

BIĄŁKA REGULATOROWE W KONTROLI EKSPRESJI GENÓW DEGRADACJI ZWIĄZKÓW O STRUKTURZE AROMATYCZNEJ U BAKTERII RODZAJU *PSEUDOMONAS*

Katarzyna Hupert-Kocurek, Agnieszka Mrozik, Sylwia Łabużek

Katedra Biochemii Uniwersytetu Śląskiego,
ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice, e-mail: khupert@us.edu.pl

Wpłynęło w styczniu 2006 r.

1. Wstęp. 2. Ogólna budowa i klasyfikacja białek regulatorowych. 3. Rodzina białek regulatorowych LysR. 4. Rodzina białek regulatorowych IclR. 5. Rodzina białek regulatorowych AraC/XylS. 6. Rodzina białek regulatorowych GntR. 7. Regulatory typu TetR i MarR. 8. Rodzina białek regulatorowych XylR/DmpR. 9. Dwuskładnikowy system regulacji ekspresji genów katabolicznych. 10. Podsumowanie

Regulatory proteins in control of aromatic compounds degradation in *Pseudomonas*

Abstract: A number of degradative pathways of aromatic compounds, such as phenol, toluene xylene and naphthalene, have been found in many strains of genus *Pseudomonas*. The expression of these degradative genes is controlled by one or more regulatory proteins. In most cases, the genes coding for the regulator exist near the structural genes, and their protein products activate the transcription in the presence of inducer molecule. Repressor-mediated regulation is rare for genes involved in the catabolism of aromatic compounds.

According to differences in structure, three-dimensional conformation and mechanism of regulation, all regulatory proteins are divided into seven families: LysR, IclR, AraC/XylS, GntR families, TetR-, MarR-type regulators, XylR/DmpR σ^{54} -dependent transcriptional regulators and two-component regulatory system.

In general, there are two functional domains in regulatory protein structure. The domain containing the HTH DNA binding motif in regulators from LysR, IclR and GntR family is located at N-terminal end of the polipeptide. The second one, C-terminal domain is involved in binding of the chemical inducer and oligomerization. Some of regulatory proteins, especially from XylR/DmpR family, possess the third domain, which is responsible for ATP binding and hydrolysis.

Most of identified regulatory proteins which control aromatic degradation pathways bound DNA in specific region called RBS, except LysR type regulators which recognize additional sequence known as ABS. All regulators are synthesized as non-active monomers. In the presence of inducer they oligomerize to dimers, tetramers, hexamers or heptamers depending of family.

As a result of many studies the behavior of different regulatory proteins was discovered. In some cases it has been possible to identify the protein structure, protein-DNA complex formation and conformational changes in regulators after effector binding. In contrast, little is currently known about the interactions between the regulatory protein and effector compounds and how effector binding to the regulatory protein transmits to an activation signal for RNA polymerase. The understanding of these interactions might be an important challenge for the application of bacterial regulatory systems for bioremediation practice, chemical synthesis and as biosensors for measuring the quality of soil and waters.

1. Introduction. 2. Regulatory proteins structure and classification. 3. LysR family of regulatory proteins. 4. IclR family of regulatory proteins. 5. AraC/XylS family of regulatory proteins. 6. GntR family of regulatory proteins. 7. TetR- and MarR-type protein regulators. 8. XylR/DmpR family of regulatory proteins. 9. Two-component regulatory system of catabolic genes expression. 10. Summary

Słowa kluczowe: białka regulatorowe, degradacja, operony, *Pseudomonas*

Key words: regulatory proteins, degradation, operons, *Pseudomonas*

1. Wstęp

Bakterie rodzaju *Pseudomonas* znane są ze zdolności do rozkładu szeregu jedno- i wielopierścieniowych związków aromatycznych (WWA). Mogą wykorzystywać jako źródło węgla benzen, fenol, pirokatechinę, toluen, krezole oraz węglowodory policykliczne, na przykład naftalen, fenantren, antracen czy piren [10, 27, 33, 37, 43]. W warunkach tlenowych węglowodory jednopierścieniowe zazwyczaj ulegają całkowitemu rozkładowi przez mikroorganizmy do dwutlenku węgla i wody. W pierwszym etapie degradacji związki te transformowane są do pirokatechiny lub jej pochod-

nych (PCA) jako kluczowych metabolitów pośrednich. Następnie dochodzi do rozszczepienia pierścienia aromatycznego z udziałem dioksygenaz. W szlaku katabolicznym *meta* pirokatechiny przekształcana jest przez 2,3-dioksygenazę katecholową (E.C.1.13.11.2) do semialdehydu 2-hydroksymukonowego, a następnie w szeregu reakcji pośrednich do aldehydu octowego i kwasu pirogronowego, włączanych do cyklu Krebsa. Szlak *orto* obejmuje natomiast przemiany pirokatechiny z udziałem 1,2-dioksygenazy katecholowej (E.C.1.13.11.1) do kwasu *cis*, *cis*-mukonowego, który poprzez metabolity pośrednie rozkładany jest do bursztynianu i acetylo-CoA, włączanych również do cyklu