

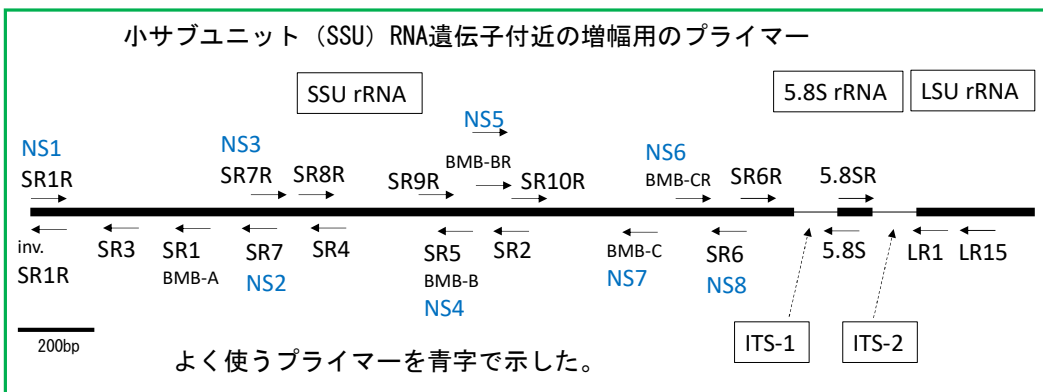
病名：真菌症
 病原体：真菌一般
 宿主：魚介類

区分	手法名 (文献)	プライマー		反応温度条件	増幅産物 bp	備考	推奨度	
		名称	配列 (5'-3')					
PCR	White et al., (1990)	NS1	5'-GTA GTC ATA TGC TTG TCT C-3'	95 °C、4分間 95 °C、1分→50 °C、1分→72 °C、2分の30サイクル 72 °C、10分	約1,800	増幅産物をシーケンスして同定。 NS1とNS8のプライマーの配列を Blast search したところ、真菌類 の配列が上位に来たが、宿主の18S rRNAも増幅されることもあるかも しれない。		
		NS8	5'-TCC GCA GGT TCA CCT ACG GA -3'					
		NS2	GGCTGCTGGCACCAGACTTGC					シーケンス用プライマー 位置関係については下記の図を参照。
		NS3	GCAAGTCTGGTGCCAGCAGCC					
		NS4	CTTCCGTCAATTCCTTTAAG					
		NS5	AACTTAAAGGAATTGACGGAAG					
		NS6	GCATCACAGACCTGTATTGCCTC					
	NS7	GAGGCAATAACAGGTCTGTGATGC						
	SR1R	TACCTGGTTGATQCTGCCAGT (1-21)	シーケンス用プライマー 位置関係については下記の図を参照。 プライマー名の最後にRと付いているのは、逆（リ バース）という意味ではなく、RNA遺伝子の塩基配 列と同じ向きの正鎖（プラス鎖）という意味であ る。（正鎖とは、遺伝子がコードされている方向の 鎖のことである。）通常のプライマー名とは、異な る表記になっていることに注意。					
	SR1	ATTACCGCGGCTGCT (578-564)						
	SR2	CGGCCATGCACCACC (1277-1263)						
	SR3	GAAAGTTGATAGGGCT (318-302)						
	SR4	AAACCAACAAAATAGAA (838-820)						
	SR5	GTGCCCTTCCGTC AATT (1146-1130)						
	SR6	TGTTACGACTTTTACTT (1760-1744)						
	SR6R	AAGWAAAAGTCGTAACAAGG (1744-1763)						
	SR7	GTTCAACTACGAGCTTTTAA (617-637)						
	SR7R	AGTTAAAAGCTCGTAGTTG (637-617)						
	SR8R	GAACCAGGACTTTTACCTT (732-749)						
	SR9R	QAGAGGTGAAATTCT (896-910)						
SR10R	TTTGACTCAACACGGG (1181-1196)							
Lane et al., (1985)	BMB-'A'	GRATTACCGCGCGWGTG-3' (580-558)	シーケンス用プライマー 位置関係については下記の図を参照。					
	BMB-'B'	CCGTCAATTCVTTTTPAGTTT (1146-1127)						
	BMB-'C'	ACGGCGGTGTGTPC (1638-1624)						
	BMB-BR	CTTAAAGGAATTGACGGAA (1130-1148)						
	BMB-CR	GTACACACCCCGCTCG (1624-1640)						

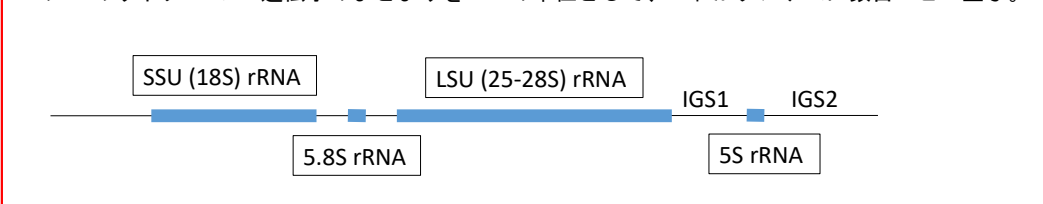
文献

- White, T. J., T. Bruns, S. Lee, and J. W. Taylor. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. pp. 315-322 In: PCR Proto-cols: A Guide to Methods and Applications, eds. Innis, M.A., D.H. Gelfand, J.J. Sninsky, and T.J. White. Academic Press, Inc., New York.
- Vilgalys Mycology Lab https://sites.duke.edu/vilgalyslab/rdna_primers_for_fungi/
- Lane, D. J., B. Pace, G. J. Olsen, D. A. Stahl, M. L. Sogin, and N. R. Pace. (1985). Rapid determination of 16S ribosomal RNA sequences for phylogenetic analyses. Proc. Natl. Acad. Sci., U. S. A. 82: 6955-6959.

<http://home.psu.ac.th/~4823002/Molecular ITS.htm>
https://sites.duke.edu/vilgalyslab/rdna_primers_for_fungi/



この4つのリボソームRNA遺伝子のまとまりを1つの単位として、これがタンデムに数百コピー並ぶ。



真菌におけるリボソームRNA遺伝子の構成

真菌の核にコードされているリボソームRNA遺伝子 (rDNA) は、非常に類似したDNA配列 (通常は各8~12 kb) からなる複数コピーの遺伝子ファミリーが、単一の染色体上に存在する。各反復ユニットには、1つ以上の遺伝子間スペーサー (IGS) 領域で区切られた1つの主要な転写産物 (プライマリrRNA) のコーディング領域がある。

一部のグループ (主に担子菌およびいくつかの子囊菌酵母) では、各リピートに個別に転写される5S RNAのコーディング領域があり、その転写の位置と方向はグループ間で異なる場合がある。