

は変異があった可能性が考えられる。実験全体としてはほぼ全てのサンプルに PCR がかったことから、このプライマー設計方法は実際のウイルスに対しても有効であるということが示唆された。

HEV 用については、上記の CoCoMo アルゴリズムに従った方法により、ゲノム配列を塩基配列データから選択後、さらにグループ分けし、それらの代表データにより degenerate プライマーを設計した。この degenerate プライマーは、ほとんどの HEV ゲノムを増幅することが予測された。ただし、設計されたプライマーは、いずれもゲノム全体の 3' 末端近くに限定されており、プライマーのレパートリーも限られていた。确实および高感度のプライマーを選択するためには、ゲノム領域およびプライマーのレパートリーについて、多様性を高める必要が予想される。そのため、HEV ゲノムのグループ分類を再検討するため、相同性に基づいた社会ネットワーク図上においてプライマー設計上で有効となるグループ化を検討した。すなわち、二塩基配列間の相同性のうち 80, 85, 90 または 95% 以上の関係を描出し、描出限界の推移による変化を検討した(図 19)。80%の相同性に基いて、ゲノム配列をグループ化した場合には、相同性グループプログラムで作出された 9 個のグループのうち、1, 4, 5, 6, 7 および 9 番目のグループ塩基配列間には相互に相同性が認められたため、これらは、80%相同性水準では一グループとみなすべきであることが示唆された。このグループのうち 5, 6, 7 および 9 番目のグループは、85%を水準とした場合には、グループから分離しており、また、グループ内の相同性も水準に達していなかった。1 番と 4

番のグループは、90%の相同性を基準とした場合に分離した。95%水準での社会ネットワーク分析図では、2 番および 3 番のグループ内でも相同性が水準に達しない配列が現れるが、1 番および 4 番の塩基配列相互では、水準以上の相同性が認められた。このように、相同性水準によって設定されるべきグループが異なった。今後、各種水準で設定されたグループ分けに基づいた degenerate プライマーの有効性を検討し、最適な水準を選ぶことの重要性が示唆された。

LCMV 用 degenerate プライマーの設計については、CoCoMo アルゴリズムに従った方法により、ゲノム配列を塩基配列データから選択後、さらにグループ分けし、GPC 遺伝子 97 件の塩基配列データから degenerate プライマーを設計した。この degenerate プライマーは、全ての LCMV で登録された GPC 遺伝子を増幅することが予測されたが、PCR 効率を検討するため、多種のコア鋳型を基に、前述のインフルエンザ鋳型と同様の検討用鋳型を作成し、degenerate プライマーにより PCR 産物を合成した。合成効率を検討するため、PCR 産物を標識して DNA チップ上での Hybridiazation をしたところ、Hybridization は一部のプライマーでのみ確認された。今後、Native な鋳型での検討が必要であることが示唆された。ゲノム全長と 900 塩基の gp 遺伝子断片については、グループ分けを検討するために、各種の値以上の相同性のみに基づいた社会ネットワーク分析を同様に前述も限られていた。确实および高感度のプライマーを選択するためには、ゲノム領域およびプライマーのレパートリーについて、多様性を高める必

要が予想される。

#### E. 結論

ウイルスの遺伝子配列に依存しないウイルス遺伝子検出法としてのRDA法のRTに用いられるプライマーを検討した結果、NR96の有用性が示された。

一方、特定のウイルス種あるいはウイルス属の塩基配列データを大量にデータベース上から入手し、グループ化と motif 分析を組み合わせることにより、効率良く degenerate プライマーを設計可能なアルゴリズム(CoCoMo アルゴリズム)およびプログラム群が整備された。合成オリゴマーを用いた実験と3種のウイルスでの適用試験では、CoCoMo アルゴリズムによって設計された degenerate プライマーは一定の効率を示した。これらの結果から、CoCoMo アルゴリズムの実用性が示されたが、同時にプログラムの改善と個々の適用種に応じて方法を変更する必要性が示唆された。今後、実際の対象ウイルスを標的としたプライマーの設計とウイルス遺伝子を用いた検証を行い、その有用性を明らかにしたい。

#### F. 健康危険情報

該当なし。

#### G. 研究発表

1. 論文発表
2. 学会発表

#### H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 著作権を設定し、公表予定のプログラムコード：省略

I. 図表

表1 塩基配列のコードと degeneracy

コード	意味	コードの由来	degeneracy
G	G	Guanine	1
A	A	Adenine	1
T	T	Thymine	1
C	C	Cytosine	1
R	G or A	puRine	2
Y	T or C	pYrimidine	2
M	A or C	aMino	2
K	G or T	Keto	2
S	G or C	Strong interaction (3 H bonds)	2
W	A or T	Weak interaction (2 H bonds)	2
H	A or C or T	not-G, H follows G in the alphabet	3
B	G or T or C	not-A, B follows A	3
V	G or C or A	not-T (not-U), V follows U	3
D	G or A or T	not-C, D follows C	3
N	G or A or T or C	aNy	4

表2 NR96 とのハイブリダイズを塩基配列データ上で検索した鳥類感染 RNA ウィルス

ウイルス科	種	ウイルス科	種
Retroviridae	Rous sarcoma virus	Paramyxoviridae	Avian paramyxovirus 5
	Reticuloendotheliosis virus		Avian paramyxovirus 9
	Chick syncytial virus		Avian paramyxovirus 3
	Fujinami sarcoma virus		Turkey rhinotracheitis virus
	Avian myelocytomatosis virus		Avian paramyxovirus 8
	Avian myeloblastosis virus		Avian paramyxovirus 7
	Avian leukosis virus		Avian paramyxovirus 6
Reoviridae	Avian reovirus 9		Avian paramyxovirus 4
	Avian reovirus 4		Avian paramyxovirus 2
	Group F rotaviruses	Bornaviridae	Borna disease virus
	Group E rotaviruses	Orthomyxoviridae	Influenza A virus
	Group D rotaviruses	Togaviridae	Semliki Forest virus
	Group C rotaviruses		Fort Morgan virus
	Group B rotaviruses	Flaviviridae	Usutu virus
	Group A rotaviruses		Turkey meningoencephalomyelitis virus
	Avian reovirus 8		West Nile virus
	Avian reovirus 7	Coronaviridae	Bluecomb virus of turkeys
	Avian reovirus 5		Avian infectious bronchitis virus
	Avian reovirus 3	Picornaviridae	Avian encephalomyocarditis virus
	Avian reovirus 2		Duck hepatitis virus 1
Avian reovirus 1	Duck hepatitis virus 3		
Avian reovirus 6	Astro	Turkey astrovirus	
Bima		Infectious bursal disease virus	Duck astrovirus
Calici		Fowl calicivirus	Avian nephritis virus

表 3 NR96 選択過程での候補の絞り込み

オリゴマーの選択条件	該当数
全パターン (4 <sup>6</sup> )	65,536
鶏リボソーム RNA に存在しないパターン	59,693
鶏 mRNA には相補配列が少ないパターン	30,000
RNA ウイルス全般での存在頻度を算出	—
RNA ウイルス全般での存在頻度が最も高い 96 個	96

表 4 NR96 および NR6 プライマーセットの塩基配列

CCAATAGA	TCCCAATA	ATTGTTAA	TTATTGAG
CATAGTCA	GTCATTGG	ACTAGTGA	GGCACATC
ATTGTCCA	GACTGTGA	TATTGTCC	CTACTAAA
TTGAAGTA	CATTGATA	AGTATGTC	ACCATTGA
GGGTAACA	GGTAACAG	TGAAGTAA	TATGTCTC
TTGTTTGG	ATTATTGA	CACATTGA	CTAAAGAA
GAGGCAAC	GTACATTC	ATTGAAGC	TTGGCATA
GCAATTAG	TATTCTAC	AATTGAAG	TGTAATCA
GCTTAACA	CAATTGAA	GAGTGATG	GGTGAACC
GAACCCCC	CTCAGTAG	AGGGTAAC	AAGGTCCC
TCCAATAG	GCATAGTC	ATATAGGC	AACCATTG
CCCTGATG	TGGAGTGA	CATATAGG	CCAATTGA
GTGATGCA	TCATAAGG	TTACCCAG	GTGCAACC
CATAAGGG	CCCCGAGG	TGTGATCC	CGATATTC
ACCTGTTG	GCTTATTC	TTAGATTC	CCCAATAG
CCTGTTGA	AAGTAACC	CTAGTTTG	CAATAGAG
TGAACCCC	ACCTAAGG	TCTACCTG	ATCCGGCA
TGTGACTC	CCTTACCC	GTGAACCC	AATAGAGC
TGCTTAAC	ATATGTGA	GATGCTTA	GTAGAGAC
CATATGTG	CAATCTAC	CCCATATG	TCAGTAGC
CCTGATGC	TGTAGTAA	TGACCTAA	CCAGGGTC
TATTGAGC	TAGTGACC	GGTAGAGA	AGGGTCTA
AGGCATAA	ATAGATGC	ATCTACTA	TCACGTTC
TGTTTGGC	ACATTCCG	GGTTTTAC	ATTCCGCA

…NR6

表5 特異的にインフルエンザおよびrRNAを増幅するためのプライマー

A インフルエンザ

プライマー名	塩基配列	各セグメント内の増幅範囲
Segment1 Forward Segment1 Reverse	5' -TGGAAGTTGTTTTCCCTAAC- 3' 5' -CAACACTTCAATGTACACAC- 3'	518-723
Segment2 Forward Segment2 Reverse	5' -AATGGGAATTGATGGATGAG- 3' 5' -CAGATTCGAAATCAATCCGT- 3'	1859-2171
Segment3 Forward Segment3 Reverse	5' -ATCCGATGATTGTCGAGCTT- 3' 5' -ATTGACTCGCCTTGCTCATT- 3'	52-206
Segment4 Forward Segment4 Reverse	5' -TGCATGAGTGTAACACGAAG- 3' 5' -GCAATGGCTCCAAATAGACC- 3'	895-1081
Segment5 Forward Segment5 Reverse	5' -GTCGGTTGCTCACAAGTCCT- 3' 5' -AGAATGGCATGCCATCCACA- 3'	849-1050
Segment6 Forward Segment6 Reverse	5' -ATGTTGATGGAGCAAACGGA- 3' 5' -TCAAACCCATGTCTGGAAct- 3'	991-1090
Segment7 Forward Segment7 Reverse	5' -GATCTTGAGTTCTCATGGAATG- 3' 5' -GTTCCCATTAAGGGCATTITG- 3'	137-286
Segment8 Forward Segment8 Reverse	5' -AAGAATCCGATGAGGCACTT- 3' 5' -CCACTTCTGCTTGGGTATG- 3'	238-360

B 鶏 rRNA

プライマー名	塩基配列	各セグメント内の増幅範囲
Ribosom 18S Forward Ribosom 18S Reverse	5' -TCGATGCTCTTAACTGAGTG- 3' 5' -TTTCGCTTtagTTCGTCTTG- 3'	679-915
Ribosom 28S Forward Ribosom 28S Reverse	5' -AAGACCTCTAATCATTGCT- 3' 5' -AAAGATGGTGAActATGCCT- 3'	66-285



…リアルタイムPCRで使用したプライマー



…限界希釈PCRで使用したプライマー

表6 塩基配列分析事例における 3mer 頻度

3mer	頻度	3mer	頻度
ACA	1	GCC	1
ATC	1	GGA	1
ATG	3	GGC	1
CAC	1	GTG	1
CAT	3	TCC	1
CCA	2	TGC	1
GAT	1	TGG	2
GCA	1	TGT	1

表7 塩基配列分析事例における 3mer の位置

位置	センス鎖	位置	相補鎖
1	ATG	1	CAT
2	TGG	2	CCA
3	GGA	3	TCC
4	GAT	4	ATC
5	ATG	5	CAT
6	TGT	6	ACA
7	GTG	7	CAC
8	TGG	8	CCA
9	GGC	9	GCC
10	GCA	10	TGC
11	CAT	11	ATG

表8 塩基配列分析事例における相互に相補的な 3mer の位置

位置	センス鎖	位置	相補的 3mer	位置	相補的 3mer
1	ATG	1	CAT	2	CCA
2	TGG	2	CCA	3	TCC
3	GGA	3	TCC	4	ATC
4	GAT	4	ATC	5	CAT
5	ATG	5	CAT	6	ACA
6	TGT	6	ACA	7	CAC
7	GTG	7	CAC	8	CCA
8	TGG	8	CCA	9	GCC
9	GGC	9	GCC	10	TGC
10	GCA	10	TGC	11	ATG
11	CAT	11	ATG		

表9 塩基配列分析事例におけるPCR位置に存在する3mer

センス鎖		反対側 3mer の位置および配列					
位置	配列	6	7	8	9	10	11
1	ATG	ACA	CAC	CCA	GCC	TGC	ATG
2	TGG		CAC	CCA	GCC	TGC	ATG
3	GGA			CCA	GCC	TGC	ATG
4	GAT				GCC	TGC	ATG
5	ATG					TGC	ATG
6	TGT						ATG

表10 塩基配列分析事例における相互に相補的な3merの組み合わせと仮想PCRでの利用PCR数

センス側 3mer		相補側 3mer	
配列	利用PCR件数	配列	利用PCR件数
ATG	6	CAT	0
TGG	5	CCA	3
GGA	4	TCC	0
GAT	3	ATC	0
ATG	6	CAT	0
TGT	1	ACA	1
GTG	0	CAC	2
TGG	5	CCA	3
GGC	0	GCC	4
GCA	0	TGC	5
CAT	0	ATG	6

センス側 3mer		相補側 3mer	
配列	利用PCR件数	配列	利用PCR件数
ATG	6	CCA	3
TGG	5	TCC	0
GGA	4	ATC	0
GAT	3	CAT	0
ATG	6	ACA	1
TGT	1	CAC	2
GTG	0	CCA	3
TGG	5	GCC	4
GGC	0	TGC	5
GCA	0	ATG	6
CAT	0		

表11 塩基配列分析事例における相互に相補的な3merのうち一方の削除

センス側 3mer		相補側 3mer	
配列	利用PCR件数	配列	利用PCR件数
ATG	6	<del>CAT</del>	0
TGG	5	<del>CCA</del>	3
GGA	4	<del>TCC</del>	0
GAT	3	<del>ATC</del>	0
ATG	6	<del>CAT</del>	0
TGT	1	ACA	1
GTG	0	CAC	2
TGG	5	CCA	3
GGC	0	GCC	4
GCA	0	TGC	5
CAT	0	ATG	6

センス側 3mer		相補側 3mer	
配列	利用PCR件数	配列	利用PCR件数
ATG	6	<del>CCA</del>	3
TGG	5	<del>TCC</del>	0
GGA	4	<del>ATC</del>	0
GAT	3	<del>CAT</del>	0
ATG	6	ACA	1
TGT	1	CAC	2
GTG	0	CCA	3
TGG	5	GCC	4
GGC	0	TGC	5
GCA	0	ATG	6
CAT	0		

表12 塩基配列分析事例における選択された 3mer による仮想 PCR

センス鎖		反対側 3mer の位置および配列		
位置	配列	7	10	11
1	ATG	CAC	TGC	ATG
2	TGG	CAC	TGC	ATG
3	GGA		TGC	ATG
4	GAT		TGC	ATG
5	ATG		TGC	ATG

表13 モデル実験での鋳型作成用プライマー

鋳型	Forward/Reverse	プライマー配列	産物の名称
coreInfl50	Infl50_f1	5'-AACCTACGAACCCAGC-3'	Infl50(1)
	Infl50_r1	5'-CAAGAAGGTGACCAGG-3'	
	Infl50_f2	5'-AATCTACGAACCCAGC-3'	Infl50(2)
	Infl50_r2	5'-CAGGAAGGTGACCAGG-3'	
	Infl50_f3	5'-AATCTACCAACCCAGC-3'	Infl50(3)
	Infl50_r3	5'-CAGGAAGCTGACCAGG-3'	
	Infl50_f4	5'-GATCTACCAACCCAGC-3'	Infl50(4)
	Infl50_r4	5'-TAGGAAGCTGACCAGG-3'	
Infl50_f5	5'-GATCTTCCAACCCAGC-3'	Infl50(5)	
Infl50_r5	5'-TAGGAGGCTGACCAGG-3'		
coreNDV100	NDV_f1	5'-AACCGACGAACCCAGC-3'	NDV(1)
	NDV_r1	5'-CAAGCAGGTGACCAGG-3'	
	NDV_f2	5'-AAGCGACGAACCCAGC-3'	NDV(2)
	NDV_r2	5'-CATGCAGGTGACCAGG-3'	
	NDV_f3	5'-AAGCGACTAACCCAGC-3'	NDV(3)
	NDV_r3	5'-CATGCAGATGACCAGG-3'	
	NDV_f4	5'-TAGCGACTAACCCAGC-3'	NDV(4)
	NDV_r4	5'-GATGCAGATGACCAGG-3'	
NDV_f5	5'-TAGCGGCTAACCCAGC-3'	NDV(5)	
NDV_r5	5'-GATGCCGATGACCAGG-3'		
coreInfl150	H1N1_f	5'-AACCCACGAACCCAGC-3'	Infl150
	H1N1_r	5'-CAAGGAGGTGACCAGG-3'	

表 14 TAP-PCR 用鑄型作成に用いたプライマーと、その確認に用いたプライマー

プライマー	配列
Infl150_f25-9	5'-ATGCGAGTAACCCACGAACCCAGCA-3'
Infl150_r25-9	5'-CTAGAATCCAAGGAGGTGACCAGGA-3'
Infl150_degenerate-f	5'-ATGCGAGTAACCCACG-3'
Infl150_degenerate-r	5'-CTAGAATCCAAGGAGG-3'
Infl150_TAP-f	5'-AACCCAGCACTTAGGA-3'
Infl150_TAP-r	5'-TGACCAGGATTTATGT-3'

表 15 TAP-PCR に用いた鑄型とプライマーの組み合わせ

	名称	鑄型の両端の配列/プライマー配列
鑄型	Infl50(1)	5'-AACCTACGAACCCAGC.....CCTGGTCACCTTCTTG-3'
	NDV(1)	5'-AACCGACGAACCCAGC.....CCTGGTCACCTGCTTG-3'
	Infl150	5'-AACCCACGAACCCAGC.....CCTGGTCACCTCCTTG-3'
プライマー	Infl-NDV_F-1	5'-AACCSACGAACCCAGC-3' 3'-GGACCAGTGGASGAAC-5'
	Infl-NDV_R-1	
鑄型	Infl50(2)	5'-AATCTACGAACCCAGC.....CCTGGTCACCTTCCTG-3'
	NDV(2)	5'-AAGCGACGAACCCAGC.....CCTGGTCACCTGCATG-3'
	Infl150	5'-AACCCACGAACCCAGC.....CCTGGTCACCTCCTTG-3'
プライマー	Infl-NDV_F-2	5'-AASCSACGAACCCAGC-3' 3'-GGACCAGTGGASGWAC-5'
	Infl-NDV_R-2	
鑄型	Infl50(3)	5'-AATCTACCAACCCAGC.....CCTGGTCAGCTTCCTG-3'
	NDV(3)	5'-AAGCGACTAACCCAGC.....CCTGGTCATCTGCATG-3'
	Infl150	5'-AACCCACGAACCCAGC.....CCTGGTCACCTCCTTG-3'
プライマー	Infl-NDV_F-3	5'-AASCSACKAACCCAGC-3' 3'-GGACCAGTRGASGWAC-5'
	Infl-NDV_R-3	
鑄型	Infl50(4)	5'-GATCTACCAACCCAGC.....CCTGGTCAGCTTCCTA-3'
	NDV(4)	5'-TAGCGACTAACCCAGC.....CCTGGTCATCTGCATC-3'
	Infl150	5'-AACCCACGAACCCAGC.....CCTGGTCACCTCCTTG-3'
プライマー	Infl-NDV_F-4	5'-WASCSACKAACCCAGC-3' 3'-GGACCAGTRGASGWAS-5'
	Infl-NDV_R-4	
鑄型	Infl50(5)	5'-GATCTTCCAACCCAGC.....CCTGGTCAGCCTCCTA-3'
	NDV(5)	5'-TAGCGGCTAACCCAGC.....CCTGGTCATCGGCATC-3'
	Infl150	5'-AACCCACGAACCCAGC.....CCTGGTCACCTCCTTG-3'
プライマー	Infl-NDV_F-5	5'-WASCSRCKAACCCAGC-3' 3'-GGACCAGTRGMSGWAS-5'
	Infl-NDV_R-5	

表 16 TAP-PCR 用プライマー (degenerate region:8mer、TAP region:8~12mer)

Forward-Reverse	プライマー配列
Infl-NDV_8-F Infl-NDV_8-R	5-WASCSACKAACCCAGC-3' 5-SAWGSAGRTGACCAGG-3'
Infl-NDV_9-F Infl-NDV_9-R	5-WASCSACKAACCCAGCA-3' 5-SAWGSAGRTGACCAGGA-3'
Infl-NDV_10-F Infl-NDV_10-R	5-WASCSACKAACCCAGCAC-3' 5-SAWGSAGRTGACCAGGAT-3'
Infl-NDV_11-F Infl-NDV_11-R	5-WASCSACKAACCCAGCACT-3' 5-SAWGSAGRTGACCAGGATT-3'
Infl-NDV_12-F Infl-NDV_12-R	5-WASCSACKAACCCAGCACTT-3' 5-SAWGSAGRTGACCAGGATTT-3'

表 17 鋳型作成用プライマー (Total:25mer / TAP region:8、9mer)

鋳型	プライマー	プライマー配列	産物の名称
coreInfl50	Infl50_f25-8	5-CATGCCAGTATCCCACCAACCCAGC-3'	Infl50(25-8)
	Infl50_r25-8	5-CCTAGGATCCAGGAGCTGACCAGG-3'	
coreNDV100	NDV_f25-8	5-CATGCTAGTAGCCCACTAACCCAGC-3'	NDV(25-8)
	NDV_r25-8	5-CCTAGTATCCGAGGAGATGACCAGG-3'	
coreInfl150	Infl150_f25-8	5-CATGCGAGTAACCCACGAACCCAGC-3'	Infl150(25-8)
	Infl150_r25-8	5-CCTAGAATCCAAGGAGGTGACCAGG-3'	
coreInfl50	Infl50_f25-9	5-ATGCCAGTATCCCACCAACCCAGCA-3'	Infl50(25-9)
	Infl50_r25-9	5-CTAGGATCCAGGAGCTGACCAGGA-3'	
coreNDV100	NDV_f25-9	5-ATGCTAGTAGCCCACTAACCCAGCA-3'	NDV(25-9)
	NDV_r25-9	5-CTAGTATCCGAGGAGATGACCAGGA-3'	
coreInfl150	Infl150_f25-9	5-ATGCGAGTAACCCACGAACCCAGCA-3'	Infl150(25-9)
	Infl150_r25-9	5-CTAGAATCCAAGGAGGTGACCAGGA-3'	

表 18 TAP-PCR 用プライマー (Total: 25mer / TAP region: 8、9mer)

	名称	鋳型の両端の配列/プライマー配列
鋳型	Infl50(25-8)	5'-CATGCCAGTATCCCACCAACCCAGC..... .....CCTGGTCAGCTCCTGGGATCCTAGG-3'
	NDV(25-8)	5'-CATGCTAGTAGCCCACTAACCCAGC..... .....CCTGGTCATCTCCTCGGATACTAGG-3'
	Infl150(25-8)	5'-CATGCGAGTAACCCACGAACCCAGC..... .....CCTGGTCACCTCCTTGGATTCTAGG-3'
プライマー	Infl-NDV_F-25-8	5'-CATGCBAGTADCCCACBAACCCAGC-3'
	Infl-NDV_R-25-8	3'-GGACCAGTVGAGGAVCCTADGATCC-5'
鋳型	Infl50(25-9)	5'-ATGCCAGTATCCCACCAACCCAGCA..... .....TCCTGGTCAGCTCCTGGGATCCTAG-3'
	NDV(25-9)	5'-ATGCTAGTAGCCCACTAACCCAGCA..... .....TCCTGGTCATCTCCTCGGATACTAG-3'
	Infl150(25-9)	5'-ATGCGAGTAACCCACGAACCCAGCA..... .....TCCTGGTCACCTCCTTGGATTCTAG-3'
プライマー	Infl-NDV_F-25-9	5'-ATGCBAGTADCCCACBAACCCAGCA-3'
	Infl-NDV_R-25-9	3'-AGGACCAGTVGAGGAVCCTADGATC-5'

表 19 SARS コロナウイルスへの適用実験に用いたプライマー

レーン	プライマー(Forward/Reverse)		増幅産物 サイズ(bp)
	番号	配列	
1	160	5'-TCRAGAAATTCAACTCCTGGCAGCA-3'	150
	156	5'-AGGCTTTTTAGATGCCTCAGCAGCA-3'	
2	161	5'-AYAARGTGACWCTYGTGATGCTGG-3'	550
	157	5'-TRGCAGAAGCYCTGATTCAGCAGC-3'	
3	168	5'-GAACTTAGATTCCCTCGAGGCCAGG-3'	390
	169	5'-GAGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGG-3'	
4	168	5'-GAACTTAGATTCCCTCGAGGCCAGG-3'	390
	167	5'-GAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGAG-3'	
5	164	5'-AGAGCTACCCGACGAGTTGCTGGTG-3'	310
	167	5'-GAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGAG-3'	
6	162	5'-AGCTACCCGACGAGTTGCTGGTGGT-3'	310
	167	5'-GAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGAG-3'	
7	163	5'-TAGATTCCTCGAGGCCAGGGCGTT-3'	380
	167	5'-GAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGAG-3'	
8	166	5'-GACGAGTTCGTGGTGGTGACGGCAA-3'	230
	170	5'-GAGAAGAGGCTTGACTGCCGCCTCT-3'	
9	168	5'-GAACTTAGATTCCCTCGAGGCCAGG-3'	320
	170	5'-GAGAAGAGGCTTGACTGCCGCCTCT-3'	
10	166	5'-GACGAGTTCGTGGTGGTGACGGCAA-3'	300
	167	5'-GAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGAG-3'	
11	164	5'-AGAGCTACCCGACGAGTTGCTGGTG-3'	310
	169	5'-GAGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGG-3'	
12	162	5'-AGCTACCCGACGAGTTGCTGGTGGT-3'	310
	169	5'-GAGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGG-3'	
13	163	5'-TAGATTCCTCGAGGCCAGGGCGTT-3'	380
	169	5'-GAGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGG-3'	
14	166	5'-GACGAGTTCGTGGTGGTGACGGCAA-3'	300
	165	5'-AGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGA-3'	
15	168	5'-GAACTTAGATTCCCTCGAGGCCAGG-3'	390
	165	5'-AGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGA-3'	
16	164	5'-AGAGCTACCCGACGAGTTGCTGGTG-3'	310
	165	5'-AGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGA-3'	
17	162	5'-AGCTACCCGACGAGTTGCTGGTGGT-3'	310
	165	5'-AGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGA-3'	
18	163	5'-TAGATTCCTCGAGGCCAGGGCGTT-3'	380
	165	5'-AGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGGA-3'	
19	166	5'-GACGAGTTCGTGGTGGTGACGGCAA-3'	300
	169	5'-GAGAAATTTCCCCTACTGCTGCCAGG-3'	
20	164	5'-AGAGCTACCCGACGAGTTGCTGGTG-3'	240
	170	5'-GAGAAGAGGCTTGACTGCCGCCTCT-3'	
21	162	5'-AGCTACCCGACGAGTTGCTGGTGGT-3'	240
	170	5'-GAGAAGAGGCTTGACTGCCGCCTCT-3'	
22	166	5'-GACGAGTTCGTGGTGGTGACGGCAA-3'	450
	156	5'-AGGCTTTTTAGATGCCTCAGCAGCA-3'	
23	163	5'-TAGATTCCTCGAGGCCAGGGCGTT-3'	320
	170	5'-GAGAAGAGGCTTGACTGCCGCCTCT-3'	
24	189	5'-TGAGTTTGACCGTGATGCTGCCATG-3'	930
	191	5'-TCTGGTGTTACAGTRATTCCTGTC-3'	
25	192	5'-AATTATTRAAGTCAATAGCCGCCAC-3'	260
	192	5'-GGTTTMACATATAGTGAGCCGCCAC-3'	
26	192	5'-AATTATTRAAGTCAATAGCCGCCAC-3'	260

	193	5'-GGTTTMACATATAGTGAGCCGCCAC-3'	
27	196	5'-GCAGARGGRAGCAGAGGGCGGCAGTC-3'	210
	156	5'-AGGCTTTTTAGATGCCTCAGCAGCA-3'	
28	194	5'-CGCAGARGGRAGCAGAGGGCGGCAGT-3'	210
	156	5'-AGGCTTTTTAGATGCCTCAGCAGCA-3'	
29	188	5'-YAACACTGGGAGTWCTCGTGCCACA-3'	860
	195	5'-YTAGTCCTACCTCCCTTGCGGAGTC-3'	
30	190	5'-AYAACACTGGGAGTWCTCGTGCCAC-3'	860
	195	5'-YTAGTCCTACCTCCCTTGCGGAGTC-3'	
31	178	5'-AYACWACYAGCTATCGTGAAGCAGC-3'	730
	187	5'-CCTRTCACCATTRATAACAGCAGCA-3'	
32	198	5'-GAAGAGAGGTGTYTACTGCTGCCGT-3'	930
	197	5'-AAATGATCTRATAACACCAGCAGC-3'	
33	198	5'-GAAGAGAGGTGTYTACTGCTGCCGT-3'	490
	195	5'-YTAGTCCTACCTCCCTTGCGGAGTC-3'	

表 20 GenBank から入手した HEV ウイルス塩基配列の整列グループ化

整列 グル ープ 番号	塩基 配列 件数	標準 サイ ズ	GenBank 上の Annotation の例
29	942	453	Hepatitis E Virus partial mRNA for gp10 protein clone 1
36	345	412	Hepatitis E virus gene for capsid protein partial cds clone: HE06-1107F
43	171	305	Hepatitis E virus strain SPHUSCV20 structural protein gene partial cds
48	125	259	Hepatitis E virus isolate XJ3-2 methyl transferase gene partial cds
37	111	402	Swine hepatitis E virus non-structural protein gene partial cds
1	104	7293	Hepatitis E virus isolate SH-SW-zs1 complete genome
21	67	581	Hepatitis E virus nonstructural polyprotein gene partial cds
25	66	507	Hepatitis E virus isolate 535 nonfunctional polymerase mRNA partial sequence
39	55	327	Hepatitis E virus strain JKP4 mRNA for RNA dependent RNA polymerase gene
20	50	617	Hepatitis E virus structural protein 2 gene partial cds
32	50	439	Sequence 3 from Patent WO02053712
16	49	821	Hepatitis E virus gene for replicase partial cds strain: E000-NGS96R
30	40	453	Hepatitis E virus structural protein 2 (orf2) mRNA partial cds
14	39	899	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
42	37	307	Hepatitis E virus isolate CHN-E22 nonstructural polyprotein gene partial cds
33	32	424	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
35	30	414	Hepatitis E virus ORF1 gene for nonstructural polyprotein RNA-dependent RNA polymerase region partial cds isolate-JBOARe14-Ehi04r
53	30	222	Hepatitis E virus isolate farm 3G capsid protein gene partial cds
38	28	329	Avian hepatitis E virus isolate WI318B capsid protein gene partial cds
18	27	676	Hepatitis E virus nonstructural polyprotein gene partial cds
26	25	475	Hepatitis E virus ORF1 for nonstructural protein partial cds isolate: HE-JA21-ORF1-3
46	24	265	Hepatitis E virus ORF-1 ORF-3 and structural protein genes partial cds
40	21	313	Hepatitis E virus isolate DEL 15 nonfunctional polyprotein gene partial sequence
5	17	2570	Hepatitis E virus polyprotein (encoding NTP-binding protein and RNA-dependent RNA polymerase) mRNA 3 end
24	16	544	Hepatitis E virus ORF1 for nonstructural protein partial cds isolate: HEV-Kumamoto-ORF1-2
6	15	1983	Hepatitis E virus isolate G3-4531-Swine capsid protein gene complete cds
54	14	219	Avian hepatitis E virus isolate 52505-22 helicase gene partial cds
51	13	242	Swine hepatitis E virus strain HEV/SW/NL/2005-1063 nonstructural protein gene partial cds
10	12	1309	Hepatitis E virus structural protein gene partial cds
11	11	1186	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
12	10	1167	Swine hepatitis E virus isolate swCH22 ORF1 gene partial cds
13	10	901	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
34	10	423	Hepatitis E virus nucleotide binding protein gene partial cds
44	8	296	Hepatitis E virus structural protein 2 gene partial cds
50	7	250	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
19	6	659	Hepatitis E virus genes for ORF1 protein ORF2 protein ORF3 protein partial cds clone:HE-JI3B
23	6	545	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
49	6	251	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
17	5	734	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS

56	5	212	Hepatitis E virus strain UAB3 capsid protein gene partial cds
2	4	6654	Avian hepatitis E virus complete genome
28	4	460	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
55	4	218	Hepatitis E virus isolate DEL 36 polyprotein gene partial cds
58	4	204	Avian hepatitis E virus isolate Guelph02 capsid gene partial cds
4	3	3946	Sequence 1 from Patent WO02053712
8	3	1474	Hepatitis E virus nonstructural polyprotein gene partial cds
3	2	5083	Hepatitis E virus nonstructural polyprotein gene complete cds
15	2	846	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
27	2	464	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
31	2	451	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
41	2	307	Hepatitis E virus gene for ORF1 protein partial cds isolate:HRC-IM
45	2	276	Hepatitis E virus nonstructural polyprotein gene partial cds
52	2	235	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
57	2	210	Hepatitis E virus G-9 gene
7	1	1821	Sequence 7 from Patent WO02053712
9	1	1450	Sequence 5 from Patent WO02053712
22	1	564	Sequence 1 from Patent WO2004078977
47	1	264	Sequence 9 from Patent WO02053712

表 21 社会ネットワーク分析による HEV ゲノム塩基配列データのグループ化

グループ番号	整理番号	塩基配列長	GenBank データ上の Annotation
1	1	7186	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: HE-JI4
1	2	7262	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 4 isolate:HE-JF3
1	3	7154	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate:JYN-Nii02L
1	4	7256	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate:JYN-Sap01C
1	5	7251	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate:JSF-Tot03C
1	6	7251	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate:JSN-Sap-FH02C
1	7	7234	Hepatitis E virus genomic RNA nearly complete genome isolate:JSN-Sap-FH
1	8	7250	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate:HE-JK4
1	9	7258	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: HE-JA1
1	10	7258	Swine hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: swJ13-1
1	11	7258	Swine hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: swJ13-1
2	12	7176	Hepatitis E virus complete genome
2	13	7194	Hepatitis E virus empty capsid gene encoding the same method for preparing the recombinant vector comprising the gene and usage of the vector
2	14	7215	Hepatitis E virus from India complete genome
2	15	7193	Hepatitis E virus unknown genes
2	16	7170	Hepatitis E virus strain T3 from Chad polyprotein gene partial cds; and ORF3 and structural protein genes complete cds
2	17	7194	Hepatitis E virus genomic RNA
2	18	7212	Hepatitis E virus from Morocco complete genome
2	19	7206	Hepatitis E virus from North India complete genome
2	20	7204	Hepatitis E virus clone pSK-HEV-3 complete genome
2	21	7204	Hepatitis E virus clone pSK-HEV-2 complete genome
2	22	7194	Sequence 4 from Patent WO0157073

2	23	7099	Sequence 1 from Patent WO0157073
2	24	7143	Hepatitis E virus nonstructural polyprotein gene partial cds; structural protein gene complete cds; and unknown gene
2	25	7194	Hepatitis E virus from Hyderabad India complete genome
2	26	7207	Hepatitis E structural and nonstructural protein mRNA complete cds
2	27	7199	Hepatitis E virus strain TK15/92 complete genome
2	28	7202	Hepatitis E virus complete genome
2	29	7194	Hepatitis E virus complete genome sequence
2	30	7207	Hepatitis E virus complete genome
2	31	7194	Hepatitis E virus ORF1 ORF2 & ORF3
2	32	7200	Hepatitis E virus complete genome
2	33	7221	Hepatitis E virus ORFs 1-3
2	34	7138	Hepatitis E Virus complete cds
2	35	7176	Hepatitis E virus ORF1 ORF2 ORF3 complete cds; methyltransferase Y domain papain-like protease poly-proline hinge X domain helicase and RNA-directed RNA polymerase genes partial cds
3	36	7246	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 3 isolate: JE03-1760F
3	37	7237	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome clone: swMN06:A1288
3	38	7230	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: JRA1
3	39	7236	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: JMNG-Oki02C
3	40	7277	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
3	41	7277	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
3	42	7202	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
3	43	7202	METHODS AND COMPOSITIONS FOR DETECTING HEPATITIS E VIRUS
3	44	7231	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: HEVN1
3	45	7240	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: wBJYG1
3	46	7241	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: wBJTS1
3	47	7240	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: wBJSG1
3	48	7257	Hepatitis E virus clone pSHEV-3 complete genome
3	49	7257	Hepatitis E virus clone pSHEV-2 complete genome
3	50	7257	Hepatitis E virus clone pSHEV-1 complete genome
3	51	7180	Hepatitis E virus genes for nonstructural protein capsid protein hypothetical protein complete cds isolate: JYO-Hyo03L
3	52	7180	Hepatitis E virus genes for nonstructural protein capsid protein hypothetical protein complete cds isolate: JTH-Hyo03L
3	53	7180	Hepatitis E virus genes for nonstructural protein capsid protein hypothetical protein complete cds isolate: JSO-Hyo03L
3	54	7180	Hepatitis E virus genes for nonstructural protein capsid protein hypothetical protein complete cds isolate: JMO-Hyo03L
3	55	7230	Hepatitis E virus genomic RNA nearly complete genome isolate: JDEER-Hyo03L
3	56	7247	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: JBOAR1-Hyo04
3	57	7218	Hepatitis E virus genomic RNA nearly complete genome isolate: JJT-Kan
3	58	7262	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: HE-JA10
3	59	7255	Swine hepatitis E virus strain Arkell complete genome
3	60	7240	Hepatitis E virus genomic RNA nearly complete genome isolate: JMY-Haw
3	61	7256	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: JKN-Sap
3	62	7257	Swine hepatitis E virus genomic RNA complete genome
3	63	7277	Sequence 165 from Patent WO0146696
3	64	7202	Sequence 90 from Patent WO0146696
3	65	7277	Sequence 164 from Patent WO0146696

3	66	7202	Sequence 89 from Patent WO0146696
3	67	7202	Hepatitis E virus strain HEV-US1 polyprotein (ORF1) gene partial cds; and (ORF3) and capsid protein (ORF2) genes complete cds
3	68	7277	Hepatitis E virus strain HEV-US2 polyprotein (ORF1) (ORF3) and capsid protein (ORF2) genes complete cds
3	69	7207	Swine hepatitis E virus nonstructural polyprotein and putative capsid protein genes complete cds; and unknown gene
3	70	7255	Swine hepatitis E virus strain Arkell complete genome
3	71	7257	Swine hepatitis E virus genomic RNA complete genome
3	72	7207	Swine hepatitis E virus nonstructural polyprotein and putative capsid protein genes complete cds; and unknown gene
4	73	7235	Hepatitis E virus genomic RNA nearly complete genome isolate: JKK:Sap
4	74	7265	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 4 isolate:HE-JA41
4	75	7281	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 4 isolate:HE-JA37
4	76	7266	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 4 isolate:HE-JA36
4	77	7266	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 4 isolate:HE-JA28
4	78	7262	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 4 isolate:HE-JA19
4	79	7268	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 4 isolate:HE-JA2
4	80	7270	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 4 isolate:HE-JF5
4	81	7271	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome genotype 4 isolate:HE-JF4
4	82	7202	Hepatitis E virus ORF1 ORF2 ORF3 genes for ORF1 protein ORF2 protein ORF3 protein complete cds isolate:JYW-Sap02
4	83	7202	Hepatitis E virus ORF1 ORF2 ORF3 genes for ORF1 protein ORF2 protein ORF3 protein complete cds isolate:JTS-Sap02
4	84	7202	Hepatitis E virus ORF1 ORF2 ORF3 genes for ORF1 protein ORF2 protein ORF3 protein complete cds isolate:JSM-Sap95
4	85	7193	Hepatitis E virus genomic RNA nearly complete genome isolate:CCC220
4	86	7236	Hepatitis E virus genomic RNA nearly complete genome isolate:JAK:Sai
5	87	7281	Hepatitis E virus isolate swGX32 complete genome
5	88	7261	Hepatitis E virus isolate Ch-S-1 complete genome
5	89	7260	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate:JYI-ChiSai01C
5	90	7257	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate:JKO-ChiSai98C
6	91	7234	Swine hepatitis E virus isolate swDQ complete genome
6	92	7253	Hepatitis E virus genomic RNA nearly complete genome isolate:HEVN2
6	93	7234	Swine hepatitis E virus isolate swDQ complete genome
7	94	7270	Swine hepatitis E virus strain swCH25 complete genome
7	95	7232	Hepatitis E virus (genotype 4) complete genome sequence
7	96	7270	Swine hepatitis E virus strain swCH25 complete genome
8	97	7239	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome clone: swMN06-C1056
8	98	7241	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: swJ12-4
8	99	7241	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: swJ8-5
8	100	7280	Hepatitis E virus genomic RNA complete genome isolate: HE-JA04-1911
8	101	7239	Hepatitis E virus strain Osh 205 complete genome
9	102	7293	Hepatitis E virus isolate SH-SW-zs1 complete genome
9	103	7248	Hepatitis E virus isolate swCH31 complete genome
9	104	7262	Hepatitis E virus isolate IND-SW-00-01 complete genome

表 22 HEV ゲノム塩基配列の SNS グループ間を網羅する degenerate プライマー

PCR 産物のゲノム上の位置	Forward Primer 名	塩基配列	Reverse Primer 名	塩基配列	Size of Products
5365 - 5503	hev57	CTATATTCATCCAACCAACCC	hev565	GCNGTYARCGGCGMRGCCCA	130
5315 - 5503	hev250	GGCRGTGGTTTCTGGGGTGAC	hev565	GCNGTYARCGGCGMRGCCCA	180
5287 - 5502	hev54	CGYCGYGGGCGRCGAGCGGC	hev565	GCNGTYARCGGCGMRGCCCA	210
5216 - 5432	hev12	YCGYCGYGGGCGRCGAGCGG	hev565	GCNGTYARCGGCGMRGCCCA	210
6429 - 7103	hev42	CHGTHGAGAAYGCHCAGCAGG	hev90	YTTAAGRCGYTG HARCTCAGC	670
6428 - 7103	hev3	TCHGTHGAGAAYGCHCAGCAG	hev90	YTTAAGRCGYTG HARCTCAGC	670
6758 - 7103	hev3	CCNCTHWYBACYAYCAGCAG	hev90	YTTAAGRCGYTG HARCTCAGC	340
5365 - 5503	hev57	CTATATTCATCCAACCAACCC	hev565	GCNGTYARCGGCGMRGCCCA	130

表 23 LCMV 塩基配列データの整列比較に基づくグループ分け

整列グループ番号	塩基配列件数	標準サイズ	GenBank 上の Annotation の例
25	97	283	Lymphocytic choriomeningitis virus isolate BU11 nonfunctional GPC gene partial sequence
10	34	932	Lymphocytic choriomeningitis virus partial mRNA for Glycoprotein 1 clone Ctrl-29.10
21	13	400	Lymphocytic choriomeningitis virus isolate Hs#1 nucleocapsid protein (NP) gene partial cds
4	12	3370	Lymphocytic choriomeningitis virus genomic RNA segment S nearly complete sequence including cds strain: M1
20	12	423	Lymphocytic choriomeningitis virus GP1 gene partial clone AEv 35.22
1	8	6953	Lymphocytic choriomeningitis virus isolate Marseille #12 segment L complete sequence
8	7	1544	Lymphocytic choriomeningitis virus isolate CHV2 envelope glycoprotein C (GP-C) mRNA complete cds
15	6	611	Lymphocytic choriomeningitis virus strain 200504261 segment S nucleoprotein (NP) gene partial cds
17	4	560	Lymphocytic choriomeningitis virus GP1 gene partial clone AEv (ic) 5
27	4	210	Lymphocytic choriomeningitis virus polymerase gene partial cds
22	3	357	Lymphocytic choriomeningitis virus GP1 gene partial clone AEv 30
26	3	228	Lymphocytic choriomeningitis virus strain 200504261 segment L polymerase gene partial cds
5	2	2838	Lymphocytic choriomeningitis virus segment RNA S complete sequence
19	2	498	Lymphocytic choriomeningitis virus envelope glycoprotein precursor (Gp-C) mRNA partial cds
2	1	3434	Synthetic construct isolate rLCMV/NJG segment RNA S complete sequence
3	1	3416	Synthetic construct isolate rLCMV/INDG segment RNA S complete sequence
6	1	2040	Lymphocytic choriomeningitis virus S protein RNA complete cds
7	1	1722	Lymphocytic choriomeningitis virus gene for nucleoprotein
9	1	1123	Lymphocytic choriomeningitis virus L protein RNA 5 end
11	1	850	Lymphocytic choriomeningitis virus zinc finger protein gene complete cds and L protein gene 3 end
12	1	786	Lymphocytic choriomeningitis virus L protein RNA partial cds clone L123
13	1	697	Lymphocytic choriomeningitis virus L protein RNA partial cds clone L122
14	1	668	Lymphocytic choriomeningitis virus GP1 gene partial clone AEv 31
16	1	589	Lymphocytic choriomeningitis virus L protein RNA partial cds clone L39
18	1	506	Lymphocytic choriomeningitis virus strain CH-5692 polymerase (L) gene partial cds
23	1	348	Lymphocytic choriomeningitis virus z gene partial strain MX
24	1	309	Lymphocytic choriomeningitis virus polymerase gene partial cds
28	1	208	Lymphocytic choriomeningitis virus segment L intergenic region

表 24 LCMV GP 遺伝子の SNS グループ用グループ内共通プライマー

SNS グループ	Degeneracy	Fプライマーの位置	Fプライマーの配列	Rプライマーの位置	Rプライマーの配列	増幅産物
1	8	47	ATGAGRAGTGGYTGGGGCTGG	311	AGGTGGWGAGTCAGGGAGGCG	880
1	8	251	TGAGRAGTGGYTGGGGCTGGA	311	AGGTGGWGAGTCAGGGAGGCG	880
1	8	251	TGAGRAGTGGYTGGGGCTGGA	247	GGTGGWGAGTCAGGGAGGCGC	870
1	8	275	CATGAGRAGTGGYTGGGGCTG	237	GTGGWGAGTCAGGGAGGCGCT	880
1	8	23	GAGRAGTGGYTGGGGCTGGAC	35	GAGGTGGWGAGTCAGGGAGGC	880
1	8	275	CATGAGRAGTGGYTGGGGCTG	35	GAGGTGGWGAGTCAGGGAGGC	880
1	8	47	ATGAGRAGTGGYTGGGGCTGG	237	GTGGWGAGTCAGGGAGGCGCT	870
1	8	23	GAGRAGTGGYTGGGGCTGGAC	247	GGTGGWGAGTCAGGGAGGCGC	870
1	8	23	GAGRAGTGGYTGGGGCTGGAC	237	GTGGWGAGTCAGGGAGGCGCT	870
1	8	47	ATGAGRAGTGGYTGGGGCTGG	247	GGTGGWGAGTCAGGGAGGCGC	880
1	8	275	CATGAGRAGTGGYTGGGGCTG	311	AGGTGGWGAGTCAGGGAGGCG	880
1	8	251	TGAGRAGTGGYTGGGGCTGGA	35	GAGGTGGWGAGTCAGGGAGGC	880
1	8	275	CATGAGRAGTGGYTGGGGCTG	247	GGTGGWGAGTCAGGGAGGCGC	880
1	8	23	GAGRAGTGGYTGGGGCTGGAC	311	AGGTGGWGAGTCAGGGAGGCG	870
1	8	251	TGAGRAGTGGYTGGGGCTGGA	237	GTGGWGAGTCAGGGAGGCGCT	870
1	8	47	ATGAGRAGTGGYTGGGGCTGG	35	GAGGTGGWGAGTCAGGGAGGC	880
1	16	275	CATGAGRAGTGGYTGGGGCTG	77	YGAGGTGGWGAGTCAGGGAGG	880
1	16	23	GAGRAGTGGYTGGGGCTGGAC	77	YGAGGTGGWGAGTCAGGGAGG	880
1	16	251	TGAGRAGTGGYTGGGGCTGGA	77	YGAGGTGGWGAGTCAGGGAGG	880
1	16	47	ATGAGRAGTGGYTGGGGCTGG	77	YGAGGTGGWGAGTCAGGGAGG	880
1	32	35	GAGGTGGWGAGTCAGGGAGGC	91	GTGCYCTYCCRCARGGGATGG	340
1	32	77	AGAGGTGGWGAGTCAGGGAGG	91	GTGCYCTYCCRCARGGGATGG	340
1	32	23	GAGRAGTGGYTGGGGCTGGAC	30	YYGAGGTGGWGAGTCAGGGAG	880
1	32	251	TGAGRAGTGGYTGGGGCTGGA	27	TTYGAGGTGGWGAGTCAGGG	880
1	32	107	GGTGGWGAGTCAGGGAGGCC	91	GTGCYCTYCCRCARGGGATGG	340
1	32	47	ATGAGRAGTGGYTGGGGCTGG	27	TTYGAGGTGGWGAGTCAGGG	880
1	32	30	AGAGGTGGWGAGTCAGGGAG	91	GTGCYCTYCCRCARGGGATGG	340
1	32	251	TGAGRAGTGGYTGGGGCTGGA	30	YYGAGGTGGWGAGTCAGGGAG	880
1	32	47	ATGAGRAGTGGYTGGGGCTGG	30	YYGAGGTGGWGAGTCAGGGAG	880
1	32	23	GAGRAGTGGYTGGGGCTGGAC	27	TTYGAGGTGGWGAGTCAGGG	880
1	32	275	CATGAGRAGTGGYTGGGGCTG	27	TTYGAGGTGGWGAGTCAGGG	880
1	32	275	CATGAGRAGTGGYTGGGGCTG	30	YYGAGGTGGWGAGTCAGGGAG	880
1	72	64	GTGTHCCBAARTGYTGCTTG	247	GGTGGWGAGTCAGGGAGGCGC	330
1	72	64	GTGTHCCBAARTGYTGCTTG	237	GTGGWGAGTCAGGGAGGCGCT	320
1	72	64	GTGTHCCBAARTGYTGCTTG	311	AGGTGGWGAGTCAGGGAGGCG	330
1	72	64	GTGTHCCBAARTGYTGCTTG	35	GAGGTGGWGAGTCAGGGAGGC	330
1	96	30	AAGAGGTGGWGAGTCAGGGAG	168	AYGARGAYAARGTDTGGGACA	210
1	96	35	GAGGTGGWGAGTCAGGGAGGC	168	AYGARGAYAARGTDTGGGACA	210
1	96	251	TGAGRAGTGGYTGGGGCTGGA	460	GGAGGCGCTRYTSHTCAGCGT	860
1	96	23	GAGRAGTGGYTGGGGCTGGAC	450	GAGGCGCTRYTSHTCAGCGTC	860
1	96	47	ATGAGRAGTGGYTGGGGCTGG	460	GGAGGCGCTRYTSHTCAGCGT	860
1	96	251	TGAGRAGTGGYTGGGGCTGGA	450	GAGGCGCTRYTSHTCAGCGTC	860
1	96	84	MARRTGGATGATYHTTGCTGC	311	AGGTGGWGAGTCAGGGAGGCG	630
1	96	275	CATGAGRAGTGGYTGGGGCTG	450	GAGGCGCTRYTSHTCAGCGTC	860
1	96	275	CATGAGRAGTGGYTGGGGCTG	460	GGAGGCGCTRYTSHTCAGCGT	860