

区分	(文献)	プライマー				設計領域※ (大腸菌での位置)	備考	推奨度
		名称	別名	種別	配列(5'-3')			
PCR	3, 16	6F		フォワード	GRAGAGTTTGATCMTGGC	6-23		—
	6	P0mod		フォワード	AGAGTTTGATCMTGG	8-22	P0を改変。	—
	13	26f		フォワード	AGAGTTTGATCATGGCTCA	8-26		—
	2	8F	27F	フォワード	AGAGTTTGATCCTGGCTCAG	8-27	理化学研究所微生物材料開発室および株式会社ベックスで使用。	—
	2, 4	8F	8-27F, 20F	フォワード	AGAGTTTGATCATGGCTCAG	8-27		—
	3, 4, 5	27F	EubB (27F)	フォワード	AGAGTTTGATCMTGGCTCAG	8-27		☆☆
	6	P0		フォワード	GAGTTTGATCMTGGCTCAG	9-27		—
	3	27f		フォワード	GAGTTTGATCCTGGCTCAG	9-27		—
	8	MH1		フォワード	AGTTTGATCMTGGCTCAG	10-27		—
	17	16S-10F		フォワード	GTTTGATCCTGGCTCA	11-26	株式会社ベックス使用。	—
	7	63f		フォワード	CAGGCCTAACACATGCAAGTC	43-63		—
	13	308f		フォワード	GCTGGTCTGAGAGGATGATC	289-308		—
	12	337F		フォワード	GACTCCTACGGGAGGCWGCAG	337-357		—
	2	357F		フォワード	CTCCTACGGGAGGCAGCAG	339-357		—
	14	341f		フォワード	CCTACGGGAGGCAGCAG	341-357		—
	3	530f		フォワード	GTGCCAGCMGCCGCGG	515-530		—
	2	515F		フォワード	GTGCCAGCMGCCGCGGTAA	515-533		—
	4	533F		フォワード	GTGCCAGCAGCCGCGGTAA	515-533		—
	14	518f		フォワード	CCAGCAGCCGCGGTAAT	518-534		—
	5	519F		フォワード	CAGCMGCCGCGGTAATWC	519-536		—
	6	P3		フォワード	AGGATTAGATACCCTDTAG	784-803	シーケンスエラー有 (AGGATTAGATACCCTDgTAG)	—
	3	785F		フォワード	GGATTAGATACCCTGGTA	785-802		—
	6	P3mod		フォワード	ATTAGATACCCTDTAGTCC	787-806	P3を改変。、シーケンスエラー有 (ATTAGATACCCTDgTAGTCC)	—
	3	928F		フォワード	TAAACTYAAAKGAATTGACGGG	905-927		—
	3	926f		フォワード	AAACTYAAAKGAATTGACGG	907-926		—
	3	1114f		フォワード	GCAACGAGCGCAACCC	1009-1114		—
	10	1100F		フォワード	YAACGAGCGCAACCC	1100-1114		—
	2	16S.1100. F16		フォワード	CAACGAGCGCAACCCT	1100-1115		—
	2	1237F		フォワード	GGGCTACACACGYGCWAC	1220-1237		—
	5	338R		リバース	GCTGCCTCCCGTAGGAGT	355-338		—
	9	336R		リバース	ACTGCTGCSYCCCGTAGGAGTCT	358-336		—
	14	518r		リバース	ATTACCGCGGCTGCTGG	534-518		—
	1, 2, 3	519-536R	519R	リバース	GWATTACCGCGGCKGCTG	536-519	PCRが開発される前に探索された領域。 逆転写反応による遺伝子解析に使用。	—
	3	518R		リバース	GTATTACCGCGGCTGCTGG	536-518		—
	13	556r		リバース	CTTTACGCCAGTAATTCCG	575-556		—
	17	16S-800R		リバース	TACCAGGGTATCTAATCC	802-785	株式会社ベックス使用。	—
	6	PC3		リバース	CTAHAGGGTATCTAATCCT	803-784	シーケンスエラー有 (CTAcHAGGGTATCTAATCCT)	—
	15	785r		リバース	CTACCAGGGTATCTAATCC	803-785		—
	11	805R		リバース	GACTACCAGGGTATCTAATC	805-786		—
	6	PC3mod		リバース	GGACTAHAGGGTATCTAAT	806-787	PC3を改変。、シーケンスエラー有 (GGACTAcHAGGGTATCTAAT)	—
3	907R		リバース	CCGTCAATTCMTTTRAGTTT	926-907		—	
14	907r		リバース	CCGTCAATTCMTTGGAGTTT	926-907		—	
3, 4	1100r		リバース	GGGTTGCGCTCGTTG	1114-1100		—	

16SrRNA遺伝子ユニバーサルプライマー 一覧 続き

区分	(文献)	プライマー				設計領域※ (大腸菌での位置)	備考	推奨度
		名称	別名	種別	配列(5'-3')			
	7	1387r		リバーズ	GGGCGWGTGTACAAGGC	1404-1387		—
	1, 3, 5	1392r	1406R	リバーズ	ACGGGCGGTGTGTRC	1406-1392		—
	2	1391R		リバーズ	GACGGGCGGTGTGTRCA	1407-1391		—
	3	1406R		リバーズ	TGYACACACCTCCCGT	1408-1393	逆相補鎖の記載 (ACGGGAGGTGTGTRCA)	—
	13	1391r		リバーズ	GTGTGACGGGCGGTGTGTA	1411-1393		—
	2	1492R (s)		リバーズ	ACCTTGTTACGACTT	1506-1492		—
	3, 6	PC5		リバーズ	TACCTTGTTACGACTT	1507-1492		—
	8	MH2		リバーズ	TACCTTGTTACGACTFCACCCCA	1509-1487	混合塩基(F)不明	—
	2, 4	1492R (l)	1500R	リバーズ	GGTTACCTTGTTACGACTT	1510-1492	理化学研究所微生物材料開発室 で使用。	—
	18	1492r	PR1	リバーズ	GGCTACCTTGTTACGACTT	1510-1492	株式会社ベックス使用。	—
	19	1492R		リバーズ	GGYTACCTTGTTACGACTT	1510-1492	1492R (Lane 1991)を改変。	☆☆
	3	1492R		リバーズ	TACGGYTACCTTGTTACGACTT	1513-1492		—
	5	EubA (1525R)		リバーズ	AAGGAGGTGATCCANCCRCA	1541-1522		—
	3, 4	1525r		リバーズ	AAGGAGGTGWTCCARCC	1541-1525		—

文献

- 1 D. J. Lane, B. Pace, G. J. Olsen, D. A. Stahl, M. L. Sogin, and N. R. Pace, Rapid determination of 16S ribosomal RNA sequences for phylogenetic analyses, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, vol. 82, no. 20, pp. 6955-6959, 1985.
- 2 Turner, S., Pryer, K.M., Miao, V.P.W., and Palmer, J.D. 1999. Investigating deep phylogenetic relationships among cyanobacteria and plastids by small subunit rRNA sequence analysis. Journal of Eukaryotic Microbiology 46: 327-338.
- 3 Lane, D.J. 1991. 16S/23S rRNA sequencing. In: Nucleic acid techniques in bacterial systematics. Stackebrandt, E., and Goodfellow, M., eds., John Wiley and Sons, New York, NY, pp. 115-175.
- 4 Weisburg, W.G., Barns, S.M., Pelletier, D.A., and Lane, D.J. 1991. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. Journal of Bacteriology 173: 697-703.
- 5 M.T. Suzuki, S.J. Giovannoni. Bias caused by template annealing in the amplification of mixtures of 16S rRNA genes by PCR Appl. Environ. Microbiol., 62 (1996), pp. 625-630
- 6 Wilson K. H., Blitchington R. B., Greene R. C. Amplification of bacterial 16S ribosomal DNA with polymerase chain reaction. Journal of Clinical Microbiology. 1990;28:1942-1946.
- 7 Marchesi JR, Sato T, Weightman AJ, Martin TA, Fry JC et al. (1998) Design and Evaluation of Useful Bacterium-Specific PCR Primers That Amplify Genes Coding for Bacterial 16S rRNA. Appl Environ Microbiol 64: 795-799
- 8 Thompson FL, Hoste B, Vandemeulebroecke K, Swings J. Genomic diversity amongst Vibrio isolates from different sources determined by fluorescent amplified fragment length polymorphism. Syst Appl Microbiol. 2001;24:520-538.
- 9 Weidner S., Arnold W., Puhler A. (1996). Diversity of uncultured microorganisms associated with the seagrass *Halophila stipulacea* estimated by restriction fragment length polymorphism analysis of PCR-amplified 16S rRNA genes. Appl. Environ. Microb. 62 766-771.
- 10 Downes J, et al. *Pyramidobacter piscicola* gen. nov., sp. nov., a member of the phylum 'Synergistetes' isolated from the human oral cavity. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2009;59:972-980.
- 11 Leser TD, Amenuvor JZ, Jensen TK, Lindencrona RH, Boye M, Møller K. Culture-independent analysis of gut bacteria: the pig gastrointestinal tract microbiota revisited. Appl Environ Microbiol. 2002;68:673-90. doi: 10.1128/AEM.68.2.673-690.2002.
- 12 Jaric M, Segal J, Silva-Herzog E, Schnepfer L, Mathee K, Narasimhan G. Better primer design for metagenomics applications by increasing taxonomic distinguishability. BMC Proc. 2013;7(Suppl 7):S4.
- 13 Demarta A, Tonolla M, Caminada AP, Ruggeri N, Peduzzi R. Signature region within the 16S rDNA sequences of *Aeromonas popoffii*. FEMS Microbiology Letters. 1999;172(2):239-246.
- 14 Muyzer G, De Waal EC, Uitterlinden AG. (1993). Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. Appl Environ Microbiol 59: 695-700.
- 15 Lee SH, Malone C, Kemp PF. (1993). Use of 16S rRNA-targeted fluorescent probes to increase signal strength and measure cellular RNA from natural planktonic bacteria. Mar Ecol Prog Ser 101: 193-201.
- 16 Minkwitz A., Berg G. Comparison of antifungal activities and 16S ribosomal DNA sequences of clinical and environmental isolates of *Stenotrophomonas maltophilia*. J. Clin. Microbiol. 2001;39:139-145.
- 17 Saito, R., Nonaka, S., Nishiyama, H. & Okamura, N. (2012). Molecular mechanism of macrolide-lincosamide resistance in *Moraxella catarrhalis*. J Med Microbiol 61, 1435-1438.
- 18 Edwards, U., Rogall, T., Blocker, H., Emde, M. & Bettger, E. C. (1989). Isolation and direct complete nucleotide determination of entire genes: characterization of a gene coding for 16s ribosomal RNA. Nucleic Acids Res 17, 7843-7853.

- 19 Loy A., Lehner A., Lee N., Adamczyk J., Meier H., Ernst J., Schleifer K.-H., & Wagner M. (2002). Oligonucleotide microarray for 16s rRNA gene -based detection of all recognized lineages of sulfate-reducing prokaryotes in the environment. Applied and Environment Microbiology, 68, 5064-5081.

※ユニバーサルプライマー設計領域の比較対象

>CP023349.1:226883-228438 *Escherichia coli*

```
AAATTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGTAACAGAAAGCAGCTTGCTGCTTTG
CTGACGAGTGGCGGACGGGTGAGTAATGTCTGGGAAACTGCCTGATGGAGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATAACGTCG
CAAGACCAAAGAGGGGGACCTTCGGGCCTCTTGCCATCGGATGTGCCAGATGGGATTAGCTTGTGGTGGGGTAACGGCTCACCAAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAGTGAAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGTCGCGTGTATGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAGTACTTTTCAGCGGGGAGGAAGGGAGTAAAGTTAAT
ACCTTTGCTCATTGACGTTACCCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAAT
TACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTTTGTAAAGTCAGATGTGAAATCCCGGGCTCAACCTGGGAACTGCATCTGATACTGGCAAGCTTGA
GTCTCGTAGAGGGGGTAGAATTCCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATAACGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAG
ACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTGCGACTTGAGGTTGTGCCCT
TGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCA
CAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGATGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGTCTTGACATCCACGGAAGTTTTTCAGAGATGAGAATGTGCCT
TCGGAACCGTGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTAAGTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTT
GTTGCCAGCGGTCCGGCCGGAACTCAAAGGAGACTGCCAGTGATAAACTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGA
CCAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCGCATACAAAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGACCTCATAAAGTGCCTCGTAGTCCGATTG
GAGTCTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGGATCAGAATGCCACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCC
CGTCACACCATGGGAGTGGGTTGCAAAAGAAGTAGGTAGCTTAACCTTCGGGAGGGCGCTTACCCTTTGTGATTCATGACTGGGGTGAAGTCG
TAACAAGGTAACCGTAGGGGAACCTGCGGTTGGATCACCTCCTTACCTTAAAGAAGC
```