

Título: ESTUDIO DE LOS GENES IMPLICADOS EN LA DEGRADACIÓN DEL ÁCIDO FENILACÉTICO EN PSEUDOMONAS SP. Y2

Nombre: BARTOLOMÉ MARTÍN, DAVID

Universidad: Universidad Complutense de Madrid

Departamento: Bioquímica y biología molecular I

Fecha de lectura: 16/11/2006

Programa de doctorado: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

Dirección:

> **Director:** JULIÁN PARERA GONZÁLEZ

Tribunal:

> **presidente:** MARGARITA MARTÍN FERNÁNDEZ

> **secretario:** ANTONIO TORMO GARRIDO

> **vocal:** Fernando Rojo de Castro

> **vocal:** JUAN LUIS RAMOS MARTIN

> **vocal:** JOSE MARÍA LUENGO RODRÍGUEZ

Descriptores:

> BIOQUIMICA MOLECULAR

El fichero de tesis no ha sido incorporado al sistema.

Localización: PABELLÓN DE GOBIERNO - UNIVERSIDAD COMPLUTENSE DE MADRID ISAAC PERAL, S/N 28040 MADRID

Resumen: El estudio de la degradación de compuestos aromáticos por los microorganismos presenta gran interés, puesto que un mayor conocimiento de esos procesos puede llegar a permitir la eliminación de contaminantes del medio ambiente, entre otras varias aplicaciones.

Pseudomonas sp. Y2 es capaz de degradar el estireno, un compuesto aromático de amplio uso industrial, hasta ácido fenilacético AFA, que es después catabolizado completamente. Estudios previos de nuestro grupo habían conducido al aislamiento y caracterización de los genes *sty*, encargados de la conversión del estireno en AFA.

En este trabajo se ha llevado a cabo el aislamiento y caracterización de los genes *paa*, implicados en la degradación del AFA hasta intermediarios del ciclo de Krebs. Se han secuenciado dos regiones del genoma de *Pseudomonas* ps.Y2 denominadas *paa1* y *paa2*, con un tamaño de 20,5kb y 21,5 kb, respectivamente, que contienen dos conjuntos completos de genes capaces de catabolizar el AFA. Se ha realizado un análisis, mediante diversos programas informáticos, de las secuencias de nucleótidos obtenidas. La región *paa1* contiene un total de 18 genes, mientras que la *paa2* contiene 21 genes, de los cuales cuatro no guardan relación con el catabolismo del AFA.

Tanto los genes *paa1* como los *paa2* son funcionales, pudiendo llevar a cabo la degradación del AFA de forma independiente, y se ha construido un plásmido movilizable con los genes *paa1*, que proporciona a otras

bacterias la capacidad de emplear AFA como fuente de carbono y energía. *Pseudomonas* sp. Y2 es capaz de degradar estireno, 2-feniletanol, 2,-feniletilamina y fenilacetaldehído tras convertir estos compuestos en AFA, lo que confirma la existencia un análisis de la expresión de los genes *sty* y *paa* bajo diversas condiciones, lo que ha permitido comprobar, entre otros datos, que el gen *crc* participa en la represión catabólica de los genes *sty* por AFA y pro medio rico LB.