## 厚生労働省科学研究費補助金(食品の安全確保推進研究事業) 「核酸等温増幅反応を用いた食品遺伝子検査の新規プラットフォーム開発に係る研究」 令和6年度 分担研究報告書

#### 核酸等温増幅反応を用いた簡易核酸クロマト検査の検討

研究分担者 曽我 慶介 国立医薬品食品衛生研究所 生化学部 室長

研究要旨:近年の食品種の多様化、世界各国からの食品の輸入量及びその安全性確保需要の増加に伴い、我が国における食品遺伝子検査数も増すことが見込まれる。現在の食品遺伝子検査はリアルタイム PCR がゴールドスタンダードになっているが、機械が高価かつ時間がかかることが問題視されていた。一方で、他分野では遺伝子検出技術として様々な等温核酸増幅反応の有用性が報告されている。特に、Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) 法や Recombinase Polymerase Amplification (RPA) 法は等温でかつ数十分で反応が完了することから、定性検査法として医療分野では普及が進んでいる。しかし、国内の食品遺伝子検査としては検討が進んでいないのが実情である。そこで本研究は、LAMP や RPA 等の核酸等温増幅反応の現状の情報収集を行い、その中から実用的な方法を選択して、サンプリングから結果の解析までの流れを鑑みて食品行政に係る遺伝子試験としての適用性を評価し、試験法として開発することを目的とする。

本研究では、オンサイトで迅速に結果を確認できる試験法として、遺伝子組換え(GM)トウモロコシ検査をモデルに、RPA または LAMP を用いた核酸クロマト目視判定試験紙 Printed Array Strip (C-PAS) を検討した。とうもろこしの陽性対照として、とうもろこし内在性遺伝子スターチ合成酵素IIb (SSIIb) を、GM の共通配列として、カリフラワーモザイクウイルス 35S プロモーター (P35S) および土壌細菌由来ノパリン合成酵素ターミネーター (TNOS) を標的とした。RPA-C-PAS では、非特異的な増幅が検出されて、偽陽性が多いことから現時点での適用は困難と考えられた。LAMP-C-PAS では、SSIIb、P35S および TNOS において、Simplex-C-PAS が機能することを確認した。しかし、マルチプレックス化を検討した際に、プライマー濃度を調整することで Duplex の SSIIb/TNOS、P35S/TNOS は機能することを確認できたが、Triplex 試験などは増幅するべきものが確認できないことや、非特異的増幅が確認される等課題が残った。さらに、公定検査法として運用する際には、反応チューブ開閉時の作業環境汚染の問題を解決する必要があり、そのためには閉鎖系で実験から解析まで完了できる新たな検討が必要と考えられた。

#### A. 研究目的

世界の食品安全性検査市場は 2022 年に 211 億 米ドルと推定され、2027 年には 311 億米ドルに 達し、8.1%の年次成長率になると予測されてい る (MarketsandMarkets 社、2022)。近年では、「培 養肉」等の新規技術で開発された食品種が増え るとともに、世界の食品取引及び規制遵守を満 たすための安全性確保需要も増加することから、 結果的に食中毒等のリスクを低減し、かつ食品 表示不正を防止するために世界各国で食品検査 の需要が増すと考えられる。

食品行政にかかる遺伝子検査(遺伝子組換え 食品、アレルゲン、微生物)はリアルタイム Polymerase Chain Reaction (PCR) がゴールドスタ ンダードになっている。その理由として、特異性が高いことおよび高感度なことが挙げられる。しかし、PCR はサーマルサイクラーを用いて特定温度の多段階ステップを複数サイクル繰り返す必要があるため、高価な機械が必要なこと及び結果を得るまでに数時間がかかることが課題であった。従って、今後はリアルタイム PCR と同等の特異性・感度・精度を有しつつ、より簡便で検査速度を向上させた試験法の開発が求められる。

近年、遺伝子検出技術として様々な等温核酸 増幅反応の有用性が報告されている。Loopmediated isothermal amplification (LAMP) 法は、 60-65℃の等温反応であり、インキュベーション 時間も数十分と短時間で済むことから、世界的 にも近年の Covid-19 検査などの感染症診断の分 野で適用され始めており、我々も LAMP 法を用 いた DNA 粗抽出法やラテラルフロー法の検討を 進めている (Takabatake et al, 2018. J Agric Food Chem, Narushima et al, 2020, Biosci Biotechnol Biochem) . Recombinase Polymerase Amplification (RPA) 法は 20-45℃の反応温度でインキュベー ション時間が最短10分未満という利便性を備え た核酸増幅であり、蛍光プローブで検出する方 法に加え、CRISPR-Cas システムを応用した DNA endonuclease-targeted CRISPR trans reporter (DETECTR) (Chen et al, 2018, Science) 等は感染 症診断分野での高感度検査法として特に注目さ れている。一般に等温核酸増幅反応では、PCR と 比べて DNA ポリメラーゼが夾雑物に強いという 特徴を有することから、DNA 抽出も簡便な方法 に代替されうる。しかしながら、食品行政に関わ る公定検査法としての検討はあまり進んでいな いのが実情である。

昨年度までの検討で、文献調査や簡易 DNA 抽 出のしやすさから RPA の有用性を確認している。 本年度は、LAMPやRPA等の核酸等温増幅反応を用いた核酸クロマト技術の検査法として応用について検討を行う。

#### B. 研究方法

#### 試料

国産とうもろこし穀粒および遺伝子組換え (GM) とうもろこし MON863 系統の認証標準物質 (ERM-BF416d、10%GMO、Merck) を用いた。

#### ゲノム抽出

Genomic-Tip 100G (QIAGEN) を用いて、添付 プロトコールに従い、ゲノム DNA を抽出した。

#### **RPA-C-PAS**

クロマト目視判定試験紙 Printed Array Strip (以 後、C-PAS と表記)、展開液、ラテックスビー ズ、標的タグプライマーを TBA 社に生産委託し た。GM とうもろこしをモデルに、とうもろこし の陽性対照として、とうもろこし内在性遺伝子 スターチ合成酵素IIb (SSIIb) を標的とした。GM の共通配列として、カリフラワーモザイクウイ ルス 35S プロモーター (P35S) および土壌細菌 由来ノパリン合成酵素ターミネーター(TNOS) を標的とした。RPA 用プライマー及びプローブ を用いた(表 1)。C-PAS 用に各フォーワードプ ライマーに C-PAS とのハイブリタグ DNA を付 加した。各リバースプライマーには、アビジンコ ートされたラテックスと複合体を形成させるた めに、ビオチンを標識した。RPA-C-PASの概要 を図1に示した。TwistAmp Basic Kit(TwistDx) に含まれる試薬を用い、下記の通りに反応溶液 を調製した。

Rehydration Buffer	29.6 μL
純水	9.2 μL
Primer-F (10 μM)	$2.4~\mu L~(480~nM)$
Primer-R (10 μM)	2.4 μL (480 nM)
Total	43.6 μL

上記組成で PCR チューブ内に調製・混和し、2 個の PCR チューブにそれぞれ 21.8  $\mu$ L ずつ分注した。

分注した各チューブに DNA 抽出液 (10 ng/μL) を 2.0 μL 加えた後、蓋に MgOAc (280 mM) 1.2 μL を滴下し、遠心で落とすことで混合し、反応を開始した。 反応中は Veriti サーマルサイクラー (ThermoFisherScientific) を用いて、37℃、30分間保温した。保温後、チューブ蓋をあけ、増幅産物を純水で5~10倍希釈し、展開液(塩濃度 150 mM)、ラテックス溶液、C-PAS を挿入し、約 10分常温で静置し、着色を目視で確認した。

#### LAMP-C-PAS

RPA 同様に GM とうもろこしをモデルに検討した。SSIIb 用プライマーは、PrimerExplorer(栄研化学)を用いて作成した。P35S は以前開発したもの(Takabatake et al, 2018, JAgric Food Chem)を、TNOS は既報のもの(Hardinge et al, 2018, Sci Rep)を利用した。配列を表 2 に示した。LAMP-C-PAS の概要を図 4 に示した。Master Mix はニッポンジーン社製の LAMP MASTER を用いた。・10×LAMP プライマーMix

50 μM FIP	12.8 μL	$(16 \mu M)$
50 μM BIP	12.8 μL	$(16  \mu M)$
50 μM F3	1.6 µL	$(2 \mu M)$
50 μM B3	1.6 µL	(2 µM)
50 μM LoopF	6.4 µL	(8 µM)
50 μM LoopB	6.4 µL	(8 µM)
純水	38.4 μL	
Total	80 μL	

C-PAS の場合は以下の組成で反応させた。

・反応溶液調製(1ウェル当たり)

DNA 抽出液(10 ng/μL)	4 μL
2×LAMP MASTER	10 μL
5×LAMP プライマーMix	4 μL
純水	$2~\mu L$
Total	20 μL

65℃、30 分間保温後、チューブ蓋をあけ、増幅 産物を純水で 5~10 倍希釈し、展開液(塩濃度 150 mM)、ラテックス溶液、C-PAS を挿入し、 約 10 分常温で静置し、着色を目視で確認した。 マルチプレックス LAMP を行う場合は、プライ マー総モル量は変えず、標的毎にモル比を調節 した。

増幅の確認を蛍光検出で行う場合は、以下の組成で行った。

・反応溶液調製(1ウェル当たり)

DNA 抽出液(10 ng/μL)	4 μL
2×LAMP MASTER	10 μL
5×LAMP プライマーMix	$4~\mu L$
10×インターカレータ Mix	2 μL
Total	20 uL

反応は等温増幅蛍光測定装置 GeneLyzer FIII(日立キャノンメディカル)を用いて  $65^{\circ}$ Cで 30 分間保温し、蛍光シグナルをリアルタイムで検出した。融解曲線分析では、LAMP 後に 1 秒当たり  $0.05^{\circ}$ Cのスピードで  $98^{\circ}$ Cから  $80^{\circ}$ Cまで温度を下降させ、蛍光シグナルデータを取得した。

#### C. 研究結果

#### RPA-C-PAS (核酸クロマト法)

RPA はこれまで電気泳動および蛍光プローブを用いたリアルタイム検出ではワークすることが確認されている。本検討では RPA を C-PAS による検出に適用できないか検討した。 GM とうもろこしをモデルに、RPA-C-PAS の系を設計した(図 1)。シングルプレックスで SSIIb、P35S および TNOS の各領域の増幅を確認したところ、陽性コントロール GM とうもろこしの増幅指標位置に着色が確認されたが、陰性コントロールでも同様の濃さの着色が確認された(図 2A)。非特異的増幅はプライマー濃度および展開液にも起因することから、プライマー濃度を下げ、かつ展開液も非特異的増幅抑制剤が含まれるもの

を用いて検討を行ったところ、5 倍希釈時は陰性・陽性両コントロールで着色が認められた(図2B)。10 倍希釈時は陰性・陽性両コントロールで着色が見られなかった。

陰性コントロールの増幅原因を調べるために、本法で用いたプライマーに加え、既報 (Liu et al, 2021, Food Chem) のプライマーを用いた RPA の増幅産物のアガロースゲル電気泳動で確認したところ、陰性コントロールでもしばしばスメア状バンドが確認されることがあった(図 3)。

#### LAMP-C-PAS (核酸クロマト法)

LAMP は既に、C-PAS の報告がなされている が、本検討で図4に示した構想で、GMとうもろ こし検査をモデルとした SSIIb、P35S、TNOS マ ルチプレックス検査を検討した。昨年度利用し た LAMP-SSIIb は、融解曲線ピークがブロードな 形状を示していた。このブロードなピークは増 幅産物が多様に含まれ、非特異的な増幅が多い ことを示している。そこで、本研究では最初に SSIIb のプライマーの改良を検討した。 PrimerExplorer によりプライマーを新たに3種類 設計し、それらを用いて LAMP を行った検討結 果を図5に示した。プライマーSSIIb-Original-1は 増幅が確認されなかった。昨年度の検討で用い たプライマーSSIIb-Original-2 では陽性及び陰性 の両コントロールで12~13分で増幅が確認され、 融解曲線解析では 86~96℃でブロードな蛍光値 変化が認められた。なお、陰性コントロールでの 増幅は、前回の増幅産物のキャリーオーバーに よる偽陽性とみられる。プライマーSSIIb-Original-3 は増幅が確認されたが、曲線の立ち上 がりが 20 分以降と遅く、融解曲線も 85~91℃と ブロードなピークが確認された。プライマー SSIIb-Original-4 は、16 分で陽性コントロールで のみ増幅が確認され、かつ 90℃付近をピークと したシャープな融解曲線が確認された。よって、 非特異的な増幅が少ないと考えられる以後は

SSIIb-Original-4 のプライマーペアを用いること にした。

次に、C-PAS を行うためのハイブリゼーショ ンタグとビオチン標識の組み合わせを検討した。 LAMP はプライマー6 種類用いるため、様々な標 識パターンが想定されうるが、今回はハイブリ ダイゼーションタグを FIP または LoopF プライ マーに、ビオチンをBIPまたはLoopBに標識し、 それぞれの組み合わせ①~④(図 6A)の中から シグナル感度が高く、特異性が良好なものを選 抜することにした。LAMP-C-PAS を行ったとこ ろ、組み合わせ①~④全てにおいて、陽性コント ロールでのみ F1 のライン (図 4) に青の着色が 確認された(図 6B)。続いて、その増幅産物の 有無をアガロースゲル電気泳動で確認したとこ ろ、全ての組み合わせにおいて、陽性コントロー ルでのみ LAMP 特有のラダー状のバンドが認め られた(図 6C)。よって、用いた組み合わせの どれに関しても C-PAS で検出が可能と判断され たが、以降の検討は標識の組み合わせ①を利用 した。P35S と TNOS による蛍光検出および C-PAS での増幅を確認し、その結果を図7に示し た。リアルタイム蛍光検出では、P35Sは約14分 後に、TNOS は約20分後に増幅が確認でき、融 解曲線ピークもそれぞれ 86~87℃、80~81℃付 近にシャープなものが認められた。C-PASでは、 P35S および TNOS どちらも目的の位置に着色が 確認された。よって、Simplex-LAMP は全て機能 することが確認された。

次に C-PAS のマルチプレックス化の検討のため、各プライマーセットを混合して、Duplex あるいは Triplex-LAMP-C-PAS を検討した。図 5、7 に示した通り、TNOS-LAMP 速度は *SSIIb* と P35S の LAMP 速度と比較して遅いため、TNOS プライマー濃度を濃く調製して検討したところ、SSIIb/TNOS の Duplex-LAMP ではプライマーモル比 1:7 の時に GM とうもろこしで *SSIIb* と TNOS の両方で着色が認められた(図 8A)。ま

た、非 GM とうもろこしでは SSIIb の着色のみ認められた。P35S/TNOS の Duplex-LAMP ではTNOS の着色が薄いがプライマーモル比 1:2時に、GM とうもろこしで両方の着色が確認された(図 8B)。また、非 GM とうもろこしでは着色が認められなかった。よって、SSIIb/TNOS および P35S/TNOS の Duplex-LAMP はマルチプレックスとして機能することが示唆された。一方で、SSIIb/P35S の Duplex-LAMP お よ び SSIIb/P35S/TNOS の Triplex-LAMP も検討を行ったが、増幅されるべき反応が認められないことや非特異的な増幅が認められる等の運用するための問題が残った(データ示さず)。

### D. 考察

#### **RPA-C-PAS**

RPA を C-PAS で取り扱った報告がまだ存在し ないため、本研究で初めて検討を行ったところ、 標的とした 3 つの配列についていずれも陰性コ ントロールにおいて非特異的なシグナルが認め られた。既に RPA の加水分解プローブ法および、 核酸クロマト技術で既に論文で報告されている プライマーを用いても、RPA は電気泳動時に陰 性コントロールでスメアが確認されることから、 C-PAS で検出されるものは必ずしも標的の増幅 を示すものではなく、プライマーダイマーや非 特異的な増幅を検知していると考えられる。RPA の加水分解プローブを用いた系では、 Tetrahydrofuran および C3-Spacer をオリゴに導入 することが一般的で、生産コストが高いという 問題点があり、RPA の低コスト化のための導入 には適さない。また、既報 (Hardinge et al, 2018, Sci Rep) では、オリゴ DNA の 5'側に蛍光標識ま たはビオチンの抗体をマウントした抗原抗体反 応を利用した試験紙であるのに対し、本研究で は DNA タグとのハイブリダイゼーションする核 酸をマウントした C-PAS なため、増幅産物のト

ラップ様式が異なっている。最適化にはさらなる検証が必要であると考えられる。

研究開始時はRPAで利用するポリメラーゼはTwistDx 社しか取り扱いがなかったが、ThermoFisher 社などからも販売が開始している。今後、試薬に関しては汎用性が高くなると予想されるが、第一は蛍光検出や電気泳動による確認がメインになると考えらえる。

#### LAMP-C-PAS

LAMP-C-PAS に関しては GM 食品検査におい ては、パパイヤ等で既に報告されている (Takabatake et al, 2018, J Agric Food Chem, Takabatake et al, 2023, Biol Pharm Bull) 。 今回、 GM とうもろこしのスクリーニング検査として 適用することを念頭に、GM とうもろこしの C-PAS を検討した。とうもろこし内在性遺伝子検 査は SSIIb を標的として、蛍光検出から、C-PAS の Simplex-検査までを良好なプライマーセット をデザインすることができた。続いて、P35Sや TNOS を対象とした C-PAS も既存の方法を用い て良好な Simplex-検査結果を得ることができた。 しかし、C-PASのマルチプレックス化において、 プライマーの組み合わせの最適な条件を組むこ とが難しく、今回機能することが確認できたの は SSIIb/TNOS または P35S/TNOS の Duplex-LAMP-C-PAS に留まった。LAMP ではプライマ ーを 6 種類添加するため、標的が増えるにつれ て、プライマー間の相互作用の組み合わせは PCR と比較して劇的に増加していく。すなわち、 予期せぬプライマーダイマーが生じる可能性が 高くなり、PCR と比較してマルチプレックス化 を難化させている。今回3セットのプライマー で検討を行ったが、各反応のマルチプレックス 化を行う場合は、さらに多数の組み合わせの検 討を要すると考えられる。さらには、C-PAS は一 度反応を終えたチューブを開封して、クロマト 試験紙を挿入することから、開封時に増幅した

多数の DNA が大気中に拡散し、作業環境を汚染するリスクが大いにある。実際に、作業の後半においては陰性コントロールで本来増幅する可能性のない反応系で非特異的な増幅が多数確認され、本研究の足枷となった。作業環境汚染による偽陰性が生じる系では、公定試験法として運用する上の大きな障壁となるだろう。この問題をクリアするには、閉鎖系で反応からクロマト試験紙に展開するような器具を専用で開発することが望ましい。本研究班ではそこまで至らなかったが、実用に向けて検討を続ける。

#### E. 結論

RPA および LAMP のクロマト試験検査として GM とうもろこし検査をモデルに C-PAS を検討した。RPA-C-PAS は陰性コントロールでも増幅 が確認され、適用が難しい結果となった。LAMP-

C-PAS では Simplex 検査および一部 Duplex 検査は機能することを確認したが、Triplex 検査ではうまく機能しなかったことから、今後検討が必要である。さらに、今後公定検査法として C-PASを適用するには、作業環境汚染による偽陽性の問題をクリアする必要があり、閉鎖系の反応を構築することが必要と考えられた。

#### F. 研究発表・業績

・曽我慶介、中山達哉、柴田識人「全国検査機関を対象とした核酸等温増幅反応による迅速遺伝子検査需要調査」第61回全国衛生化学技術協議会年会、堺市、2024年11月22日

## **G. 知的財産権の出願・登録状況** 該当なし

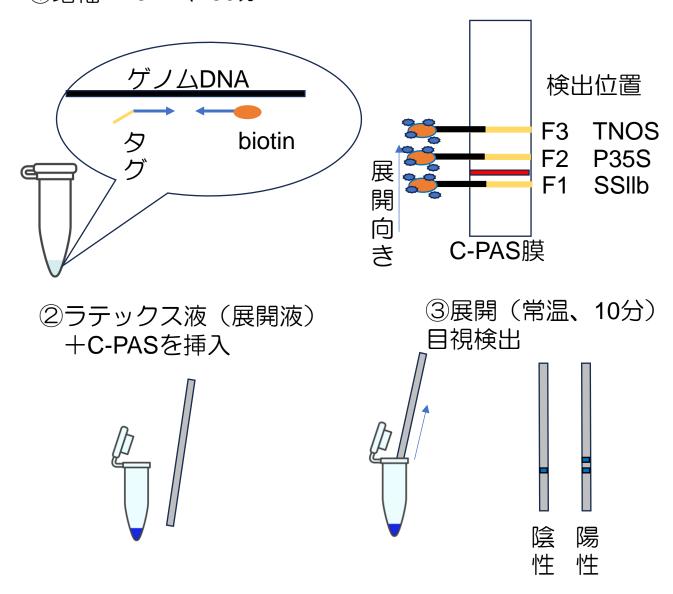
# 表1 RPA用プライマー

	遺伝 子名	プライマー名	オリゴ配列(5′-3′)	増幅長	C-PAS時	参照
とうもろこし	SSIIb	SSIIb-rpa-fw9	ccgaagcaaagtcagagcgctg caatgcaa	183 bp	F1タグ	オリジナル
内在性遺 伝子		SSIIb-rpa-rv8	gctttccaccggtctagcatcatc acctgc		ビオチン タグ	
GM配列	P35S	p35s-rpa1-Fw5	tgatatctccactgacgtaaggg atgacgc	100 bp	F2タグ	オリジナル
		p35s-rpa1-Rv	ccctgtcctctccaaatgaaatg aacttcc		ビオチン タグ	
	P35S- 2"	RPA-P-35s-F2	cctctgccgacagtggtcccaaa gatggacc	123 bp		Liu et al Food Chem, 2021
		RPA-P-35s-R	cccttacgtcagtggagatatca catcaatcc			
	TNOS	12-NOS-F	gatcgttcaaacatttggcaata aagtttct	220 bp	F3タグ	Ding et al, JAR, 2024
		12-NOS-R	atttatcctagtttgcgcgctata ttttgtt		ビオチン タグ	

## 表 2 LAMP-C-PAS用プライマー

遺伝子	_プライマー 役割	オリゴ配列	C-PAS時	参考文献	
SSIIb	F3	GCTCCGAAGCAAAGTCAGA		Original-1	
	В3	CTTAGCATCCACCGGTTCAG			
	FIP	CAGCTTTGGGTCCGGACACCGCGCTGCAATGCAAAACG			
	BIP	AGAGAAATCGATGCCAGTGCGGGCTTTCCACCGGTCTAGC			
	LoopF	TGCTGCCCCACTCGTT			
	LoopB	TGAAGCCAGAGCCCGCA			
	F3	GATTCTGCTTCACCTCCCAA		Original-2	
	В3	GTCTAGCATCACCTGCG		令和5年度	
	FIP	GCCCCACTCGTTCCGTTTTGCCTTTGACATCTGCTCCGAA		研究報告書	
	BIP	GGTGTCCGGACCCAAAGCTGGCACTGGCATCGATTTCTCT		で用いたもの	
	LoopF	GCAGCGCTCTGACTTTGC			
	LoopB	TCATCCATCAGCTCCTGTCAC			
	F3	GACCCAAAGCTGATCATCCA		Original-3	
	В3	GGCCAGGTTCATTATCCTCC		J	
	FIP	CATCATCACCTGCGGGCTCTG-TCAGCTCCTGTCACCAAGA			
	BIP	AAGCATAGGCATCGCTGAACCG-CATAAGGAGCACTCGCCG			
	LoopF	CGCACTGGCATCGATTTCTC			
	LoopB	CTAAGGCTGATGCAGCTCCGG			
	F3	GATGCCAGTGCGGTGAAG		Original-4	
	В3	GGAGCACATTCAGAAGCCA		J	
	FIP	CCGGAGCTGCATCAGCCTTAGATGATGCTAGACCGGTGGAA	F1タグ		
	BIP	GGCGGCGAGTGCTCCTTATGCACATTAGGCCCAGCCAA	ビオチン標識		
	LoopF	GGTTCAGCGATGCCTATGCT			
	LoopB	ACAGGGAGGATAATGAACCTGG			
P35S	F3	ATTGCGATAAAGGAAAGGCTATCG			
	В3	ACTTCCTTATATAGAGGAAGGGTC			
	FIP	GAAGACGTGGTTGGAACGTCTTCTTAGTGGTCCCAAAGATGG A		Takabatake et al,	
	BIP	GCAAGTGGATTGATGTGATATCTCCTTGCGAAGGATAGTGG GA		2018, J Agric Food Chem	
	LoopF	TTTCCACGATGCTCCTCG	F2タグ		
	LoopB	CGTAAGGGATGACGCACA	ビオチン標識		
TNOS	F3	CGCGATAATTTATCCTAGTTTG			
	В3	CGTTCAAACATTTGGCAAT			
	FIP	GCATGACGTTATTTATGAGATTTTTCGCGCTATATTTTGTTTTC TA	F3タグ	Hardinge et al, 2018, Sci Rep	
	BIP	CATGCTTAACGTAATTCAACATTTTTGAATCCTGTTGCCGGTC		,	
	LoopF	GATTAGAGTCCCGCAATTATAC			
	LoopB	AAATTATATGATAATCATCGCAA	ビオチン標識		

# ①增幅 37℃、30分



### 図1 RPA-C-PAS概略図

クロマト目視判定試験紙Printed Array Strip(C-PAS)をRPAを用いて実施。

① ビオチンプライマーとシングルタグDNA付プライマーにより標的DNAを増幅、② その増幅液をアビジンコートラテックス(青)と混合してメンブレンストリップに展開、③ ライン状に固相化された相補タグDNAとタグDNAの強いハイブリダイゼーション反応により増幅産物をトラップ、④ トラップされたラテックス標識RPA増幅産物でラインが青色になることにより、検体中の標的DNAの有無を目視判別。 実際は、37℃、30分で増幅後、増幅液と展開液を混合した溶液中にC-PASを挿入し、約10分静置。着色を目視で判定。

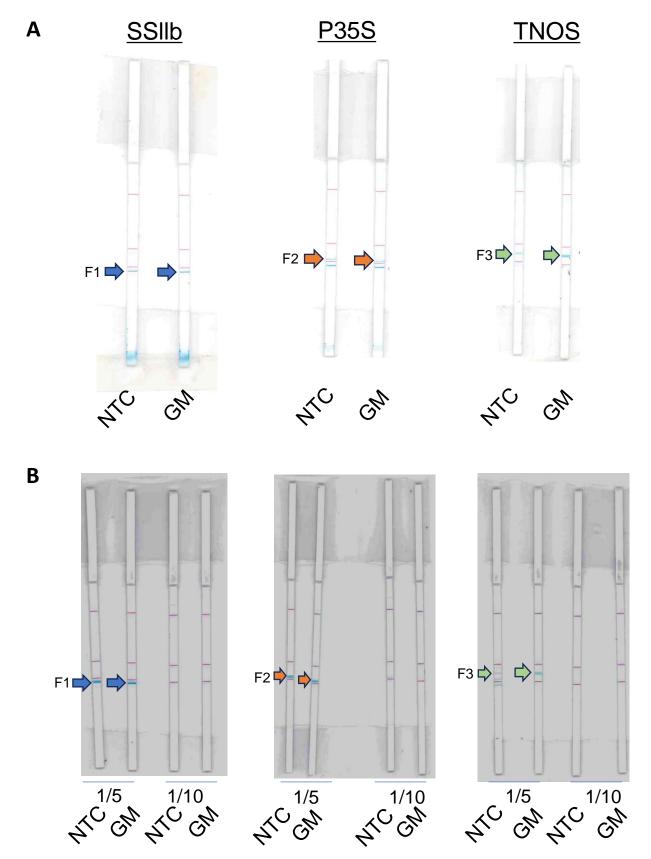
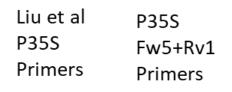
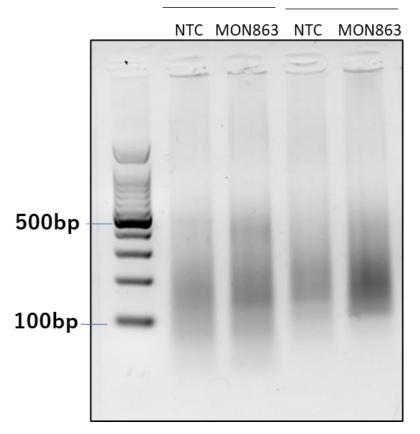


図 2 RPA-C-PASのSimplexの検討結果

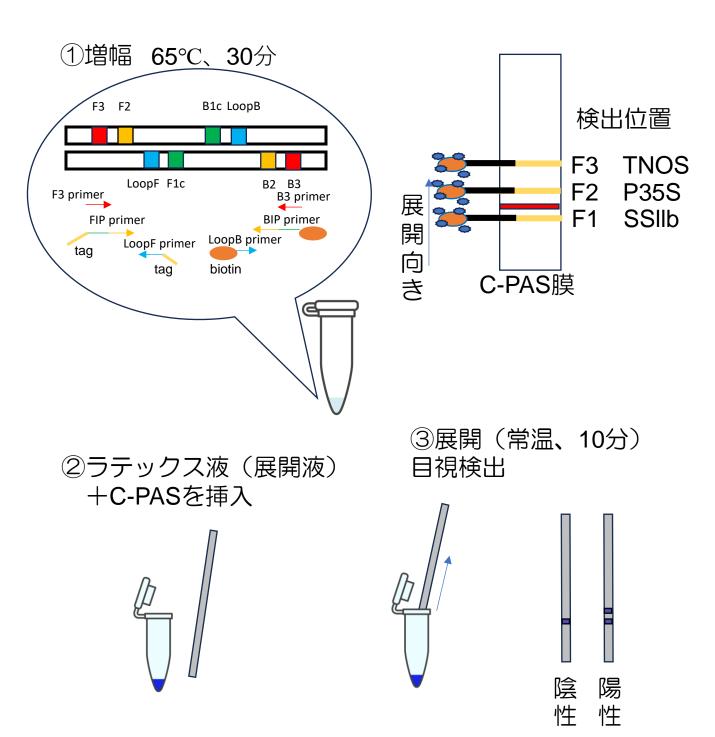
SSIIb、P35SおよびTNOSに関して、テンプレート無し(NTC)、GMとうもろこし MON863由来ゲノムDNA(GM)からSimplex RPAを行い、C-PASで判定を行った。F1は SSIIb、F2はP35S、F3はTNOSのフォワードプライマーに相補的なタグがそれぞれマウントされている。A)従来プライマー濃度、B)プライマー濃度5倍希釈、10倍希釈。非特異的増幅を抑える展開液(改)を用いた。





### 図3 RPAの増幅産物確認

P35Sに関して、既報(Liu et al, 2021, Food Chem)の方法と本法で、テンプレート無し(NTC)、GMとうもろこしMON863由来ゲノムDNAからRPAを行い、アガロースゲル電気泳動で増幅産物の確認した。既報は増幅産物123 bp、本法は100 bp。



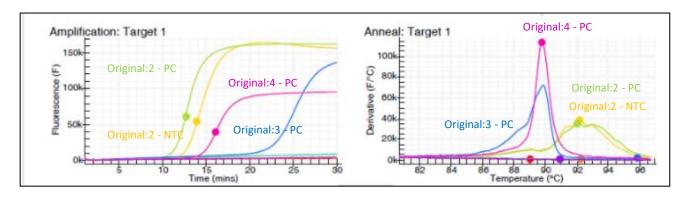
#### 図4 LAMP-C-PAS概略図

クロマト目視判定試験紙Printed Array Strip(C-PAS)をLAMPを用いて実施。

① ビオチンプライマーとシングルタグDNA付プライマーにより標的DNAを増幅、② その増幅液をアビジンコートラテックス(青)と混合してメンブレンストリップに展開、③ ライン状に固相化された相補タグDNAとタグDNAの強いハイブリダイゼーション反応により増幅産物をトラップ、④ トラップされたラテックス標識LAMP増幅産物でラインが青色になることにより 検体中の標的DNAの有無を目視判別。

実際は、65℃、30分で増幅後、増幅液と展開液を混合した溶液中にC-PASを挿入し、約 10分静置。着色を目視で判定。

### Α



В

SSIIb プライマーペア	試料	時間(分)	融解温度(℃)ピーク
Original:1	NTC	-	-
	PC	_	-
Original:2	NTC	13:55	92.20
	PC	12:36	92.06
Original:3	NTC	_	
	PC	— *	<b>-</b> *
Original:4	NTC	-	_
	PC	16:07	89.79

<sup>\*</sup> 蛍光値プロットでは目視で増幅が確認されたが、ソフトウェアで値が算出されなかった。

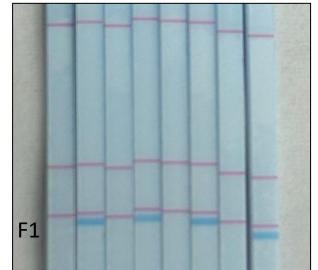
## 図5 LAMP-SSIIbのシングルプレックスの検討結果

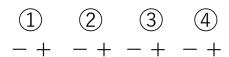
SSIIbを標的としたLAMPに関して、4種類のプライマーセット(Original:1~4)を用い、テンプレート無し(NTC)またはとうもろこし由来ゲノムDNA(PC)を鋳型として検討した。A)Genelyzerにより蛍光を検出した際の増幅曲線(左)と融解曲線(右)、B)増幅の閾値を超えるまでの時間と、融解温度

Α

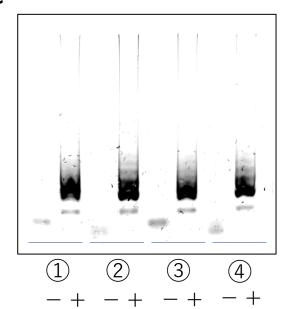
組み合わせ	1	2	3	4
F1タグ	FIP	LoopF	FIP	LoopF
Biotinタグ	BIP	LoopB	LoopB	BIP







# C

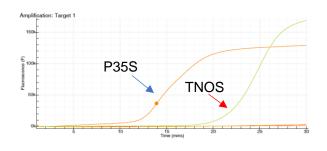


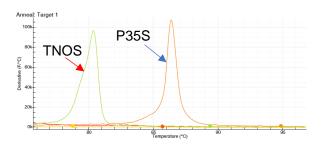
## 図6 LAMP-SSIIbのC-PASの検討結果

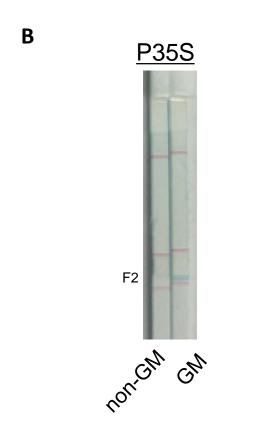
SSIIbを標的としたLAMP-C-PASに関して、プライマー②を用い、テンプレート無し (NTC) またはとうもろこし由来ゲノムDNA (PC) を鋳型として検討した。-がNTC、+がPCを示す。A) 標識パターンの組み合わせ4種類、B) C-PAS結果、F1はSSIIbのプライマーに付加したシングルDNAタグに相補なDNAがマウントされている。C) アガロースゲル電気泳動による増幅産物の確認

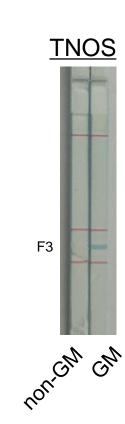
Α	プライマーペア	試料	時間(分)	融解温度(℃)ピーク*2
	P35S	NTC	_	_
		GM	13:56	86~87
	TNOS	NTC	_	_
		GM	*	80~81

\*蛍光値プロットでは目視で増幅が確認されたが、ソフトウェアで値が算出されなかった。
\*2ソフトウェアにより融解温度ピークが正しく算出されなかったため、目安を示した。



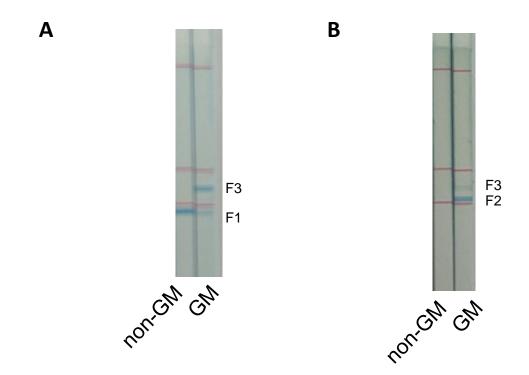






## 図7 LAMP-C-PAS(P35S, TNOS)

P35SおよびTNOSに関して、非GMとうもろこし由来ゲノムDNA(non-GM)、GMとうもろこしMON863由来ゲノムDNA(GM)を鋳型にLAMPを行った。A)左がリアルタイム蛍光検出の増幅曲線、右が融解曲線、B)C-PASでの目視判定。F2はP35S、F3はTNOSのプライマーに付加したシングルDNAタグに相補なDNAがそれぞれマウントされている。



### 図8 マルチプレックスLAMP-C-PAS

非GMとうもろこし由来ゲノムDNA(NTC)、GMとうもろこしMON863由来ゲノムDNA(GM)を鋳型にマルチプレックスLAMP-C-PASを行った。F1はSSIIb、F2はP35S、F3はTNOSのプライマーに付加したシングルDNAタグに相補なDNAがそれぞれマウントされている。A)SSIIbおよびTNOSのDuplex-LAMP(SSIIb:TNOS=プライマー濃度比1:7)結果、B)P35SおよびTNOSのDuplex-LAMP(P35S:TNOS=プライマー濃度比1:2)。