

Focus	Maintenance of whole genome sequences on related species of <i>Aspergillus fumigatus</i>
PI	Takashi Yaguchi Chiba University
Period	FY2015
Overview	<p>Fungal infections to immunocompromised patients tend to be increased with aging and medical development in recent years, especially aspergillosis is the most important. <i>Aspergillus fumigatus</i> is the major etiologic agent of aspergillosis. Its related species, <i>A. lentulus</i>, <i>A. viridinutans</i> and <i>A. udagawae</i> have been also reported as causative agents of aspergillosis, and the numbers of cases are increasing. Their susceptibilities against antifungal drugs, especially azoles, are different from that of <i>A. fumigatus</i>. Therefore we are developing collections of these relative species and their data of susceptibilities against azoles.</p> <p>In this project, we will analyze whole genome sequences on related species of <i>A. fumigatus</i>. Those data may be of help for elucidating the mechanisms resistant to antifungal agents, developing appropriate therapy in aspergillosis, and addressing the genetic diversity of species.</p> <div data-bbox="523 689 1187 1480" data-label="Image"> </div> <p>A, B. <i>Aspergillus fumigatus</i>. C, D. <i>A. lentulus</i>.</p>
Progress	<p>(written in Japanese)</p> <ol style="list-style-type: none"> (1) 配列データの取得関連 3 種 <i>A. lentulus</i>, <i>A. udagawae</i>, <i>A. viridinutans</i> 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 <i>de novo</i> 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 <i>A. lentulus</i> の基準株および <i>A. viridinutans</i> 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。<i>A. lentulus</i>, <i>A. udagawae</i> 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 <i>A. fumigatus</i> 関連 3 種、28 株の全ゲノム配列および <i>A. lentulus</i>, <i>A. udagawae</i> の基準株のドラフトゲノム情報は、<i>Aspergillus</i> 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。

【成果論文】

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

NCBI accession numbers [BCLY01000001](#) to [BCLY01000019](#)