

表1 16S rRNA およびシトクローム *b* 領域の PCR 増幅に用いたプライマーセット

領域	プライマー配列	アニーリング温度 ()	増幅サイズ (bp)
16S rRNA	16SAR-L 5' -CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3'	53	620
	16SBR-H 5' -CCGGTCTGAACTCAGATCACGT -3'		
シトクローム <i>b</i>	L14317Glu 5' -CAGGATTTTAACCAGGACTAATGGCTTGAA-3'	53	390
	H15149 5' -CCCTCAGAATGATATTTGTCCTCA-3'		

表2 形態学的方法と遺伝子鑑別法による交雑フグ種の同定

形態学的方法	遺伝子鑑別法 (母方の遺伝情報)	例数
トラフグ×クサフグ	トラフグ	1
トラフグ×マフグ	マフグ	2
トラフグ×シマフグ	シマフグ	1
ショウサイフグ×コモンフグ	ショウサイフグ、ゴマフグ*1	3
コモンフグ×ムシフグ	シマフグ*1	1
ショウサイフグ×ゴマフグ	ゴマフグ	1
ショウサイフグ×マフグ	ショウサイフグ	1
合計		10

*1 形態学的方法による鑑別結果と遺伝子鑑別法 (母方の遺伝情報) が一致しない事例

表3 サバフグ属種間におけるミトコンドリア DNA 塩基配列の塩基組成

種	T %	C %	A %	G %
カイユウセンニンフグ <i>L. suezensis</i>	24.82	30.30	27.82	17.05
センニンフグ <i>L. sceleratus</i> (トルコ産)	23.84	31.43	27.52	17.19
センニンフグ <i>L. sceleratus</i> (日本産)	23.84	31.42	27.58	17.14
クマサカフグ <i>L. lagocephalus</i>	25.08	30.82	27.95	16.13
シロサバフグ <i>L. wheeleri</i>	24.85	31.05	27.58	16.50
シロカナフグ <i>L. laevigatus</i>	26.71	29.05	28.10	16.12
ドクサバフグ <i>L. Lunaris</i>	24.47	30.77	28.12	16.61

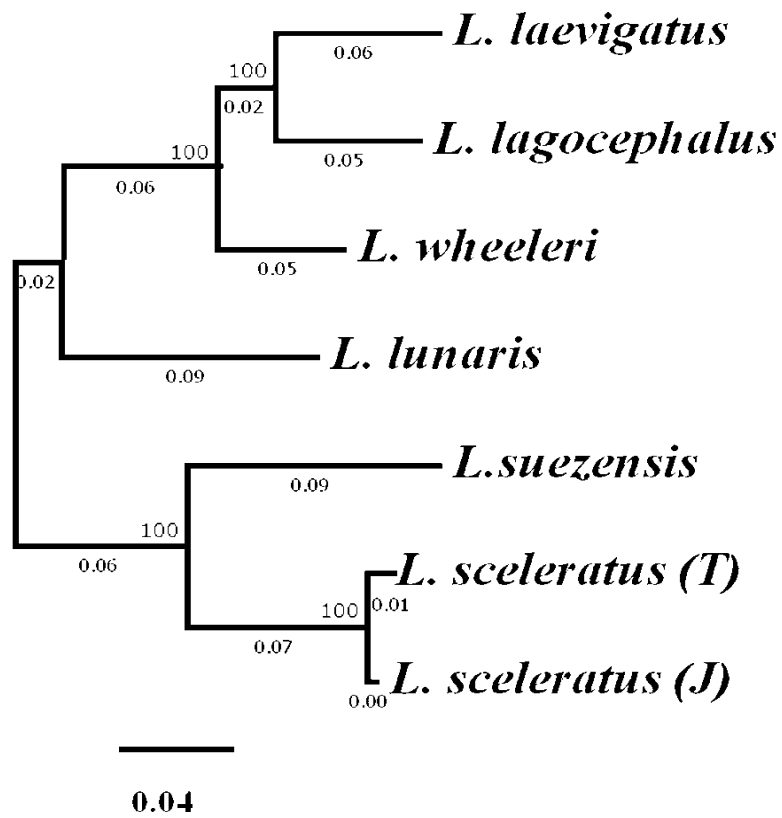


図1 近隣結合法を用いたサバフグ属ミトコンドリア DNA の分子生物学的系統樹