

**3S-Ca01 The *Aspergillus* Genome Database: Integrating a Wealth of *Aspergillus* Omics Data**

○Jennifer Wortman<sup>1</sup>, Gustavo Cerqueira<sup>1</sup>, Martha Arnaud<sup>2</sup>, Diane Inglis<sup>2</sup>, Marek Skrzypek<sup>2</sup>, Jonathan Binkley<sup>2</sup>, Prachi Shah<sup>2</sup>, Farrell Wymore<sup>2</sup>, Gavin Sherlock<sup>2</sup>  
 (<sup>1</sup>Broad Institute, USA, <sup>2</sup>Dept. Genet., Stanford Univ. Med. Sch., USA)  
 jwortman@broadinstitute.org

The *Aspergillus* Genome Database (AspGD; <http://www.aspgd.org>) is a freely available, web-based resource for researchers studying fungi of the genus *Aspergillus*, which includes organisms of clinical, agricultural and industrial importance. AspGD facilitates comparative genomics by providing streamlined, ortholog-based navigation of the genomic and functional annotation for multiple species of *Aspergillus* concurrently. We have completed manual curation of the published literature about multiple *Aspergillus* species, including *A. nidulans* and *A. oryzae*, and have a total of 18 species integrated into our comparative database. As transcriptome data for the species and strains with genomic sequences stored in AspGD become available, we are mapping and incorporating these data into the structural annotation of those genomes. This effort will progressively refine the current gene models and their products, further facilitating comparative analyses and molecular or biochemical experiments that depend on this information. Areas of future expansion include incorporation and curation of additional species, as well as continued improvements to the reference genome sequences and gene sets based on high throughput omics data and display of additional regulatory elements and gene products, including alternate splice forms. We also plan to develop and incorporate improved tools for query, display and analysis of data, especially large-scale and comparative data such as gene synteny and the evolution of genes and gene substructure (e.g., intron gain and loss). As part of our community-oriented mission, we also provide resources to foster interaction and dissemination of community information, tools, and data, including collecting, archiving, and providing large-scale datasets for download. We welcome and encourage feedback at [aspergilluscurator@lists.stanford.edu](mailto:aspergilluscurator@lists.stanford.edu).

**The *Aspergillus* Genome Database: Integrating a Wealth of *Aspergillus* Omics Data**

○Jennifer Wortman<sup>1</sup>, Gustavo Cerqueira<sup>1</sup>, Martha Arnaud<sup>2</sup>, Diane Inglis<sup>2</sup>, Marek Skrzypek<sup>2</sup>, Jonathan Binkley<sup>2</sup>, Prachi Shah<sup>2</sup>, Farrell Wymore<sup>2</sup>, Gavin Sherlock<sup>2</sup>  
 (<sup>1</sup>Broad Institute, USA, <sup>2</sup>Dept. Genet., Stanford Univ. Med. Sch., USA)

**Key words** *Aspergillus*, genome, transcriptome

**3S-Ca02 日本型セルロース高分解微生物トリコデルマ・リーゼの Dry ラボを基にした Wet ラボ**

○小笠原 渉  
 (長岡技術科大)  
 owataru@vos.nagaokaut.ac.jp

非可食バイオマスを原料とするバイオリファイナリーが世界的に注目されている。バイオリファイナリーの主な原料である糖生産は、極めて重要なプロセスである。現在、世界規模でセルロース分解微生物の探索がなされているが、トリコデルマ・リーゼの能力を超える微生物は発見されていない。

我々は、約30年前から続くトリコデルマ・リーゼ日本型系統樹進化株を保有しており、日本型系統樹進化の謎解明に挑んできた。トリコデルマ・リーゼは、親株 QM6a から世界中の系統樹へと分岐し、各国独自の選抜法によって開発がなされている。すなわち、世界中のトリコデルマ・リーゼ株は、すべて親株は QM6a であり、このような系統樹は微生物開発において、極めて珍しい。これまでに QM9414 を含む9株のゲノム解読を行い、一塩基多型 (SNP) に伴う変異を同定した。Dry ラボは、九州大学の久原哲教授のグループが担当し、QM6a から最終株 CDU-11 までに数千ヶ所以上の SNP を見出した。Dry ラボの情報から、実際に表現型に影響を与える因子であるかどうかについては親株への変異導入あるいは変異株における変異復帰による解析 (Wet ラボ) が必要となる。通常、糸状菌のターゲットニングには2~3ヶ月を要するため、日本型系統樹進化の謎を効率的に解明するために Wet ラボでのターゲット遺伝子を慎重に絞り込む必要がある。ターゲット絞り込みに関しては、これまでに蓄積した日本型系統樹の表現型の特徴をデータベース化し、「どの株間で、ある表現型が大きく変化したのか？」を明確にした。この表現型ライブラリーと Dry ラボによる高精度な比較ゲノム解析とアノテーション結果を総合的に評価し、ターゲットを絞り込むスキームを構築した。本発表では、トリコデルマ・リーゼ日本型系統樹進化がどのようにしてもたらされたのかについての研究を紹介する。

また、我々はトリコデルマ・リーゼをセルロース分解におけるモデル微生物として研究している。「どのようにセルロースを認識しているのか?」、「強力なタンパク質生産能力はどのようなメカニズムなのか?」を中心テーマとし、ゲノム情報、形態、転写調節メカニズム、セルロース認識、タンパク質生産の解析を中心に研究を進めている。本シンポジウムでは、トリコデルマ・リーゼを研究の対象とした、「最新の Dry ラボ」と「長年の表現型ライブラリーを有する Wet ラボ」の新たな連携スキームによる糸状菌研究トピックスと苦労話について紹介する。

**Wet Lab Based on Dry Lab of a *Trichoderma reesei* Hyper-Cellulolytic Mutant Developed in Japan**

○Wataru Ogasawara  
 (Nagaoka Univ. Technol.)

**Key words** *Trichoderma reesei*, comparative genomic analysis