

	20	40	60	
na21-1	GAAGCAATA	GGGAAATGCCCA	GGGAGCCGAG	CGAGGCTGAGTAAAGTTGAA : 66
na22-1	GAAGCAATA	GGGAAATGCCCA	GGGAGCCGAG	CGAGGCTGAGTAAAGTTGAA : 66
na28-1				TAAGTTGAA : 10
na11-3-2	GAAGCAATA	GCGAAATGACAA	GTATCCGACAA	CGAGGCTTGGAGAAATGCGAT : 66
na10-7-b	TAAGCAATC	CCCAATGGCC	CAGGCTGAGGAGG	TAAGGCTTAAGCAAACTCCGG : 66
na11-9-b	TAAGCAATC	CCCAATGGCC	CAGGCTGAGGAGG	TAAGGCTTAAGCAAACTCCGG : 66
na11-2	AGGCAATA	GGGAAATGACG	GTATCCGACAA	CGAGGCTTCCAGAAAGTCTCT : 66
na11-3-1-a	AGGCAATA	GGGAAATGACG	GTATCCGACAA	CGAGGCTTCCAGAAAGTCTCT : 66
na19-3	AAAGCAAT	GGTAAATGGCC	CAAGGCTGAGC	CGAGGCTTCCAGAAAGTCTCT : 66
na10-1	AAAGCAAT	GGTAAATGGCC	CAAGGCTGAGC	CGAGGCTTCCAGAAAGTCTCT : 66
na11-1	AAAGCAAT	GGTAAATGGCC	CAAGGCTGAGC	CGAGGCTTCCAGAAAGTCTCT : 66
na10-2-a	AAAGCAAT	GGTAAATGGCC	CAAGGCTGAGC	CGAGGCTTCCAGAAAGTCTCT : 66
na11-5-a	AGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 66
na22-2-b	AGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 66
na28-3-b	AGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 66
na11-4-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 66
na13-2-a	AGGCAATC	CCGAAATGGCC	CAAGGCTGAGC	CGAGGCTTAAAGGCTCT : 65
na20-2-a	AGGCAATC	CCGAAATGGCC	CAAGGCTGAGC	CGAGGCTTAAAGGCTCT : 65
na12-2-b	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na13-1-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na12-2-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na12-1	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na28-2				TCAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 29
na10-2-b	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na11-3-1-b	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na11-7-b	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na11-10-b	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na28-5-a	GGGCAATC	AAGAAATGGCC	CAGGCTGAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na28-6-b	GGGCAATC	AAGAAATGGCC	CAGGCTGAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na15-3				TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 25
na18-3				TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 26
na19-5				TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 30
na20-3				TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 30
na18-5-c	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na20-4-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na28-3-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na12-8	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na13-7	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na12-7	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na12-2-d	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na10-6-b	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na13-5	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na13-6-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na15-8	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na18-11-b	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na17-12				TCAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 40
na22-3	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na22-4-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na22-7-1-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na22-6	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na22-7-1-b	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na28-8-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na28-6-a	GGGCAATA	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na19-8				TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 24
na10-6-a	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na22-2-a	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na11-7-a	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na11-8	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na18-11-a	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na16-6				TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 25
na19-10				TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 24
na10-6-d	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na12-3-1-b	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na17-2-e	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na18-5-b	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na20-2-b	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na18-5-a	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na17-2-d	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na12-3-1-a	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 64
na22-5	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na28-7-a	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na21-3				TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 13
na11-4-b	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na11-6-b	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na10-3	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na11-6-c	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na10-5-a	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na21-4	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65
na28-9	GGGCAAT	GGAATGGCTCG	GCTGATCCAGC	TGAGGCTTCCAGAAAGGCTCT : 65

図 3b 当該研究で取得した GC341F-518R 領域配列のアライメント

```

na22-7-1-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na28-8-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na28-10-a : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na22-7-2 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 2
na21-5 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC :
na17-6-a : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na17-6-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na13-3 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 64
na12-4-a : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na12-5-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na14-1 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na12-3-2 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 23
na16-4 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na12-2-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na13-2-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na17-2-f : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na18-5-d : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na20-2-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na20-4-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na12-3-1-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na17-6-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na21-2 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na28-4 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na10-6-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na11-6-a : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na22-4-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na22-4-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na10-7-a : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na11-9-a : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na10-8 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na16-11 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na13-1-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na12-6 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na11-6-d : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na10-4 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na10-5-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na12-4-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na12-5-d : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na11-5-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na13-4 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC :
na12-5-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na28-10-b : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 66
na11-9-c : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 65
na18-1 : GGCGAATCTGGGAATATGGGCGCAACCTGTCCAGCAATGCGGGTGGTAAAGAGGCGC : 38

```

図 3b 当該研究で取得した GC341F-518R 領域配列のアライメント (続き)


```

na22-7-1-c : GCGGTCGTAAGCC TCGGCA GGA AATCG GCAGG GCGAATAAC CCTGCTGGA GAGCT : 129
na28-8-b : GCGGTCGTAAGCC TCGGCA GGA AATCG GCAGG GCGAATAAC CCTGCTGGA GAGCT : 129
na28-10-a : GCGGTCGTAAGCC TCGGCA GGA AATCG GCAGG GCGAATAAC CCTGCTGGA GAGCT : 129
na22-7-2 : GCGGTCGTAAGCC TCGGCA GGA AATCG GCAGG GCGAATAAC CCTGCTGGA GAGCT : 66
na21-5 : GCGGTCGTAAGCC TCGGCA GGA AATCG GCAGG GCGAATAAC CCTGCTGGA GAGCT : 63
na17-6-a : GCGGTCGTAAGCT TCGGCT GGA AATCG CATCT CCTAATACG GGGTGTGGA GAGCT : 129
na17-6-c : GCGGTCGTAAGCT TCGGCG GGA AATGG CAACG GCTAATATC CGTTGTTGA GAGCT : 129
na13-3 : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 106
na12-4-a : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na12-5-c : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na14-1 : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na12-3-2 : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 65
na16-4 : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na12-2-c : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na13-2-b : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na17-2-f : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na18-5-d : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na20-2-c : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na20-4-b : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na12-3-1-c : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 107
na17-6-b : GCGGTCGTAAGCT GCAGCT AAC AA AAA A GAGCT : 106
na21-2 : GCGGTCGTAAGCT TCTCA GGA TA A GAGCT : 104
na28-4 : GCGGTCGTAAGCT TCTCA GGA TA A GAGCT : 104
na10-6-c : GCGGTCGTAAGCT TGTAG GCA TG A GAGCT : 104
na11-6-a : GCGGTCGTAAGCT TGTAG GCA TG A GAGCT : 104
na22-4-b : GCGGTCGTAAGCT TAGCA GGA AGC GAAA A GAGCT : 109
na22-4-c : GCGGTCGTAAGCT TAGCA GGA AGC GCAA A GAGCT : 109
na10-7-a : GCGGTCGTAAGCT TAGCA GGA AGC GAAA A GAGCT : 109
na11-9-a : GCGGTCGTAAGCT TAGCA GGA AGC GAAA A GAGCT : 109
na10-8 : GCGGTCGTAAGCT TAGCA GGA AGC GCAA A GAGCT : 109
na16-11 : GCGGTCGTAAGCT CAGTA GGA AGC GTGA A GAGCT : 109
na13-1-b : GCGGTCGTAAGCT CTCA GGA C GATA A GAGCT : 104
na12-6 : GCGGTCGTAAGCT CAGTT GGA GAAT A GAGCT : 105
na11-6-d : GCGGTCGTAAGCT CAGTT GGA GAAT A GAGCT : 105
na10-4 : GCGGTCGTAAGCT CAGTG GGA GAAT A GAGCT : 105
na10-5-b : GCGGTCGTAAGCT CAGTG GGA GAAT A GAGCT : 105
na12-4-b : GCGGTCGTAAGCT CAGTG GGA GAAT A GAGCT : 105
na12-5-d : GCGGTCGTAAGCT CAGTG GGA GAAT A GAGCT : 105
na11-5-c : GCGGTCGTAAGCT CAGTG GGA GAAT A GAGCT : 105
na13-4 : GCGGTCGTAAGCT CAGTT GGA GAAT A GAGCT : 18
na12-5-b : GCGGTCGTAAGCT CAGTT GGA GAAT A GAGCT : 105
na28-10-b : GCGGTCGTAAGCT TCGAG GGA GGG A GAGCT : 106
na11-9-c : GCGGTCGTAAGCT GGGGC AGC ACA GCCATGATTCGAACAGGGTTGTGGTG GAGCT : 130
na18-1 : GAA GGA CTT GGAAGAAT GGA A TCAA GAGCT : 79

```

図 3b 当該研究で取得した GC341F-518R 領域配列のアライメント (続き)

```

140          *          160
na21-1      : A C T C A C A G A A G C C C G G C T A A C T A C C T C : 155
na22-1      : A C T C A C A G A A G C C C G G C T A A C T A C C T C : 155
na28-1      : A C T C A C A G A A G C C C G G C T A A C T A C C T C : 99
na11-3-2    : A C A T G A C A G T A G A T C C G G C T A A C T A C C T C : 152
na10-7-b    : A C C G A G C T A A T A G A C C G G C T A A C T C C G T C : 133
na11-9-b    : A C C G A G C T A A T A G A C C G G C T A A C T C C G T C : 133
na11-2      : A C T C A A G C A A T A G A T C C G G C T A A C T C C G T C : 154
na11-3-1-a  : A C T C A A G C A A T A G A T C C G G C T A A C T C C G T C : 154
na19-3      : A C C A G A G C A A T A G A C C C G G C T A A C T C C G T C : 155
na10-1      : A C C T G A A C A A T A G A T C C G G C T A A C T C C G T C : 155
na11-1      : A C C T G A A C A A T A G A T C C G G C T A A C T C C G T C : 155
na10-2-a    : A C C T G A A C A A T A G A T C C G G C T A A C T C C G T C : 155
na11-5-a    : A C C A G A T C A A T A G A C A C G G C T A A C T A C C T C : 154
na22-2-b    : A C C A G A T C A A T A G A C A C G G C T A A C T A C C T C : 154
na28-3-b    : A C C A G A T C A A T A G A C A C G G C T A A C T A C C T C : 154
na11-4-a    : A C C A G A T C A A T A G A ----- : 137
na13-2-a    : A C C T T A T C A G A A G C A C G G C T A A C T A C C T C : 160
na20-2-a    : A C C T G A T C A G A A G C A C G G C T A A C T A C C T C : 160
na12-2-b    : A C C C G C A T A G A A G A C C C G G C T A A C T C C G T C : 160
na13-1-a    : A C C C G C A T A G A A G A C C C G G C T A A C T C C G T C : 160
na12-2-a    : A C C C G C A T A G A A G A C C G G C T A A T A C C G T C : 160
na12-1      : A C C C A C A C A G A A G A C C C G G C T A A C T C C G T C : 160
na28-2      : A C C T T G A T A G A A G A C C C G G C T A A C T A C C T C : 124
na10-2-b    : A C C T T G A T A G A A G A C C C G G C T A A C T A C C T C : 160
na11-3-1-b  : A C C T G C A C A A T A G A T C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na11-7-b    : A C C C G C C A A T A G A T C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na11-10-b   : A C C T G C A C A A G A A G C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na28-5-a    : A C C C A C A C A G A A G A C C C G G C T A A C T C C G T C : 135
na28-6-b    : A C C C A C A C A G A A G A C C C G G C T A A C T C C G T C : 135
na15-3      : A C C G G G A C A A T A G A T C C C G G C T A A C T C C G T C : 95
na18-3      : A C C G G G A C A A T A G A T C C C G G C T A A C T C C G T C : 96
na19-5      : A C C G G G A C A A T A G A T C C C G G C T A A C T C C G T C : 100
na20-3      : A C C G G G A C A A T A G A T C C C G G C T A A C T C C G T C : 100
na18-5-c    : A C C T G G A C A A T A G A T C C C G G C T A A C T C C G T C : 135
na20-4-a    : A C C T G G A C A A T A G A T C C C G G C T A A C T C C G T C : 135
na28-3-a    : A C C T G G A C A A T A G A T C C C G G C T A A C T C C G T C : 135
na12-8      : A C C T G G A T A G A A G C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na13-7      : A C C T G G A T A G A A G C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na12-7      : A C C T G G A T A G A A G C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na12-2-d    : A C C T G G A T A G A A G C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na10-6-b    : A C C T G G A T A G A A G C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na13-5      : A C C G G A C C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na13-6-a    : A C C G G A C C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na15-8      : A C C G G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na18-11-b   : A C C G G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 135
na17-12    : A C T G G G A C A G A A G C T C C G G C T A A C T C C G T C : 110
na22-3      : A C C C A A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 160
na22-4-a    : A C C C A A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 160
na22-7-1-a  : A C C C A A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 160
na22-6      : A C C G G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 160
na22-7-1-b  : A C C G G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 160
na28-8-a    : A C C G G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 160
na28-6-a    : A C C G G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 160
na19-8      : A C C G G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 119
na10-6-a    : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na22-2-a    : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na11-7-a    : A C C G G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T T C G T C : 160
na11-8      : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na18-11-a   : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na16-6      : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 120
na19-10     : A C C G T A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 119
na10-6-d    : A C C T G C C C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na12-3-1-b  : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na17-2-e    : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na18-5-b    : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na20-2-b    : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na18-5-a    : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na17-2-d    : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na12-3-1-a  : A C C T G A A C A A T A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 159
na22-5      : A C C T G A A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na28-7-a    : A C C T G A A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na21-3      : A C C T G A A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 108
na11-4-b    : A C C A G C A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na11-6-b    : A C C A G C A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na10-3      : A C C A G C A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na11-6-c    : A C C A G C A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na10-5-a    : A C C T G A A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na21-4      : A C C T G C A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160
na28-9      : A C C T G C A C A G A A G A C C C G G C T A A C T A C G T C : 160

```

図 3b 当該研究で取得した GC341F-518R 領域配列のアライメント (続き)

```

na22-7-1-c : A TGCCA AG AG AC CGGTAACT A GTC : 160
na28-8-b : A TGCCA AG AG AC CGGTAACT A GTC : 160
na28-10-a : A TGCCA AG AG AC CGGTAACT A GTC : 160
na22-7-2 : A TGCCA AG AG AC CGGTAACT A GTC : 97
na21-5 : A TGCCA AG AG AC CGGTAACT A GTC : 94
na17-6-a : A AGCAT AG AG AC CGGTAACT A GTC : 160
na17-6-c : A GGCAT AG AG AC CGGTAACT A GTC : 160
na13-3 : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 137
na12-4-a : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na12-5-c : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na14-1 : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na12-3-2 : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 96
na16-4 : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na12-2-c : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na13-2-b : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na17-2-f : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na18-5-d : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na20-2-c : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na20-4-b : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na12-3-1-c : A AGCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 138
na17-6-b : A TGCCA GG AG AT CGGTAACT A GTC : 137
na21-2 : A TGAG AAT AG CA CGGTAACT CT GTC : 135
na28-4 : A TGAG AAT AG CA CGGTAACT CT GTC : 135
na10-6-c : A TGGC AAT AG CA CGGTAACT CT GTC : 135
na11-6-a : A CTAT AAT AG CA CGGTAACT CT GTC : 135
na22-4-b : A TGCA AAA AG AC CGGTAACT A GTC : 140
na22-4-c : A TGCA AAA AG AC CGGTAACT A GTC : 140
na10-7-a : A TGCCA AAA AG GC CGGTAACT A GTC : 140
na11-9-a : A TGCA AAA AG GC CGGTAACT A GTC : 140
na10-8 : A TGCA AAG AG AC CGGTAACT A GTC : 140
na16-11 : A TACA AAG AG AC CGGTAACT A GTC : 140
na13-1-b : A TGAG AGG AG CA CGGTAACT A GTC : 135
na12-6 : A AACT AGG AG TT CGGTAACT A GTC : 136
na11-6-d : A AACT AGG AG TT CGGTAACT A GTC : 136
na10-4 : A CACT AGG AG TT CGGTAACT A GTC : 136
na10-5-b : A CACT AGG AG TT CGGTAACT A GTC : 136
na12-4-b : A CACT AGG AG TT CGGTAACT A GTC : 136
na12-5-d : A CACT AGG AG TT CGGTAACT A GTC : 136
na11-5-c : A CACT AGG AG TT CGGTAACT A GTC : 136
na13-4 : A AACT AGG AG TT CGGTAACT A GTC : 49
na12-5-b : A AACT AGG AG TT CGGTAACT A GTC : 136
na28-10-b : A CTCC AT AGTCT CGGTAACT A GTC : 137
na11-9-c : AT GCCTT GC AG AC CGGTAACT CT GTC : 161
na18-1 : A ATTT T AGGTC CGGTAACT A GTC : 108

```

図 3b 当該研究で取得した GC341F-518R 領域配列のアライメント (続き)

表3 Blast 検索結果表

検体名	バンド No.	Reverse Primer	塩基配列	Blast検索による同源性検索結果 (10例まで)	Accession No.	同源性			備考
						Identities	Gaps		
10	1	907R	TAAGGAATATTGGGCA	Uncultured bacterium clone 1-1	AY548930	100 %	541 / 541	0 / 541	
10	2	A 518R	TAAGGAATATTGGGCA	Uncultured bacterium clone 1-1	AY548930	100 %	155 / 155	0 / 155	
				Methylophilus leisingeri strain RCP5	DQ922752	100 %	160 / 160	0 / 160	
				Uncultured organism clone A85	AY707537				
				Aquatic bacterium R1-B14	AB195746				
				Methylophilus leisingeri	AB193725				
10	3	907R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured bacterium clone BE16FW031601GDW_hole1-31	DQ088733	99 %	549 / 550	0 / 550	
				Uncultured bacterium clone HSX-82	AB181498				
10	4	907R	TGAGGAATATTGGCA	Uncultured bacterium clone TH-127	AB185006	96 %	506 / 526	0 / 526	
10	5	A 518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured beta proteobacterium clone: LH-52	AB265946	100 %	160 / 160	0 / 160	
				Uncultured beta proteobacterium clone: LH-51	AB265945				
				Uncultured beta proteobacterium clone: LH-59	AB265882				
				Uncultured bacterium clone dr13	AY540786				
				Uncultured bacterium clone MS149RH1062003317	DQ354749				
				Uncultured bacterium clone BE16FW031601GDW_hole1-11	DQ088734				
				Uncultured bacterium clone BPH3035	DQ22162				
				Uncultured Rubrivivax sp. clone GASP-WDOW1_D03	EF075729				
				Uncultured bacterium clone ga57	DQ093922				
				Uncultured bacterium clone S-Btb7_08	DQ017912				
10	6	A 518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured bacterium clone: EXP.1-16S-12C-Clone_15	AB273849	99 %	131 / 132	0 / 132	
				種159件ほど有り					
				Uncultured bacterium clone: KNA6-EB14	AB179690				
				Uncultured Burkholderia sp. clone GASP-WA2W3_D09	EF073008				
				Uncultured bacterium clone: KTS85	AB127692				
				Microbacterium sp. D49-PB-A06	DQ873806				
				Microbacterium testaceum isolate GN05-11a	DQ872459				
				Microbacterium sp. A33	AM285015				
				Microbacterium sp. MWMA	AM286544				
				Microbacterium sp. 76352-13	DQ486958				
				Microbacterium sp. 76332-33	DQ486947				
				Microbacteriaceae bacterium KVD-unk-67	DQ490447				
				Microbacteriaceae bacterium KVD-1790-種50件ほど有り	DQ49044				
10	7	A 518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured bacterium clone dr83h	AY540844	100 %	133 / 133	0 / 133	
				Uncultured bacterium clone dr7	AY540818				
				Uncultured bacterium clone dr67	AY540812				
				Uncultured bacterium clone dr57	AY540807				
				Uncultured bacterium clone dr54	AY540806				
				Uncultured bacterium clone dr2	AY540793				
				Uncultured Meiothermus sp. clone DR546AS33-16	DQ128141				
				Uncultured Meiothermus sp. clone DR546AS33-15	DQ128140				
				Uncultured Meiothermus sp. clone DR546AS33-14	DQ128139				
				Uncultured Meiothermus sp. clone DR546AS33-12	DQ128137				
				種10件ほど有り					
				Nocardiaceae bacterium Ben-13	EF028121				
				Rhodococcus erythropolis strain D14	DQ858961				
				Rhodococcus erythropolis strain D3-2	DQ858960				
Rhodococcus sp. EN3	DQ842491								
Rhodococcus erythropolis	DQ518913								
Nocardiaceae bacterium KVD-1790-12	DQ490435								
Nocardiaceae bacterium KVD-1700-27	DQ490432								
Nocardiaceae bacterium KVD-1700-22	DQ490431								
Nocardiaceae bacterium KVD-1700-21	DQ490430								
Nocardiaceae bacterium KVD-1700-20	DQ490429								
11	1	907R	TAAGGAATATTGGGCA	Uncultured bacterium clone 1-1	AY548930	100 %	541 / 541	0 / 541	
11	2	907R	TAGGGAATATTGGGCA	Uncultured CFB group bacterium clone SM1C08	AF445665	91 %	493 / 539	0 / 539	
11	3-1	A 518R	TAGGGAATATTGGGCA	Uncultured CFB group bacterium clone SM1C08	AF445665	91 %	139 / 152	0 / 152	
				Uncultured bacterium clone Toolik_Jun2005_Tussock_21	DQ510350				
				Uncultured bacterium clone Toolik_Aug2004_Tussock_21	DQ509485				
				Uncultured bacterium clone Toolik_Aug2004_Shruh_Organic_70	DQ509349				
				Uncultured bacterium clone Toolik_Aug2004_Intertussock_70	DQ509050				
				Uncultured CFB/Green sulfur group bacterium clone SM1A03	AF445646				
				93 %	506 / 540	0 / 540			

表3 Blast 検索結果表 (続き)

検体名	バンド No.	Reverse Primer	塩基配列	Blast検索による相同性検索結果 (10例まで)	Accession No.	相同性			備考	
						Identities	Gaps			
11	4	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium isolate DGGE gel band 16S:7:Delft:120	DQ366042	92 %	125 / 135	0 / 135	
					Uncultured soil bacterium clone HSB OF22_B07RU	DQ128881				
					Uncultured bacterium clone S21.48WL	AF432724				
					Uncultured soil bacterium clone 453	AY493953				
					Uncultured soil bacterium clone 441	AY493952				
					Uncultured bacterium clone:12C-M65	AB205903				
					Uncultured bacterium clone 1.9.7	AY887012				
11	5	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Thiobacillus savaenicus strain IHG	DQ390446	100 %	160 / 160	0 / 160	
					Uncultured bacterium isolate DGGE gel band 16S:7:Delft:120	DQ366042				
					Uncultured soil bacterium clone HSB OF22_B07RU	DQ128881				
					Uncultured bacterium clone S21.48WL	AF432724				
					Uncultured soil bacterium clone 453	AY493953				
					Uncultured soil bacterium clone 441	AY493952				
					Uncultured bacterium clone:12C-M65	AB205903				
11	6	C	518R	TGAGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium clone BPH3035	DQ221628	92 %	132 / 136	0 / 136	
					Uncultured bacterium gene clone: ITKB-217	AB198846				
					Thiobacillus savaenicus strain IHG	DQ390446				
					Uncultured bacterium clone mv12.3	AY424815				
					Uncultured beta proteobacterium clone ccspost271	AY133108				
					Uncultured beta proteobacterium clone ccspost2141	AY133102				
					Uncultured beta proteobacterium clone ccspost2132	AY133101				
11	7	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium clone BPH3035	DQ221628	99 %	135 / 136	0 / 136	
					Uncultured eubacterium FL14B04	AF446320				
					Uncultured eubacterium clone FL14B10	AY293539				
					Uncultured freshwater bacterium clone 965020H04.v1	DQ065132				
					Caldimonas taiwanensis strain On1	AY845052				
					Microbacterium sp. G16	EF091839				
					Uncultured bacterium clone MD060606_33	DQ862524				
11	8	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium clone MD060606_25	DQ862516	100 %	140 / 140	0 / 140	1塩基N有
					Microbacterium sp. LB-4	DQ988109				
					Microbacterium sp. TD24	DQ978244				
					Microbacterium sp. CQ0110Y	DQ852355				
					Microbacterium phyllosphaerae strain SM2-5	AM268326				
					Microbacterium sp. SRLB	AM286545				
					Uncultured bacterium clone aab50f05	DQ815145				
11	9	B	518R	TTAGGAATCTCCCA	Uncultured bacterium clone dr83h	AY540844	100 %	133 / 133	0 / 133	
					Uncultured bacterium clone dr7	AY540818				
					Uncultured bacterium clone dr67	AY540812				
					Uncultured bacterium clone dr57	AY540807				
					Uncultured bacterium clone dr54	AY540806				
					Uncultured bacterium clone dr2	AY540793				
					Uncultured Meiothermus sp. clone DR546AS33-16	DQ128141				
Uncultured Meiothermus sp. clone DR546AS33-15	DQ128140									
11	10	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured Meiothermus sp. clone DR546AS33-14	DQ128139	97 %	95 / 97	0 / 97	混合
					Uncultured Meiothermus sp. clone DR546AS33-12	DQ128137				
					Uncultured delta proteobacterium clone EB1027	AY395346				
					Uncultured bacterium clone dr83h	AY540844				
					Uncultured bacterium clone dr7	AY540818				
					Uncultured bacterium clone dr67	AY540812				
					Uncultured bacterium clone dr57	AY540807				
12	1		907R	TGGGGAATATTGGACA	Rubritepida flocculans	AF465832	100 %	135 / 135	0 / 135	
					Legionella pneumophila subsp. pneumophila str. Philadelphia 1	AE017354				
					Legionella pneumophila str. Paris	CR628336				
12	2	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Legionella pneumophila strain E5C1	AF129524	93 %	151 / 153	0 / 153	
					Uncultured Legionella sp. clone S7-5	AY924167				
					Uncultured Legionella sp. clone S7-5	AY924167				

表3 Blast 検索結果表 (続き)

検体名	バンド No.	Reverse Primer	塩基配列	Blast検索による相同性検索結果 (10例まで)	Accession No.	相同性			備考								
						Identities	Gaps										
12	2	C	518R	TGGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium clone dfB6-21	DQ422867	99 %	153 / 154	0 / 154								
					Uncultured bacterium clone MB-B2-105	AY093470											
					Uncultured bacterium clone BMS9MF5BE11	AF365515											
					Uncultured bacterium DSSD30	AY328729											
					Uncultured bacterium HOC1Ci51	AY328600											
	Uncultured bacterium HOC1Ci9	AY328558															
	Uncultured rape rhizosphere bacterium wr0198	AJ295559															
	D	518R	TGGGGAATTTGACA	Uncultured bacterium clone: EXP.1-16S-12C-Clone 15	AB273849												
				Uncultured bacterium clone: EXP.1-16S-13C-light-Clone 50	AB273835												
	12	3-1	A	518R	TGGGGAATTTGACA	Duganella sp. RBE2CD-43	EF111225	100 %	160 / 160	0 / 160							
Janthinobacterium sp. RBE1CD-128						EF111135											
Janthinobacterium lividum strain RBE1CD-85						EF111127											
Janthinobacterium lividum strain RBE1CD-64						EF111116											
Uncultured bacterium clone KSC4-9						DQ532331											
Uncultured bacterium clone KSC4-46						DQ532319											
Uncultured beta proteobacterium clone BFM 4E						DQ628923											
Uncultured bacterium clone TBc-14						DQ791390											
Uncultured bacterium clone TBb-39						DQ791381											
Uncultured bacterium clone TBb-37						DQ791379											
他150件ほど有り																	
B						518R	TGGGGAATTTGACA					Uncultured bacterium clone rRNA432	AY959205	100 %	160 / 160	0 / 160	
												Uncultured bacterium clone rRNA413	AY959186				
												Uncultured bacterium clone rRNA365	AY959138				
												Uncultured bacterium clone rRNA309	AY959082				
		Uncultured bacterium clone rRNA256	AY959029														
		Uncultured bacterium clone rRNA236	AY959009														
		Uncultured bacterium clone 1971b-19	AY917781														
		Uncultured proteobacterium clone 1969CT0-17	AY917258														
		他90件ほど有り															
		C	518R	TGGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium clone dfB6-21			DQ422867	99 %	137 / 138	0 / 138						
Uncultured bacterium clone MB-B2-105					AY093470												
Uncultured bacterium clone BMS9MF5BE11					AF365515												
Uncultured bacterium DSSD30					AY328729												
Uncultured bacterium HOC1Ci51					AY328600												
Uncultured bacterium HOC1Ci9	AY328558																
Uncultured bacterium isolate DGGE gel band ES01-E26	AY436581																
Uncultured rape rhizosphere bacterium wr0198	AJ295559																
他90件ほど有り																	
3-2	907R				CCGCCTGAGCGAAGAA	Uncultured bacterium DSSD30	AY328729	99 %					454 / 455	0 / 455			
12	4	A	518R	TGGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium HOC1Ci51	AY328600	100 %	138 / 138	0 / 138								
					Uncultured bacterium HOC1Ci9	AY328558											
12	5	B	518R	TGAGGAATTTGCGCA	Uncultured bacterium clone BPH3035	DQ221628	97 %	133 / 136	0 / 136								
					Uncultured bacterium clone BPH3035	DQ221628	97 %	133 / 136	0 / 136								
		C	518R	GTGGGGAATTTACGC	Uncultured bacterium HOC1Ci51	AY328600	100 %	139 / 139	0 / 139								
					Uncultured bacterium HOC1Ci9	AY328558											
12	6	D	518R	TGAGGAATTTGCGCA	Uncultured bacterium clone BPH3035	DQ22162	97 %	133 / 136	0 / 136								
					Uncultured bacterium DSSD70	AY328768	96 %	507 / 526	0 / 526								
12	7	907R	TGGGGAATTTGACA	Methylocystis parvus	MPA18945	99 %	522 / 523	0 / 523	1塩基N有								
				Methylocystis parvus strain 57	MPA458508												
12	8	907R	TGGGGAATTTGACA	Methylocystis parvus strain 81	MPA458476	100 %	523 / 523	0 / 523									
				Methylocystis parvus	MPA18945												
				Methylocystis parvus strain 57	MPA458508												
13	1	A	518R	TGGGGAATTTGACA	Uncultured Legionella sp. clone S7-5	AY924167	99 %	159 / 160	0 / 160								
					B	518R	TGGGGAATTTGACA	Uncultured Firmicutes bacterium clone M0023_095	EF071372	100 %	135 / 135	0 / 135					
	Uncultured Firmicutes bacterium clone M0014_155	EF071172															
	Uncultured bacterium clone BEU-74	EF053117															
	Uncultured bacterium clone CD106	DQ441357															
	Uncultured bacterium clone O13-c3	DQ905217															
	Clostridium disporicum strain NML	DQ855943															
	Uncultured bacterium clone R-1259 (2)	DQ777949															
	Uncultured bacterium clone HupoA6-9	DQ513363															
	Uncultured bacterium clone 6	DQ238613															
	Uncultured bacterium clone 4	DQ238611															
	他110件ほど有り																

表3 Blast 検索結果表 (続き)

検体名	バンド No.	Reverse Primer	塩基配列	Blast検索による相同性検索結果 (10例まで)	Accession No.	相同性			備考										
						Identities	Gaps												
13	2	A	518R	TAGGGAATCTTCGGCA	Uncultured soil bacterium clone TcA4	AY242740	100 %	160 / 160	0 / 160										
					Gram-positive bacterium MOL361	AF349724													
					Uncultured organism clone MC0612c3	AY898027													
					Uncultured bacterium clone dfB6-21	DQ422867													
					Uncultured bacterium clone MB-B2-105	AY093470													
		B			518R	GTGGGGAATTTACGC					Uncultured bacterium clone BMS9MF5BE11	AF365515	99 %	138 / 139	0 / 139				
											Uncultured bacterium DSSD30	AY328729							
											Uncultured bacterium HOC1Ci51	AY328600							
											Uncultured bacterium HOC1Ci9	AY328558							
											Uncultured rape rhizosphere bacterium wr0198	AJ295559							
13	3		907R	GGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium HOC1Ci51	AY328600	100 %	524 / 524	0 / 524										
					Uncultured bacterium HOC1Ci9	AY328558													
13	4		907R	GGGAAGAGAATGGACG	Uncultured bacterium DSSD70	AY328768	97 %	374 / 383	0 / 383	やや汚									
13	5		907R	TGGGGAATATTGGACA	Methylobacterium sp. SKJH-1	AY741724	100 %	486 / 486	0 / 486										
					Methylobacterium sp. Ellin133	AF408975													
					Methylobacterium sp. iEIV1	AY369236													
					Methylobacterium mesophilicum strain:DSM 1708	AB175636													
					Methylobacterium sp. PB155	AB220097													
					Methylobacterium sp. PB115	AB220080													
					Methylobacterium sp. F18	MTBF18A10													
					Methylobacterium mesophilicum strain JCM 2829	MTBJCMA02													
					Methylobacterium mesophilicum strain JCM 2829	AJ400919													
					13	6					A	518R	GTGGGGAATATTGGAC	Methylobacterium fujisawaense strain TNAU14	EF116592	100 %	136 / 136	0 / 136	
Methylobacterium sp. MP3	EF015480																		
Methylobacterium fujisawaense strain	EF015477																		
Uncultured Methylobacterium sp. clone GASP-WA2W3_F09	EF073031																		
Uncultured bacterium clone MojaveB9	EF071534																		
Uncultured bacterium clone JSC8-A3	DQ532214																		
Uncultured bacterium clone JSC7-47	DQ532188																		
Uncultured bacterium clone JSC2-G8	DQ532181																		
Methylobacterium sp. PU1-3/41	AM397453																		
Uncultured bacterium clone MSFC_4M1H	DQ447834																		
他170件ほど有り																			
13	7		907R	TGGGGAATATTGGACA			Methylocystis parvus	MPA18945	100 %	523 / 523				0 / 523					
							Methylocystis parvus strain 57	MPA458508											
							Methylocystis parvus strain 81	MPA458476											
14	1		907R	TGGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium DSSD30	AY328729	99 %	526 / 528	0 / 528										
15	3		907R	TGCCCGGTGAGTGATG	Uncultured bacterium DSSD54	AY328752	99 %	483 / 485	1 / 485										
					Uncultured bacterium DSSD8	AY328707													
					Uncultured bacterium DSSD7	AY328706													
					Uncultured bacterium DSSF72	AY328694													
					Uncultured bacterium HOC1Ci7	AY328556													
					Uncultured bacterium clone B2C70D5	AY957899													
15	8		907R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium clone MP104-SW-b9	DQ088793	100 %	523 / 523	0 / 523										
					Uncultured bacterium clone MP104-SW-	DQ088783													
16	4		907R	TGGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium DSSD30	AY328729	99 %	526 / 528	0 / 528										
16	6		907R	TGCCCGGTGCGGGAAG	Pelomonas sp. On15	DQ291149	100 %	471 / 471	0 / 471										
16	11		907R	TGGGGAATATTGGACA	Mycobacterium phle	AF480603	100 %	531 / 531	0 / 531										
17	2	D	518R	GGGGAATTTACGCA	Duganeila sp. RBE2CD-43	EF111225	100 %	159 / 159	0 / 159										
					Janthinobacterium sp. RBE1CD-128	EF111135													
					Janthinobacterium lividum strain RBE1CD-85	EF111127													
					Janthinobacterium lividum strain RBE1CD-64	EF111116													
					Uncultured bacterium clone KSC4-9	DQ532331													
					Uncultured bacterium clone KSC4-46	DQ532319													
					Uncultured beta proteobacterium clone BFM 4E	DQ628923													
					Uncultured bacterium clone TBc-14	DQ791390													
					Uncultured bacterium clone TBb-39	DQ791381													
					Uncultured bacterium clone TBb-37	DQ791379													
					他80件ほど有り														
					E	518R					TGGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium clone rRNA432	AY959205	100 %	160 / 160	0 / 160			
												Uncultured bacterium clone rRNA413	AY959186						
												Uncultured bacterium clone rRNA365	AY959138						
												Uncultured bacterium clone rRNA309	AY959082						
												Uncultured bacterium clone rRNA256	AY959029						
												Uncultured bacterium clone rRNA236	AY959009						
Uncultured bacterium clone 1971b-19	AY917781																		
Uncultured proteobacterium clone 1969CT0-17	AY917258																		

表3 Blast 検索結果表 (続き)

検体名	バンド No.	Reverse Primer	塩基配列	Blast検索による同源性検索結果 (10例まで)	Accession No.	同源性			備考																							
						Identities	Gaps																									
17	2	F	518R	TGGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium clone dfB6-21	DQ422867	99 %	137 / 138	0 / 138																							
					Uncultured bacterium clone MB-B2-105	AY093470																										
					Uncultured bacterium clone BMS9MF5BE11	AF365515																										
					Uncultured bacterium DSSD30	AY328729																										
					Uncultured bacterium HOC1C151	AY328600																										
					Uncultured bacterium HOC1C19	AY328558																										
					Uncultured bacterium isolate DGGE gel band ES01-E26	AY436581																										
					Uncultured rape rhizosphere bacterium wr0198	AJ295559																										
					17	6					A	518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured bacterium clone:Run-SP130	AB247492	100 %	160 / 160	0 / 160														
														Uncultured bacterium clone DR-44	AY945913																	
Uncultured bacterium clone DR-	AY945907																															
Uncultured beta proteobacterium clone DFAW-002	AY823977																															
Uncultured bacterium clone PCF1	AY540769																															
Uncultured beta proteobacterium clone NO27FW100501SAB84	DQ230955																															
Uncultured bacterium clone NO27FW100501SAB4	DQ230948																															
17	12	907R	GCCCTGATCCAGCCAT	Uncultured alpha proteobacterium clone JdFBGBact 66			DQ070832	91 %	416 / 455	0 / 455																						
				18			1								907R					CCTGACCCAGCAACCG	Uncultured bacterium clone KSC6-9	DQ532357	93 %	463 / 477	0 / 477							
																					18	3				907R	ATGCCGCGTGAGTGAT	Uncultured bacterium DSSD54	AY328752	99 %	460 / 461	0 / 461
					Uncultured bacterium DSSD8	AY328707																										
					Uncultured bacterium DSSD7	AY328706																										
					Uncultured bacterium DSSF72	AY328694																										
					Uncultured bacterium HOC1C17	AY328556																										
					Uncultured bacterium clone B2C70D5	AY957899																										
					18	5					A	518R	TGGGGAATTTGGACA			Duganella sp. RBE2CD-43	EF111225	100 %	160 / 160									0 / 160				
																Janthinobacterium sp. RBE1CD-128	EF111135															
Janthinobacterium lividum strain RBE1CD-85	EF111127																															
Janthinobacterium lividum strain RBE1CD-64	EF111116																															
Uncultured bacterium clone KSC4-9	DQ532331																															
Uncultured bacterium clone KSC4-46	DQ532319																															
Uncultured beta proteobacterium clone BFM 4E	DQ628923																															
Uncultured bacterium clone TBc-14	DQ791390																															
Uncultured bacterium clone TBb-39	DQ791381																															
Uncultured bacterium clone TBb-37	DQ791379																															
5	B	518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured bacterium clone rRNA432		AY959205	100 %	160 / 160	0 / 160																							
				Uncultured bacterium clone rRNA413		AY959186																										
				Uncultured bacterium clone rRNA365		AY959138																										
				Uncultured bacterium clone rRNA309		AY959082																										
				Uncultured bacterium clone rRNA256		AY959029																										
				Uncultured bacterium clone rRNA236		AY959009																										
				Uncultured bacterium clone 1971b-19		AY917781																										
				Uncultured proteobacterium clone 1969CT0-17		AY917258																										
				5		C					518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured alpha proteobacterium clone 61-01-24c020	DQ316812	100 %	135 / 135	0 / 135															
													Uncultured Novosphingobium sp. clone GASP-WC2S3_H07	EF075051																		
5	D	518R	TGGGGAATTTACGCA		Uncultured bacterium clone dfB6-21		DQ422867	99 %	137 / 138	0 / 138																						
					Uncultured bacterium clone MB-B2-10		AY093470																									
					Uncultured bacterium clone BMS9MF5BE11		AF365515																									
					Uncultured bacterium DSSD30		AY328729																									
					Uncultured bacterium HOC1C151		AY328600																									
					Uncultured bacterium HOC1C19		AY328558																									
					Uncultured bacterium isolate DGGE gel band ES01-E26		AY436581																									
					Uncultured rape rhizosphere bacterium wr0198		AJ295559																									

表3 Blast 検索結果表 (続き)

検体名	バンド No.	Reverse Primer	塩基配列	Blast検索による相同性検索結果 (10例まで)	Accession No.	相同性		備考	
						Identities	Gaps		
18	11	A	518R	TGGGGAATTTGGACA	Caldimonas sp. Han85	AM283038	97 %	157 / 160	0 / 160
					Caldimonas taiwanensis strain On1	AY845052			
					Caldimonas manganoxidans	AB008801			
		B	518R	TGGGGAATATTGGACA	Bosea sp. SJH07	EF114681	100 %	135 / 135	0 / 135
					Uncultured Bradyrhizobiaceae bacterium clone GASP-WA2S1_C02	EF072553			
					Bosea sp. WAO	DQ986321			
					Bosea sp. CRIB-12	DQ440827			
	Bosea sp. CRIB-10				DQ440826				
	Bosea eneeae				DQ440825				
	Bosea sp. ORS 1496				AJ968706				
	Bosea sp. BMA-4	DQ855064							
	Uncultured bacteria isolate DGGE band WP02-3-7	AM292549							
	Alpha proteobacterium EB73	AM265549							
	19	3		907R	TAAGGAATATTGGTCA	Uncultured bacterium clone 661191	DQ404914	99 %	541 / 542
Uncultured bacterium clone 661176						DQ404900			
Uncultured bacterium clone 654954						DQ404882			
19	5		907R	AGCAATGCCCGTGAG	Bacterium PE03-7G21	AB127740	96 %	446 / 449	0 / 449
					Uncultured bacterium clone 654919	DQ404856			
19	8		907R	GCCGCGTCCGGAAGA	Schlegelella sp. wcf1	DQ417336	99 %	475 / 476	0 / 476
					Schlegelella sp. KB1a	AY538706			
					Uncultured earthworm intestine bacterium clone wi22	AY154486			
19	10		907R	GCCGCGTCCGGAAGA	Tepidimonas arfidensis	AY594193	99 %	467 / 470	0 / 470
					Tepidimonas arfidensi	AB206468			
20	2	A	518R	TAGGGAATCTTCGCA	Staphylococcus sp. DTQ-LP29_2	EF012765	100 %	160 / 160	0 / 160
					Uncultured firmicute clone 61-03-	DQ316825			
					Staphylococcus sp. 16	EF016510			
					Uncultured bacterium clone KSC3-43	DQ532303			
					Uncultured bacterium clone KSC2-5	DQ532289			
					Uncultured bacterium clone JPL1_58	DQ532139			
					Staphylococcus sp. VZ-2006	AM396434			
					Staphylococcus sp. 76353-112	DQ486952			
					Staphylococcus sp. 76353-111	DQ486946			
					Bacterium CYCL-0258	DQ232415			
					Uncultured bacterium clone rRNA432	AY959205			
	B	518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured bacterium clone rRNA413	AY959186				
				Uncultured bacterium clone rRNA365	AY959138				
				Uncultured bacterium clone rRNA309	AY959082				
				Uncultured bacterium clone rRNA256	AY959029				
				Uncultured bacterium clone rRNA236	AY959009				
				Uncultured bacterium clone 1971b-19	AY917781				
				Uncultured proteobacterium clone 1969CT0-17	AY917258				
				C	518R	TGGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium clone dfB6-21	DQ422867	
							Uncultured bacterium clone MB-B2-10	AY093470	
							Uncultured bacterium clone BM89MF5BE11	AF365515	
							Uncultured bacterium DSSD30	AY328729	
							Uncultured bacterium HOC1Ci51	AY328600	
Uncultured bacterium HOC1Ci9	AY328558								
Uncultured bacterium isolate DGGE gel band ES01-E26	AY436581								
Uncultured rape rhizosphere bacterium wr0198	AJ295559								
20	3		907R	AGCAATGCCCGTGAG	Bacterium PE03-7G21	AB127740	99 %	446 / 449	0 / 449
20	4	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured alpha proteobacterium clone 61-01-24c020	DQ316812	100 %	135 / 135	0 / 135
					Uncultured Novosphingobium sp. clone GASP-WC2S3_H07	EF075051			
					Uncultured bacterium clone dfB6-21	DQ422867			
					Uncultured bacterium clone MB-B2-10	AY093470			
					Uncultured bacterium clone BM89MF5BE11	AF365515			
					Uncultured bacterium DSSD30	AY328729			
	B	518R	TGGGGAATTTACGCA	Uncultured bacterium HOC1Ci51	AY328600				
				Uncultured bacterium HOC1Ci9	AY328558				
				Uncultured bacterium isolate DGGE gel band ES01-E26	AY436581				
				Uncultured rape rhizosphere bacterium wr0198	AJ295559				
				Uncultured bacterium PHOS-HE36	AF314435				
				Uncultured Nitrospirae bacterium clone S15A-MN131	AJ534688				
21	1		907R	TGAGCAATATTGGGCA	Uncultured bacterium PHOS-HE36	AF314435	96 %	511 / 541	1 / 541
					Uncultured Nitrospirae bacterium clone S15A-MN131	AJ534688			
21	2	A	518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured Nitrospirae bacterium clone S15A-MN131	AJ534688	97 %	124 / 127	0 / 127
					Uncultured bacterium DSSD13	AY328712			
21	3		907R	GAAGAAGCCTTCGGG	Uncultured bacterium DSSD13	AY328712	99 %	443 / 446	0 / 446
					Uncultured bacterium clone I12	AY187895			
21	4		907R	TGGGGAATCTTGGACA	Uncultured bacterium clone GW5	AY559418	99 %	545 / 550	0 / 550

表3 Blast 検索結果表 (続き)

検体名	バンド No.	Reverse Primer	塩基配列	Blast検索による同源性検索結果 (10例まで)	Accession No.	同源性			備考					
						Identities	Gaps							
21	5	907R	GGTTGTAAGCCCTTT	Uncultured bacterium clone 405-1-2E	DQ647547	99 %	416 / 417	0 / 417						
				Uncultured bacterium clone Napoli-4B-	AY592753									
				Uncultured bacterium clone GW5	AY559418									
				Uncultured bacterium clone GW14	AY559415									
				Uncultured bacterium clone GW13	AY559414									
				Uncultured Hydrogenophilus sp. clone: HAdD-UB1	AB113582									
				Hydrogenophilus thermoluteolus strain:TH-1	AB009828									
22	1	907R	TGAGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium PHOS-HE36	AF314435	96 %	511 / 541	1 / 541						
22	2	A	518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured beta proteobacterium clone LiLU-30-423	EF066727	100 %	160 / 160	0 / 160					
					Uncultured beta proteobacterium clone LiLU-30-443	EF066726								
					Uncultured beta proteobacterium clone LiLU-30-406	EF066725								
					Uncultured bacterium isolate DGGE band	DQ408664								
					Uncultured bacterium clone HTF	DQ497747								
					Uncultured bacterium clone I-3	AY625137								
					Uncultured bacterium clone E5-46-HS31-227	AF486708								
					Drinking water bacterium MB16	AY328846								
					Uncultured groundwater bacterium	AB030635								
					Uncultured organism clone A48	AY707530								
					細菌10件ほど有り									
					Uncultured bacterium isolate DGGE gel band 16S:7:Del1:120	DQ366042					93 %	144 / 154	0 / 154	
					Uncultured soil bacterium clone HSB	DQ128881								
					Uncultured bacterium clone S21.48WL	AF432724								
Uncultured soil bacterium clone 453	AY493953													
Uncultured soil bacterium clone 441	AY493952													
Uncultured bacterium clone:12C-M65	AB205903													
Uncultured bacterium clone I. 9.7	AY887012	100 %	160 / 160	0 / 160										
Soil bacterium S110	DQ518556													
Stenotrophomonas maltophilia	AF321012													
Stenotrophomonas sp. 1_2004	AY563052													
Stenotrophomonas sp. GIC37	AY439247													
Stenotrophomonas sp. B50	AF128871													
Stenotrophomonas sp. 1	AF427158													
Stenotrophomonas sp. 225	DQ128318													
Bacterium RSD-1-3	AY822514													
Bacterium RSB-1-17	AY822511													
Uncultured bacterium clone RS.Muc.148	DQ117378													
細菌10件ほど有り														
Uncultured bacterium clone ANTLV1_F11	DQ521493					100 %	160 / 160	0 / 160						
Uncultured bacterium clone 2-57	EF040526													
Gamma proteobacterium 'WTE200 Clone Group 1'	EF088326													
Stenotrophomonas maltophilia strain DTQ-TBCXL4	EF061455													
Uncultured bacterium clone BB2H16S-13	EF089407													
Uncultured gamma proteobacterium clone M0032_078	EF071297													
Uncultured gamma proteobacterium clone M0032_071	EF071295													
Uncultured bacterium clone GL_SBF76	EF029787													
Stenotrophomonas sp. BMC	DQ991144													
Stenotrophomonas maltophilia strain CBMA1	DQ250145													
細菌30件ほど有り														
Uncultured bacterium clone ANTLV1_D04	DQ521483	100 %	140 / 140	0 / 140										
Actinobacterium RBE2CD-53	EF111231													
Microbacterium sp. ZY-2006b	DQ975236													
Agrococcus baldri strain: IAM 15147	AB279548													
Uncultured bacterium clone p91b26	DQ922923													
Microbacterium sp. 70(27zx)	AM403655													
Microbacterium sp. D1-15	AM403159													
Microbacterium sp. SP-1	DQ898301													
Uncultured actinobacterium clone DOK_XOFERT clone086	DQ829090													
Microbacterium sp. KV-490	AB24887													
細菌20件ほど有り														
22	5	A	518R	TGGGGAATTTGGACA	Bacterium SLL_32	DQ517013	100 %	140 / 140	0 / 140					
					Bacterium SLL_5	DQ516986								
					Parkia alkaliphila strain KSL-133	DQ256088								
					Parkia alkaliphila strain KSL-113	DQ256087								
22	5	A	518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured bacterium clone I 02-13	DQ537449	100 %	160 / 160	0 / 160					
22	6	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Lysobacter taiwanensis strain SEK-1197	DQ323664	99 %	159 / 160	0 / 160					
					Lysobacter taiwanensis strain CL-1358	DQ314555								

表3 Blast 検索結果表 (続き)

検体名	バンド No.	Reverse Primer	塩基配列	Blast検索による相同性検索結果 (10例まで)	Accession No.	相同性			備考	
						Identities	Gaps			
22	7-1	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium clone: SRRB31	AB240508	99 %	159 / 160	0 / 160	
		B	518R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium clone W-Btb7_16	DQ017922	99 %	159 / 160	0 / 160	
					Lysobacter taiwanensis strain SEK-1197	DQ323664				
	C	518R	TGGGGAATCTTGGACA	Hydrogenophilus denitrificans strain BDN3	AY820184	100 %	160 / 160	0 / 160		
		7-2			Uncultured Hydrogenophilus sp. clone: HAUd-UB1	AB113582	98 %	459 / 464	0 / 464	
			907R	TCGGGTTGTAAGCCC	Uncultured bacterium clone 405-1-2E	DQ647547				
					Uncultured bacterium clone Napoli-4B-	AY592753				
				Uncultured bacterium clone GW5	AY559418					
28	1		907R	AAGGTCGTAAAGTTGT	Uncultured bacterium PHOS-HE36	AY314435	93 %	427 / 455	1 / 455	
28	2		907R	GCCATTCCGCGTGAGT	Uncultured beta proteobacterium clone DSBR-C002	AY238973	97 %	472 / 478	0 / 482	
					Uncultured beta proteobacterium clone DSBR-C004	AY238974				
					Uncultured beta proteobacterium clone DSBR-C014	AY238975				
					Uncultured beta proteobacterium clone DSBR-C041	AY238977				
					Uncultured beta proteobacterium clone DSBR-C042	AY238978				
					Uncultured beta proteobacterium clone DSBR-C043	AY238979				
28	3	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured alpha proteobacterium clone 61-01-24c020	DQ316812	100 %	135 / 135	0 / 135	
					Uncultured Novosphingobium sp. clone GASP-WC2S3_H07	EF075051				
		B	518R	TAGGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium isolate DGGE gel band 16S:7:Delft:120	DQ366042	93 %	144 / 154	0 / 154	
					Uncultured soil bacterium clone HSB OF22_B07RU	DQ128881				
					Uncultured bacterium clone S21.48WL	AF432724				
					Uncultured soil bacterium clone 453	AY493953				
					Uncultured soil bacterium clone 441	AY493952				
			Uncultured bacterium clone:12C-M65	AB205903						
			Uncultured bacterium clone 1.9.7	AY887012						
28	4	A	518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured Nitrospirae bacterium clone S15A-MN131	AJ534688	97 %	124 / 127	0 / 127	
28	5	A	518R	TGGGGAATCTTGGACA	Uncultured bacterium clone oc40	AY491583	100 %	135 / 135	0 / 135	
					Uncultured bacterium clone QLS0-B11	AY940498				
28	6	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Uncultured bacterium clone	AY820676	95 %	153 / 160	0 / 160	
					Uncultured bacterium clone JEG.e5	DQ228405				
					Bacterium Rb-8K	DQ156145				
		B	518R	TGGGGAATCTTGGACA	Uncultured bacterium clone 69-101	AY955096	100 %	135 / 135	0 / 135	
					Uncultured bacterium clone oc40	AY491583				
					Uncultured bacterium clone QLS0-B11	AY940498				
					Uncultured bacterium clone	AY820676				
28	7	A	518R	TGGGGAATTTGGACA	Uncultured bacterium clone I 02-13	DQ537449	100 %	160 / 160	0 / 160	
28	8	A	518R	TGGGGAATATTGGACA	Lysobacter taiwanensis strain SEK-1197	DQ323664	99 %	159 / 160	0 / 160	
					Lysobacter taiwanensis strain CL-1358	DQ314555				
	B	518R	TGGGGAATCTTGGACA	Hydrogenophilus denitrificans strain BDN3	AY820184	100 %	160 / 160	0 / 160		
				Uncultured Hydrogenophilus sp. clone: HAUd-UB1	AB113582					
28	9		907R	TGGGGAATCTTGGACA	Uncultured bacterium clone GW5	AY559418	99 %	545 / 550	0 / 550	
28	10	A	518R	TGGGGAATCTTGGACA	Hydrogenophilus denitrificans strain BDN3	AY820184	100 %	160 / 160	0 / 160	
					Uncultured Hydrogenophilus sp. clone: HAUd-UB1	AB113582				
		B	518R	TAAGGGATCTTGGACA	Uncultured bacterium clone TPD-4	AY862521				
				Uncultured bacterium clone 3	AY861462	100 %	137 / 137	0 / 137		

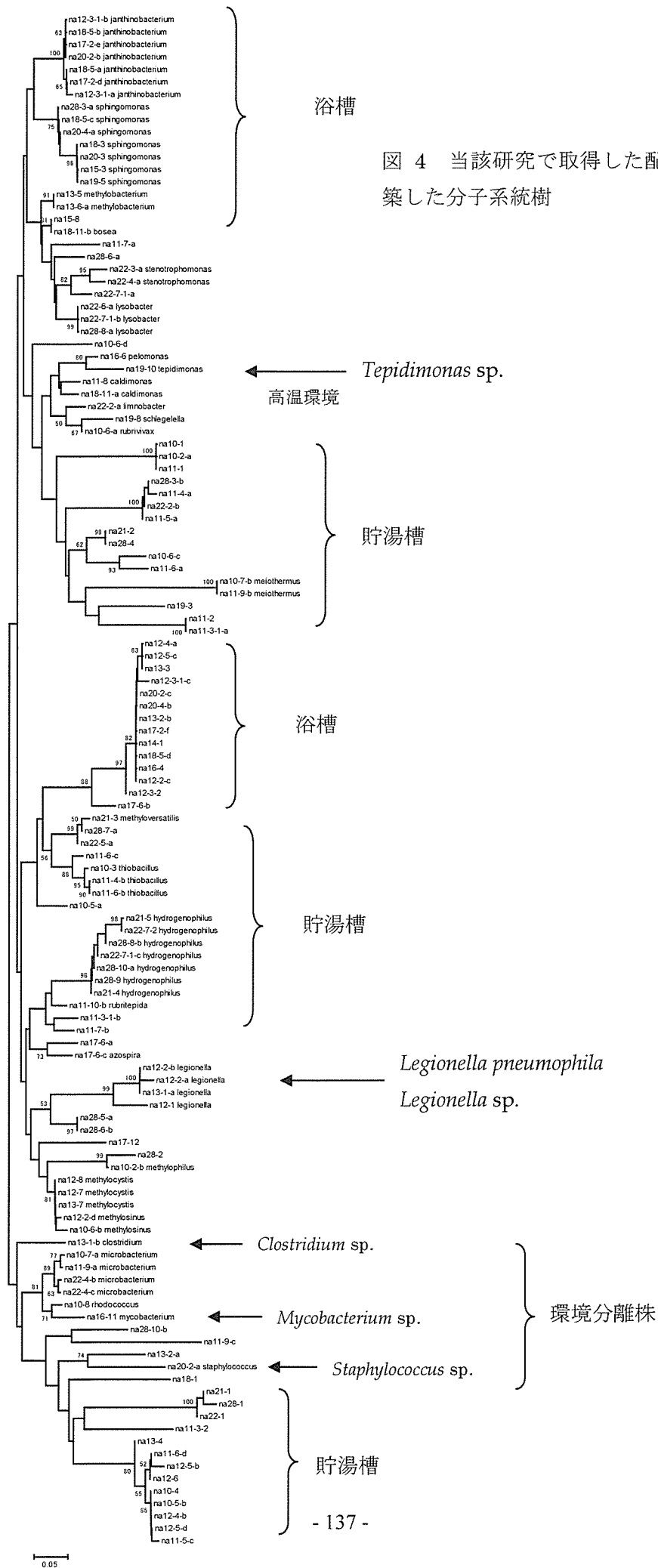


図 4 当該研究で取得した配列より構築した分子系統樹

循環式浴槽における浴用水の浄化・消毒方法の最適化に関する研究

「HACCP システムの導入を伴う循環式浴槽の管理について」

主任研究者 遠藤 卓郎 国立感染症研究所寄生動物部

分担研究者 黒木 俊郎 神奈川県衛生研究所微生物部

研究要旨：

レジオネラ感染症の発生を予防するためのするために、循環式浴槽システムにおける衛生管理手法を確立を目指した HACCP システムの導入には一般的衛生管理の徹底が欠かせない。そこで一般的衛生管理において重点的に管理すべき設備・部位の特定と、それぞれの設備・部位におけるハザードの解析および対策を検討した。源泉、配管、貯湯槽、吐出口、浴槽、オーバーフロー回収槽、集毛器、ポンプ、ろ過器、薬剤注入装置、熱交換器・加熱器を循環式浴槽システムに特徴的な構成要素であるとし、それぞれの性状と対策等について、具体的な内容となるように検討した。得られた検討結果は現場において活用しやすいように、重要ポイント集（資料1）としてまとめた。

A. 研究目的

レジオネラ属菌は環境中に広く分布し、条件が整えばどこでも増殖することができる。なかでも、循環式浴槽システムはレジオネラ属菌の増殖の場として適した環境と考えられ、浴槽水中やシャワーヘッド、ろ過装置内においてレジオネラ属菌が増え、それを吸入あるいは誤嚥することにより患者発生に繋がっている。

本研究においては循環式浴槽システムへの HACCP システムの導入を目指し、その具体的な内容を検討した。HACCP システムを導入する際には一般的な衛生

管理の確立が前提とするもので、重点的に管理すべき設備・部位の特定と個々の部位での対策内容を検討した。

B. 研究方法

1) 循環式浴槽システムの構成

一般的な循環式浴槽システムの構成要素を検討し、循環式浴槽システムに特徴的で且つ衛生管理上重要であると想定される設備・部位の設定を試みた。

2) 構成要素の性状・対策等の検討

衛生管理上重要であると想定される設

備・部位ごとに、それぞれにおけるハザードの存在と対策の具体的な内容に関する情報を、研究者および研究協力者から収集した。

C. 研究結果

1) 循環式浴槽システムの構成要素

循環式浴槽システムを構成する要素を「源泉」、「配管」、「貯湯槽」、「吐出口」、「浴槽」、「オーバーフロー回収槽」、「集毛器」、「ポンプ」、「ろ過器」、「薬剤注入装置」、「熱交換器・加熱器」とした。このうち「オーバーフロー回収槽」、「集毛器」、「ポンプ」、「ろ過器」、「薬剤注入装置」および「熱交換器・加熱器」を循環式浴槽システムに特徴的であると、さらに衛生管理を進める上で必要と考えられる構成要素であるとした。

2) 構成要素の性状・対策等の検討

日常の衛生管理を進める上で重点的に管理することが想定される重要ポイントとして設備・部位を特定し、それぞれにおける「危害」の性状、「対策」の具体的な内容を研究者および研究協力者から収集し、これをまとめた。結果を資料1に示した。

HACCP システムにおいて重要管理点となり得る部位には明記して、容易に他と区別がつくようにした。

D. 考察

循環式浴槽システムは「源泉」、「配管」、「貯湯槽」、「吐出口」、「浴槽」、「オーバーフロー回収槽」、「集毛器」、「ポンプ」、「ろ過器」、「薬剤注入装置」、「熱交換器・

加熱器」から構成されている。「源泉」からそのまま「浴槽」に配水され、「浴槽」から排水される最も単純な掛け流し式浴槽と比較すると、「オーバーフロー回収槽」、「集毛器」、「ポンプ」、「ろ過器」、「薬剤注入装置」、「熱交換器・加熱器」が追加装置として加えられる。さらに、これらを連結するための複雑で長い配管が設備されている。そのため、レジオネラ対策は困難を極めている。

一般的に HACCP システムの導入には、衛生管理が確実に行われていることが前提となる。HACCP システムそのものが循環式浴槽システムを清浄な状態に保つわけではなく、衛生管理が的確にしかも効果的に実行されているかどうかを科学的に検証するための活動と承知する。そこで、当該研究では日常の衛生管理において重点的に管理すべき設備・部位の特定を行い、それぞれの個所でのハザードの発生の可能性や対策を検討した。具体的には、研究班の研究者と研究協力者から情報を収集し、循環式浴槽システムを構成する設備ごとに整理した。

HACCP システムは管理点をリアルタイムにモニタリングする活動が含まれる。循環式浴槽システムにおいては、いくつかのモニタリング項目が想定される(表1)。このうち、塩素による持続的な消毒を実施している施設では、浴槽水中の残留塩素濃度がモニタリングの対象として適している。循環式浴槽システムでは、多くの施設が塩素消毒を実施しており、残留塩素濃度の測定を自動で行うことも可能である。

一方、貯湯槽の管理として水の温度がモニタリングの対象となるが、貯湯槽の水温は最も低い底部の水温が 55℃以上に保つよう勧奨されている。

浴槽からの溢水を再利用する目的でオーバーフロー回収槽を設置している施設があるが、別途報告にあるように、回収システムを採用した場合には過マンガン酸カリウム消費量の管理が不可能となることが指摘されている（循環式浴槽水における濁度と過マンガン酸カリウム消費量の推移について、を参照のこと）。本研究では、オーバーフロー回収システムの設置には慎重の上にも慎重であるべきものと判断している。

謝辞

重要ポイントの選定とそれぞれの性状および対策に関する情報の収集と資料の作成において、本研究班の研究協力者の

方々、「掛け流し式温泉における適切な衛生管理手法の開発等に関する研究」および「温泉の泉質等に対応した適切な衛生管理手法の開発に関する研究」両班の分担研究者と研究協力者の方々に多大なご協力をいただきました。ここに深謝いたします。

E. 参考文献

1.新宮和裕:HACCP 入門 pp111、2004年、日本規格協会、東京.

F. 健康危機管理情報

なし

G. 研究発表

誌上発表

なし

学会発表

1. 日本公衆衛生学会（愛媛県、2007.10.24～26）予定。

表1 レジオネラ属菌の発生を予防する手段と監視項目

発生予防手段		監視項目
清掃	少なくとも週1回	ATP 測定
高温	55℃以上で増殖できない 70℃以上ですぐに死滅	AOC、TOC、過マンガン酸カリ消費量、 温度
消毒	塩素 0.2ppm 以上	残留塩素濃度

資料. 循環式温泉システムにおける重要ポイント

集毛器

ポイント	ハザード	備考	対策
網 予備網	レジオネラの増殖 バイオフィルムの形成 アメーバの増殖 黄色ブドウ球菌、緑膿菌、大腸菌等の病原菌 や指標菌の生存	集毛器の洗浄・消毒を頻繁に行わないと容易にバイオフィルムが形成される。	予備の網を準備しておき交換を短時間とする。
集毛網 ネット、 蓋、器機 内部等	レジオネラの増殖 バイオフィルムの形成 アメーバの増殖 黄色ブドウ球菌、緑膿菌、大腸菌等の病原菌 や指標菌の生存	洗浄しにくいいため分解し洗浄消毒作業が重要。器機全体にバイオフィルムがつきやすい。	各自治体の公衆浴場法施行細則等による浴槽等の管理基準に基づいて集毛器機分解点検清掃消毒規定と各作業マニュアルを作成し、決められたとおりに管理を行う。 集毛網ネットのブラッシング洗浄と消毒（塩素消毒又はアルコール消毒）を行い、さらに器機分解清掃も定期的実施する。
管理 洗浄・ 消毒	レジオネラの増殖 バイオフィルムの形成 アメーバの増殖 黄色ブドウ球菌、緑膿菌、大腸菌等の病原菌 や指標菌の生存	洗浄と殺菌をしないとバイオフィルムがつく。網は週1回の洗浄・殺菌ではバイオフィルムの殺菌・除去ができないことがある。	規定とマニュアルを定め、頻繁に洗浄・消毒する。 具体的には網は毎日、タワシ等で物理的洗浄後、次亜塩素酸ナトリウム溶液あるいは消毒用エタノールを噴霧し乾燥させる。

コメント

集毛器機清掃消毒規定、保守点検管理規定および管理マニュアル、清掃消毒記録簿、保守点検記録簿を作成し、決められたとおりに管理を行うことが重要である。実施した管理の内容は記録簿に記録する。

最も汚れやすく、ゴミ等がすぐに溜まる場所であるため、1日1回以上の点検と清掃・消毒が必要である。

ポンプ

	ポイント	ハザード	備考	対策
ポンプ	エア取り 入れ口	レジオネラの増殖 バイオフィルムの形成 アメーバの増殖	エアーの取り入れ口から土埃、粉塵、レジオネラ属菌等が混入する。	ポンプ等作業点検維持管理規定および管理マニュアル、保守点検記録簿を作成し、決められたとおりに管理を行う。 フィルター等の定期的洗浄消毒及び清掃を行う。必要ならばポンプ小屋を設置し、周辺及び小屋等内部の定期的清掃を行う。 ポンプを正常に作動させ滞留させないことも重要である。
能力		レジオネラの増殖 バイオフィルムの形成 アメーバの増殖	能力が不足すると湯の滞留、バイオフィルムの容易な形成などが起きやすくなる。	ろ過能力基準以上の能力を有すること。具体的には1時間あたり浴槽容量以上が必要である。
材質		レジオネラの増殖 バイオフィルムの形成 アメーバの増殖	材質によってはバイオフィルムが形成されやすい。 錆が出来る洗浄・消毒が不完全となる。	バイオフィルムが形成されにくい材質、錆が出来にくい材質、バイオフィルムが形成されにくい材質を使用したポンプを選定する。
管理	洗浄・ 消毒	レジオネラの増殖 バイオフィルムの形成 アメーバの増殖	配管と同様にバイオフィルムが形成される。	最低週1回は有効濃度の次亜塩素酸または二酸化塩素などで洗浄殺菌する。 月1回程度、過酸化水素による洗浄・殺菌をする。 ポンプ内を消毒する場合、ポンプ内部を消毒剤で充填させる。

コメント

ポンプ等作業点検維持管理規定および管理マニュアル、保守点検記録簿を作成し、決められたとおりに管理を行うことが重要である。実施した管理の内容は記録簿に記録する。