

平成 27 年度ナショナルバイオリソースプロジェクト 成果報告書（公開）

補助事業 代表機関管理者 (所属機関・氏名)	国立大学法人千葉大学 真菌医学研究センター 准教授 矢口 貴志
補助事業課題名	「Aspergillus fumigatus 関連種におけるゲノム情報整備」

1. 補助事業の目的

医療の高度化、高齢化などにより真菌症が増加傾向であるが、その主要な原因菌は *Aspergillus fumigatus* である。本種と類似する関連種 *A. lentulus*、*A. udagawae*、*A. viridinutans* が、アゾール系薬剤に対する感受性が異なることから、医療上の重要性は高まっている。本課題では、*A. fumigatus* の関連 3 種の全ゲノム配列を解析し、得られたデータを世界に向けて発信する。

2. 補助事業の概要

A. fumigatus の関連 3 種、28 株（臨床株と環境株、薬剤感受性株と耐性株を選択）の全ゲノム配列を解析し、データベース上で公開することを目標とする。このうち、*A. lentulus*、*A. udagawae* の基準株においては、ドラフトゲノム解析を公表する。

A. fumigatus のアゾール耐性株における既存のゲノムデータを活用し、関連種において、今回得られたゲノム情報を比較することにより、*Aspergillus* 菌種における薬剤耐性の機能解明に繋げることが可能である。

3. 補助事業の成果（平成 27 年度）

（1）配列データの取得

関連 3 種 *A. lentulus*、*A. udagawae*、*A. viridinutans* において、当センターの保存株から臨床株と環境株、薬剤感受性株と耐性株を指標として 28 株選択し、DNA の抽出、ライブラリーの作成、MiSeq による配列データの取得を行った。

（2）スキャフォールドの構築

計算機による de novo アセンブルを行い、全ゲノム配列の解析を実施した。

(3) 完全長ゲノム配列の決定

A. lentulus の基準株および *A. viridinutans* 関連種 4 株においては、PacBio（タカラバイオ社）を依頼し、迅速にドラフトゲノム解析を行った。*A. lentulus*、*A. udagawae* の基準株のドラフトゲノムの公表は世界で初めてである。

(4) データの公開

得られたデータは、当センターの菌株データベースで公開した。菌株データベースを改良し、ゲノム情報の取得と相同性検索が可能となった。

今回得られた *A. fumigatus* 関連 3 種、28 株の全ゲノム配列および *A. lentulus*、*A. udagawae* の基準株のドラフトゲノム情報は、*Aspergillus* 菌種における薬剤耐性の機能解明研究のための基礎データとなり、世界でここにしかない情報の付加したリソースは、この分野の研究を推進する原動力となる。

Kusuya Y, Sakai K, Kamei K, Takahashi H, Yaguchi T. Draft genome sequence of the pathogenic filamentous fungus *Aspergillus lentulus* IFM 54703^T. *Genome Announc* 4(1). e01568-15, 2016. doi: 10.1128/genomeA.01568-15.