

アスペルギルスのヌクレオソーム形成に関する研究

西田 洋巳

(富山県立大学 工学部)

研究の目的

真核細胞生物のゲノム DNA はヒストン 8 量体 (コアヒストン) に 2 回弱巻きつきヌクレオソームを形成している。ヌクレオソームはゲノム DNA をコンパクトに収納する役割を持つだけでなく、ヌクレオソーム形成の位置 (特に遺伝子プロモータ領域における位置) が遺伝子発現に強く影響している。

子囊菌類に属する酵母のヌクレオソーム形成様式が種によって違っていることが示されているが¹⁾、子囊菌酵母以外の菌類のヌクレオソーム情報は乏しい。そこで、我々は糸状菌類としては世界で初めてアスペルギルス・フミガタスのゲノムワイドなヌクレオソームの位置を明らかにし、遺伝子プロモータ領域におけるヌクレオソームの位置が細胞間で高度に保存されていることを示した²⁾。

ヒト、イネ、シロイヌナズナにおいてエキソン領域がイントロン領域よりも DNA の GC 含量が高くなっていること³⁾、エキソンのヌクレオソーム形成頻度が高いこと⁴⁾が示された。

アスペルギルス・フミガタス以外のアスペルギルス属菌種であるアスペルギルス・ニデュランスおよびアスペルギルス・オリゼのゲノムワイドなヌクレオソームマップ (ヌクレオソームの位置をゲノムにマップすること) を完成させ、アスペルギルスのゲノム DNA の GC 含量とヌクレオソーム形成の関連を明らかにすることが本研究の目的である。

方法

アスペルギルス・ニデュランス A4 株およびアスペルギルス・オリゼ RIB40 株のクロマチンに対してマイクロコッカール・ヌクレアーゼ処理を行い、その分解産物をアガロースゲル電気泳動により分離し、単一ヌクレオソーム DNA 断片を切り出し精製した。イルミナゲノム解析装置を用いてその DNA 断片の両端塩基配列を決定し、それらをゲノム塩基配列にマップすることにより、その位置を明らかにした。ヌクレオソームの位置はマップされた領域の中点とし、ヌクレオソーム密度は領域にマップされた数をエキソンおよびイントロンの長さで割ったものとした。

結果

アスペルギルス・ニデュランスでは 36,871,528、アスペルギルス・オリゼでは 43,690,293 のヌクレオソームの位置を決定した。エキソン領域の GC 含量はアスペルギルス・ニデュランスでは平均 51.6% (標準偏差 5.33)、アスペルギルス・オリゼでは平均 50.0% (標準偏差 5.21) であり、イントロンの GC 含量はアスペルギルス・ニデュランスでは平均 46.6% (標準偏差 6.54)、アスペルギルス・オリゼでは平均 44.3% (標準偏差 5.92) であ

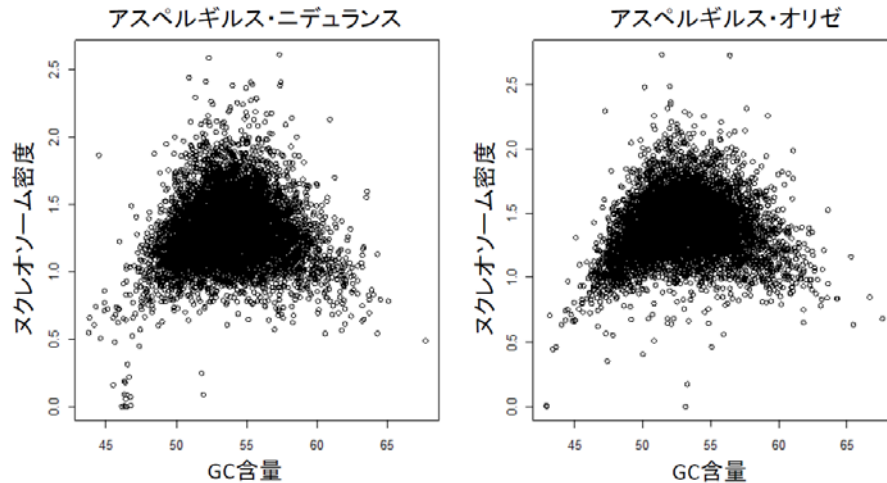


図 1 アスペルギルス・ニデュランスおよびアスペルギルス・オリゼのオルソログ遺伝子領域における GC 含量とヌクレオソーム密度の関係
 スピアマンの順位相関係数はアスペルギルス・ニデュランスが 0.084、アスペルギルス・オリゼが 0.15 であった。

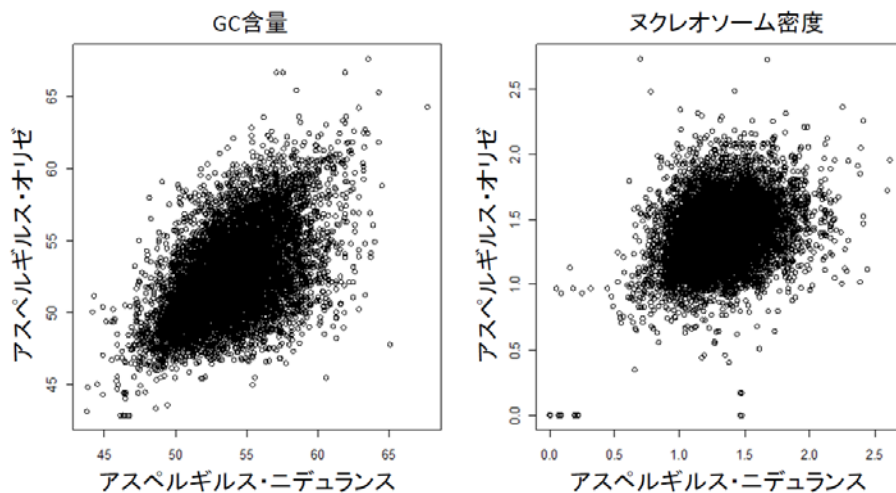


図 2 アスペルギルス・ニデュランスとアスペルギルス・オリゼのオルソログ遺伝子間における GC 含量およびヌクレオソーム密度の関係
 スピアマンの順位相関係数は GC 含量の場合には 0.51、ヌクレオソーム密度の場合には 0.31 であった。

った⁵⁾。

両アスペルギルス属菌種間のオルソログ遺伝子は 9616 存在し、その各エクソンにおける GC 含量とヌクレオソーム密度の関係を図 1 に示した⁵⁾。オルソログ間における GC 含量の関係およびヌクレオソーム密度の関係を図 2 に示した⁵⁾。

結論

エクソン領域におけるヌクレオソーム密度はアスペルギルス・ニデュランスおよびアスペルギルス・オリゼともに GC 含量が 54% 付近で最大となり、そこから離れると下がることが示された。また、オルソログ遺伝子間における保存度は GC 含量の方がヌクレ

オソーム密度よりも高く、進化的に GC 含量は保存されていてもヌクレオソームの形成様式は種によって違っていることを示している⁵⁾。本研究結果より、アスペルギルスにおける種分化とヌクレオソーム形成様式は関連があると考えられる。

文献

- 1) Tsankov, A. M., Thompson, D. A., Socha, A., Regev, A., and Rando, O. J. (2010) The role of nucleosome positioning in the evolution of gene regulation. *PLoS Biol.* **8**: e1000414.
- 2) Nishida, H., Motoyama, T., Yamamoto, S., Aburatani, H., and Osada, H. (2009) Genome-wide maps of mono- and di-nucleosomes of *Aspergillus fumigatus*. *Bioinformatics* **25**: 2295-2297.
- 3) Yu, J. *et al.* (2002) A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *indica*). *Science* **296**: 79-92.
- 4) Schwartz, S., Meshorer, E., and Ast, G. (2009) Chromatin organization marks exon-intron structure. *Nat. Struct. Mol. Biol.* **16**: 990-995.
- 5) Nishida, H., Katayama, T., Suzuki, Y., Kondo, S., and Horiuchi, H. (2013) Base composition and nucleosome density in exonic and intronic regions in genes of the filamentous ascomycetes *Aspergillus nidulans* and *Aspergillus oryzae*. *Gene* **525**: 5-10.