

# 遺伝子配列解析（種同定）報告書

xxxx 年 xx 月 xx 日

XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX  
XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 様

下記のとおり、ご依頼いただきました分析が完了しておりますことをご報告致します。

- 受入れサンプル
  - 種不明の生体（幼虫）、1 検体（サンプル名：xxxxx）。
- 解析遺伝子領域
  - ミトコンドリア *cox1* 遺伝子領域。
- 解析結果
  - xxxxxxx に含まれる DNA は *Phycitodes maritima*（該当和名なし、メイガ科マダラメイガ亜科の一種）由来の配列と最も強い相同性があることが確認された。
  - 概要は下表のとおり（詳細は別添参照）。

サンプル名	推定同定種のランキング	最大一致スコア <sup>1</sup>	最大カバー率(%) <sup>2</sup>	最大一致率(%) <sup>3</sup>
xxxxxxx	1. <i>Phycitodes maritima</i>	1079	100.00	97.62
	2. <i>Phycitodes saxicola</i>	891	100.00	92.21
	3. <i>Phycitodes sp.</i>	874	100.00	91.73
	4. <i>Phycitodes reliquellus</i>	869	100.00	91.57
	5. <i>Lepidoptera sp.</i>	857	100.00	91.26

## 解析元

株式会社テクノ中部（中部電力グループ）  
〒455-8512 名古屋市港区大江町 3-12  
電話 052-614-7164

<sup>1</sup> DNA 配列（塩基）の一致/不一致に数値による重み付けを行い、それを積算した値。一致する残基が多いとスコアも高くなる。なお、種同定ランキングはこの値に基づく。

<sup>2</sup> 取得配列に対し、データベースから検索された配列が相同性を確保できる領域の割合。値が大きいほどカバーしている領域が広い。

<sup>3</sup> 上記の領域内で、配列が一致している塩基の割合。値が大きいほど相同性が高い。

#### 特記事項

- ・ PCR による DNA 断片の品質が高く、高精度の配列情報が得られた。
- ・ データベース上で「*Phycitodes maritima*」のハプロタイプに相当する登録データは 8 件で、解析配列との一致率は 97.62% ~ 96.82%であった。(xxxx 年 xx 月 xx 日現在)。
- ・ 本分析は、供試された個体が「*Phycitodes maritima*」であることを断定するものではない。ただし、本種がメイガ科(*Pyralidae*) マダラメイガ亜科(*Phycitinae*) の一種であることは濃厚と推測される。
- ・ 国立科学博物館ウェブサイトより「鱗翅類日本固有種目録(2018 年 3 月版).」の閲覧が可能 (下記サイト)。

[https://www.kahaku.go.jp/research/activities/project/hotspot\\_japan/endemic\\_list/](https://www.kahaku.go.jp/research/activities/project/hotspot_japan/endemic_list/)

