

植物病原性バクテリアと真菌間の小分子を介した保存された応答

加藤翔

微生物叢や根圏での小分子シグナルは生物間の主要なコミュニケーションの一つとして知られている。微生物の生産する二次代謝産物の生産性と個々の応答についてはよく研究されている一方で、共生や拮抗的な関係性における二次代謝産物に対する潜在的に保存された応答は未だ不明である。今回著者らは植物病原微生物である *Ralstonia solanacearum* と *Fusarium fujikuroi* の共培養により ralsolamycin が bikaverin を誘導されることを見出した。同様の実験を近縁種である *Botrytis cinerea* に対しても行ったところ、同様の形態変化と赤色色素の生産が誘導された。その結果、植物病原バクテリア *Ralstonia solanacearum* と植物病原糸状菌 *Fusarium fujikuroi*, *Botrytis cinerea* 間における二次代謝産物を介した保存された応答と見出した。

紹介論文

Conserved responses in a war of small molecules between a plant pathogenic bacterium and fungi

Spraker JE, Wiemann P, Baccile JA, Venkatesh N, Schumacher J, Schroeder FC, Sanchez LM, Keller NP

mbio 2018 May 22;9(3). pii: e00820-18.,

要旨

Microbial secondary metabolite (SM) production and responses of individual species have been studied extensively, little is known about potentially conserved roles of SM signals in multilayered symbiotic or antagonistic relationships. Here, we characterize the SM-mediated interaction between the plant-pathogenic bacterium *Ralstonia solanacearum* and the two plant-pathogenic fungi *Fusarium fujikuroi* and *Botrytis cinerea*. Fungal bikaverin production is induced and preferentially accumulates in chlamyospores only when exposed to supernatants of ralsolamycin producing strains of *R. solanacearum*. Although inactivation of bikaverin biosynthesis moderately increases chlamyospore invasion by *R. solanacearum*. Based on our findings that bikaverin antagonizes *R. solanacearum* and that ralsolamycin induces bikaverin biosynthesis in *F. fujikuroi*. We asked whether other bikaverin-producing fungi show similar responses to ralsolamycin. Examining a strain of *B. cinerea* that horizontally acquired the bikaverin gene cluster from *Fusarium*, we found that ralsolamycin induced bikaverin biosynthesis in this fungus. Our results suggest that conservation of microbial SM responses across distantly related fungi may arise from horizontal transfer of protective gene clusters that are activated by conserved regulatory cues, e.g., a bacterial lipopeptide, providing consistent fitness advantages in dynamic polymicrobial networks.