

課題名	Aspergillus fumigatus 関連種におけるゲノム情報整備
課題管理者	矢口 貴志 千葉大学
実施期間	2015 年度
概要・実施体制	<p>近年、高齢化、医療の発展に伴い、免疫不全患者に対する真菌による感染症は増加傾向にあり、中でもアスペルギルス症は罹患率の高さや治療の困難さなどにより特に問題視されている。原因菌の約 70%は <i>Aspergillus fumigatus</i> であるが、薬剤耐性菌の出現が大きな問題となっている。一方で、分類学的研究が進展し、<i>A. fumigatus</i> とは形態的には類似するが、分子系統的に識別可能な関連種 <i>A. lentulus</i>、<i>A. udagawae</i>、<i>A. viridinutans</i> が、アスペルギルス症の原因菌となることが明らかになった。これらの関連種は、アスペルギルス症の第一選択薬であるアゾール系薬剤に対する感受性が <i>A. fumigatus</i> とは異なることから、<i>A. fumigatus</i> 関連種を精力的に収集し、正確な同定ならびに薬剤感受性など基礎的データを集約してきた。</p> <p>本課題では、<i>A. fumigatus</i> の関連の全ゲノム配列を解析する。また、<i>A. fumigatus</i> 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、薬剤耐性の機能解明に繋げる。さらに、得られたデータを世界に向けて発信することにより、アスペルギルス症の制圧に向けた重要な基盤情報となる。</p> <div data-bbox="555 667 1230 1469" data-label="Image"> </div> <p>A, B. <i>Aspergillus fumigatus</i>. C, D. <i>A. lentulus</i>.</p>
成果	<p>(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。</p> <p>(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。</p> <p>(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。</p> <p>(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</p>

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](#)