

Título: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LA DEGRADACIÓN ANAERÓBICA DE TOLUENO Y M-XILENO EN AZOARCUS SP. CIB.

Nombre: BLAZQUEZ CASTIÑEIRA, BLAS

Universidad: Universidad Complutense de Madrid

Departamento: Bioquímica y biología molecular I

Fecha de lectura: 04/06/2009

Programa de doctorado: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

Dirección:

> **Director:** Manuel Carmona Pérez

> **Director:** EDUARDO DIAZ FERNANDEZ

Tribunal:

> **presidente:** JULIAN PERERA GONZALEZ

> **secretario:** OLIVER DRZYZGA

> **vocal:** MARÍA DEL ROSARIO MUÑOZ MORENO

> **vocal:** ABRAHAM ESTEVE NUÑEZ

> **vocal:** INÉS CANOSA PÉREZ-FRAGERO

Descriptores:

> CIENCIAS DE LA VIDA

El fichero de tesis no ha sido incorporado al sistema.

Resumen: En esta Tesis, se ha identificado el cluster génico *bss/bbs* responsable de la degradación anaeróbica de tolueno en la bacteria desnitrificante *Azoarcus* sp. CIB. Por primera vez se ha demostrado que los genes *bbs* son también imprescindibles para el catabolismo anaeróbico del *m*-xileno, y se ha estudiado en un mismo microorganismo la organización transcripcional de un cluster *bss/bbs* completo. El cluster de genes *bss/bbs* se organiza en cuatro operones: un operón regulador (*tdiSR*), dos operones catabólicos (*bss* y *bbs*), y un operón que incluye al gen *tol*, el cual no es imprescindible para el crecimiento en tolueno/*m*-xileno. La expresión de los operones *bss* y *bbs* está controlada por el sistema regulador de dos componentes *TdiS* (histidín-quinasa) y *TdiR* (regulador de respuesta). *TdiR* es un regulador transcripcional que activa, en presencia de los inductores bencilsuccinato/3-metilbencilsuccinato, la expresión de los genes *bss* y *bbs*. A la regulación específica mediada por *TdiSR* se superpone una regulación sobreimpuesta que responde a la ausencia de oxígeno y la presencia de otras fuentes de carbono preferentes (represión catabólica). El gen *tol* codifica una proteína que posee una arquitectura modular no descrita hasta la fecha, presentando un supradominio N-terminal sensor y un supradominio C-terminal catalítico con actividad fosfodiesterasa sobre el segundo mensajero di-GMPc, lo que sugiere su implicación en los mecanismos de adaptación de la célula al consumo de hidrocarburos aromáticos, y predice una nueva función para el di-GMPc en bacterias controlando la respuesta al estrés causado por estos compuestos tóxicos. En esta Tesis también se ha caracterizado el primer gen *gcdH* bacteriano que codifica la

actividad glutaril-CoA dehidrogenasa. Esta enzima cataliza una etapa clave en la ruta baja del benzoil-CoA con la conversión del glutaril-CoA en crotonil-CoA. En posición divergente al gen *gcdH* se encuentra el gen *gcdR*, que codifica un regulador transcripcional de la familia LysR y que controla la expresión del promotor del gen *gcdH* activando su expresión en presencia de los compuestos inductores glutarato y glutaconato. Esta estrategia de regulación del gen *gcdH* en *Azoarcus* sp. CIB se ha demostrado estar conservada en proteobacterias pertenecientes a otros grupos filogenéticos.