

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

| | | | | | |
|---|---------|--|--------------|-------------|---------------|
| 研究テーマ (和文) AB | | 糸状菌セルラーゼ遺伝子群の発現制御に関わる情報伝達・転写制御系の解明 | | | |
| 研究テーマ (欧文) AZ | | Signal transduction and regulatory mechanisms involved in cellulase gene expression in filamentous fungi | | | |
| 研究氏 代 表 名 者 | カカナ CC | 姓)コバヤシ | 名)テツオ | 研究期間 B | 2016 ~ 2018 年 |
| | 漢字 CB | 小林 | 哲夫 | 報告年度 YR | 2018 年 |
| | ローマ字 CZ | Kobayashi | Tetsuo | 研究機関名 | 名古屋大学 |
| 研究代表者 CD 所属機関・職名 | | 名古屋大学大学院生命農学研究科・教授 | | | |
| 概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。) | | | | | |
| <p>モデル糸状菌 <i>Aspergillus nidulans</i> のセルラーゼ遺伝子の発現誘導には ClrB と McmA という2種の転写因子が関わっており、ClrB はセロビオースとマンノビオースにより活性化される。また、ClrB パラログでマンナーゼ遺伝子発現誘導に関わる ManS はマンノビオース存在下で ClrB 依存的転写を抑制する。</p> <p>McmA の活性化条件を探るため様々な条件下での McmA の動態を解析した。しかし、いずれの条件下においても翻訳後修飾や安定性の変化は認められなかった。ClrB の動態や ClrB と McmA 間の条件特異的相互作用についても解析する予定であったが、タグ融合により ClrB が失活してしまうため断念した。ManS については、本因子はセルラーゼ遺伝子の転写を抑制するが、一部のマンナーゼ遺伝子では逆に ClrB が ManS 依存的転写を抑制した。そこで、マンナーゼ遺伝子プロモーター上の ManS と ClrB の結合配列の同定を行ったところ、ManS は CGGN_{15/16}CCG と CGGN_{8/9}CCG に結合し、ClrB は後者のみに結合した。CGGN₈CCG は McmA 非依存的で ClrB 依存的な遺伝子発現に関わるため、両因子が CGGN_{8/9}CCG への結合で競合することで転写抑制が起こると示唆された。</p> <p>セルラーゼ遺伝子のカーボンカタボライト抑制(CCR)では、転写抑制因子 CreA と独立してプロテインキナーゼ A (PkaA)が関与する。しかし、アミラーゼ、マンナーゼ、キシラナーゼ遺伝子では PkaA の関与は微弱であり、CreA が転写抑制の主要な因子であった。一方、PkaA 上流の Gα (GanB)は、セルラーゼ、マンナーゼ、キシラナーゼ遺伝子の CCR に関わっており、脱ユビキチン化酵素 CreB は既知のアミラーゼに加えて、セルラーゼ、マンナーゼ、キシラナーゼ遺伝子の CCR にも関わっていた。すなわち、CreA、PkaA、GanB、CreB が一部重複しながらも独立して CCR に関与し、各因子の寄与度は酵素種によって異なるという極めて複雑な CCR の存在が明らかとなった。</p> | | | | | |
| キーワード FA | セルラーゼ | 転写制御 | カーボンカタボライト抑制 | プロテインキナーゼ A | |

(以下は記入しないでください。)

| | | | | | | | | | | | | | |
|------------|--|--|--|--|-----------|--|--|--|--|--|--|--|--|
| 助成財団コード TA | | | | | 研究課題番号 AA | | | | | | | | |
| 研究機関番号 AC | | | | | シート番号 | | | | | | | | |

| 発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。） | | | | | | | | | |
|-----------------------------------|--------------------|---|-------------------|--|--|--|--|--------------------|--|
| 雑誌 | 論文標題 ^{GB} | | | | | | | | |
| | 著者名 ^{GA} | | 雑誌名 ^{GC} | | | | | | |
| | ページ ^{GF} | ～ | 発行年 ^{GE} | | | | | 巻号 ^{GD} | |
| 雑誌 | 論文標題 ^{GB} | | | | | | | | |
| | 著者名 ^{GA} | | 雑誌名 ^{GC} | | | | | | |
| | ページ ^{GF} | ～ | 発行年 ^{GE} | | | | | 巻号 ^{GD} | |
| 雑誌 | 論文標題 ^{GB} | | | | | | | | |
| | 著者名 ^{GA} | | 雑誌名 ^{GC} | | | | | | |
| | ページ ^{GF} | ～ | 発行年 ^{GE} | | | | | 巻号 ^{GD} | |
| 図書 | 著者名 ^{HA} | | | | | | | | |
| | 書名 ^{HC} | | | | | | | | |
| | 出版者 ^{HB} | | 発行年 ^{HD} | | | | | 総ページ ^{HE} | |
| 図書 | 著者名 ^{HA} | | | | | | | | |
| | 書名 ^{HC} | | | | | | | | |
| | 出版者 ^{HB} | | 発行年 ^{HD} | | | | | 総ページ ^{HE} | |

欧文概要 EZ

Induction of cellulase genes in *Aspergillus nidulans* is regulated by two transcription factors ClrB and McmA, and ClrB-dependent expression is activated by cellobiose and mannobiose. ClrB paralogue ManS, involved in induction of mannanase genes, represses ClrB-dependent cellulase gene expression in the presence of mannobiose.

To identify conditions required for McmA activation, post-translational modification and stability of McmA were analyzed under various cultural conditions, however, no changes were observed. As to ClrB and ManS, ClrB repressed ManS-dependent expression of mannanase genes as ManS does as described above, indicating competition between these transcription factors. Identification of ManS and ClrB binding sites on the mannanase gene promoters revealed CGGN_{15/16}CCG as the ManS-specific binding site and CGGN_{8/9}CCG as the common binding site for ManS and ClrB. This suggests that ManS and ClrB compete for binding to the CGGN_{8/9}CCG site, which might be the cause of the mutual repression.

In carbon catabolite repression (CCR) of cellulase genes, protein kinase A (PkaA) functions independently to CreA, the transcriptional repressor for CCR, while CreA was the main factor in CCR of amylase, mannanase, and xylanase genes with weak or non-detectable involvement of PkaA. Surprisingly, Ga (GanB), upstream factor of PkaA in cAMP signaling pathway, regulated CCR of cellulase, mannanase, and xylanase genes, while de-ubiquitinase CreB did that of all polysaccharide degrading enzyme genes so far mentioned. These revealed existence of extremely complex regulatory system in CCR of polysaccharide degrading enzyme genes.