世界知的所有権機関
国際事務局

PCT

特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(51) 国際特許分類6
C12N 15/31, C12Q 1/68 // (C12N 15/31, C12R 1:68)
(C12N 15/31, C12R 1:67) (C12N 15/31, C12R 1:685)
(C12N 15/31, C12R 1:66) (C12N 15/31, C12R 1:72)
(C12N 15/31, C12R 1:645) (C12N 15/31, C12R 1:785)

A1

(11) 国際公開番号 **WO98/10073**

(43) 国際公開日 1998年3月12日(12.03.98)

(21) 国際出願番号 PCT/JP97/03164

(22) 国際出願日 1997年9月9日(09.09.97)

(30) 優先権データ
特願平8/260310 1996年9月9日(09.09.96) JP

(71) 出願人（米国を除くすべての指定国について）
エスエス製薬株式会社
(SS PHARMACEUTICAL CO., LTD.)[JP/JP]
〒103 東京都中央区日本橋浜町2丁目12番4号 Tokyo, (JP)
(72) 発明者；および
(75) 発明者／出願人（米国についてのみ）
横山耕治(YOKOYAMA, Koji)[JP/JP]
〒262 千葉県千葉市花見川区朝日が丘町3261
にれのき台2-10-201 Chiba, (JP)
王 麗(WANG, Li)[CN/JP]
〒260 千葉県千葉市中央区亥鼻3-3-22 Chiba, (JP)
(74) 代理人
弁理士 谷川英次郎(TANIGAWA, Hidejiro)
〒102 東京都千代田区飯田橋4丁目5番12号 岩田ビル6階
谷川国際特許事務所 Tokyo, (JP)

(81) 指定国 CA, CN, JP, KR, US, 欧州特許 (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

添付公開書類
国際調査報告書
補正書

(54)Title: **MATERIAL AND METHOD FOR DETECTING FUNGI**

(54)発明の名称 真菌類の検出用材料及び検出法

(57) **Abstract**

A nucleic acid for use in detecting fungi, which has the sequence represented by SEQ ID NOS:3 and 57 to 75 in the Sequence Listing. The acid is usable as a probe or a primer for gene amplification. When used as the primer, the acid permits fungi of the genus *Aspergillus* to be detected and identified by appropriately selecting the primer, because the sizes of the nucleic acid fragments to be amplified vary according to the species of the fungi.

（５７）要約

配列表の配列番号３、５７～７５に示す配列を有する真菌検出用核酸が開示されている。真菌検出用核酸はプローブ又は遺伝子増幅法用のプライマーとして用いることができる。プライマーとして用いた場合、プライマーを適切に選択することにより、アスパラギルス属真菌の種によって増幅される核酸断片のサイズが異なるので、アスパラギルス属真菌の検出及び同定を行うことができる。

ＰＣＴに基づいて公開される国際出願のパンフレット第一頁に記載されたＰＣＴ加盟国を同定するために使用されるコード（参考情報）

AL アルバニア
AM アルメニア
AT オーストリア
AU オーストラリア
AZ アゼルバイジャン
BA ボズニア・エルツェゴビナ
BB バルバドス
BE ベルギー
BF ブルギナ・ファソ
BG ブルガリア
BJ ベナン
BR ブラジル
BY ベラルーシ
CA カナダ
CF 中央アフリカ共和国
CG コンゴー
CH スイス
CI コート・ジボアール
CM カメルーン
CN 中国
CU キューバ
CZ チェッコ共和国
DE ドイツ
DK デンマーク
EE エストニア
ES スペイン
FI フィンランド
FR フランス
GA ガボン
GB 英国
GE グルジア
GH ガーナ
GM ガンビア
GN ギニア
GW ギニアビサウ
GR ギリシャ
HU ハンガリー
ID インドネシア
IE アイルランド
IL イスラエル
IS アイスランド
IT イタリア
JP 日本
KE ケニア
KG キルギスタン
KP 朝鮮民主主義人民共和国
KR 大韓民国
KZ カザフスタン
LC セントルシア
LI リヒテンシュタイン
LK スリランカ
LR リベリア
LS レソト
LT リトアニア
LU ルクセンブルグ
LV ラトヴィア
MC モナコ
MD モルドヴァ共和国
MG マダガスカル
MK マケドニア旧ユーゴスラヴィア共和国
ML マリ
MN モンゴル
MR モーリタニア
MW マラウイ
MX メキシコ
NE ニジェール
NL オランダ
NO ノルウェー
NZ ニュージーランド
PL ポーランド
PT ポルトガル
RO ルーマニア
RU ロシア連邦
SD スーダン
SE スウェーデン
SG シンガポール
SI スロヴェニア
SK スロヴァキア共和国
SL シエラレオネ
SN セネガル
SZ スワジランド
TD チャード
TG トーゴ
TJ タジキスタン
TM トルクメニスタン
TR トルコ
TT トリニダード・トバゴ
UA ウクライナ
UG ウガンダ
US 米国
UZ ウズベキスタン
VN ヴィェトナム
YU ユーゴスラビア
ZW ジンバブエ

明細書

真菌類の検出用材料及び検出法

技術分野

本発明は、各種真菌を検出するための検出用核酸及びそれを用いた各種真菌の検出方法に関する。

従来技術

深在性真菌症の主要な病原菌としては、カンジダ（Candida、以下C.と略す。）属真菌、アスペルギルス属真菌（Aspergillus、以下A.と略す）、クリプトコッカス（Cryptococcus、以下Cr.と略す。）属真菌などが知られている。カンジダ属の主要な病原菌としては、カンジダ・アルビカンス（C. albicans）、カンジダ・ケフィール（C. kefyr）、カンジダ・グラブラータ（C. glabrata）カンジダ・トロピカリス（C. tropicalis）などが、クリプトコッカス属の主要な病原菌としては、クリプトコッカス・ネオフォルマンス（Cr. neoformans）が知られている。カンジダ属真菌と並んで重要な病原菌であるアスペルギルス属真菌の中で、深在性真菌症の原因菌となる菌種には、アスペルギルス・フミガタス（A. fumigatus）、アスペルギルス・フラバス（A. flavus）、アスペルギルス・ニガー（A. niger）およびニガーグループ、アスペルギルス・ニドランス（A. nidurans）、アスペルギルス・テレウス（A. terreus）などがあり、これらの菌種を迅速に検出・分類・同定することが望まれている。

近年、深在性真菌症は免疫不全患者に日和見感染症として増加しているが、その患者は重篤な基礎疾患を持つことが多く、早期に起炎菌を明らかにして的確な治療をすることが必要である。深在性真菌症の診断は血液培養法が基本であるが検出感度などに問題がある。これまでに抗体による診断薬が市販されているが、抗体による診断は免疫不全状態の患者には役立たない。このような現状で、近年、抗原やその他の菌体成分を直接検出する方法が開発されてきている。たとえば、マンナン、Ｄ－アラビニトル、グルカンなどを検出して感染を診断する方法が開発されている。一方、分子生物学の発展につれて、結核菌やクラミジアなど各種病原菌のＤＮＡを抽出し、いわゆるＰＣＲ法などによって核酸を検出することに

よって診断する方法が開発されている。深在性真菌症の分野でもリボゾームＲＮＡを検出して診断する方法（臨床病理、４３巻補冊、１１９頁、１９９５年）などが提示されている。

発明の開示

本発明の目的は、深在性真菌症の原因菌、さらにはアスペルギルス属真菌を検出するために用いられる核酸を提供し、さらにそれを用いることによる簡便、迅速、特異的かつ高感度な深在性真菌症の原因菌、さらにはアスペルギルス属真菌の検出方法を提供することである。

本願発明者らは、各種真菌症の原因菌、なかでもアスペルギルス属真菌の遺伝子に関する種々の検討を重ねた結果、これら各種真菌症の原因となる真菌のミトコンドリアに存在するチトクロームｂの遺伝子に着目し、その遺伝子の一部を増幅するために各種核酸を合成した。それらの核酸の中から真菌のチトクロームｂの遺伝子を増幅できるプライマーを検索し、配列表の配列番号1～４の核酸を見出した。そして配列表の配列番号1～４の核酸を用いて各種真菌のミトコンドリアに存在するチトクロームｂの遺伝子の一部を増幅し、その配列を解読することに成功した。本発明者らは、その配列をもとにさらに研究を重ねた結果、アスペルギルス属真菌の各種ごとに特異的な配列を見出し、それらを基にそれぞれの種に特異的なプライマーを設計した。例えば、アスペルギルス・フミガタスに特異的なプライマーとして配列表の配列番号１０、６５、６８、６９を、アスペルギルス・フラバスに特異的なプライマーとして配列表の配列番号１１、１２、６６、６７を、アスペルギルス・ニガーに特異的なプライマーとして配列表の配列番号１３、６４、７０、７１を、アスペルギルス・ニドランスに特異的なプライマーとして配列表の配列番号１４、６３、７２、７３を、アスペルギルス・テレウスに特異的なプライマーとして配列表の配列番号１５、６２、７４、７５などを見出した。

これらを基に、簡便、迅速、特異的かつ高感度にアスペルギルス属真菌を検出・分類・同定するための核酸を取得し、更にそれを用いた検出法を確立して本発明を完成するに至った。さらに、配列番号１及び２で表わされる塩基配列を有す

るプライマーを改良した、配列番号５７で表わされる塩基配列を有するプライマーを提供し、これによって、上記真菌類に加え、さらにカニングハメラ・ベルトレチアエ及びムコール・シルシネロイデスを検出することが可能になった。

すなわち、本発明は、配列表の配列番号５７に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成る真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片増幅用プライマーを提供する。また、本発明は、配列表の配列番号３、５８～６１に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成る真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片増幅用プライマーを提供する。また、本発明は、配列表の配列番号５、６、７、８及び９にそれぞれ示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列の連続する１０ないし１００塩基から成る塩基配列を有する核酸断片からそれぞれ成る、アスペルギルス・フミガタス検出用（配列番号５）、アスペルギルス・フラバス検出用（配列番号６）、アスペルギルス・ニガー検出用（配列番号７）、アスペルギルス・ニドランス検出用（配列番号８）、及びアスペルギルス・テレウス検出用（配列番号９）核酸を提供する。さらに、本発明は、配列表の配列番号５に示す配列の２４番目のＴ、９９番目のＴ、１４４番目のＴ、２５２番目のＣ、２７７番目のＧ、３０４番目のＧ、３１２番目のＡ又は３９３番目のＧを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号５に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸を提供する。さらに、本発明は、配列表の配列番号６に示す配列の１７４番目のＹを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号６に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フラバス検出用核酸を提供する。さらに、本発明は、配列表の配列番号７に示す配列の４２番目のＡ、６９番目のＣ、１２

６番目のＣ、２０７番目のＡ、２１３番目のＡ、２４６番目のＡ又は３９６番目のＧを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号７に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニガー検出用核酸を提供する。さらに、本発明は、配列表の配列番号８に示す配列の６０番目のＴ、２２１番目のＣ、２７１番目のＡ、２８５番目のＡ、３６６番目のＴ又は３８７番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号８に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニドランス検出用核酸を提供する。さらに、本発明は、配列表の配列番号９に示す配列の２５番目のＴ、４８番目のＴ、１６２番目のＴ、２２５番目のＣ、２６１番目のＣ、３３９番目のＣ、３６０番目のＡ、３７５番目のＡ又は４１１番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸を提供する。さらにまた、本発明は、配列表の配列番号１、２及び５７に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片の少なくともいずれかからなるフォワード側プライマーと、配列番号１１～１５及び６２～６５に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）の相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片の少なくともいずれかからなるリバース側プライマーとを用いて遺伝子増幅法によりアスペルギルス属真菌のチトクロムｂ遺伝子断片を増幅することによりアスペルギルス属真菌を検出及び／又は同定する方法を提供する。さらにまた、本発明は、配列表の配列番号６６ないし７５に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片の少なくともいずれかからなるフォワード側プライマーと、配列番号３、４、５８～６１に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていても

よい）の相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片の少なくともいずれかからなるリバース側プライマーとを用いて遺伝子増幅法によりアスペルギルス属真菌のチトクロムｂ遺伝子断片を増幅することによりアスペルギルス属真菌を検出及び／又は同定する方法を提供する。

さらにまた、本発明は、配列表の配列番号１、２及び５７に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片の少なくともいずれかからなるフォワード側プライマーと、配列番号３、４、５８～６１のいずれかに示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）の相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片の少なくともいずれかからなるリバース側プライマーとを用いて遺伝子増幅法により真菌のチトクロムｂ遺伝子断片を増幅することにより真菌を検出する方法を提供する。

本発明により従来、分類・同定に時間のかかっていた病原真菌、ことにアスペルギルス属真菌を迅速、簡便に特異的且つ高感度で検出・分類・同定することが可能となった。本発明の核酸は増幅反応のプライマーとしても、直接検出用のプローブとしても用いることが可能である。また、プライマーにより増幅した産物をプローブや制限酵素で検出することにより、感度、特異性をさらに高くすることも可能であり、その臨床的意義は大きい。

図面の簡単な説明

図１は、本発明の実施例の各種プライマーを用いて各種真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子をＰＣＲにより増幅し、増幅産物を電気泳動にかけて得られた電気泳動パターンの模式図である。

図２は、本発明の他の実施例の各種プライマーを用いて各種真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子をＰＣＲにより増幅し、増幅産物を電気泳動にかけて得られた電気泳動パターンの模式図である。

図３は、本発明のさらに他の実施例の各種プライマーを用いて各種真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子をＰＣＲにより増幅し、増幅産物を電気泳動に

かけて得られた電気泳動パターンの模式図である。

図４は、本発明のさらに他の実施例の各種プライマーを用いて各種真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子をＰＣＲにより増幅し、増幅産物を電気泳動にかけて得られた電気泳動パターンの模式図である。

発明を実施するための最良の形態

配列表の配列番号１、２及び５７の少なくともいずれかの核酸と、配列番号３、４、及び５８～６１の相補的配列から成る核酸の少なくともいずれかとの組み合わせから選択される核酸の対をプライマーとして、アスペルギルス属やカンジダ属などの真菌のミトコンドリア中のチトクロームｂ遺伝子とハイブリダイズ（hybridize）させ、プライマー伸長反応を行うサイクルを繰り返すことにより、真菌類のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片を増幅することができる。なお、これらの配列のうち、配列番号１、２及び４に記載のものは、アスペルギルス・ニドランスのミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子配列（Waring, R.B. et al., Cell 27, 4-11 (1981))を基にして設定したものである。一方、配列番号５７、３、５８～６１で示される塩基配列を有する核酸は複数あり（配列番号５７、３、５８～６１の塩基配列は一般式で示される）、各配列番号のそれぞれに示される核酸はそれぞれ単独で用いてもよいが、それぞれ混合物として用いることが好ましい。これらを混合物として用いることにより、アスペルギルス属真菌以外（アスペルギルス・テレウスを除く）の真菌、例えばアスペルギルス・テレウスや、カンジダ属真菌、トリコフィートン属真菌、カニングハメラ属真菌、ムコール属真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片を初めて増幅できるようになった。なお、配列番号５７、３、５８～６１に示す塩基配列を有する核酸は、少なくとも連続する１０塩基以上を有するものであればプライマーとして用いることができる。もっとも、各配列番号に示す全配列を有することが好ましい。

上記各種の核酸をプライマーとして用いて各種真菌類の多数の株のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片を増幅し、その塩基配列を決定した。増幅されたＤＮＡ断片の、それぞれの真菌種に共通する塩基配列が配列番号５ないし９に示されている。配列番号５に示すものはアスペルギルス・フミガタス由来、配列番

号６に示すものはアスペルギルス・フラバス由来、配列番号７に示すものはアスペルギルス・ニガー由来、配列番号８に示すものはアスペルギルス・ニドランス由来、配列番号９に示すものはアスペルギルス・テレウス由来の増幅されたＤＮＡ断片の配列である。これらの増幅断片を鋳型として、後述する、各真菌の種に特異的なプライマーを用いてさらに核酸増幅を行なうことができる。あるいは、これらの増幅産物を制限酵素によって断片化し、その断片の生成パターンを比較することによってもプライマー伸長物を検出することができる（ＰＣＲ－ＲＦＬＰ）。

また、これらの増幅断片の任意の連続する１０～１００塩基、好ましくは１５～３０塩基から成る配列を有する核酸は、上記したそれぞれの真菌種の検出用核酸として用いることができる。ここで、検出用核酸とは、核酸増幅用プライマー及びプローブを包含する。プローブとして用いる場合には、周知の方法により核酸を標識したものを用いる。

下記実施例において具体的に記載するように、本願発明者らは、アスペルギルス属に属する真菌の多数の株について上記のようにして遺伝子の増幅を行ない、その塩基配列を決定し、それらの配列を注意深く比較することにより、それぞれの種にとって特異的な部位を見出した。これらの特異的な部位（1塩基）は、例えば、アスペルギルス・フミガタスには配列番号５に示す配列の中で24番目のＴ、99番目のＴ、144番目のＴ、252番目のＣ、277番目のＧ、304番目のＧ、312番目のＡ、393番目のＧが、アスペルギルス・フラバスには配列番号6に示す配列の中で174番目のＹが、アスペルギルス・ニガーには配列番号７に示す配列の中で42番目のＡ、69番目のＣ、126番目のＣ、207番目のＡ、213番目のＡ、246番目のＡ、396番目のＧが、アスペルギルス・ニドランスには配列番号8に示す配列の中で60番目のＴ、221番目のＣ、271番目のＡ、285番目のＡ、366番目のＴ、387番目のＡが、アスペルギルス・テレウスには配列番号9に示す配列の中で25番目のＴ、48番目のＴ、162番目のＴ、225番目のＣ、261番目のＣ、339番目のＣ、360番目のＡ、375番目のＡ、411番目のＡが、相当する。これらの特異的な部位は配列番号5～９に示す配列の相補的配列の中にも相補的塩基として存在する。これらの特異的な部位（1塩基

）を３’末端とするオリゴヌクレオチドを核酸増幅用プライマーとして用いると、それぞれの種のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片のみが増幅され、従って、それぞれの種を特異的に検出すること、すなわち、種の同定が可能になる。

配列番号１、２及び／又は５７に示す塩基配列を有する核酸（フォワード側プライマーとして用いる）と組み合わせて、上記のようなプライマーとして用いることができる核酸（リバース側プライマーとして用いる）の塩基配列の例を配列表の配列番号１０～１５、６２～６５に示す。これらは配列番号５～９に示す配列の相補的配列中の、上記の特異的な部位のいずれかを３’末端とするオリゴヌクレオチドであり、少なくとも１０塩基以上の核酸である。すなわち、配列番号１０及び６５（いずれも配列番号５の３０４番目のＧと対合するＣを３’末端とする、配列番号５の相補鎖）に示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・フミガタス検出用であり、配列番号１１及び１２（いずれも配列番号６の１７４番目のＹ（Ｃ又はＴ）と対合するＧ又はＡを３’末端とする、配列番号６の相補鎖）にそれぞれ示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・フラバス検出用であり、配列番号１３（配列番号７の１２６番目のＣと対合するＧを３’末端とする、配列番号７の相補鎖）及び配列番号６４（配列番号７の２０７番目のＡと対合するＴを３’末端とする、配列番号７の相補鎖）に示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・ニガー検出用であり、配列番号１４（配列番号８の２２１番目のＣと対合するＧを３’末端とする、配列番号８の相補鎖）及び配列番号６３（配列番号８の２７１番目のＡと対合するＴを３’末端とする、配列番号８の相補鎖）に示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・ニドランス検出用であり、配列番号１５（配列番号９の３７５番目のＡと対合するＴを３’末端とする、配列番号９の相補鎖）及び配列番号６２（配列番号９の３６０番目のＡと対合するＴを３’末端とする、配列番号９の相補鎖）に示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・テレウス検出用である。

一方、配列番号３、４、５８、５９、６０及び／又は６１に示す塩基配列を有する核酸（リバース側プライマーとして用いる）と、上記の特異的な部位（１塩

基）を３’末端とするオリゴヌクレオチド（フォワード側プライマーとして用いる）と組み合わせて、種の同定を行い得る核酸増幅用プライマーを設計することができる。これらは例えば、アスペルギルス・フミガタスには配列番号５に示す配列の中で、24番目のＴ、99番目のＴ、144番目のＴ、252番目のＣ、277番目のＧ、304番目のＧ、312番目のＡ及び393番目のＧのいずれかを３’末端とする少なくとも１０塩基以上のオリゴヌクレオチドから、アスペルギルス・フラバスには配列番号６に示す配列の中で、１７４番目のＹを３’末端とする少なくとも１０塩基以上のオリゴヌクレオチドから、アスペルギルス・ニガーには配列番号７に示す配列の中で42番目のＡ、69番目のＣ、126番目のＣ、207番目のＡ、213番目のＡ、246番目のＡ及び396番目のＧのいずれかを３’末端とする少なくとも１０塩基以上のオリゴヌクレオチドから、アスペルギルス・ニドランスには配列番号8に示す配列の中で60番目のＴ、221番目のＣ、271番目のＡ、285番目のＡ、366番目のＴ及び387番目のＡのいずれかを３’末端とする少なくとも１０塩基以上のオリゴヌクレオチドから、アスペルギルス・テレウスには配列番号9に示す配列の中で25番目のＴ、48番目のＴ、162番目のＴ、225番目のＣ、261番目のＣ、339番目のＣ、360番目のＡ、375番目のＡ及び411番目のＡのいずれかを３’末端とする少なくとも１０塩基以上のオリゴヌクレオチドから選択される。これらのフォワード側プライマーとして用いられる好ましい配列の例を配列番号６６ないし７５に示す。配列番号６６及び６７（いずれも配列番号６の１７４番目のＹ（Ｃ又はＴ）を３’末端とする）に示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・フラバス検出用であり、配列番号６８（配列番号５の３０４番目のＧを３’末端とする）及び配列番号６９（配列番号５の３１２番目のＡを３’末端とする）に示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・フミガタス検出用であり、配列番号７０（配列番号７の１２６番目のＣを３’末端とする）及び配列番号７１（配列番号７の２１３番目のＡを３’末端とする）に示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・ニガー検出用であり、配列番号７２（配列番号８の２２１番目のＣを３’末端とする）及び配列番号７３（配列番号８の２８５番目のＡを３’末端とする）に示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・ニドランス検出用であり、配列番号

７４及び７５（いずれも配列番号９の３７５番目のＡを３’末端とする）に示す塩基配列を有する核酸はアスペルギルス・テレウス検出用である。

また、これらのオリゴヌクレオチドは、プライマーとしてのみならず、適当な標識を付してそれぞれの種に特異的なプローブとして用いることもできる。プライマー又はプローブとして用いられる上記核酸は、３’末端から連続する１０塩基以上あればプライマー又はプローブとして用いることができる。もっとも、核酸の塩基数は１０塩基ないし１００塩基が好ましく、特には１５塩基から３０塩基が好ましい。また、配列番号１０～１５、６２～７５に示す配列では、これらの配列の全塩基配列を有していることが好ましい。

上記した本発明の核酸の各配列番号に示す塩基配列中のチミン（T）は、ウラシル（U）であってもよい。すなわち、本発明の核酸はデオキシリボ核酸（ＤＮＡ）およびリボ核酸（ＲＮＡ）の両方を包含するものである。また、本発明の核酸は、塩基配列中、任意の位置のＴがＵであるようなウリジン残基を含むＤＮＡであってもよいし、同様に任意の位置のＵがＴであるようなチミジン残基を含むＲＮＡであってもよい。さらに、各核酸の相補鎖も本発明の範囲内に含まれる。これは、真菌のＤＮＡが二本鎖であるので、各核酸の相補鎖も各核酸がハイブリダイズする鎖の相補鎖に対してハイブリダイズすることができるからである。また、各核酸が上記した用途に用いることができる限り、核酸中に欠失、挿入あるいは置換といった点突然変異や、修飾ヌクレオチドが存在していてもよく、これらのものも本発明の範囲に含まれる。

本発明の核酸の取得方法は、特に限定されない。好ましくは、化学合成であり、これにより容易、大量かつ安価に一定品質の核酸を得ることができる。かかる化学合成は、ホスファイト法（ホスホアミダイト法）やホスホトリエステル法（リン酸トリエステル法）などの常法に従って行うことができる。

本発明のアスペルギルス属真菌の検出・分類・同定法は、上記のアスペルギルス属真菌の検出・分類・同定核酸を用いることを特徴とする検出・分類・同定法である。この方法として、（１）該核酸をプローブとしてアスペルギルス属真菌を検出・分類・同定する方法、または（２）該核酸をプライマーとしてＰＣＲなどにより

伸長反応を行い増幅されたプライマー伸長物を測定することによってアスペルギルス属真菌を検出・分類・同定する方法が挙げられる。これらの検出方法で使用される核酸は、標識剤が導入されたいわゆる標識核酸であってもよい。好ましくは、標識核酸であり、これを用いることによりアスペルギルス属真菌はより一層検出が容易となる。標識剤としては、具体的には抗原、ハプテン、酵素、蛍光物質、発光物質、酵素基質、放射性物質、不溶性担体などが例示される。また標識化は核酸の末端でも、また核酸配列の途中に行ってもよい。また、標識剤はヌクレオチドの糖、リン酸基、塩基部分のいずれに結合していてもよい。

本発明アスペルギルス属真菌検出・分類・同定用核酸をプローブ又はプライマーとしてアスペルギルス属真菌を検出・分類・同定する方法として、以下の(1)、(2)が例示される。

(1)本発明のアスペルギルス属真菌検出・分類・同定用核酸をプローブとして用い、該核酸プローブと検体とをハイブリダイズさせた後、プローブを指標として試料中の検体を検出するものである。この方法においては、プローブとして、本発明のアスペルギルス属真菌検出・分類・同定用核酸を前述した標識剤で標識した標識核酸を用いることが好ましい。この検出法は、該標識核酸をプローブとし、被験試料中のアスペルギルス属真菌遺伝子と該標識プローブをハイブリダイズさせた後に、アスペルギルス属真菌遺伝子と標識プローブとの結合物もしくは非結合の標識プローブを、標識剤に適した適当な検出法で検出することによって実施することができる。

検体、すなわち被験試料中のアスペルギルス属真菌遺伝子とプローブとのハイブリダイゼーションは、検体を通常の方法で前処理、精製したものを被験試料とし、それとプローブとしての標識核酸とを混合し、室温から70℃で10分から48時間処理することにより実施できる。また、検体はあらかじめ本発明の核酸をプライマーとして増幅反応を行っておいてもよい。

(2) 本発明のアスペルギルス属真菌検出用核酸をプライマーとして、ＤＮＡポリメラーゼ等による伸長反応を行い遺伝子増幅することによりアスペルギルス属真菌のチトクロームｂ遺伝子断片のみを特異的に増幅させ、この増幅産物を測定する

ことによってアスペルギルス属真菌を検出・分類・同定する方法である。またこの場合、プライマーとして本発明の核酸を前述したごとく標識剤で標識化して得られる標識核酸を用いてもよい。ここで用いられる遺伝子増幅法としては、具体的にはＰＣＲ法が例示されるが、特にこの方法に限定されるものではなく、短鎖のオリゴヌクレオチドをプライマーとして遺伝子合成の開始のために用いるいずれの遺伝子増幅法をも用いることができる。本発明のアスペルギルス属真菌の検出法は、上記方法により増幅された増幅産物すなわちチトクロームｂ遺伝子断片を検出することにより行われ得る。あるいは増幅されたチトクロームｂ遺伝子断片を制限酵素によって断片化し、その断片の生成パターンを比較することによっても行われ得る。ここで用いる制限酵素は単独、あるいは組み合わせて使用される。増幅されたチトクロームｂ遺伝子断片、または制限酵素でさらに断片化された遺伝子断片の検出手段は特に限定されることはなく、通常の遺伝子の検出方法（例えば電気泳動法など）が使用できる。増幅産物は、例えば電気泳動により分画され、特異的かつ検出に十分な程度に鮮明なバンドとして容易に検出できる。複数の病原真菌を検出・分類・同定する目的で、複数のプライマーが混合されている場合には、電気泳動により分画・検出されるバンドは、各病原真菌ごとに異なった分子量の位置にバンドが検出されて、各病原真菌が分類・同定されるようにプライマーを設計すればよい。プライマーがまた増幅反応時に、適当な標識剤で標識化されたデオキシリボヌクレオチド（dATP、dTTP、dGTP、dCTP）もしくはリボヌクレオチド（ATP、UTP、GTP、CTP）をＤＮＡもしくはＲＮＡ合成の原料として使用することにより、増幅産物を高感度に直接検出することが可能である。もしくは、プライマーとして本発明のアスペルギルス属真菌検出・分類・同定用核酸を標識化して得られる標識核酸を用いることにより、増幅産物を同様に高感度に直接検出することができる。かかる場合、標識化に用いられる標識剤として、好ましくは放射性物質、蛍光物質、発光物質、発光誘導物質などである。

本発明のアスペルギルス属真菌検出・分類・同定用核酸を用いて、アスペルギルス属真菌を検出・分類・同定する方法の一例をさらに詳細に説明すると、被検物から核酸を抽出し、配列表の配列番号２の核酸と、配列番号１０～１５の核酸

の混合物をプライマーにして、ＰＣＲなどの核酸伸長反応を行うと、アスペルギルス・フミガタスが存在している場合は３２３塩基対の長さの核酸が増幅され、アスペルギルス・フラバスが存在している場合は１９３塩基対又は１９４塩基対の長さの核酸が、アスペルギルス・ニガーが存在している場合は１４８塩基対の長さの核酸が、アスペルギルス・ニドランスが存在している場合は２４４塩基対の長さの核酸が、アスペルギルス・テレウスが存在している場合は３９７塩基対の長さの核酸が、それぞれ増幅され、これらの分子量の異なった核酸を各種電気泳動法などによって分離・検出することによって、どの種のアスペルギルス属真菌が存在するかを判定できる。また、配列表の配列番号２の核酸と、配列番号６２～６５の核酸の混合物をプライマーにして、ＰＣＲなどの核酸伸長反応を行うと、アスペルギルス・フミガタスが存在している場合は３２９塩基対の長さの核酸が増幅され、アスペルギルス・フラバスが存在している場合は１９３塩基対又は１９４塩基対の長さの核酸が、アスペルギルス・ニガーが存在している場合は２３１塩基対の長さの核酸が、アスペルギルス・ニドランスが存在している場合は２９４塩基対の長さの核酸が、アスペルギルス・テレウスが存在している場合は３７９塩基対の長さの核酸が、それぞれ増幅される。配列番号５７の核酸（混合物）と、配列番号６２～６５の核酸の混合物をプライマーにして、ＰＣＲなどの核酸伸長反応を行うと、アスペルギルス・フミガタスが存在している場合は３３０塩基対の長さの核酸が増幅され、アスペルギルス・フラバスが存在している場合は１９４塩基対又は１９５塩基対の長さの核酸が、アスペルギルス・ニガーが存在している場合は２３２塩基対の長さの核酸が、アスペルギルス・ニドランスが存在している場合は２９５塩基対の長さの核酸が、アスペルギルス・テレウスが存在している場合は３８０塩基対の長さの核酸が、それぞれ増幅される。配列表３、５８、５９、６０及び／又は６１（各配列は混合物）と、配列番号６６～７５の核酸の混合物をプライマーにして、ＰＣＲなどの核酸伸長反応を行うと、アスペルギルス・フミガタスが存在している場合は１６３塩基対（配列番号６８による）及び１４６塩基対（配列番号６９による）の長さの核酸が増幅され、アスペルギルス・フラバスが存在している場合は２８７塩基対の長さの核酸が、ア

スペルギルス・ニガーが存在している場合は３３７塩基対（配列番号７０による）及び２４５塩基対（配列番号７１による）の長さの核酸が、アスペルギルス・ニドランスが存在している場合は２３６塩基対（配列番号７２による）及び１８０塩基対（配列番号７３による）の長さの核酸が、アスペルギルス・テレウスが存在している場合は８６塩基対（配列番号７４による）及び８３塩基対（配列番号７５による）の長さの核酸が、それぞれ増幅される。なお、配列番号６６～７５には、各アスペルギルス属細菌種を増幅するためのプライマーが２個ずつ包含されているので、各アスペルギルス属細菌につき各１個のプライマーを選んで、合計５個のフォワード側プライマーの混合物を用いることにより、上記の５種類のアスペルギルス属細菌種を同時に検出及び同定することができる。

本発明を利用したアスペルギルス属真菌検出用の試薬キットは、本発明のアスペルギルス属真菌検出用核酸もしくはこの核酸を適当な標識剤で標識した標識核酸を含むことを特徴とするものである。本発明の試薬キットは上記核酸を含んでいればよく、他の成分として標識検出用試薬や緩衝液などを含んでいてもよい。本発明の試薬キット中の核酸は、プライマーとして用いることもできるし、またプローブとして用いることもできる。核酸をプライマーとして用いるかプローブとして用いるかは、その手段が異なるのみであって、アスペルギルス属真菌の検出に関しては本質的には同じである。当該試薬キットは、核酸をプローブとして使用する場合は、上述の（1）の方法によるアスペルギルス属真菌検出のための試薬キットとして、またプライマーとして使用する場合は、上述の（2）の方法によるアスペルギルス属真菌検出のための試薬キットとして用いることができる。

試薬キット中の核酸をプローブとして用いる場合の本発明の試薬キットは、本発明のアスペルギルス属真菌検出用核酸もしくは標識化されたアスペルギルス属真菌検出用核酸以外に、標識検出用試薬、緩衝液などを含んでいてもよい。試薬キット中の核酸をプライマーとして用いる場合の本発明の試薬キットは、本発明のアスペルギルス属真菌検出用核酸もしくは標識化されたアスペルギルス属真菌検出用核酸以外に、核酸合成酵素（例えば、ＤＮＡポリメラーゼ，ＲＮＡポリメラーゼ，逆転写酵素など）、デオキシリボヌクレオチド（dATP、dTTP、dGTP、dC

TP）、リボヌクレオチド（ATP、UTP、GTP、CTP）、制限酵素、緩衝液などを含んでいてもよい。また、本発明の核酸は固相担体に結合して、捕捉プローブとして用いることもできる。この場合、捕捉プローブと標識プローブの２つを組合せてサンドイッチアッセイを行ってもよい。また標的核酸を標識して捕捉する方法もある。さらに核酸をビオチンで標識し、ハイブリダイゼーション後、アビジン結合担体で捕捉する方法もある。サンドイッチアッセイにおいてはどちらか一方に本発明の核酸を用いれば、本発明の核酸にて特異的な測定が可能となり、他方の核酸の特異性は若干低くてもなんら問題はない。

以下、本発明を実施例に基づきより具体的に説明する。もっとも、本発明は下記実施例に限定されるものではない。

実施例１　（各種ＤＮＡの合成）

配列表の配列番号１～４、１０～１５および５７～７５で表される配列を有するＤＮＡは、商業用受託ＤＮＡ合成サービスを利用して合成した。以下、配列表の配列番号1～４、１０～１５及び５７～７５に示される各種ＤＮＡを、それぞれＤＮＡ1～４、１０～１５及び５７～７５と呼ぶ。

実施例２　（アスペルギルス・フミガタスのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

ポテトデキストロース液体培地で培養して得たアスペルギルス・フミガタス各株（Aspergillus fumigatus IFM 40804、40806、40807、40819、41206、41392、45916、45917、46980、5355）の菌体を、７５％エタノール処理し殺菌した。1500ｇ、10分間の遠心分離で菌体を得、これらにそれぞれ約40mlの抽出用緩衝液（0.9M ソルビトール、10mM ＥＤＴＡ、10mM トリス塩酸緩衝液pH7.1）を加え、良く振り混ぜた後、1500ｇ、10分間、遠心分離して上澄みを捨て、30mlの同緩衝液を加え、同様に遠心分離後上澄みを捨て、9mlの同緩衝液を加えた。これに同緩衝液に溶解したザイモリエイス（zymolyase）生化学工業(株)製（10mg/ml）を1ml加え、37℃で1時間保温した後。０．９～１．３mmのガラスビーズを加え、ボルテックスミキサーで１～２分間処理して細胞壁を破壊した。これを1500ｇ、10分間の遠心分離で上澄みを得、さらに20000ｇで15分間、遠心分離して沈殿を得た。この沈殿を抽出用緩衝液で洗浄し、再度20000ｇで15分間、遠心分離し

てアスペルギルス・フミガタス各株のミトコンドリア画分を得た。これらのミトコンドリア画分にそれぞれ1mg/mlのプロテアーゼK（Protease K）を0.5ml加え、37℃で1時間保温した。これにフェノール、クロロホルム、イソアミルアルコール混合液（25:24:1）を1ml加え、振り混ぜた後、1500ｇ、10分間の遠心分離で上層を取り、これに水飽和フェノールを1ml加え、振り混ぜた後、1500ｇ、10分間の遠心分離で上層を取った。これに0.1mlの３Ｍ酢酸ナトリウム、0.1M塩化マグネシウム溶液を加え、3mlのエタノールを加えて、-20℃に一晩放置した。これを20,000ｇ、10分間遠心分離して沈殿を得、この沈殿を-20℃の75%エタノールで洗浄し、1500ｇ、10分間遠心分離後、上清を捨て、ＤＮＡを得、乾燥後、-20℃に保存した。

これらのＤＮＡを鋳型にし、実施例１で得られたＤＮＡ１（配列番号１）とＤＮＡ３（配列番号３）（IFM 40804、40819用）または４（IFM40806、40807、41206、41392、45916、45917、46980、5355用）をプライマーとして、宝酒造（株）のTaKaRa PCR Amplification Kit(R011)を用い、サンヨーのＤＮＡ増幅装置(MIR-D30)を使用して以下の方法でＰＣＲ反応を行い、チトクロームｂ遺伝子の一部を増幅した。

反応液の組成は次の通りである。

x10 PCR緩衝液（キットの試薬）	5μl
PCR dNTP混合液（キットの試薬）	4μl
Taq DNA合成酵素（キットの試薬）	1μl(2.5U)
ＤＮＡ１	1μl
ＤＮＡ３または４	1μl
ミトコンドリアＤＮＡ	1μl

水にて全量を50μlにした。

反応条件は次の通りである。

熱変性：94℃、1分

アニーリング：50℃、１分

重合反応：72℃、２分

増幅されたＤＮＡをアガロースゲル電気泳動法で分離精製し、以下の方法で塩基配列を解析した。

パーキンエルマー社製ＤＮＡシーケンサー（ABI Prism 377）を用い、同社の操作ガイドに従い、ダイターミネーター法により解析した。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ２（配列番号２）を、リバース側にＤＮＡ３（IFM 40804、40819用）または４（IFM40806、40807、41206、41392、45916、45917、46980、5355用）を用いた。決定された塩基配列を、配列表の配列番号１６～２５に示した。

実施例３（アスペルギルス・フラバスのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

実施例２と同様な方法で、アスペルギルス・フラバス各株(Aspergillus flavus IFM 40603、40800、41087、41933、45909、45910、45911、46870、5364、5366)からチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ反応で増幅し、その塩基配列を決定した。プライマーにはＤＮＡ２とＤＮＡ３（IFM41933、45910、5366用)または４（IFM 40603、40800、41087、45909、45911、46870、5364用）を用いた。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ２を、リバース側にＤＮＡ３（IFM41933、45910、5366用)または４（IFM 40603、40800、41087、45909、45911、46870、5364用）を用いた。決定された塩基配列を、配列表の配列番号２６～３５に示した。

実施例４（アスペルギルス・ニガーのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

実施例２と同様な方法で、アスペルギルス・ニガー各株(Aspergillus niger IFM 40606、41398、41399、46897、5367、5368)からチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ反応で増幅し、その塩基配列を決定した。プライマーにはＤＮＡ２とＤＮＡ３（IFM 41399用)または４（IFM 40606、41398、46897、5367、5368用）を用いた。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ２を、リバース側にＤＮＡ３（IFM 41399用)または４（IFM 40606、41398、46897、5367、5368用）を用いた。決定された塩基配列を、配列表の配列番号３６～４１に示した。

実施例５　（アスペルギルス・ニドランスのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

実施例２と同様な方法で、アスペルギルス・ニドランス各株(Aspergillus nid

urans IFM 41094、46999、47004、47006、41395)からチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ反応で増幅し、その塩基配列を決定した。プライマーにはＤＮＡ２とＤＮＡ３（IFM 47004、47006用)または４（IFM 41094、46999、41395用）を用いた。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ２を、リバース側にＤＮＡ３（IFM 47004、47006用)または４（IFM 41094、46999、41395用）を用いた。決定された塩基配列を、配列表の配列番号４２～４６に示した。

実施例６（アスペルギルス・テレウスのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

実施例２と同様な方法で、アスペルギルス・テレウス各株（Aspergillus terreus IFM 40851、40852、41092、5372、40850）からチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ反応で増幅し、その塩基配列を決定した。プライマーにはＤＮＡ２とＤＮＡ３を用いた。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ２を、リバース側にＤＮＡ３を用いた。決定されたその塩基配列を、配列表の配列番号４７～５１に示した。

実施例７（カンジダ・ケフィールのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

実施例２と同様な方法で、実施例１で得られたＤＮＡ１とＤＮＡ３を用い、カンジダ・ケフィール（Candida kefyl IFM 5773、5800）からチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ反応で増幅し、その塩基配列を決定した。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ２を、リバース側にＤＮＡ３を用いた。その塩基配列を、配列表の配列番号５２～５３に示した。

実施例８（カンジダ・トロピカリスのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

実施例２と同様な方法で、実施例１で得られたＤＮＡ１とＤＮＡ３を用い、カンジダ・トロピカリス（Candida tropicalis IFM 40018、46816）からチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ反応で増幅し、その塩基配列を決定した。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ２を、リバース側にＤＮＡ３を用いた。その塩基配列を、配列表の配列番号５４～５５に示した。

実施例９（トリコフィートン・ルブラムのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

実施例２と同様な方法で、実施例１で得られたＤＮＡ１とＤＮＡ３を用い、トリコフィートン・ルブラム（Trichophyton rubrum IFM 45593）からチトクロー

ムｂ遺伝子の一部をＰＣＲ反応で増幅し、その塩基配列を決定した。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ２を、リバース側にＤＮＡ３を用いた。その塩基配列を、配列表の配列番号５６に示した。

実施例１０（アスペルギルス・フミガタスのＰＣＲによる同定）

実施例１のＤＮＡ２溶液と、ＤＮＡ１０溶液を使用して、宝酒造（株）のTaKaRa PCR Amplification Kit(R011)を用い、サンヨーのＤＮＡ増幅装置(MIR-D30)を使用して実施例２と同様の方法でＰＣＲ反応を行い、アスペルギルス・フミガタスのチトクロームｂ遺伝子の一部を増幅した。アスペルギルス・フミガタスのＤＮＡはフェノール抽出法により行った。10μｌの増幅産物を含む反応液を１%アガロースゲル電気泳動し、エチジウムブロマイド染色した後、紫外線照射による蛍光を検出した（図１、レーン１および２）。泳動の電気的条件は、定電圧75V、時間は45分間行った。反応液の他に分子量マーカも同時に泳動し、相対泳動度の比較により、検出されたＤＮＡ断片の長さを算出したところ、約３２３塩基対と同定された。

実施例１１（アスペルギルス・フラバスのＰＣＲによる同定）

実施例１のＤＮＡ２溶液と、ＤＮＡ１１と１２（それぞれ配列番号１１と１２）溶液を使用して、実施例１０と同様の方法でアスペルギルス・フラバスのチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ法で増幅し、増幅産物を電気泳動で検出した（図1、レーン３、４および５）。検出されたＤＮＡ断片の長さを算出したところ、約１９３又は約１９４塩基対と同定された。

実施例１２（アスペルギルス・ニガーのＰＣＲによる同定）

実施例１のＤＮＡ２溶液と、ＤＮＡ１３（配列番号１３）溶液を使用して、実施例１０と同様の方法でアスペルギルス・ニガーのチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ法で増幅し、増幅産物を電気泳動で検出した（図1、レーン６、７および８）。検出されたＤＮＡ断片の長さを算出したところ、約１４８塩基対と同定された。

実施例１３（アスペルギルス・ニドランスのＰＣＲによる同定）

実施例１のＤＮＡ２溶液と、ＤＮＡ１４（配列番号１４）溶液を使用して、実

施例１０と同様の方法でアスペルギルス・ニドランスのチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ法で増幅し、増幅産物を電気泳動で検出した（図1、レーン９および１０）。検出されたＤＮＡ断片の長さを算出したところ、約２４４塩基対と同定された。

実施例１４（アスペルギルス・テレウスのＰＣＲによる同定）

実施例１のＤＮＡ２溶液と、ＤＮＡ１５（配列番号１５）　溶液を使用して、実施例１０と同様の方法でアスペルギルス・テレウスのチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ法で増幅し、増幅産物を電気泳動で検出した（図1、レーン１１および１２）。検出されたＤＮＡ断片の長さを算出したところ、約３９７塩基対と同定された。

なお、上記した図１の各レーンの菌株は具体的には次の通りである。

レーン１：Asperugillus fumigatus IFM 40819

レーン２：Asperugillus fumigatus IFM 40806

レーン３：Asperugillus flavus IFM 41933

レーン４：Asperugillus flavus IFM 5366

レーン５：Asperugillus flavus IFM 45910

レーン６：Asperugillus niger IFM 41398

レーン７：Asperugillus niger IFM 41399

レーン８：Asperugillus niger IFM 46897

レーン９：Asperugillus nidurans IFM 47004

レーン10：Asperugillus nidurans IFM 41094

レーン11：Asperugillus terreus IFM 40850

レーン12：Asperugillus terreus IFM 41092

レーン13.サイズマーカー（100、200、300、400、500、600、700、800、900、1000、1500 bp）

実施例１５　（カニングハメラ・ベルトレチアエのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

実施例2と同様な方法でカニングハメラ・ベルトレチアエ（Cunninghamella be

rtholletiae IFM 46114）からチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ反応で増幅し、その塩基配列を決定した。プライマーにはＤＮＡ５７とＤＮＡ５８を用いた。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ５７を、リバース側にＤＮＡ５８を用いた。決定された塩基配列を、配列表の配列番号７６に示した。

実施例１６　（ムコール・シルシネロイデスのチトクロームｂ遺伝子増幅反応）

実施例２と同様な方法でムコール・シルシネロイデス（Mucor circinelloides IFM 40507）からチトクロームｂ遺伝子の一部をＰＣＲ反応で増幅し、その塩基配列を決定した。プライマーにはＤＮＡ５７とＤＮＡ６０およびＤＮＡ６１を用いた。塩基配列解析用プライマーにはフォワード側にＤＮＡ５７を、リバース側にＤＮＡ６０及びＤＮＡ６１を用いた。決定された塩基配列を、配列表の配列番号７７に示した。

実施例１７

実施例１０～１４と同様な方法でアスペルギルス各種のＰＣＲによる同定を行った。プライマーにはＤＮＡ５７と、アスペルギルス･フミガタスにはＤＮＡ６５を、アスペルギルス・フラバスにはＤＮＡ１１とＤＮＡ１２を、アスペルギルス・ニガーにはＤＮＡ６４を、アスペルギルス・ニドランスにはＤＮＡ６３を、アスペルギルス・テレウスにはＤＮＡ６２を用いた。電気泳動の結果を図２に示した。図２の各レーンの菌株は図１の場合と同じである。

実施例１８

実施例１０～１４と同様な方法でアスペルギルス各種のＰＣＲによる同定を行った。プライマーにはＤＮＡ３と、アスペルギルス･フミガタスにはＤＮＡ６８を、アスペルギルス・フラバスにはＤＮＡ６６とＤＮＡ６７を、アスペルギルス・ニガーにはＤＮＡ７０を、アスペルギルス・ニドランスにはＤＮＡ７２を、アスペルギルス・テレウスにはＤＮＡ７４を用いた。電気泳動の結果を図３に示した。図３の各レーンの菌株は図１の場合と同じである。

実施例１９

実施例１０～１４と同様な方法でアスペルギルス各種のＰＣＲによる同定を行った。プライマーにはＤＮＡ５８と、アスペルギルス･フミガタスにはＤＮＡ６

９を、アスペルギルス・フラバスにはＤＮＡ６６とＤＮＡ６７を、アスペルギルス・ニガーにはＤＮＡ７１を、アスペルギルス・ニドランスにはＤＮＡ７３を、アスペルギルス・テレウスにはＤＮＡ７５を用いた。電気泳動の結果を図４に示した。図４の各レーンの菌株は図１の場合と同じである。

産業上の利用可能性

本発明は、病原真菌、ことにアスペルギルス属真菌を迅速、簡便に特異的且つ高感度で検出・分類・同定することに用いることができる。このため、病原真菌に感染した患者について、早期に起炎菌を明らかにして的確な治療をすることが可能になる。

配列表

配列番号：１

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC 20

配列番号：２

配列の長さ：21

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GAGGTGCTAC AGTTATTACT A 21

配列番号：３

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GGTATAGMTC TTAAWATAGC 20

配列番号：４

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

AAAATAGCAT AGAAAGGTAA 20

配列番号：５

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス　フミガタス（Aspergillus fumigatus）

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：６

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス　フラバス（Aspergillus flavus）

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGAYATA 60

GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATYGCTATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTWACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTATATTTG TTTTCTTYAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATYGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：７

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス　ニガー（Aspergillus niger）

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CATGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAGTTCA TATGAGGWGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAACAG ATTCTTTGCA 120

TTACACTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCACTT AATAGCTATG 180

CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCATTA GGAATATCAG GTAATTACGA TAGATTACCT 240

TTTGCACCAT ATTTTATATT TAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATTGTATTA 300

TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCA TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AAYCCAATGC AAACTCCACC TGCWATTGTA CCAGAGTGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：８

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス　ニドランス（Aspergillus nidulans）

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTAATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATT 60
GTTGAGTTTA TTTGAGGAGG TTTYTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAACAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCTTTAGCAT TAATGCATTT AATAGCTATG 180
CACGATACAG TAGGATCAGG KAATCCTTTA GGTATTTCAG CTAATTACGA TAGATTACCT 240
TTTGCTCCTT ATTTTATATT TAAAGATTTA ATAACTATAT TTATATTCTT TATTGTATTA 300
TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCTATGC AAACTCCACC TGCTATAGTT CCAGAATGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420
ATTTTA 425

配列番号：９

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス　テレウス（Aspergillus terreus）

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACTTAATG AGTGCTATAC CTTGAATTGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCWTTAGTTA TTATGCACTT AATAGCAATG 180

CACGATACTG TAGGATCAGG TAATCCTTTA GGTATATCAG GTAACTACGA TAGATTACCT 240

TTCGCTCCAT ATTTCGTATT CAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTATATTTG TTTTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGAGACA GTGAAAATTA TGTTATGGCA 360

AACCCAATGC AAACACCACC TGCTATTGTA CCAGAATGAT ACTTATTACC ATTCTATGCT 420

ATTTTA 425

配列番号：１０

配列の長さ：21

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

AGGCATGAAG AATACAAATA C 21

配列番号：１１

配列の長さ：22

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

TCCTACAGTA TCGTGCATAG CG 22

配列番号：１２

配列の長さ：21

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

CCTACAGTAT CGTGCATAGC A 21

配列番号：１３

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GCTAATACAA AAGGTAATAA GAAG 24

配列番号：１４

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GCAAAAGGTA ATCTATCGTA ATTAG 25

配列番号：１５

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

CATTCTGGTA CAATAGCAGG TGGT 24

配列番号：１６

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フミガタス ＩＦＭ４０８０４

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420

ATTTTAAGAT CTATACC 437

配列番号：１７

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フミガタス　ＩＦＭ４０８０６

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：１８

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フミガタス　ＩＦＭ４０８０７

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：１９
配列の長さ：４３７
配列の型：核酸
鎖の数：両形態
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ
起源：アスペルギルス・フミガタス ＩＦＭ４０８１９
配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60
GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTTAAGAT CTATACC 437

配列番号：２０
配列の長さ：425
配列の型：核酸
鎖の数：両形態
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ
起源：アスペルギルス・フミガタス ＩＦＭ４１２０６
配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60
GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：２１

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フミガタス　ＩＦＭ４１３９２

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60
GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：２２

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フミガタス　ＩＦＭ４５９１６

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：２３

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フミガタス　ＩＦＭ４５９１７

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：２４
配列の長さ：425
配列の型：核酸
鎖の数：両形態
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ
起源：アスペルギルス・フミガタス ＩＦＭ４６９８０
配列
TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60
GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：２５
配列の長さ：425
配列の型：核酸
鎖の数：両形態
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ
起源：アスペルギルス・フミガタス ＩＦＭ５３５５

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60
GTTGAATTTA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTTTTAGCT GCATTAGTAA TAATGCATTT AATAGCAATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATTTCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTCGCTCCTT ACTTTGTATT TAAAGATTTA GTTACTGTAT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTGTATTTG TATTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCGGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：２６

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フラバス　ＩＦＭ４０６０３

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGACATA 60
GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATCGCTATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTTACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATCGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：２７

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フラバス　ＩＦＭ４０８００

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATCGCTATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：２８

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フラバス　ＩＦＭ４１０８７

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGACATA 60

GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATCGCTATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTTACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATCGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：２９
配列の長さ：４３７
配列の型：核酸
鎖の数：両形態
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ
起源：アスペルギルス・フラバス　ＩＦＭ４１９３３
配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60
GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATTGCTATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTTACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTCAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATCGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTTAAGAT CTATACC 437

配列番号：３０
配列の長さ：425
配列の型：核酸
鎖の数：両形態
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フラバス ＩＦＭ４５９０９

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGACATA 60
GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATCGCTATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTTACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATCGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：３１

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フラバス ＩＦＭ４５９１０

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGACATA 60
GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATCGCTATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTTACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATCGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTTAAGAT CTATACC 437

配列番号：３２

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フラバス　ＩＦＭ４５９１１

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGACATA 60

GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATCGCTATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTTACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATCGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：３３

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フラバス　ＩＦＭ４６８７０

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGACATA 60

GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATCGCTATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTTACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATCGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：３４

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フラバス　ＩＦＭ５３６４

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGACATA 60
GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATCGCTATG 180
CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240
TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTTACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATCGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：３５

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・フラバス　ＩＦＭ５３６６

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCATTT AATCGCTATG 180

CACGATACTG TAGGATCTGG TAATCCTTTA GGTATATCTG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTTGCTCCAT ATTTCATATT TAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTT CCAGAATGAT ACTTATTACC TTTCTATGCT 420

ATTTTAAGAT CTATACC 437

配列番号：３６

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニガー　ＩＦＭ４０６０６

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CATGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAGTTCA TATGAGGTGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAACAG ATTCTTTGCA 120

TTACACTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCACTT AATAGCTATG 180

CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCATTA GGAATATCAG GTAATTACGA TAGATTACCT 240

TTTGCACCAT ATTTTATATT TAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATTGTATTA 300

TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCA TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AACCCAATGC AAACTCCACC TGCTATTGTA CCAGAGTGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：３７

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニガー　ＩＦＭ４１３９８

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CATGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAGTTCA TATGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAACAG ATTCTTTGCA 120

TTACACTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCACTT AATAGCTATG 180

CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCATTA GGAATATCAG GTAATTACGA TAGATTACCT 240

TTTGCACCAT ATTTTATATT TAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATTGTATTA 300

TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCA TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCAATTGTA CCAGAGTGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：３８

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニガー　ＩＦＭ４１３９９

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CATGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAGTTCA TATGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAACAG ATTCTTTGCA 120

TTACACTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCACTT AATAGCTATG 180
CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCATTA GGAATATCAG GTAATTACGA TAGATTACCT 240
TTTGCACCAT ATTTTATATT TAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATTGTATTA 300
TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCA TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCAATTGTA CCAGAGTGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420
ATTTTAAGAT CTATACC 437

配列番号：３９

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニガー　ＩＦＭ４６８９７

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CATGAATAGG TCAAGATATA 60
GTTGAGTTCA TATGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAACAG ATTCTTTGCA 120
TTACACTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCACTT AATAGCTATG 180
CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCATTA GGAATATCAG GTAATTACGA TAGATTACCT 240
TTTGCACCAT ATTTTATATT TAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATTGTATTA 300
TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCA TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCAATGC AAACTCCACC TGCAATTGTA CCAGAGTGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：４０

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニガー　ＩＦＭ５３６７

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CATGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAGTTCA TATGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAACAG ATTCTTTGCA 120

TTACACTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCACTT AATAGCTATG 180

CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCATTA GGAATATCAG GTAATTACGA TAGATTACCT 240

TTTGCACCAT ATTTTATATT TAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATTGTATTA 300

TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCA TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCAATTGTA CCAGAGTGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：４１

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニガー　ＩＦＭ５３６８

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTTATG AGTGCTATAC CATGAATAGG TCAAGATATA 60

GTTGAGTTCA TATGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CATTAAACAG ATTCTTTGCA 120

TTACACTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGCTT TAATGCACTT AATAGCTATG 180

CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCATTA GGAATATCAG GTAATTACGA TAGATTACCT 240

TTTGCACCAT ATTTTATATT TAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATTGTATTA 300

TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCA TTAGGAGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCAATGC AAACTCCACC TGCAATTGTA CCAGAGTGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：４２

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニドランス　ＩＦＭ４１０９４

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTAATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATT 60

GTTGAGTTTA TTTGAGGAGG TTTTTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAACAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCTTTAGCAT TAATGCATTT AATAGCTATG 180

CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCTTTA GGTATTTCAG CTAATTACGA TAGATTACCT 240

TTTGCTCCTT ATTTTATATT TAAAGATTTA ATAACTATAT TTATATTCTT TATTGTATTA 300

TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCTATGC AAACTCCACC TGCTATAGTT CCAGAATGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420

ATTTT 425

配列番号：４３

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニドランス　ＩＦＭ４６９９９

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTAATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATT 60

GTTGAGTTTA TTTGAGGAGG TTTTTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAACAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCTTTAGCAT TAATGCATTT AATAGCTATG 180
CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCTTTA GGTATTTCAG CTAATTACGA TAGATTACCT 240
TTTGCTCCTT ATTTTATATT TAAAGATTTA ATAACTATAT TTATATTCTT TATTGTATTA 300
TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCTATGC AAACTCCACC TGCTATAGTT CCAGAATGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：４４

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニドランス　ＩＦＭ４７００４

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTAATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATT 60
GTTGAGTTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAACAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCTTTAGCAT TAATGCATTT AATAGCTATG 180
CACGATACAG TAGGATCAGG GAATCCTTTA GGTATTTCAG CTAATTACGA TAGATTACCT 240
TTTGCTCCTT ATTTTATATT TAAAGATTTA ATAACTATAT TTATATTCTT TATTGTATTA 300
TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360
AATCCTATGC AAACTCCACC TGCTATAGTT CCAGAATGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420
ATTTTAAGAT CTATACC 437

配列番号：４５

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニドランス　ＩＦＭ４７００６

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTAATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATT 60

GTTGAGTTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAACAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCTTTAGCAT TAATGCATTT AATAGCTATG 180

CACGATACAG TAGGATCAGG GAATCCTTTA GGTATTTCAG CTAATTACGA TAGATTACCT 240

TTTGCTCCTT ATTTTATATT TAAAGATTTA ATAACTATAT TTATATTCTT TATTGTATTA 300

TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCTATGC AAACTCCACC TGCTATAGTT CCAGAATGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420

ATTTTAAGAT CTATACC 437

配列番号：４６

配列の長さ：425

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・ニドランス　ＩＦＭ４１３９５

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACCTAATG AGTGCTATAC CTTGAATAGG TCAAGATATT 60

GTTGAGTTTA TTTGAGGAGG TTTTTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAACAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCTTTAGCAT TAATGCATTT AATAGCTATG 180

CACGATACAG TAGGATCAGG TAATCCTTTA GGTATTTCAG CTAATTACGA TAGATTACCT 240

TTTGCTCCTT ATTTTATATT TAAAGATTTA ATAACTATAT TTATATTCTT TATTGTATTA 300

TCAATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGTGATA GTGAAAATTA TGTTATGGCT 360

AATCCTATGC AAACTCCACC TGCTATAGTT CCAGAATGAT ATCTTTTACC TTTCTATGCT 420
ATTTT 425

配列番号：４７

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・テレウス　ＩＦＭ４０８５１

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACTTAATG AGTGCTATAC CTTGAATTGG TCAAGATATA 60
GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGTTA TTATGCACTT AATAGCAATG 180
CACGATACTG TAGGATCAGG TAATCCTTTA GGTATATCAG GTAACTACGA TAGATTACCT 240
TTCGCTCCAT ATTTCGTATT CAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGAGACA GTGAAAATTA TGTTATGGCA 360
AACCCAATGC AAACACCACC TGCTATTGTA CCAGAATGAT ACTTATTACC ATTCTATGCT 420
ATTKTAAGAT CTMTACC 437

配列番号：４８

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・テレウス　ＩＦＭ４０８５２

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACTTAATG AGTGCTATAC CTTGAATTGG TCAAGATATA 60
GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGTTA TTATGCACTT AATAGCAATG 180
CACGATACTG TAGGATCAGG TAATCCTTTA GGTATATCAG GTAACTACGA TAGATTACCT 240
TTCGCTCCAT ATTTCGTATT CAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGAGACA GTGAAAATTA TGTTATGGCA 360
AACCCAATGC AAACACCACC TGCTATTGTA CCAGAATGAT ACTTATTACC ATTCTATGCT 420
ATTKTAAGAT CTMTACC 437

配列番号：４９

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・テレウス　ＩＦＭ４１０９２

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACTTAATG AGTGCTATAC CTTGAATTGG TCAAGATATA 60
GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAATAG ATTCTTTGCA 120
TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCTTTAGTTA TTATGCACTT AATAGCAATG 180
CACGATACTG TAGGATCAGG TAATCCTTTA GGTATATCAG GTAACTACGA TAGATTACCT 240
TTCGCTCCAT ATTTCGTATT CAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGAGACA GTGAAAATTA TGTTATGGCA 360
AACCCAATGC AAACACCACC TGCTATTGTA CCAGAATGAT ACTTATTACC ATTCTATGCT 420
ATTKTAAGAT CTMTACC 437

配列番号：５０

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・テレウス　ＩＦＭ５３７２

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACTTAATG AGTGCTATAC CTTGAATTGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGTTA TTATGCACTT AATAGCAATG 180

CACGATACTG TAGGATCAGG TAATCCTTTA GGTATATCAG GTAACTACGA TAGATTACCT 240

TTCGCTCCAT ATTTCGTATT CAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTATATTTG TTTTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGAGACA GTGAAAATTA TGTTATGGCA 360

AACCCAATGC AAACACCACC TGCTATTGTA CCAGAATGAT ACTTATTACC ATTCTATGCT 420

ATTKTAAGAT CTMTACC 437

配列番号：５１

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：アスペルギルス・テレウス　ＩＦＭ４０８５０

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACTTAATG AGTGCTATAC CTTGAATTGG TCAAGATATA 60

GTTGAATTTA TTTGAGGAGG TTTCTCTGTA AATAATGCAA CTTTAAATAG ATTCTTTGCA 120

TTACATTTCT TATTACCTTT TGTATTAGCT GCATTAGTTA TTATGCACTT AATAGCAATG 180

CACGATACTG TAGGATCAGG TAATCCTTTA GGTATATCAG GTAACTACGA TAGATTACCT 240

TTCGCTCCAT ATTTCGTATT CAAAGATTTA GTAACTATCT TTATTTTCTT TATAGTATTA 300

TCTATATTTG TTTTCTTCAT GCCTAACGCA TTAGGAGACA GTGAAAATTA TGTTATGGCA 360
AACCCAATGC AAACACCACC TGCTATTGTA CCAGAATGAT ACTTATTACC ATTCTATGCT 420
ATTKTAAGAT CTMTACC 437

配列番号：５２
配列の長さ：４３４
配列の型：核酸
鎖の数：両形態
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ
起源：カンジダ・ケフィール　ＩＦＭ５７７３
配列
TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATTTATTC TCAGCTATTC CATTAATTGG ACAAGATATT 60
GTATTATGAT TATGAGGAGG TTTCTCAGTA TCTAACCCTA CAATTCAAAG ATTCTTTGCA 120
TTCCATTACT TAGTACCATT TATTATTGCT GCTTGTGTAA TTATGCATTT AATGGCTTTA 180
CATACACATG GTTCATCAAA TCCTTTAGGT GTAACAGGTA ATTTAGATAG ATTACCAATG 240
CATGGATACT TTATTTTTAA AGATTTAATT ACAGTATTTG TATTCTTAAT TTTCTTCTCA 300
TTATTTGTAT TCTTCTCACC TAATACATTA GGACATCCTG ATAACTATAT TCCAGGTAAT 360
CCATTAGTAA CACCAGCATC AATTGTACCT GAATGATACT TATTACCATT TTATGCTATW 420
TTAAGATCTA TACC 434

配列番号：５３
配列の長さ：４３４
配列の型：核酸
鎖の数：両形態
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ
起源：カンジダ・ケフィール　ＩＦＭ５８００

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATTTATTC TCAGCTATTC CATTAATTGG ACAAGATATT 60
GTATTATGAT TATGAGGAGG TTTCTCAGTA TCTAACCCTA CAATTCAAAG ATTCTTTGCA 120
TTCCATTACT TAGTACCATT TATTATTGCT GCTTGTGTAA TTATGCATTT AATGGCTTTA 180
CATACACATG GTTCATCAAA TCCTTTAGGT GTAACAGGTA ATTTAGATAG ATTACCAATG 240
CATGGATACT TTATTTTTAA AGATTTAATT ACAGTATTTG TATTCTTAAT TTTCTTCTCA 300
TTATTTGTAT TCTTCTCACC TAATACATTA GGACATCCTG ATAACTATAT TCCAGGTAAT 360
CCATTAGTAA CACCAGCATC AATTGTACCT GAATGATACT TATTACCATT TTATGCTATT 420
TTAAGATCTA TACC 434

配列番号：５４

配列の長さ：４３４

配列の型：核酸

核酸鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：カンジダ・トロピカリス　ＩＦＭ４００１８

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAACTTATTA TCAGCTATAC CATTTATAGG TAATGATATA 60
GTACCATTTA TATGAGGAGG TTTCTCTGTA TCAAATCCTA CAATACAAAG ATTTTTTGCA 120
TTACATTATT TATTACCATT TATTTTAGCA GCATTAGTAG TAATGCATTT TATAGCATTA 180
CATACTCATG GATCATCTAA TCCTGTAGGA ATATCAAGTA ATTTAGATAG AATACCAATG 240
CATAGTTACT TTATATTTAA AGATTTAATT ACTGTATTTG TATTTATATT AGTATTTAGT 300
TTATTTGTAT TCTTCTCACC TAATACTTTA GGACATCCTG ATAACTATAT ACCAGGTAAT 360
CCTATGGTTA CACCTGCATC TATAGTACCT GAATGATATT TATTACCATT CTATGCTATA 420
TTAAGATCTA TACC 434

配列番号：５５

配列の長さ：４３４

配列の型：核酸

核酸鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：カンジダ・トロピカリス　ＩＦＭ４６８１６

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC WAACTTATTA TCAGCTATAC CATTTATAGG TAATGATATA 60

GTACCATTTA TATGAGGAGG TTTCTCTGTA TCAAATCCTA CAATACAAAG ATTTTTTGCA 120

TTACATTATT TATTACCATT TATTTTAGCA GCATTAGTAG TAATGCATTT TATAGCATTA 180

CATACTCATG GATCATCTAA TCCTGTAGGA ATATCAAGTA ATTTAGATAG AATACCAATG 240

CATAGTTACT TTATATTTAA AGATTTAATT ACTGTATTTG TATTTATATT AGTATTTAGT 300

TTATTTGTAT TCTTCTCACC TAATACTTTA GGACATCCTG ATAACTATAT ACCAGGTAAT 360

CCTATGGTTA CACCTGCATC TATAGTACCT GAATGATATT TATTACCATT CTATGCTATW 420

TTAAGATCTA TACC 434

配列番号：５６

配列の長さ：４３７

配列の型：核酸

核酸鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：トリコフィートン・ルブラム　ＩＦＭ４５５９３

配列

TGAGGTGCTA CAGTTATTAC TAATTTATTA AGTGCTATAC CTTGAATTGG TCAAGATTTA 60

GTAGAATTTA TTTGAGGAGG TTTTTCTGTA AATAATGCTA CATTAAATAG ATTTTTTTCT 120

TTACATTATT TATTACCTTT TATATTAGCT GCTTTAGTTT TAATGCATTT AATAGCATTA 180

CATGATACTG TTGGTTCTAG TAATCCTTTA GGTATTTCAG GTAATTATGA TAGATTACCT 240

TTTGCTCCTT ACTTTTTATT TAAAGATTTA GTTACTATTT TCTTATTTAT GCTTGGTTTA 300
TCTATATTTG TTTTCTTTAT GCCTAATGCT TTAGGTGACT GTGAAAATTA TGTAATGGCT 360
AATCCTATGC AAACACCAGC TGCTATTGTT CCTGAATGAT ATTTATTACC TTTTTATGCT 420
ATATTAAGAT CTATACC 437

配列番号：57
配列の長さ：22
配列の型：核酸
鎖の数：一本鎖
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ
配列
TGRGGWGCWA CWGTTATTAC TA 22

配列番号：58
配列の長さ：22
配列の型：核酸
鎖の数：一本鎖
トポロジー：直鎖状
ハイポセティカル配列：Ｎｏ
配列
GGWATAGMWS KTAAWAYAGC ATA 22

配列番号：59
配列の長さ：20
配列の型：核酸
鎖の数：一本鎖
トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GGTATAGMWS KTAAWAYAGC 20

配列番号：60

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GGTATAGMWG TTAAWATAGC 20

配列番号：61

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GGTATAGATC TTAAWATAGC 20

配列番号：62

配列の長さ：21

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GGTGGTGTTT GCATTGGGTT T 21

配列番号：63

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

CAATAAAGAA TATAAATATA GTTAT 25

配列番号：64

配列の長さ：26

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

TATCGTAATT ACCTGATATT CCTAAT 26

配列番号：65

配列の長さ：27

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

TGCGTTAGGC ATGAAGAATA CAAATAC 27

配列番号：66

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GCATTAGCTT TAATGCATTT AATC 24

配列番号：67

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GCATTAGCTT TAATGCATTT AATT 24

配列番号：68

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

CTGTATTTAT TTTCTTTATA GTATTATCTG 30

配列番号：69

配列の長さ：21

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

ATAGTATTAT CTGTATTTGT A 21

配列番号：70

配列の長さ：26

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

CATTAAACAG ATTCTTTGCA TTACAC 26

配列番号：71

配列の長さ：21

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GGATCAGGTA ATCCATTAGG A 21

配列番号：72

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

AATCCTTTAG GTATTTCAGC 20

配列番号：73

配列の長さ：28

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

ATTTAAAGAT TTAATAACTA TATTTATA 28

配列番号：74

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

GTTATGGCAA ACCCAATGCA AACA 24

配列番号：75

配列の長さ：21

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

配列

ATGGCAAACC CAATGCAAAC A 21

配列番号：７６

配列の長さ：434

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：カニングハメラ　ベルトレチアエ（Cunninghamella bertholletiae）

配列

TGGGGAGCAA CAGTTATTAC TAATTTATTA TCTGCTATTC CTTGGATTGG TAAAGATCTT 60

GTAGAATTTA TTTGGGGTGG TTTCAGTGTT GATAATGCTA CTTTAAATCG ATTCTTTAGT 120

CTACATTATT TATTACCATT CATTCTTGCT GCTTTAGCAG TTATGCATTT AATTGCAAAA 180

GAAGAAAATG GATCAAGTAA TCCATTAGGA ATTACAGCTA ATGCTGATAT GATTTATATG 240

CATCCATATT ATATCTTTAA AGATTTAGTA ACTATTTTCT TATTCTTCTT AGTATTAGGA 300

TTATTCTTAT TTTATGCTCC TAATAAATTA GGACATCCTG ATAATTATAT TCCAGCTAAT 360

CCAATGCAAA CTCCAGCTTC TATTGTTCCT GAGTGGTATC TATTACCATT TTATGCTATT 420

TTAASWKCTA TWCC 434

配列番号：７７

配列の長さ：434

配列の型：核酸

鎖の数：両形態

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル配列：Ｎｏ

起源：ムコール　シルシネロイデス（Mucor circinelloides）

配列

TGGGGAGCAA CAGTTATTAC TAACCTATTA TCGGCTATCC CTTGGATTGG TAAAGATTTA 60

GTAGAATTCA TCTGGGGAGG TTTCTCTGTA GATAATGCGA CATTAAACCG ATTCTTCAGT 120

CTTCACTACT TATTACCATT CATCTTAGCA GCTTTATCTT TAATGCATTT AATTGCTAAA 180

GAAGAAAATG GATCTAATAA TCCACTAGGA ATTACAGCAA ACACTGATAT GGTTTATCTT 240

CATCCTTATT ACGTATTTAA AGATTTAGTA ACAATTTTCT TATTCTTCTT AGTATTAGCT 300

TTATTCTTAT TCTATGCACC TAATAAATTA GGTCATCCTG ATAATTATAT TCCAGCTAAC 360

CCAATGCAAA CTCCTGCATC TATTGTACCA GAATGGTATC TATTACCTTT CTATGCTATT 420

TTAASWKCTA TWCC 434

請求の範囲

1．配列表の配列番号５７に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成る真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片増幅用プライマー。

2．配列表の配列番号５７（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項１記載のプライマー。

3．配列表の配列番号３に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成る真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片増幅用プライマー。

4．配列表の配列番号３（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３記載のプライマー。

5．配列表の配列番号５８に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成る真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片増幅用プライマー。

6．配列表の配列番号５８（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項５記載のプライマー。

7．配列表の配列番号５９に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成る真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片増幅用プライマー。

8．配列表の配列番号５９（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項７記

載のプライマー。

９．配列表の配列番号６０に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成る真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片増幅用プライマー。

１０．配列表の配列番号６０（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項９記載のプライマー。

１１．配列表の配列番号６１に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成る真菌のミトコンドリアのチトクロムｂ遺伝子断片増幅用プライマー。

１２．配列表の配列番号６１（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項１１記載のプライマー。

１３．各配列番号に示される一般式で表わされる塩基配列を有する核酸断片の混合物から成る請求項１ないし１２のいずれか１項に記載のプライマー。

１４．前記真菌は、アスペルギルス属真菌である請求項１ないし１３のいずれか１項記載のプライマー。

１５．前記真菌は、カンディダ属真菌である請求項１ないし１３のいずれか１項記載のプライマー。

１６．前記真菌は、カニングハメラ属真菌である請求項１ないし１３のいずれか１項記載のプライマー。

１７．前記真菌は、ムコール属真菌である請求項１ないし１３のいずれか１項記載のプライマー。

１８．前記アスペルギルス属真菌は、アスペルギルス・フミガタス、アスペルギルス・フラバス、アスペルギルス・ニガー、アスペルギルス・ニドランス及びアスペルギルス・テレウスから成る群より選ばれる請求項１４記載のプライマー。

１９．配列表の配列番号５に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列の連続する１０ないし１００塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

２０．配列表の配列番号６に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列の連続する１０ないし１００塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成るアスペルギルス・フラバス検出用核酸。

２１．配列表の配列番号７に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列の連続する１０ないし１００塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成るアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

２２．配列表の配列番号８に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列の連続する１０ないし１００塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成るアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

２３．配列表の配列番号９に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列の連続する１０ないし１００塩基から成る塩基配列を有する核酸断片から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

２４．前記連続する１０ないし１００塩基は、１５ないし３０塩基である請求項１９ないし２３のいずれか１項記載の検出用核酸。

２５．配列表の配列番号５に示す配列の２４番目のＴを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号５に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

２６．配列表の配列番号５に示す配列の９９番目のＴを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号５に示す配列の相補的配列の上記に対

応する塩基を３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

２７．配列表の配列番号５に示す配列の１４４番目のＴを３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号５に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

２８．配列表の配列番号５に示す配列の２５２番目のＣを３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号５に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

２９．配列表の配列番号５に示す配列の２７７番目のＧを３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号５に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

３０．配列表の配列番号５に示す配列の３０４番目のＧを３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号５に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

３１．配列表の配列番号５に示す配列の３１２番目のＡを３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号５に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

３２．配列表の配列番号５に示す配列の３９３番目のＧを３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号５に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

３３．配列表の配列番号６に示す配列の１７４番目のＹを３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号６に示す配列の相補的配列の上記に

対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・フラバス検出用核酸。

３４．配列表の配列番号７に示す配列の４２番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号７に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

３５．配列表の配列番号７に示す配列の６９番目のＣを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号７に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

３６．配列表の配列番号７に示す配列の１２６番目のＣを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号７に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

３７．配列表の配列番号７に示す配列の２０７番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号７に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

３８．配列表の配列番号７に示す配列の２１３番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号７に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

３９．配列表の配列番号７に示す配列の２４６番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号７に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

４０．配列表の配列番号７に示す配列の３９６番目のＧを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号７に示す配列の相補的配列の上記に

対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

４１．配列表の配列番号８に示す配列の６０番目のＴを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号８に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

４２．配列表の配列番号８に示す配列の２２１番目のＣを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号８に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

４３．配列表の配列番号８に示す配列の２７１番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号８に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

４４．配列表の配列番号８に示す配列の２８５番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号８に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

４５．配列表の配列番号８に示す配列の３６６番目のＴを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号８に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

４６．配列表の配列番号８に示す配列の３８７番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号８に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

４７．配列表の配列番号９に示す配列の２５番目のＴを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に対

応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

４８．配列表の配列番号９に示す配列の４８番目のＴを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

４９．配列表の配列番号９に示す配列の１６２番目のＴを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

５０．配列表の配列番号９に示す配列の２２５番目のＣを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

５１．配列表の配列番号９に示す配列の２６１番目のＣを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

５２．配列表の配列番号９に示す配列の３３９番目のＣを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

５３．配列表の配列番号９に示す配列の３６０番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

５４．配列表の配列番号９に示す配列の３７５番目のＡを３´末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に

対応する塩基を３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

５５．配列表の配列番号９に示す配列の４１１番目のＡを３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸、または配列番号９に示す配列の相補的配列の上記に対応する塩基を３′末端とする、少なくとも１０塩基以上の核酸から成るアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

５６．核酸の塩基数が１０ないし１００である請求項２５ないし５５のいずれか１項に記載の核酸。

５７．核酸の塩基数が１５ないし３０である請求項５６記載の核酸。

５８．前記検出用核酸は核酸増幅用プライマーである請求項２５ないし５７のいずれか１項記載の検出用核酸。

５９．前記検出用核酸は標識されたプローブである請求項２５ないし５７のいずれか１項記載の検出用核酸。

６０．配列表の配列番号１０に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３０記載のアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

６１．配列表の配列番号１１に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３３記載のアスペルギルス・フラバス検出用核酸。

６２．配列表の配列番号１２に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３３記載のアスペルギルス・フラバス検出用核酸。

６３．配列表の配列番号１３に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３６記載のアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

６４．配列表の配列番号１４に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項４２記載のアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

６５．配列表の配列番号１５に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項５４記載のアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

６６．配列表の配列番号６２に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項５３記載のアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

６７．配列表の配列番号６３に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項４３記載のアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

６８．配列表の配列番号６４に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３７記載のアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

６９．配列表の配列番号６５に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３０記載のアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

７０．配列表の配列番号６６に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３７記載のアスペルギルス・フラバス検出用核酸。

７１．配列表の配列番号６７に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３７記載のアスペルギルス・フラバス検出用核酸。

７２．配列表の配列番号６８に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３０記載のアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

７３．配列表の配列番号６９に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３１記載のアスペルギルス・フミガタス検出用核酸。

７４．配列表の配列番号７０に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミン

はウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３６記載のアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

７５．配列表の配列番号７１に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項３８記載のアスペルギルス・ニガー検出用核酸。

７６．配列表の配列番号７２に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項４２記載のアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

７７．配列表の配列番号７３に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項４４記載のアスペルギルス・ニドランス検出用核酸。

７８．配列表の配列番号７４に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項５４記載のアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

７９．配列表の配列番号７５に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）又はその相補的な塩基配列を有する核酸断片から成る請求項５４記載のアスペルギルス・テレウス検出用核酸。

８０．フォワード側プライマーである請求項１又は２記載のプライマー。

８１．フォワード側プライマーである請求項７０ないし７９記載の核酸。

８２．リバース側プライマーである請求項３ないし１１のいずれか１項に記載のプライマー。

８３．リバース側プライマーである請求項６０ないし６９のいずれか１項に記載の核酸。

８４．配列表の配列番号１及び２に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片からなるフォワード側プライマー並びに請求項８０記載のフォワード側プライマーの少なくともいずれかと、請求項８３記載のリバース側プライマーの少なくともいずれかとを用いて遺伝子増幅法によりアス

ペルギルス属真菌のチトクロムｂ遺伝子断片を増幅することによりアスペルギルス属真菌を検出及び／又は同定する方法。

８５．請求項８１記載のフォワード側プライマーの少なくともいずれかと、請求項８２記載のリバース側プライマー及び配列表の配列番号４に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）の相補的配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片からなるリバース側プライマーの少なくともいずれかとを用いて遺伝子増幅法によりアスペルギルス属真菌のチトクロムｂ遺伝子断片を増幅することによりアスペルギルス属真菌を検出及び／又は同定する方法。

８６．配列表の配列番号１及び２に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片からなるフォワード側プライマー並びに請求項８０記載のフォワード側プライマーの少なくともいずれかと、請求項８２記載のリバース側プライマー及び配列表の配列番号４に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）の相補的配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片からなるリバース側プライマーの少なくともいずれかとを用いて遺伝子増幅法により真菌のチトクロムｂ遺伝子断片を増幅することにより真菌を検出する方法。

８７．配列表の配列番号５ないし９のいずれかに記載の塩基配列を有するＤＮＡ断片。

［１９９８年２月１３日（１３．０２．９８）国際事務局受理：出願当初の請求の範囲８７は取り下げられた；他の請求の範囲は変更なし。（１頁）］

ス属真菌を検出及び／又は同定する方法。

８５．請求項８１記載のフォワード側プライマーの少なくともいずれかと、請求項８２記載のリバース側プライマー及び配列表の配列番号４に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）の相補的配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片からなるリバース側プライマーの少なくともいずれかとを用いて遺伝子増幅法によりアスペルギルス属真菌のチトクロムｂ遺伝子断片を増幅することによりアスペルギルス属真菌を検出及び／又は同定する方法。

８６．配列表の配列番号１及び２に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片からなるフォワード側プライマー並びに請求項８０記載のフォワード側プライマーの少なくともいずれかと、請求項８２記載のリバース側プライマー及び配列表の配列番号４に示される塩基配列（ただし、任意の位置のチミンはウラシルに置換されていてもよい）の相補的配列のうち連続する少なくとも１０塩基から成る塩基配列を有する核酸断片からなるリバース側プライマーの少なくともいずれかとを用いて遺伝子増幅法により真菌のチトクロムｂ遺伝子断片を増幅することにより真菌を検出する方法。

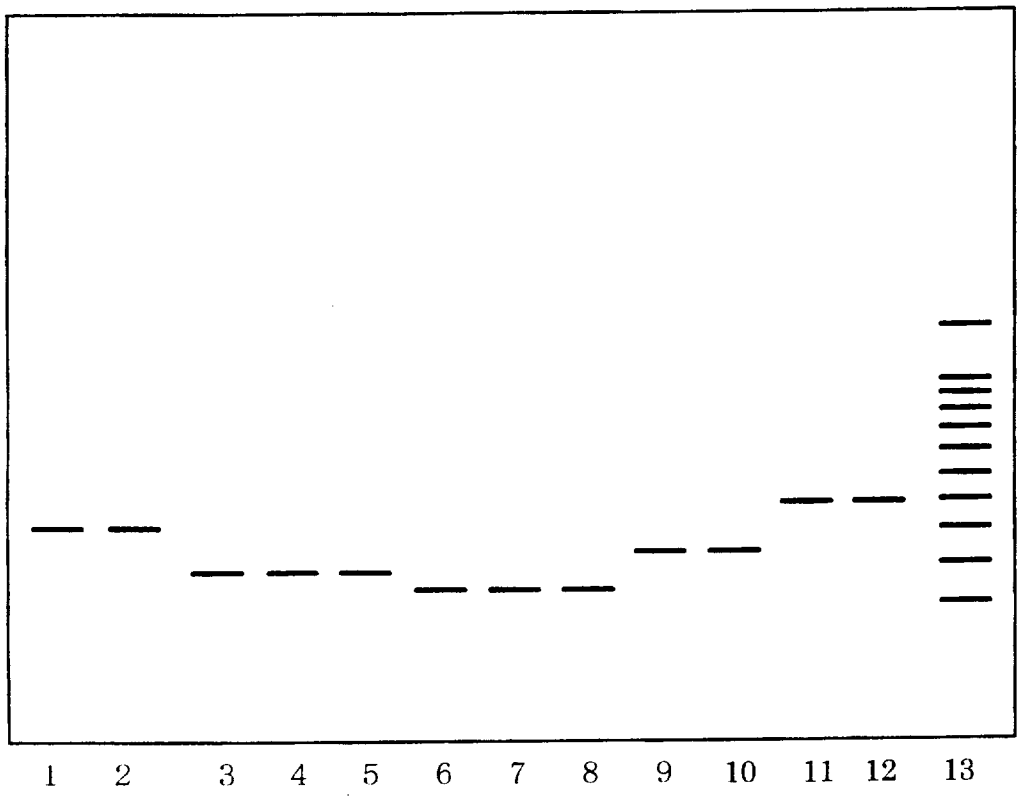


図 1

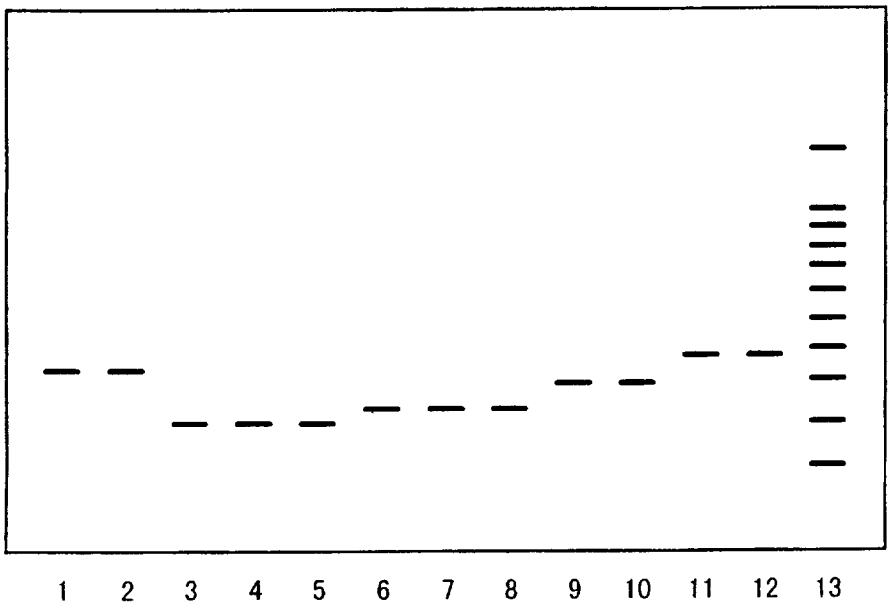


図2

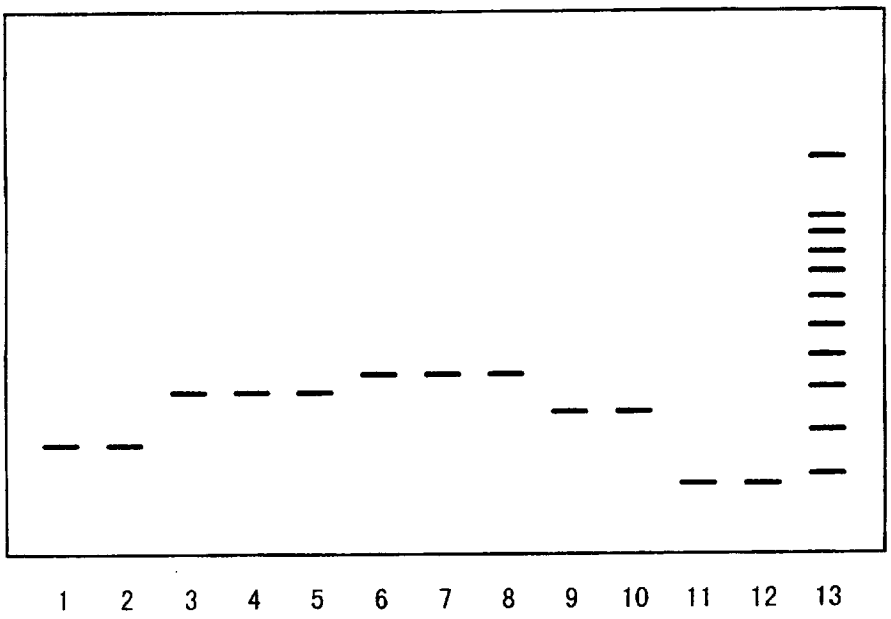


図3

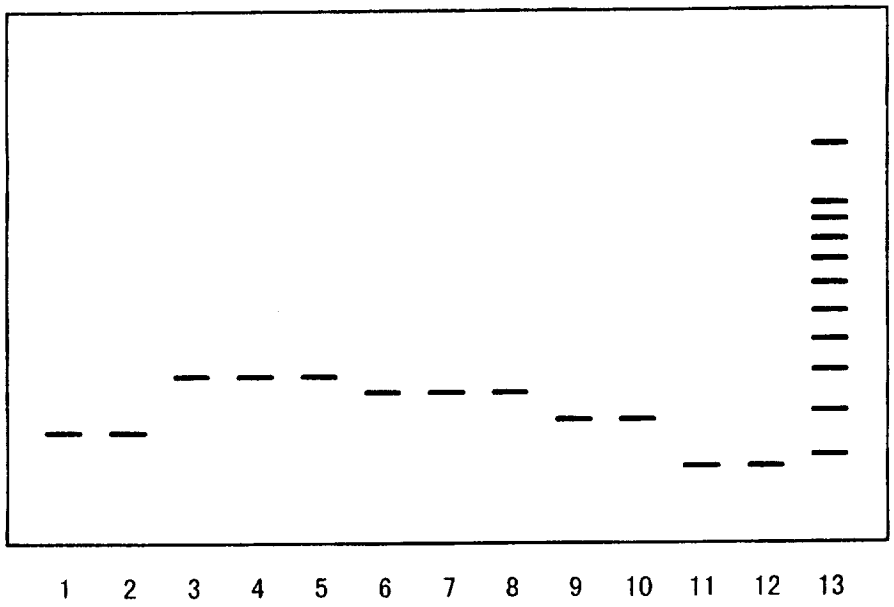


図4

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/JP97/03164

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER Int. Cl^6 C12N15/31, C12Q1/68 // (C12N15/31, C12R1:68), (C12N15/31, C12R1:67), (C12N15/31, C12R1:685), (C12N15/31, C12R1:66), (C12N15/31, C12R1:72),
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
Int. Cl^6 C12N15/31, C12Q1/68

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
REGISTRY(STN), WPI(DIALOG), CA(STN), BIOSIS(DIALOG), GENETYX

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X A	Cell 27 (1981) R.B. Waring et al. "The Mosaic Organization of the Apocytochrome b Gene of Aspergillus nidulans Revealed by DNA Sequencing" p. 4-11	87 1 - 86
A	Curr. Genet. 16 (1989) D.J. Cummings et al. "DNA sequence analysis of the apocytochrome b gene of Podospora anserina: a new family of intronic reading frame" p. 407-418	1 - 87

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C. ☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
"E" earlier document but published on or after the international filing date
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed
"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search	Date of mailing of the international search report
December 2, 1997 (02. 12. 97)	December 16, 1997 (16. 12. 97)
Name and mailing address of the ISA/ Japanese Patent Office Facsimile No.	Authorized officer Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/JP97/03164

A. (Continuation) CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

(C12N15/31, C12R1:645), (C12N15/31, C12R1:785)

国際調査報告

国際出願番号　ＰＣＴ／ＪＰ９７／０３１６４

A.　発明の属する分野の分類（国際特許分類（ＩＰＣ））
Int.Cl.' C12N15/31, C12Q1/68 // (C12N15/31,C12R1:68), (C12N15/31,C12R1:67), (C12N15/31,C12R1:685), (C12N15/31,C12R1:66), (C12N15/31,C12R1:72), (C12N15/31,C12R1:645), (C12N15/31,C12R1:785)

B.　調査を行った分野

調査を行った最小限資料（国際特許分類（ＩＰＣ））

Int.Cl.' C12N15/31, C12Q1/68

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース（データベースの名称、調査に使用した用語）
REGISTRY(STN)、 WPI(DIALOG)
CA(STN)、 BIOSIS(DIALOG)
GENETYX

C.　関連すると認められる文献

引用文献のカテゴリー＊	引用文献名　及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する請求の範囲の番号
X A	Cell 27 (1981) R.B.Waring et al 「The Mosaic Orgnization of the Apocytochrome b Gene of Aspergillus nidulans Revealed by DNA Sequencing」 p.4-11	87 1-86
A	Curr.Genet. 16 (1989) D.J.Cummings et al 「DNA sequence analysis of the apocytochrome b gene of Podospora anserina : a new family of intronic reading frame」 p.407-418	1-87

☐ Ｃ欄の続きにも文献が列挙されている。　☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

＊　引用文献のカテゴリー
「Ａ」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
「Ｅ」先行文献ではあるが、国際出願日以後に公表されたもの
「Ｌ」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献（理由を付す）
「Ｏ」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
「Ｐ」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願の日の後に公表された文献
「Ｔ」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
「Ｘ」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
「Ｙ」特に関連のある文献であって、当該文献と他の１以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
「＆」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日
０２．１２．９７

国際調査報告の発送日
16.12.97

国際調査機関の名称及びあて先
日本国特許庁（ＩＳＡ／ＪＰ）
郵便番号１００
東京都千代田区霞が関三丁目４番３号

特許庁審査官（権限のある職員）　４Ｂ　９５４８
田中　美奈子　印

電話番号　０３－３５８１－１１０１　内線　３４４９

様式ＰＣＴ／ＩＳＡ／２１０（第２ページ）（１９９２年７月）