

クロマチンマッピングによるバクテリアが引き金となる重要な調節因子 **BasR** の発見

加藤翔

著者らは過去に *Aspergillus nidulans* と *Streptomyces rapamycinicus* の共培養において、*A. nidulans* のヒストンのアセチル化が亢進し、休眠していた二次代謝生合成遺伝子(オルセリン酸生合成遺伝子)が転写されることを見出していた。しかし、それらに関与する因子や分子メカニズムは未だ不明であった。本論文では共培養条件における *A. nidulans* の ChIP-seq 解析により特徴的なヒストンアセチル化の変化を見出した。アセチル化されたヒストンの存在する領域には窒素代謝やシグナリングに関わる遺伝子が含まれていた。更に転写因子に絞って解析を行ったところ、Myb 遺伝子に類似した転写因子 BasR を発見し、糸状菌におけるバクテリア由来のシグナルに関与することを見出した。

紹介論文

Chromatin mapping identifies BasR, a key regulator of bacteria-triggered production of fungal secondary Metabolites

Juliane Fischer^{1,2†}, Sebastian Y Müller^{3†‡}, Tina Netzker^{1†}, Nils Jaeger^{4†}, Agnieszka Gacek-Matthews^{5,6}, Kirstin Scherlach⁷, Maria C Stroe^{1,2}, Mari'a Garc'a-Altares⁷, Francesco Pezzini^{3§}, Hanno Schoeler^{1,2}, Michael Reichelt⁸, Jonathan Gershenzon⁸, Mario KC Krespach^{1,2}, Ekaterina Shelest^{3§}, Volker Schroeckh¹, Vito Valiante⁹, Thorsten Heinzl⁴, Christian Hertweck^{7,10}, Joseph Strauss^{5*}, Axel A Brakhage^{1,2*}

eLife 2018;7:e40969. DOI: <https://doi.org/10.7554/eLife.40969>

要旨

The eukaryotic epigenetic machinery can be modified by bacteria to reprogram the response of eukaryotes during their interaction with microorganisms. We discovered that the bacterium *Streptomyces rapamycinicus* triggered increased chromatin acetylation and thus activation of the silent secondary metabolism *ors* gene cluster in the fungus *Aspergillus nidulans*. Using this model, we aim understanding mechanisms of microbial communication based on bacteria-triggered chromatin modification. Using genome-wide ChIP-seq analysis of acetylated histone H3, we uncovered the unique chromatin landscape in *A. nidulans* upon co-cultivation with *S.rapamycinicus* and relate changes in the acetylation to that in the fungal transcriptome. Differentially acetylated histones were detected in genes involved in secondary metabolism, in amino acid and nitrogen metabolism, in signaling, and encoding transcription factors. Further molecular analyses identified the Myb-like transcription factor BasR as the regulatory node for transduction of the bacterial signal in the fungus and show its function is conserved in other *Aspergillus* species.