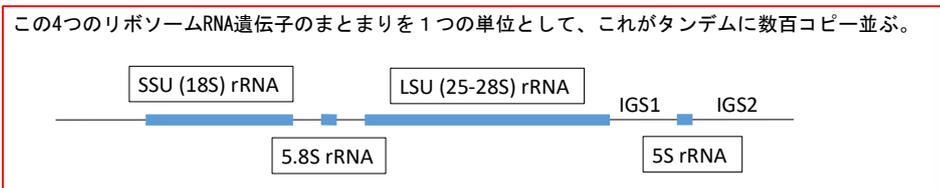
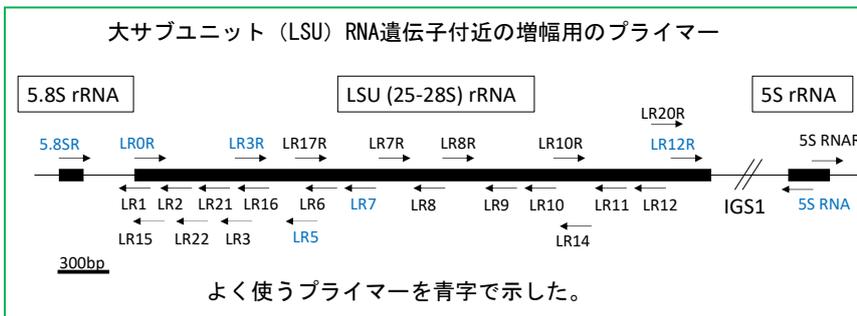


病名：真菌症  
 病原体：真菌一般  
 宿主：魚介類

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	Vilgalys Lab	5.8SR	TCGATGAAGAACGCAGCG (34-51, 5.8S RNA)	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900bp	増幅産物をシーケンスして同定。  カッコ内は、酵母のrRNAに対応する塩基の番号  真菌類のほとんどの分子系統学的研究では、LSU遺伝子の最初の600-900塩基のみを利用して。この領域には、遺伝子全体の中で最も可変性のある領域である3つの異なるドメイン (D1、D2、D3 分岐分類群) が含まれている。キノコ類のLSUデータベースのデータについても、ほとんどはLSU遺伝子の最初の900塩基で構成されている (通常、プライマー 5.8SR + LR7 を使用して増幅し、続いてプライマーLR5、LR16、LR0R、およびLR3R を使用してシーケンスする)。	
		LR7	TACTACCACCAAGATCT (1448-1432)				
		5.8S	CGCTGCGTTCTTCATCG (51-35, 5.8S RNA)	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。	約900bp	カッコ内は、酵母のrRNAに対応する塩基の番号  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。  上記のプライマーの組み合わせでの増幅が思わしくない時は、下記の図を参考として、様々なプライマーを組み合わせで、増幅を試みる。アニーリング温度については、Tmが低い方のプライマーのTmに合わせて行う。	
		LR0R	ACCCGCTGAACCTAAGC (26-42)				
		LR1	GGTTGGTTCTTTTCCT (73-57)				
		LR2	TTTTCAAAGTCTTTTC (385-370)				
		LR2R	AAGAAGTTGAAAAGAG (374-389)				
		LR3	CCGTGTTTCAAGACGGG (651-635)				
		LR3R	GTCTTGAAAACAGGACC (638-654)				
		LR4	ACCAGAGTTTCCTCTGG (854-838)				
		LR5	TCTGAGGGAACCTTCG (964-948)				
		LR6	CGCAGTTCTGCTTACC (1141-1125)				
		LR7R	GCAGATCTGGTGGTAG (1430-1446)				
		LR8	CACCTTGGAGACCTGCT (1861-1845)				
		LR8R	AGCAGGTCTCCAAGGTG (1845-1861)				
		LR9	AGAGCACTGGGCAGAAA (2204-2188)				
		LR10	AGTCAAGCTCAACAGGG (2420-2404)				
		LR10R	GACCCTGTTGAGCTTGA (2402-2418)				
		LR11	GCCAGTTATCCCTGTGGTAA (2821-2802)				
		LR12	GACTTAGAGGCGTTGAG (3124-3106)				
		LR12R	CTGAACGCCTCTAAGTCAGAA (3106-3126)				
		LR13	CGTAACAACAAGGCTACT (3357-3340)				
LR14	AGCCAAACTCCCACTG (2616-2599)						
LR15	TAAATTACAACCTCGGAC (154-138)						
LR16	TTCCACCCAAACACTCG (1081-1065)						
LR17R	TAACCTATTCTCAAACCT (1033-1050)						
LR20R	GTGAGACAGGTTAGTTTTACCCT (2959-2982)						
LR21	ACTTCAAGCGTTCCCTTT (424-393)						
LR22	CCTCACGGTACTTGTTCGCT (364-344)						

文献  
 1) Hopple, J. S., Jr., and R. Vilgalys. 1994. Phylogenetic relationship among coprinoid taxa and allies based on data from restriction site mapping of nuclear rDNA. *Mycologia* 86: 96-107.  
 2) Hibbett, D. S., and R. Vilgalys. 1991. Evolutionary relationships of *Lentinus* to the Polyporaceae: evidence from restriction analysis of enzymatically amplified ribosomal DNA. *Mycologia* 83: 425-439.  
 3) Vilgalys R, Hester M (1990) Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *J Bacteriol* 172:4238-4246.  
 4) Vilgalys Mycology Lab [https://sites.duke.edu/vilgalyslab/rdna\\_primers\\_for\\_fungi/](https://sites.duke.edu/vilgalyslab/rdna_primers_for_fungi/)

<http://home.psu.ac.th/~4823002/Molecular ITS.htm>  
[https://sites.duke.edu/vilgalyslab/rdna\\_primers\\_for\\_fungi/](https://sites.duke.edu/vilgalyslab/rdna_primers_for_fungi/)



### 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。