Регуляция метаболизма ароматических соединений у Betaproteobacteria

Regulation of the aromatic compounds metabolism in Betaproteobacteria

Дарья Воронина, Амир Куанышбаев, Инна Суворова

Abstract

Aromatic compounds are often toxic and hard to degrade. The goal of our study was to investigate the regulation of genes involved in the metabolism of aromatic compounds in Betaproteobacteria using methods of comparative genomics.

We identified binding motifs and reconstructed the regulons for several transcription factors involved in regulation of the aromatic metabolism. We found new regulon members, and demonstrated variability of regulatory interactions.

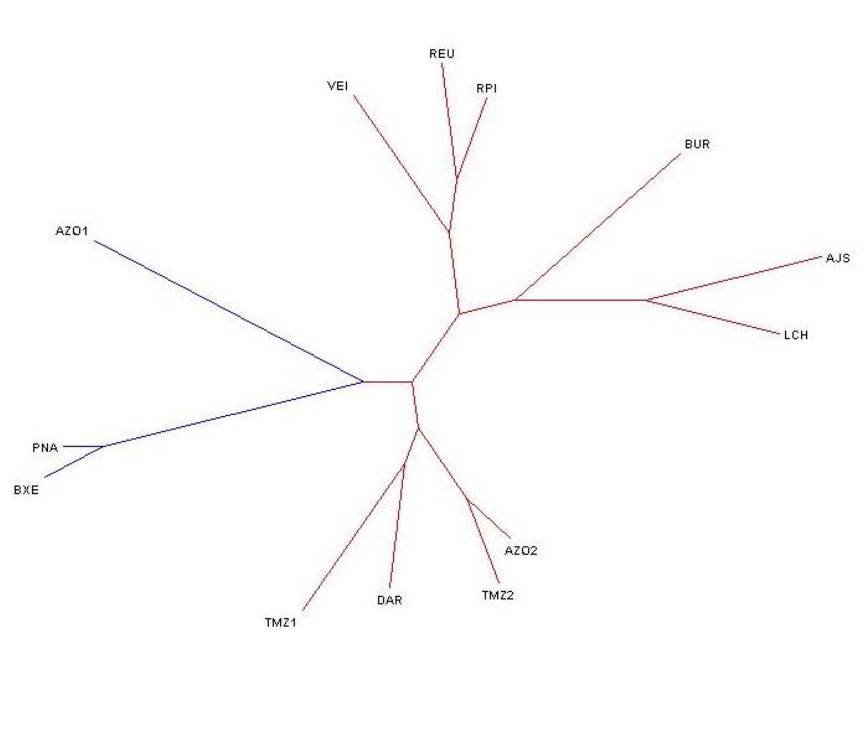

Рисунок 1. Филогенетическое дерево регуляторов AphS (красный) и BphS (синий)
Figure 1. Phylogenetic tree of the AphS (red) and BphS (blue) transcription factors

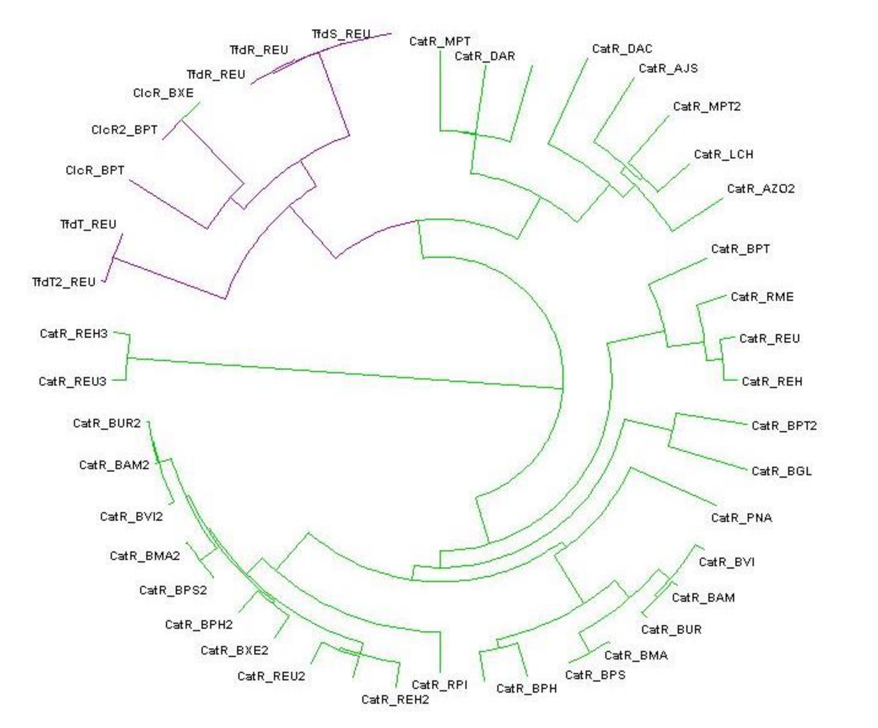

Рисунок 2. Филогенетическое дерево паралогичных регуляторов метаболизма ароматических соединений семейства LysR
Figure 2. Phylogenetic tree of paralogous LysR-family transcriptional regulators of aromatic metabolism

Введение

Исследование метаболизма ароматических соединений имеет большую важность в связи с их токсичностью и сложностью утилизации. Целью нашей работы было изучение регуляции метаболизма ароматических соединений у Betaproteobacteria методами сравнительной геномики. В качестве объекта исследования были выбраны транскрипционные факторы: AphS/BphS (метаболизм фенола и бифенола), CatR (метаболизм катехола), ClcR и TfdR(S/T) (метаболизм хлорокатехола), TbuT (метаболизм толуола), BenR (метаболизм бензоата).

Методы

Для поиска ортологов и определения геномного контекста использовались BLAST и база данных Microbes Online. Построение выравниваний промоторных областей генов осуществлялось при помощи MUSCLE. Выявление мотивов связывания регуляторов проводилось с помощью метода филогенетического футпринтинга. Построение PWM и реконструкция регулонов осуществлялась при помощи веб-сервера RegPredict.

Результаты

Для каждого регулятора были реконструированы соответствующие регулоны, в частности, были идентифицированы их новые члены, например, предполагаемый транспортер бензоата *livKHMFG*, метилмуконолактон изомераза *mmlIJ* и т.п.

Была показана вариабельность регуляции даже у близких видов, а также сложная взаимосвязь между различными регуляторами метаболизма ароматических веществ.

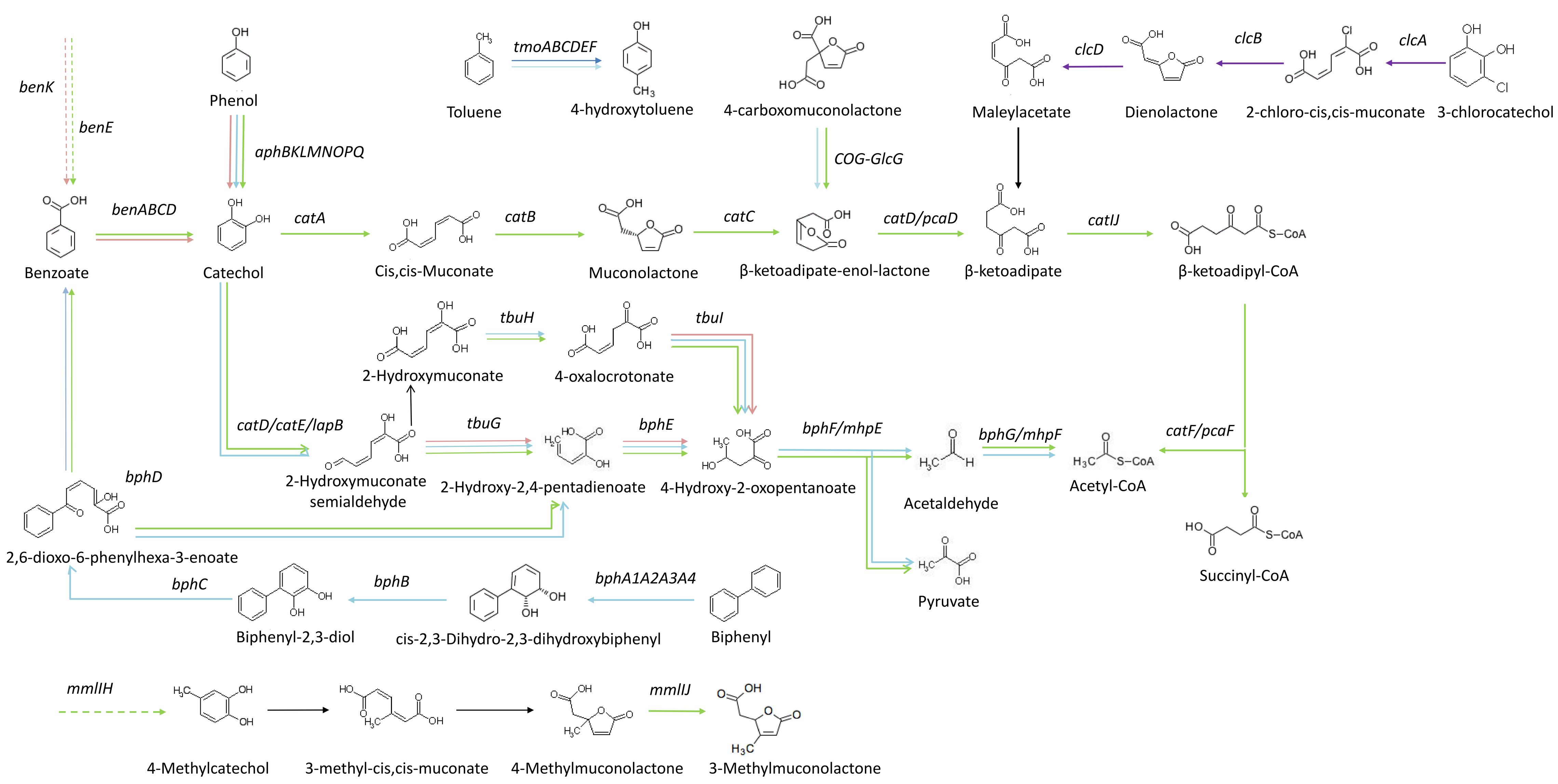

Рисунок 3. Схема путей метаболизма ароматических соединений. Цветом показана регуляция: AphS/BphS – голубой, CatR – зеленый, ClcR – фиолетовый, TbuT – синий, BenR – светло красный
Figure 3. Metabolic pathways of the aromatic compounds. Color of lines denotes the type of regulation: AphS/BphS – light blue, CatR – green, ClcR – violet, TbuT – blue, BenR – light red

		aphS/bphS	aphR	aphKLMN	aphB	aphQ	aphO	aphP	bphA1A2A3A4	bphB	bphC	bphD	bphE	bphF	bphG	bphK	bphX	tbuG	tbuH	tbuI	tbuX	COG-GlcG	benR	benABCD	benK	benE	livKHMFG	tbuT	tmoABCDEF	catR	catA	catB	catC	catD	catF	catI	catJ	mmlIJH	COG-GloB	COG-MhpC	mhpF	mhpE	COG-TdcF	COG3181	COG-PutA	lapB	clcR/tfdR(S/T)	tfdCDEF	tfdB	tfdK	clcABDE
Bordetella avium 197N	BAV	0																					0					0		0			Y	Y		Y	Y							0	0		0	0	0	0	0
Bordetella bronchiseptica RB50	BBR	0																					0					0		0			Y	Y		Y	Y							0	0		0	0	0	0	0
Bordetella petrii DSM 12804	BPT	0																					0	Y	Y	Y		0		Y*2	Y	Y*2	Y	Y	Y	Y							Y	Y*2	Y		Y	0	0	0	Y
Burkholderia cepacia AMMD	BAM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0	Y				0		Y*2	Y*2	Y*2	Y*2										Y				0				
Burkholderia glumae BGR1	BGL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0	0				0		Y	Y	Y	Y										0				0				
Burkholderia mallei ATCC 23344	BMA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0	Y				0		Y*2	Y	Y	Y										0				0				
Burkholderia phymatum STM815	BPH	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0	Y				0		Y*2	Y	Y	Y										0				0				
Burkholderia pseudomallei K96243	BPS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0	Y				0		Y*2	Y	Y	Y										0				0				
Burkholderia sp. 383	BUR	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	0	0	0	Y	Y	Y	Y	0	0	Y	Y	Y		Y	0	Y				0		Y*2	Y*2	Y*2	Y										Y				0				
Burkholderia vietnamiensis G4	BVI	0	0	Y	Y	Y	Y	Y	0	0	0	Y	Y	Y	Y	0	0	Y	Y	Y		Y	0	Y				0		Y*2	Y*2	Y	Y										Y				0				
Burkholderia xenovorans LB400	BXE	Y	0	0	0	0	0	0	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	0	0	0		0	0	Y				0		Y*2	Y	Y	Y										0				0				
Cupriavidus taiwanensis	CTI	0	0	0	0	0	0	0				0	0	0	0			0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	Y	0	0	0	0	0		0	0	0	0	0				0			0	0	0	0	0
Ralstonia eutropha H16	REH	0	0	Y	Y	Y	Y	Y				0	0	Y	Y			Y	Y	Y*2	0	0	0	Y	0	0		0	0	Y*3	Y	Y*3	Y*2	Y		Y	Y	Y	Y	Y				Y*2			0	0	0	0	0
Ralstonia eutropha JMP134	REU	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y				Y	Y	0	0			Y	Y	Y	Y	Y	0	Y	0	Y		Y	Y	Y*3	Y	Y*2	Y	Y		Y	Y	Y	Y	0				Y			Y*6	Y*4	Y*2	Y*2	0
Ralstonia metallidurans CH34	RME	0	0	Y	Y	Y	Y	Y				0	Y	Y	Y			Y	Y	Y	Y	Y	0	Y	0	0		0	Y	Y*2	Y	Y	Y	Y		0	0	0	0	Y				Y			0	0	0	0	0
Ralstonia pickettii 12J	RPI	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y				Y	Y	Y	Y			Y	Y	Y	Y	Y	0	Y	Y	Y		Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y		0	0	0	0	0				0			0	0	0	0	0
Ralstonia solanacearum GMI1000	RSO	0	0	0	0	0	0	0				0	0	0	Y			Y	Y	Y*2	0	0	0	0	0	0		0	0	0	0	0	0	Y		0	0	0	0	0				0			0	0	0	0	0
Acidovorax avenae subsp. citrulli AAC00-1	AAV	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0					0		0														0	0	0	0				
Acidovorax sp. JS42	AJS	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	0	0	0	Y	Y	Y	Y	0	0	Y	Y	Y		Y	0					0		Y*2														0	0	0	0				
Comamonas testosteroni KF-1	CTS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0					0		0														0	0	0	0				
Delftia acidovorans SPH-1	DAC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0					0		Y														Y	0	0	0				
Leptothrix cholodnii SP-6	LCH	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	0	0	0	Y	Y	Y	Y	0	0	Y	Y	Y		Y	0					0		Y														0	0	0	0				
Methylibium petroleiphilum PM1	MPT	0	0	Y	Y	Y	Y	Y	0	0	0	Y	Y	Y	Y	0	0	Y	Y	Y		Y	0					0		Y														0	Y	Y	0				
Polaromonas naphthalenivorans CJ2	PNA	Y	0	0	0	0	0	0	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	0	0	0		0	0					0		Y														0	0	0	0				
Polaromonas sp. JS666	POL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0					0		0														0	0	0	0				
Rhodoferax ferrireducens DSM 15236	RFE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Y	0	0	0	0	0	0		0	0					0		0														0	0	0	0				
Variovorax paradoxus S110	VPA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		0	0					0		0														0	0	0	0				
Verminephrobacter eiseniae EF01-2	VEI	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	0	0	Y	Y	Y	Y	0	0	Y	Y	Y		Y	0					0		0														0	0	0	0				
Azoarcus sp. BH72	AZO	Y*2	Y	Y	Y	Y	0	Y			Y	Y	Y					0	Y	Y		Y	0	0	0		Y	0	0	Y										0	Y	Y			Y	Y	0				
Azoarcus sp. EbN1	EBN	0	0	0	0	0	0	0			0	0	0					0	0	0		0	0	0	0		Y	0	0	0										0	0	0			0	0	0				
Dechloromonas aromatica RCB	DAR	Y	Y	Y	Y*2	Y	Y	Y			Y	0	Y					Y*2	Y	Y		Y	Y	Y	0		Y	0	Y	Y										0	Y	Y			Y	Y	0				
Thauera sp. MZ1T	TMZ	Y*2	Y	Y	Y*2	Y	Y	Y			0	Y	Y	0				Y	Y	Y		Y	Y	Y	Y		Y	0	0	0										Y	Y	Y			0	Y	0				

Таблица 1. Состав регулонов метаболизма ароматических соединений у Betaproteobacteria
Table 1. Composition of the aromatic metabolism regulons in Betaproteobacteria

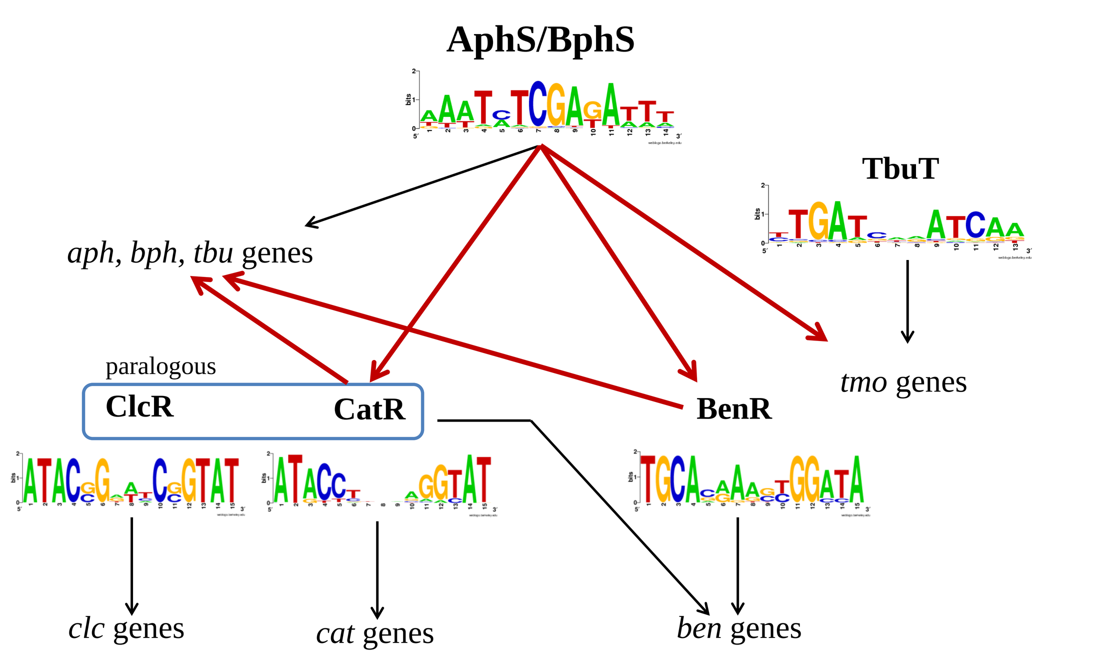

Рисунок 4. Схема взаимодействий регуляторов метаболизма ароматических соединений у Betaproteobacteria. Красным показаны регуляторные взаимодействия, выявленные в этой работе
Figure 4. Scheme of the regulatory interactions of the aromatic metabolism transcription factors in Betaproteobacteria. Red: interactions identified in this study

Лаборатория бактериальной и функциональной геномики
Laboratory of Bacterial and Functional Genomics