

パパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) の検査方法
(略)

ばれいしょ (F10、J3) の検査方法
(略)

サケ (AquAdvantage) の検査方法
(略)

ズッキーニ (ZW20、CZW3) の検査方法
(略)

Ⅲ. 検査方法の同等性確認方法

1. DNA 抽出精製方法について
(略)

2. リアルタイム PCR 装置について

「Ⅱ. 個別検査方法」で主に用いられている ABI7500 又は LightCycler96 等の他にも同等の性能を有する機種を用いる事ができる。同等の性能の確認は、感度、繰り返し再現性、ウェル間差及び増幅効率 (特に定量する場合) などを考慮して行う。例えば、市販陽性対照プラスミド (例えば、コメ用) を用意し、現行機種 (ABI 7500 等) を用いて検出限界より少し高い濃度 (10 回中 10 回すべて検出される最低濃度) の希釈溶液を作製する。

パパイヤ (PRSV-YK、PRSV-SC、PRSV-HN) の検査方法
(略)

ばれいしょ (F10、J3) の検査方法
(略)

サケ (AquAdvantage) の検査方法
(略)

ズッキーニ (ZW20、CZW3) の検査方法
(略)

Ⅲ. 検査方法の同等性確認方法

1. DNA 抽出精製方法について
(略)

2. リアルタイム PCR 装置について

「Ⅱ. 個別検査方法」で主に用いられている ABI PRISM 7900 又は LightCycler96/480 の他にも同等の性能を有する機種を用いる事ができる。同等の性能の確認は、感度、繰り返し再現性、ウェル間差及び増幅効率 (特に定量する場合) などを考慮して行う。例えば、市販陽性対照プラスミド (例えば、コメ用) を用意し、現行機種 (ABI PRISM 7900 等) を用いて検出限界より少し高い濃度 (10 回中 10 回すべて検出される最低濃度) の希

その溶液を用いて、確認したい機種で同様の試験を行い、また、日を変えて3回以上行った結果、すべて検出されること。96ウェル間で差がないことを確認する（Cq値に最大でも1以上の差がない。）。

3. マスターミックスについて
（略）

積溶液を作製する。その溶液を用いて、確認したい機種で同様の試験を行い、また、日を変えて3回以上行った結果、すべて検出されること。96ウェル間で差がないことを確認する（Cq値に最大でも1以上の差がない。）。

3. マスターミックスについて
（略）