

バイオテクノロジーを用いて得られた食品のリスク管理及び国民受容に関する研究

研究代表者 五十君 静信 東京農業大学 教授

研究要旨

種子植物を宿主にした遺伝子組換え (GM) 食品の安全性確保と安全性にかかわる評価法に関する研究に加え、バイオテクノロジー技術を用いて開発が進んでいる GM 微生物、GM 動物等を対象として研究を行った。多様な機能を有する GM が実用化に向けて開発され、バイオテクノロジー技術も多様化していることから、それらの安全性評価並びに規制のあり方、検知法、さらにはリスクコミュニケーションのあり方などについて検討することは急務である。多様化・複雑化するバイオテクノロジー応用食品の安全性評価に対応するためのオミクス手法の整備、定量解析手法並びに規格への反映化をめざすこと、消費者に受容されにくい状況が続いている GM 食品の本質的原因の究明並びに社会的受容の促進を大きな柱とし研究を進めた。加えて未承認 GM 食品の検知技術の開発及びスタック品種の検知法について検討を行った。

オミクス解析などによる安全性評価に関する実証的データの蓄積・整備では、バイオテクノロジー技術を用いて開発された GM 微生物、GM 動物等に関して、それらの安全性評価への網羅的技術（トランスクリプトーム、プロテオーム及びメタボローム）による解析結果を総合することで、モデル GM を対象として安全性評価法の検討を進めた。平成 28 年度は、分担研究者らにより新たに開発された GM ニワトリ、GM 微生物等のモデル GM について各種オミクス技術を用いる解析・検討を行った。さらに新開発食品の安全性評価で現在最も重要となっているアレルギー性に関するデータベース化、多様化するバイオテクノロジー技術並びに多様化する GM 食品の機能に関する情報収集を行い、安全性未審査の遺伝子組換え並びに新育種技術により開発された作物の検知技術開発と安全性に関する知見の収集を進めた。

リスクコミュニケーション関連では、消費者に受容されにくい状況が続いているバイオテクノロジー応用食品の本質的原因の究明並びに社会的受容の促進を試みる。GM 食品が受容されない本質的原因の究明に取り組むとともに、動植物の育種や品種改良の現場における技術として、重要性が増す一方である GM 及び NBT 技術について、国民の正しい理解と判断を手助けするために必要なコミュニケーションツールおよび手法の開発に取り組んだ。

倫理規定並びにカルタヘナ法等各種法令遵守のうえ研究を行った。

研究分担者

手島玲子 徳島文理大学香川薬学部
特任教授
今村知明 奈良県立医科大学 教授
小関良宏 東京農工大学大学院工学研究院
教授
太田大策 大阪府立大学大学院 教授
堀内浩幸 広島大学大学院 教授
近藤一成 国立医薬品食品衛生研究所 部長

安達玲子 国立医薬品食品衛生研究所 室長
中村公亮 国立医薬品食品衛生研究所 室長
A. 研究目的

多様な機能を有する遺伝子組換え (GM) 食品が実用化に向けて開発され、バイオテクノロジー技術も多様化していることから、それらの安全性評価並びに規制のあり方、検知法について検討し、それらの方向性に必要な基礎的な知見と方法論を提供することを目的とする。また、

GM 食品に対する消費者の意識は、リスク認知と受容性のかい離が大きいため、食糧生産技術として重要な GM・NBT 技術について、消費者が正しく理解した上で判断するために有効なコミュニケーション手法を明らかにする。加えて未承認 GM 食品の検知技術の開発及びスタック品種の検知法についての検討、食品の安全性評価に必要なアレルギー情報のデータベース化を行うことを目的とした。

B. 研究方法

種子植物を宿主にした遺伝子組換え (GM) 食品の安全性確保と安全性にかかわる評価法に関する研究に加え、バイオテクノロジー技術を用いて開発が進んでいる GM 微生物 (遺伝子組換え乳酸菌、ランダムミュートーション法により得られた乳酸菌変異株)、GM 動物 (緑色蛍光タンパク質 (green fluorescence protein: GFP) 遺伝子を有する組換えニワトリ) 等を対象としてオミクス解析などによる網羅的技術 (トランスクリプトーム、プロテオーム及びメタボローム) による解析結果を総合することで、モデル GM 食品を対象として安全性評価としての有用性について具体的な知見を提供した。H28 年度は特に GM 動物として GFP 導入ニワトリについて網羅的技術による検討を行った。

トランスクリプトーム解析では、雌のニワトリの非組換え体である野生種および GFP ヘテロ導入遺伝子組換え体より血液を採取し、白血球を得て中に発現している遺伝子についてマイクロアレイにより解析した。マイクロアレイでの結果より明確にシグナルを検出できた遺伝子群 25,714 遺伝子を解析対象として、非組換え体と組換え体で発現変動遺伝子を有意水準 1% として抽出した結果、1,883 遺伝子が得られた。このうち組換え体で非組み換え体の発現量の半分以下であった遺伝子が 299 遺伝子、組換え体で 2 倍以上の発現量を示したものが 27 遺伝子得られた。GM 微生物については、ヒト腸管上皮細胞との相互作用についても、トランスクリプトーム解析を行った。

プロテオーム解析では、GFP タンパク質遺伝子組換え並びに非組換えにわたりを用いて、それぞれ雌 3 個体の血清よりタンパク質を抽出し、2D-DIGE を行い、GM, NGM 間で発現に有意差のみられた 7 スポットにつき、タンパク質の同定を nanoLC-MS/MS 分析で行った。

メタボローム解析では、平成 27 年度に整備したニワトリメタボロミクスプラットフォームを基にして代謝物一斉解析を実施した。分析には、GFP タンパク質遺伝子組換え並びに非組換えにわたりから採取した血液を用いた。血液は、改変体と非改変体のそれぞれ 4 個体 (1 ヶ月齢) の雌個体から採取した。血漿サンプルの分析前処理法の最適化後、親水性画分と疎水性画分に分画した。それぞれの画分に含まれる代謝物をガスクロマトグラフ-飛行時間型質量分析装置によって計測し、222 個の代謝物ピークを再現性良く観測した。このうち 121 個の代謝物を同定し、統計解析を行った。

新規育種技術を用いて得られた食品の新しい検知法と評価法の開発では、新規育種技術の一つである Oligonucleotide Directed Mutagenesis (ODM) を用いて、セイヨウアブラナ由来のアセト乳酸合成酵素遺伝子に 1 塩基のみ変異させて得られたとされる除草剤耐性のセイヨウアブラナについて、検討した。①従来の方法 (Cel-1 アッセイ法、制限酵素アッセイ法)、及び、②次世代シーケンサーを使用した新しい方法 (PCR-NGS 法) の検出感度に関する検証を行った。

遺伝子組換え接ぎ木トマトについて、GUS 遺伝子を導入したマイクロトムを材料とし、組換えトマト台木に非組換えトマトの穂木を継いだ個体 (N/T) および非組換えトマト台木に組換えトマト台木を継いだ個体 (T/N) 各数個体を作成・栽培し、成熟したものを順次収穫し食品成分分析を進めている。

アレルギー性予測解析ツールの一つであるアレルギー・エピトープ情報データベース Allergen Database for Food Safety (ADFS) の更新・充実により、遺伝子組換え食品のリスク管理の上で必須であるアレルギー性評価系に関する研究を行った。2015 年 6 月から 2016 年 5 月までの 1 年間に NCBI PubMed に掲載された論文からエピトープ情報に関するものを選択し、8 種のアレルゲンタンパク質の linear epitope、及び 3 種のアレルゲンタンパク質の conformational epitope の新規情報を得た。

リスクコミュニケーションについては、①新たな説明ロジック及び説明ツールの開発として、平成 27 年度の研究成果を踏まえ、年代別の説明ロジックについて、ライフステージの変化に着目した消費者アンケートを設計し、実施した。また、食品安全に対する消費者意識の変

化について、過去と同じ質問でのアンケート調査を実施し、消費者の食品安全に対する感度の変化を調べた。②先進国や食品以外の分野における事例調査として、GMサーモンについて、定期的に海外の報道状況に対する調査を行った。ゲノム編集に関する欧州の政策および研究開発の最新動向については、2017年2月に開催される国際シンポジウムに参加して情報収集を実施する予定である。

研究方法の詳細については、各分担研究報告書を確認していただきたい。

倫理面への配慮

GM微生物ならびに動物において、いずれも閉鎖系での栽培・飼育になるので、各分担研究者の所属する研究所での遺伝子組換え生物安全管理委員会の許可を得て研究を行った。さらにそのGMの各研究所への配布については、カルタヘナ国内法に準拠するため、生殖不可能な状態にして配布することに配慮した。

動物実験については、分担研究者の所属する研究所での動物実験倫理規定に従って行った。

リスクコミュニケーションに関する研究での、意見聴取、インタビューにおいては不利益な個人情報が漏れないような配慮を講じた。また、人を対象とする疫学研究に関する倫理指針に該当する研究内容が含まれるため、奈良県立医科大学の倫理委員会に於いて承認を受けて研究を行った。

C. 研究結果 および D. 考察

バイオテクノロジー応用食品のオミクス手法を用いた網羅的解析

種子植物を宿主にした遺伝子組換え(GM)食品の安全性確保と安全性にかかわる評価法に関する研究に加え、バイオテクノロジー技術を用いて開発が進んでいるGM微生物(エルシニアの表層抗原を固定化した組換え乳酸菌)、GM動物(緑色蛍光タンパク質(green fluorescence protein: GFP)遺伝子を有する組換えニワトリ)等を対象としてオミクス解析などによる網羅的技術(トランスクリプトーム、プロテオーム及びメタボローム)による解析結果を総合することで、モデルGM食品を対象として安全性評価としての有用性について具体的な知見を提供した。H28年度は特にGM動物としてGFP導入ニワトリについて重点的に網羅的検討を行った。

トランスクリプトーム解析では、雌のニワトリの非組換え体である野生種およびGFPヘテロ導入遺伝子組換え体より血液を採取し、白血球を得て中に発現している遺伝子についてマイクロアレイにより解析した。マイクロアレイでの結果より明確にシグナルを検出できた遺伝子群25,714遺伝子を解析対象として、非組換え体と組換え体で発現変動遺伝子を有意水準1%として抽出した結果、1,883遺伝子が得られた。このうち組換え体で非組み換え体の発現量の半分以下であった遺伝子が299遺伝子、組換え体で2倍以上の発現量を示したものが27遺伝子得られた。GM微生物(エルシニアの表層抗原を固定化した組換え乳酸菌)については、細胞系を用いたGM微生物とヒト腸管上皮細胞の相互作用に関するトランスクリプトーム解析を行い、安全性評価法の具体的な実験系としての有用性を検討した。

プロテオーム解析では、GFPタンパク質遺伝子組換え並びに非組換えにわたりを用いて、それぞれ雌3個体の血清よりタンパク質を抽出し、2D-DIGEを行い、GM, NGM間で発現に有意差のみられた7スポットにつき、タンパク質の同定をnanoLC-MS/MS分析で行った。

メタボローム解析では、平成27年度に整備したニワトリメタボロミクスプラットフォームを基にして代謝物一斉解析を実施した。分析には、GFPタンパク質遺伝子組換え並びに非組換えにわたりから採取した血液を用いた。血液は、改変体と非改変体のそれぞれ4個体(1ヶ月齢)の雌個体から採取した。血漿サンプルの分析前処理法の最適化後、親水性画分と疎水性画分に分画した。それぞれの画分に含まれる代謝物をガスクロマトグラフ-飛行時間型質量分析装置によって計測し、222個の代謝物ピークを再現性良く観測した。このうち121個の代謝物を同定し、統計解析を行った。

新規育種技術を用いて得られた食品の新しい検知法と評価法の開発

新規育種技術の一つであるOligonucleotide Directed Mutagenesis (ODM)を用いて、セイヨウアブラナ由来のアセト乳酸合成酵素遺伝子に1塩基のみ変異させて得られたとされる除草剤耐性のセイヨウアブラナについて、検討した。①従来の方法(Cel-1アッセイ法、制限酵素アッセイ法)、及び、②次世代シーケンサーを使用した新しい方法(PCR-NGS法)の検出

感度に関する検証を行った。

遺伝子組換え接ぎ木トマトについて、GUS 遺伝子を導入したマイクロトムを材料とし、組換えトマト台木に非組換えトマトの穂木を継いだ個体 (N/T) および非組換えトマト台木に組換えトマト台木を継いだ個体 (T/N) 各数個体を作成・栽培し、成熟したものを順次収穫し食品成分分析を進めている。

アレルギー性予測解析ツールの1つであるアレルギー・エピトープ情報データベース Allergen Database for Food Safety (ADFS) の更新・充実により、遺伝子組換え食品のリスク管理の上で必須であるアレルギー性評価系に関する研究を行った。2015年6月から2016年5月までの1年間にNCBI PubMedに掲載された論文からエピトープ情報に関するものを選択し、8種のアレルゲンタンパク質の linear epitope、及び3種のアレルゲンタンパク質の conformational epitope の新規情報を得た。

バイオテクノロジー応用食品の安全性に関するリスクコミュニケーション

GM (genetically modified) 食品に対する日本の消費者の受容は、その登場時から一貫して低く、改善の兆しは見られない。その一方で、GM 技術は発展してきており、従来の GM 技術とは異なる特徴を持った NBT (new breeding technologies) のような技術も登場している。このような状況下でリスクコミュニケーションの複雑性は増し、また、一層慎重な対応が求められるようになってきている。

GM 食品が受容されない本質的原因の究明として、消費者の年代別による生物の基礎的知識やリテラシーの違いを把握し、年代によるコミュニケーション手法の検討、および円滑なリスクコミュニケーションに必要な要因の抽出を実施した。

①新たな説明ロジック及び説明ツールの開発として、平成27年度の研究成果を踏まえ、年代別の説明ロジックについて、ライフステージの変化に着目した消費者アンケートを設計し、実施した。また、食品安全に対する消費者意識の変化について、過去と同じ質問でのアンケート調査を実施し、消費者の食品安全に対する感度の変化を調べた。②先進国や食品以外の分野における事例調査として、GM サーモンについて、定期的に海外の報道状況に対する調査を行った。ゲノム編集に関する欧州の政策および

研究開発の最新動向については、2017年2月に開催される国際シンポジウムに参加して情報収集を実施した。

E. 結論

GM 及び non-GM ニワトリのオミクス解析から、外来遺伝子が導入された TG ニワトリにおいて、代謝系、遺伝子の転写系及び翻訳されるタンパク質で non-TG ニワトリと比較して大きく変動する因子が特定された。これは組換え体由来の産物ベース (いわゆるプロダクトベース) での安全性評価項目として、GM の有無、食品としてヒトが摂取した際の安全性の基準として利用できることが予想される。

プロテオミクス解析は、遺伝子組換え食品の安全性評価において、非組換え食品との定量的比較解析により有用な情報を与えることが示された。また、ターゲットを絞ったオミクス解析の安全性評価への応用も可能と思われ、安全性評価に有用なバイオマーカーの探索にも道を開くものと思われる。さらに、遺伝子組換えにより宿主に引き起こされる現象の作用機作を知る観点からも有用であることが示された。GM 微生物とヒト腸管上皮細胞との相互作用の検討では、安全性評価に用いる実験系としての知見の集積を行うことができた。

次世代型育種技術 (NBT) によって作出された生物由来の食品材料の代謝物蓄積の評価法の整備にも寄与する。特に、ゲノム編集ターゲット遺伝子以外のオフターゲット変異によって起こりうる代謝生化学的な影響を網羅的に解析し、ゲノムワイドな配列変異情報、トランスクリプトーム情報、プロテオミクス情報と統合解析し、NBT によって作出される食品素材の評価方の整備に結びつけることができる。新育種技術、特にゲノム編集を用いた作物及び魚類の研究開発が活発に行われている。一方で、行政的取り扱い判断のための科学的知見及び利用する国民の意識の調査は十分でない。法律的解釈に加えて、主に科学的知見の収集を行い、科学的見解をまとめる。これらの成果は、厚生労働省がゲノム編集技術を用いた作物・動物の申請時の行政的判断を行うのに重要な材料となると期待される。

新規育種技術の一つである ODM を利用して開発され、海外では商業栽培が計画されている除草剤耐性セイヨウアブラナ 5722 系統の検知が可能かを検証すること、また、ゲノム編集部位

とその周辺の状態を評価する新しい方法の開発が期待できる。

遺伝子組換え食品は、多様化するバイオテクノロジー技術を用いて開発されるため、そのリスクの1つであるアレルゲン性を予測することが非常に重要となる。本研究は、アレルゲン性予測解析法の1つとして開発したアレルゲン・エピトープ情報データベース(ADFS)に関して、最新の知見を取り入れてその情報内容を継続的に更新し充実させるものであり、遺伝子組換え食品のリスク管理の上で必須であるアレルゲン性の評価に大きく貢献するものと考えられる。

リスクコミュニケーションについては、ゲノム編集およびGM関連の各技術の最新動向および各国の対応状況を調査し、世界的動向の最新状況を把握し、同時に、国内消費者の調査を実施し、消費者の受容性の状況、受容性が変化するポイント(ライフイベント、年代等)を把握し、リスクコミュニケーションにおける効果的な働きかけの内容、セグメントを明らかにし、リスクコミュニケーション手法を開発することが期待される。

F. 健康危険情報

G. 研究発表

1. 論文発表

1. Nakamura, K., Kondo, K., Akiyama, H., Ishigaki, T., Noguchi, A., Katsumata, H., Takasaki, K., Futo, S., Sakata, K., Fukuda, N., Mano, J., Kitta, K., Tanaka, H., Akashi, R., Nishimaki-Mogami, T. Whole genome sequence analysis of unidentified genetically modified papaya for development of a specific detection method. *Food Chemistry*, 205, 272-279, 2016
2. Nakamura, K., Kondo, K., Akiyama, H., Ishigaki, T., Noguchi, A., Katsumata, H., Takasaki, K., Futo, S., Sakata, K., Fukuda, N., Mano, J., Kitta, K., Tanaka, H., Akashi, R., & Nishimaki-Mogami, T. Interlaboratory validation data on real-time polymerase chain reaction detection for unauthorized genetically modified papaya line PRSV-YK. *Data in Brief*, 7, 1165-1170, 2016
3. Noguchi, A., Nakamura, K., Sakata, K., Sato-Fukuda, N., Ishigaki, T., Mano, J., Takabatake, R., Kitta, K., Teshima, R., Kondo, K., Nishimaki-Mogami, T. Development and interlaboratory validation of a simple screening method for genetically modified maize using $\Delta\Delta$ Cq-based multiplex real-time PCR. *Analytical Chemistry*, 88, 4285-4293, 2016。
4. Komoto K., Okamoto S., Hamada M., Obana N., Samori M., and Imamura T. Japanese consumer perceptions of genetically modified food: Findings from an international comparative study. *Interactive Journal of Medical Research*, 2016, vol. 5, iss. 3, e23, p.1-19.
5. Ogawa T., Sasaki T., Okazawa A., Teshima R., Misawa N., Ohta D.: Metabolite profiling and proteome analysis of genetically modified lettuce plants (*Lactuca sativa* L.) that produce astaxanthin and its esterified derivatives. *Japanese J. Food Chem. Safety* 23, 9-19, 2016
6. Yuki Y, Kurokawa S, Kozuka-Hata H, Tokuhara D, Mejima M, Kuroda M, Oyama M, Nishimaki-Mogami T, Teshima R, Kiyono H. "Differential analyses of major allergen proteins in wild-type rice and rice producing a fragment of anti-rotavirus antibody". *Regul Toxicol Pharmacol*. 76, 128-136 (2016)
7. Takabatake R., Masubuchi T., Futo S., Minegishi Y., Noguchi A., Kondo K., Teshima R., Kurashima T, Mano J., Kitta K. "Selection of suitable DNA extraction methods for genetically modified maize 3272, and development and evaluation of an event-specific quantitative PCR method for 3272" *Food Hyg.Saf.Sci.* 57, 1-6 (2016)
8. Satoh R, Teshima R, Kitta K, Lang GH, Schegg K, Blumenthal K, Hicks L, Labory-Carcenac B, Rouquié D, Herman RA, Herouet-Guicheney C, Ladics GS, McClain S, Poulsen LK, Privalle L, Ward JM, Doerr N, Rasclé JB. "Inter-laboratory optimization of protein extraction,

separation, and fluorescent detection of endogenous rice allergens” *Biosci Biotechnol Biochem.* 80, 2198-2207 (2016)

9. Mano J., Nishitsuji Y., Kikuchi Y., Fukudome S., Hayashida S., Kawakami H., Kurimoto Y., Noguchi A., Kondo K., Teshima R., Takabatake R., Kitta K. “Quantification of DNA fragmentation in processed foods using real-time PCR” *Food Chemistry* 226, 149-155 (2017)
10. 高谷幸、山本茂貴、赤羽学、神奈川芳行、鬼武一夫、山口健太郎、池田佳代子、名倉 卓、南谷 怜、一蝶茂人. フードディフェンス食品防御対策ガイドライン準拠. 今村知明 [編] 2016年7月22日.
11. Miyahara, T., Miyake, N., Sawahuji, K., Kitta, K., Nakamura, K., Kondo, K., Ozeki, Y. Wheat DNA fragmentation of commercial processed foods. *Japanese Journal of Food Chemistry and Safety*, 23, 141-148, 2016.

2. 学会発表

1. 小川拓水, 鹿島光司, 幸義和, 岡澤敦司, 清野宏, 太田大策, コメ型経口ワクチン Mucorice-CTB のメタボローム解析, 第34回日本植物細胞分子生物学会大会 2016年9月(上田)
2. Ezaki R, Hirose F, Furusawa S, Horiuchi H. Stable and simple culture protocol for chicken primordial germ cells using apoptosis inhibitor. The 17th Asian-Australasian Association of Animal Production Societies Animal Science Congress. Aug 22, 2016, Fukuoka
3. Nakagawa Y, Ezaki R, Sakuma T, Kuroiwa A, Yamamoto T, Furusawa S, Horiuchi H. Genome editing in chicken primordial germ cells using genome editing tools. The 1st Annual Meeting of the Genome Editing Society of Japan. Sep 8, 2016, Hiroshima
4. Kameyama F, Nakagawa Y, Ezaki R, Furusawa S, Horiuchi H. Genome editing in chicken epiblast derived stem cells using CRISPR/Cas9. The 1st Annual Meeting of the Genome Editing Society of Japan. Sep 8, 2016, Hiroshima
5. 江崎僚, 廣瀬文哉, 古澤修一, 堀内浩幸. アポトーシス阻害剤を活用したニワトリ始原生殖細胞の新規培養方法. 第39回日本分子生物学会年会 2015年12月1日(横浜)
6. 平野朝子, 江崎僚, 古澤修一, 堀内浩幸. ニワトリエピブラスト幹細胞はナイーブ型かプライム型か. 第39回日本分子生物学会年会 2015年12月1日(横浜)
7. 野口秋雄, 中村公亮, 坂田こずえ, 石垣拓実, 加藤怜子, 真野潤一, 高畠令王奈, 橘田和美, 最上(西巻)知子, 近藤一成: 遺伝子組換えトウモロコシ粒検査法の簡易化, 第53回全国衛生化学技術協議会年会, 青森, 2016年10月
8. 中村公亮, 石垣拓実, 野口秋雄, 坂田こずえ, 加藤怜子, 真野潤一, 橘田和美, 最上(西巻)知子, 近藤一成: アクリルアミド産生低減並びに打撲黒斑低減を目的に開発された遺伝子組換えジャガイモ(J3, F10, E12系統)の検知法開発(第1報), 第53回全国衛生化学技術協議会年会, 青森, 2016年10月
9. 坂田こずえ, 中村公亮, 野口秋雄, 石垣拓実, 加藤怜子, 近藤一成: ITS-RPB2 領域を用いたクサウラベニタケ系統分類と中毒事例検体の分析, 第53回全国衛生化学技術協議会年会, 青森, 2016年10月
10. 菅野陽平, 青塚圭二, 佐藤正幸, 鈴木智宏, 坂田こずえ, 野口秋雄, 中村公亮, 近藤一成: Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP) 法を用いたツキヨタケの迅速判別法の検討, 第112回日本食品衛生学会学術講演会, 函館, 2016年10月
11. 野口秋雄, 中村公亮, 坂田こずえ, 石垣拓実, 加藤怜子, 真野潤一, 高畠令王奈, 橘田和美, 最上(西巻)知子, 近藤一成: 遺伝子組換えトウモロコシの簡易粒検査法の開発(続報), 第112回日本食品衛生学会学術講演会, 函館, 2016年10月
12. 高畠令王奈, 大西真理, 布藤聡, 峯岸恭孝, 野口秋雄, 中村公亮, 近藤一成, 手島玲子, 真野潤一, 橘田和美: 遺伝子組換えイネ検出のためのイネ種共通内在性配列の検討, 2016年度 AOAC 日本セクション年次大会, 東京, 2016年7月
13. 高畠令王奈, 増渕友子, 布藤聡, 峯岸恭孝, 野口秋雄, 近藤一成, 手島玲子, 倉嶋たけ代, 真野潤一, 橘田和美: 遺伝子組換えトウモロコシ MIR162 の系統特異的定量検知法の開発および妥当性確認, 2016年度 AOAC 日本セク

ション年次大会，東京，2016年7月

14. 真野潤一，西辻泰之，野間聡，菊池洋介，福留真一，川上裕之，佐藤恵美，新畑智也，栗本洋一，布藤聡，野口秋雄，中村公亮，近藤一成，高畠令王奈，橘田和美：リアルタイムPCRを用いたDNA断片化測定法の開発と性能評価，2016年度AOAC日本セクション年次大会，東京，2016年7月
15. 高畠令王奈，鍵屋ゆかり，峯岸恭孝，布藤聡，野口秋雄，近藤一成，最上（西巻）知子，真野潤一，橘田和美：LAMP法を用いた安全性審査済み遺伝子組換えダイズおよびトウモロコシのスクリーニング的定性検知法開発，日本食品化学学会第22回総会・学術大会，高知，2016年6月
16. 中村公亮，近藤一成，穂山浩，石垣拓実，野口秋雄，勝又啓史，高崎一人，布藤聡，坂田こずえ，福田のぞみ，真野潤一，橘田和美，田中秀典，明石良，最上（西巻）知子：安全性未審査の遺伝子組換えパパイヤ検知に向けた全ゲノムシーケンシング技術応用の検討について，日本食品化学学会第22回総会・学術大会，高知，2016年6月
17. 石垣拓実，中村公亮，布施谷実聡，川上浩，

近藤一成：ドライフルーツ食品を例とした、標的遺伝子コピー数の差に伴う内在性遺伝子の検出感度の違いについて、日本食品化学学会第22回総会・学術大会、高知、2016年6月

18. 三宅奈穂、宮原平、沢藤ことは、中村公亮、近藤一成、小関良宏：小麦加工食品におけるゲノムDNA断片化の評価、日本食品化学学会第22回総会・学術大会、高知、2016年6月
19. 真野潤一、野間聡、菊池洋介、福留真一、川上裕之、栗本洋一、布藤聡、野口秋雄、中村公亮、近藤一成、最上（西巻）知子、高畠令王奈、橘田和美：デジタルPCRを用いた遺伝子組換えトウモロコシ簡易定量スクリーニング法の開発、第111回日本食品衛生学会学術講演会、東京、2016年5月

H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得 なし
2. 実用新案登録 なし
3. その他 なし

