



食品の材料をタンパク質から検出する新手法を開発 ～未知の混入や食品偽装の検出に期待～

令和8年9月2日

かずさDNA研究所（川島祐介グループ長）は、株式会社イービー・サイエックスと共同で、食品に含まれている生物材料をタンパク質から明らかにする新たな技術を開発しました。

食品の安全確保や食品偽装防止には、食品の成分として含まれる生物種を正確に特定することが重要です。しかし、従来のDNA検査では、加熱や発酵によってDNAが壊れると分析が難しくなる課題がありました。

そこで私たちは、比較的安定なタンパク質に着目し、質量分析計で測定したペプチド配列から、由来する生物種を特定する新しい検査法を開発しました。この方法では、特定の生物種をあらかじめ想定せず、測定データからペプチド配列を直接決定する「デノボペプチドシーケンシング」技術を利用し、生物種の候補をある程度絞り込んだ後、詳細な種同定と定量を行います。測定条件を最適化することで、1回の測定で1,000種類を超える高信頼度のペプチド配列を取得できました。牡蠣エキス入りしょうゆで検証した結果、表示原料のダイズ、ホタテ、マガキに加え、製造工程に関係する微生物も検出できました。

本手法は、未知の原料や異物、生物由来成分を幅広く検出でき、特にDNA分析が難しい加工食品の安全性確認や食品偽装防止への活用が期待されます。



論文名 : Towards the establishment of a comprehensive food inspection system:
An approach to utilize de novo peptide sequencing from MS/MS spectra

掲載誌 : *Food and Humanity*

DOI: [10.1016/j.foohum.2026.101356](https://doi.org/10.1016/j.foohum.2026.101356)

著者 : Hiromasa Mitsui, Ryo Konno, Takeshi Shibata, Ushio Takeda, Yusei Okuda,
Daisuke Nakajima, Osamu Ohara, Yusuke Kawashima

問い合わせ先

<研究に関すること>

公益財団法人 かずさDNA研究所 ゲノム事業推進部
応用プロテオミクスグループ グループ長
川島 祐介 (かわしま ゆうすけ)
TEL : 0438-52-3580
E-mail : ykawashi@kazusa.or.jp

<報道に関すること>

公益財団法人 かずさDNA研究所 広報・教育支援センター
広報・教育支援グループ
TEL : 0438-52-3930
E-mail : kdri-kouhou@kazusa.or.jp

1. 背景

食品の安全確保や食品偽装防止のためには、食品に含まれる成分がどの生物に由来するのかを正確に調べることが重要です。現在は DNA を対象とした検査方法が広く利用されていますが、加熱や発酵などの加工によって DNA が壊れると、分析が難しくなることがあります。そのため、DNA よりも比較的安定して残る「タンパク質」を分析し、食品中の成分がどの生物に由来するかを調べる技術の開発が進められています。タンパク質を細かく切った「ペプチド」を質量分析計で測定し、そのアミノ酸配列から由来する生物を推定できます。しかし、従来のペプチド解析法では、あらかじめ想定される生物のタンパク質データベースを準備する必要があり、未知の生物や想定外の混入物を幅広く探すには課題がありました。

そこで本研究では、最初から特定の生物に絞らず、質量分析の測定データからペプチドの配列を直接決定し、その情報をもとに食品に含まれる生物種を探索する新しい検査方法の構築に取り組みました。

2. 研究成果の概要

本研究では、食品からタンパク質を取り出してペプチドに分解し、質量分析計で測定した後、既存のタンパク質データベースに最初から照合することなく、測定結果からペプチドのアミノ酸配列（＝ペプチド配列）を直接決定する「デノボ（de novo：新たに）ペプチドシーケンシング」法を利用しました。得られたアミノ酸配列から生物種の候補を絞り込み、その候補に対応するデータベースを用いて、種の確認とタンパク質量の比較を行う二段階の解析法です。特に重要なのは、デノボペプチドシーケンシングによって、信頼度の高いペプチド配列をできるだけ多く取得することです。そこで、質量分析装置と測定条件を最適化し、1回の測定で平均 1,000 種類を超える高信頼度のペプチド配列を取得できる分析系を構築しました。さらに、得られたペプチド配列を生物の分類群に割り当てて候補を絞り込み、その生物種のタンパク質データベースを用いて、より詳細な種の確認と定量を行う検査系を構築しました。

この方法を用いて市販の牡蠣エキスイ入りしょうゆを分析したところ、ダイズ、ホタテ、マガキなど表示原料に由来する生物種に加え、しょうゆの発酵・製造工程に関係すると考えられる微生物も検出できました。

3. 期待されること

一般的な食品検査では、例えば「豚肉が混ざっていないか」「特定の魚が使われているか」など、検査したい生物をあらかじめ想定して調べることが多くあります。これに対して本技術は、最初の段階で生物種を限定せず、食品中に残されたペプチド配列を手がかりに、「どのような生物に由来する成分が含まれているのか」を広く探索できる点が大きな特徴です。そのため、想定外の原料、異物、生物由来成分などを幅広く探す検査法として

利用できることが大きな強みです。

また、加熱や発酵によって DNA の分析が難しくなる加工食品では、タンパク質を手がかりとした本手法が有効です。さらに、DNA 検査とタンパク質検査を組み合わせることによって、それぞれの方法の特徴を補い合い、食品検査の信頼性がさらに高まることが期待されます。