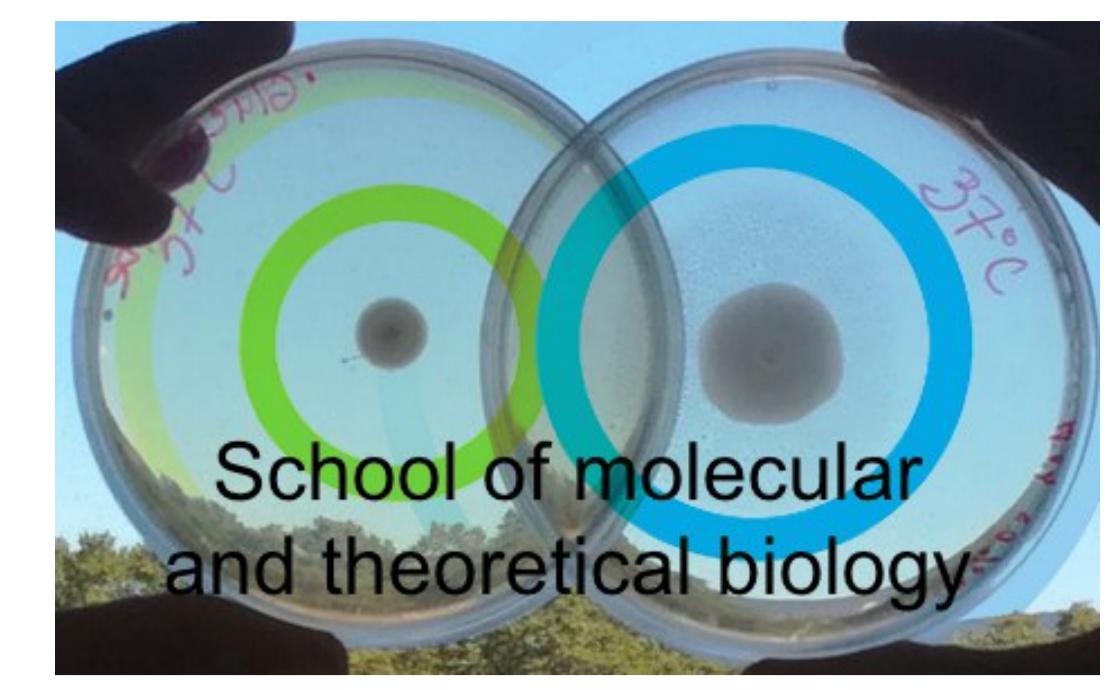




От_чего бегают бактерии?

Run, bacteria! Run!

Евгения Ходжаева, Ксения Зайцева, Александра Брусовая,
Анна Казнадзей, Наталья Маркелова, Мария Тутукина

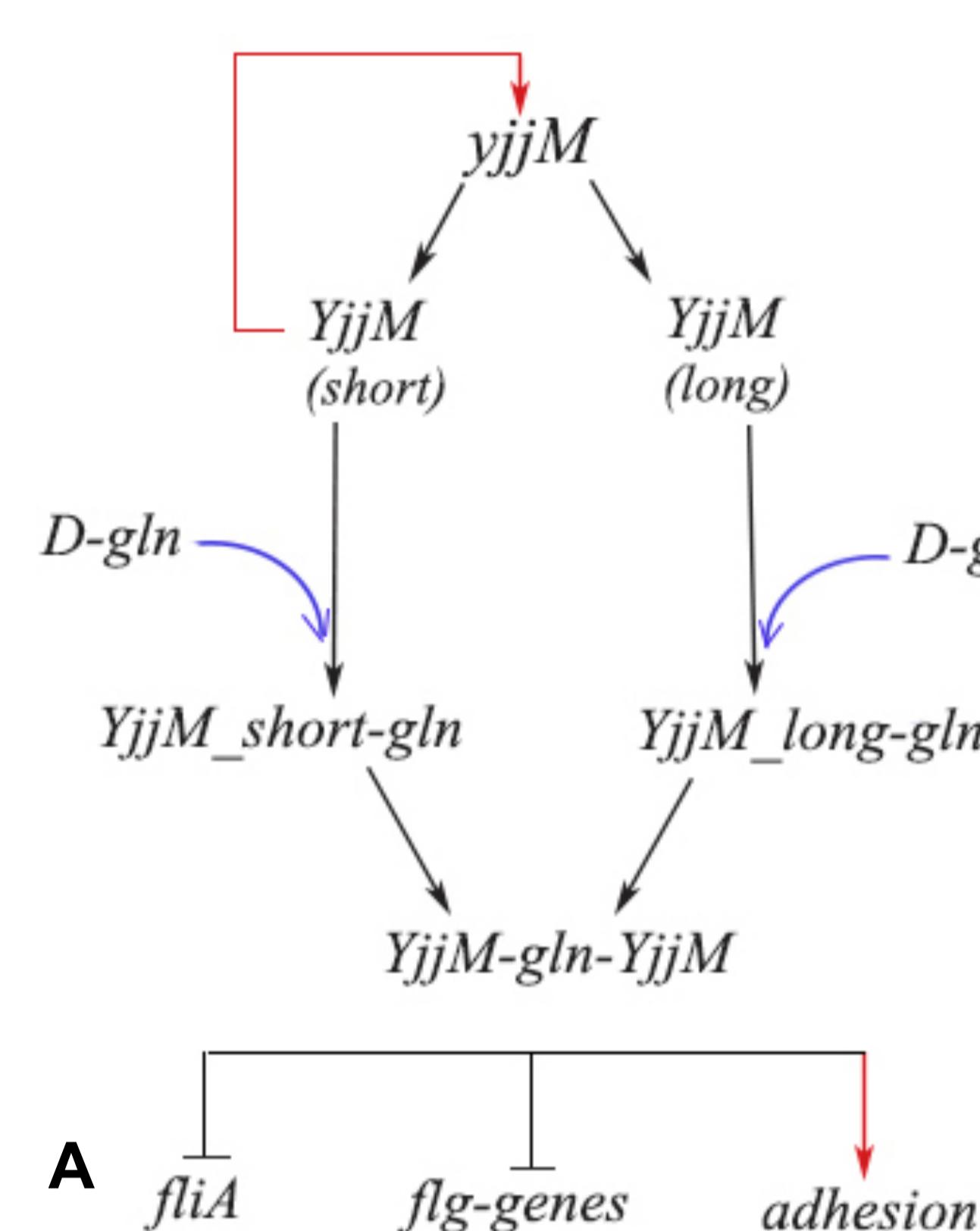


Abstract

YjjM – белок, который может быть как активатором, так и репрессором транскрипции, и играет важную роль в регуляции метаболизма гексуронатов. У этого белка две формы, считывающиеся с одного гена, что нетипично для прокариот. Недавно было показано, что *YjjM* отвечает за подвижность и колонизацию бактерий, но непонятно, какая из форм и каким образом это делает. В этом исследовании мы попытались ответить на этот вопрос.

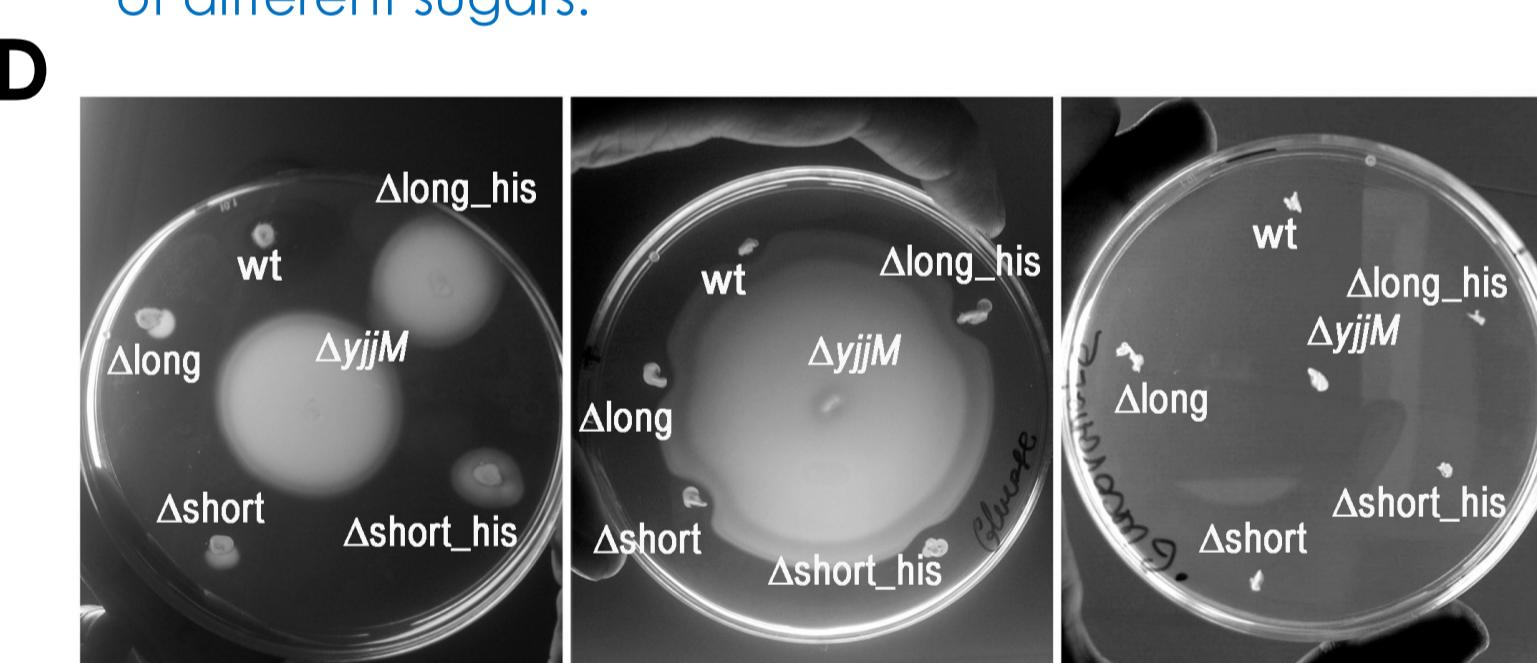
YjjM protein may function either as a transcriptional activator or a repressor and plays a role in the regulation of the hexuronate metabolism. It has two isoforms translated from one gene that is rare in prokaryotes. It has also been shown recently that *YjjM* may be a master regulator of the bacterial motility and colonization, but what isoform is responsible for this?

This is exactly the question that we address here.



А и В – Схема регуляции генов с помощью *YjjM*; С – результаты молекулярного докинга; D – анализ подвижности дикого типа *E. coli* wt K-12 MG1655 и его мутантных по *YjjM* производных на 0.3% агаре в присутствии разных сахаров.

A and B – Scheme of gene regulation with *YjjM*; C – results of molecular docking; D – motility of wild type *E. coli* K-12 MG1655 and its *yjjM* mutant derivatives using swarming agar in the presence of different sugars.



Мы проанализировали подвижность дикого штамма *Escherichia coli* и его мутантных по *YjjM* форм при росте культуры на разных источниках углерода (D-глюкоза, D-глюкуронат).

We analysed the motility of the wild type *Escherichia coli* strain and its mutant derivatives during culture growth on different carbon sources (D-glucose or D-glucuronate)

Вывод 1: *YjjM* ингибирует синтез флагелл, связываясь с их генами в форме димера.

Conclusion 1: *YjjM* inhibits biosynthesis of flagella via binding with regulatory regions of their genes in the form of a dimer.

Вывод 2: Димеризация *YjjM* происходит за счет взаимодействия D-глюкуроната с C-концевым доменом белка.

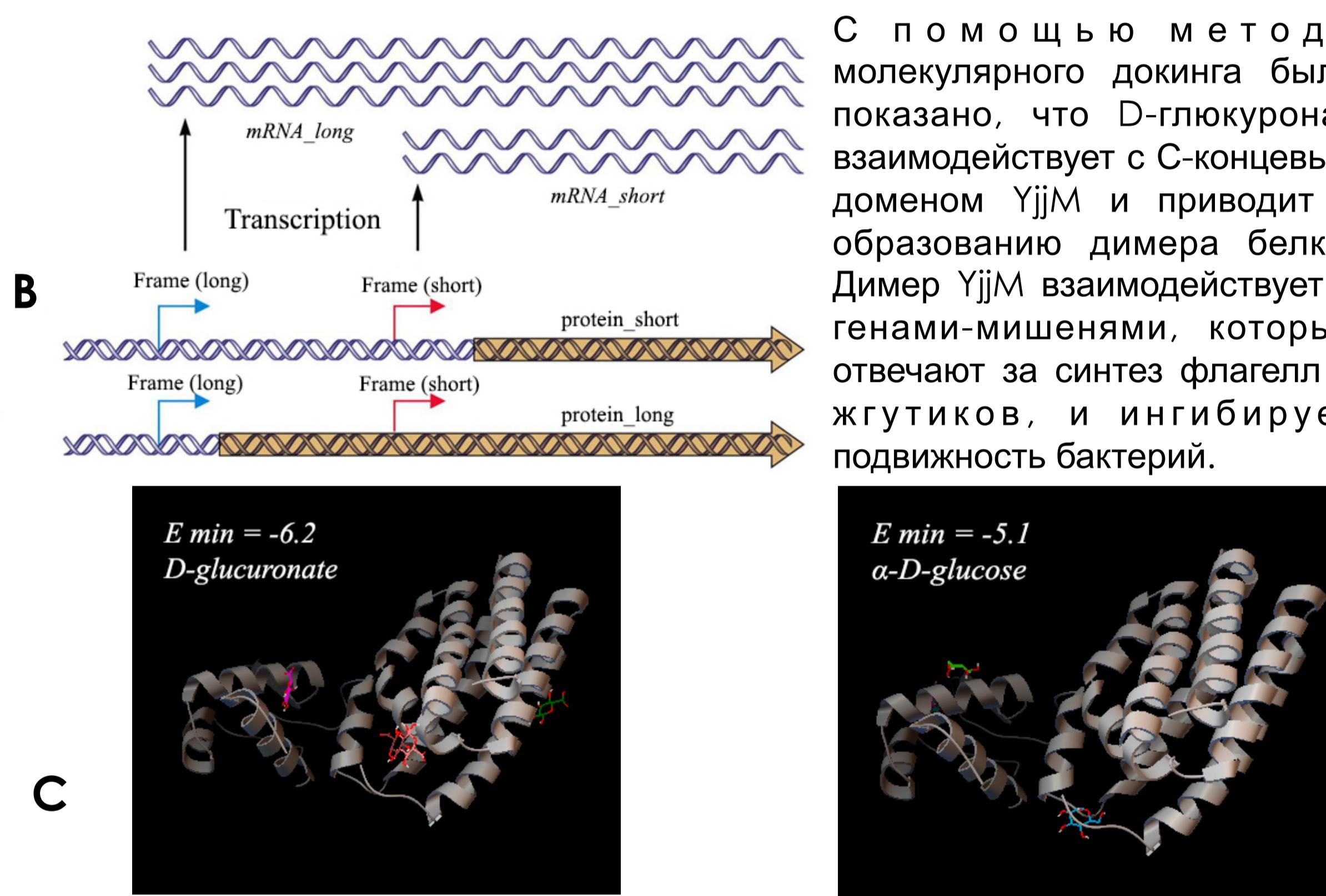
Conclusion 2: The *YjjM* dimerization is due to interaction of D-glucuronate with the C-terminal domain of the protein.

Вывод 3: У группы патогенных кишечных палочек, инфицирующих организм хозяина посредством флагеллинов, изменена структура C-концевого домена *YjjM*.

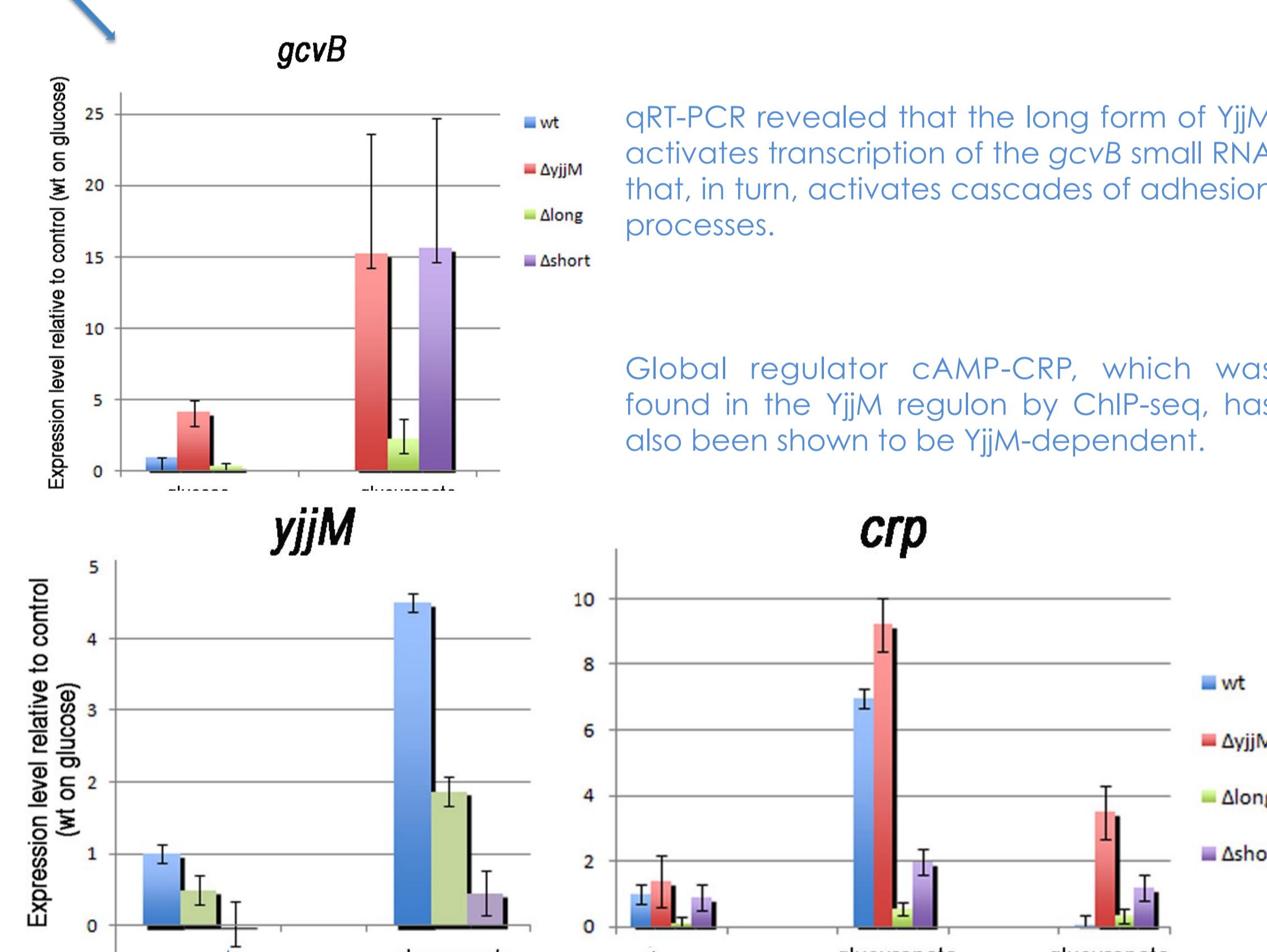
Conclusion 3: Pathogenic *E. coli* that infect host organism via flagellins has changed structure of the *YjjM* C-terminal domain.

Вывод 4: *YjjM* имеет разные мотивы узнавания на ДНК в зависимости от источника углерода в среде.

Conclusion 4: *YjjM* has different recognition motifs in DNA, depending on the carbon source in the medium.



Molecular docking revealed that D-glucuronate interacts with the pocket in the C-terminal *YjjM* domain resulting in the dimer formation. The *YjjM* dimer binds the promoter regions of its gene targets responsible for flagella biosynthesis and inhibits bacterial motility.



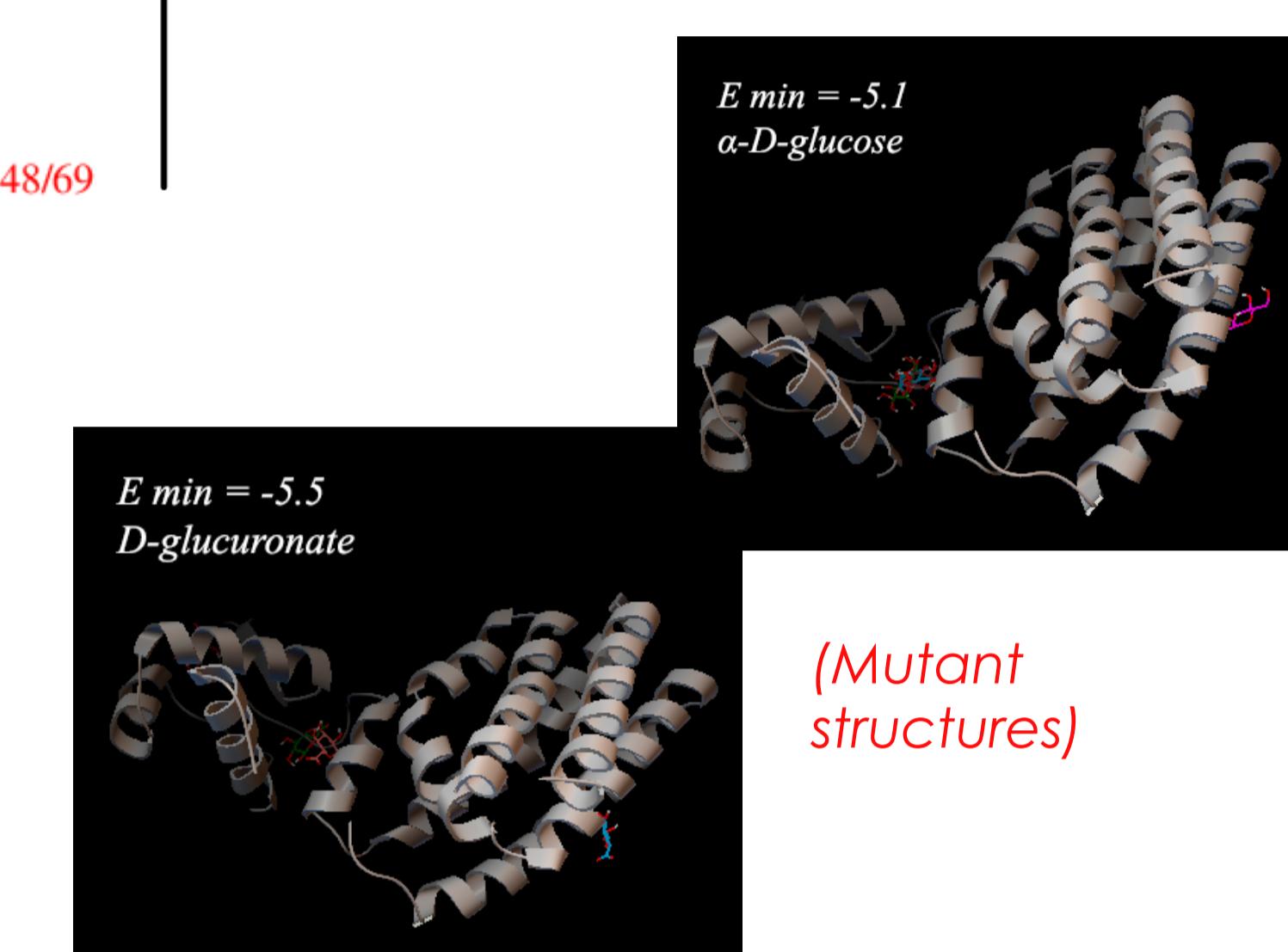
qRT-PCR revealed that the long form of *YjjM* activates transcription of the *gcvB* small RNA that, in turn, activates cascades of adhesion processes.

Global regulator cAMP-CRP, which was found in the *YjjM* regulon by ChIP-seq, has also been shown to be *YjjM*-dependent.

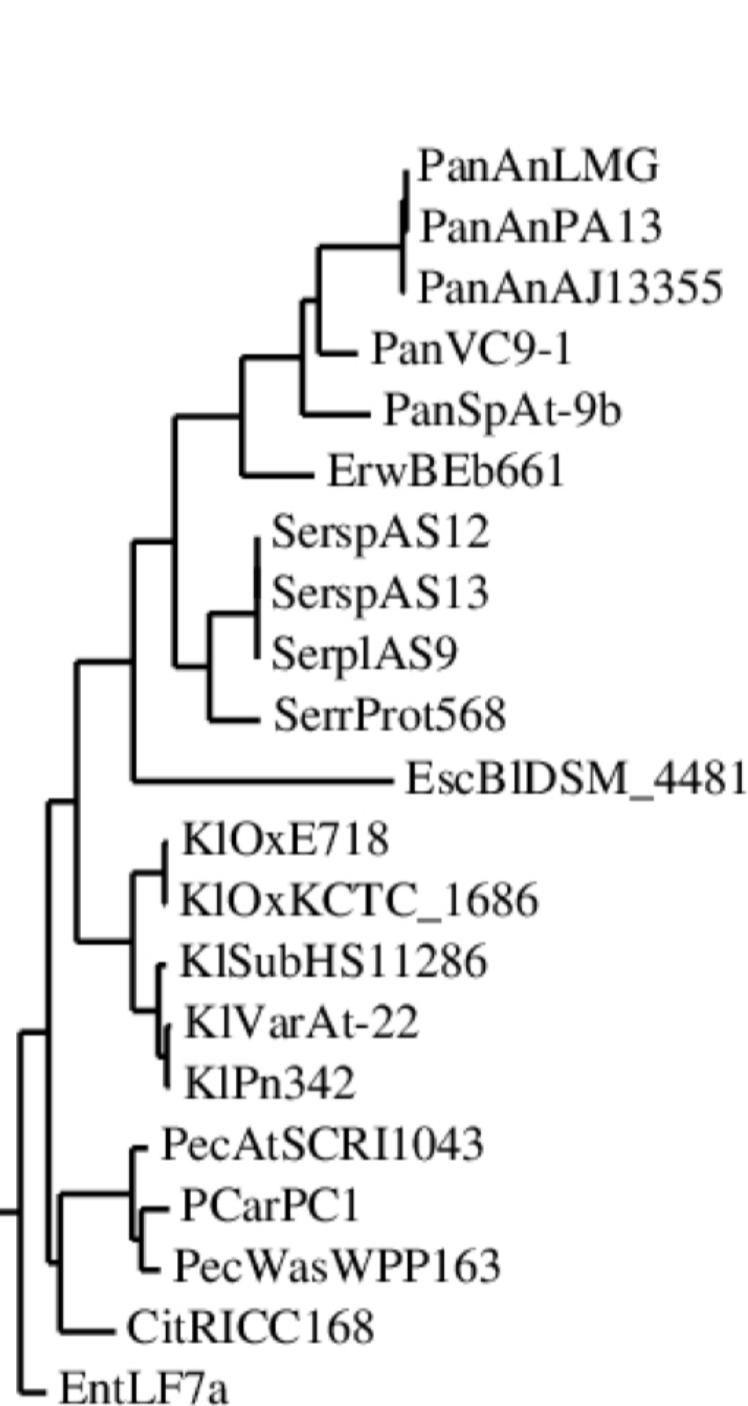
ECO_BL21_D_a
ECO_REL606
ECO_BL21_D_b
ECO_W1
ECO_W
ECO_KO11FL
ECO_SE11
ECO_O26_H11
ECO_O7_K1_CE10
ECO_JAI39
ECO_clone_D_i2
ECO_CFT073
ECO_LF82
ECO_ABU
ECO_clone_D_i4
ECO_O83_H1_NRG_857C
ECO_536
ECO_ED1a
ECO_IHE3034
ECO_UT189
ECO_UM146
ECO_APEC
ECO_O127_H6_E2348/69
ECO_SMS-3-5
ECO_IA11
ECO_O103_H2
ECO_HS
ECO_O111_H-
ECO_55989
ECO_UNM026
ECO_UNM88
ECO_P12b
ECO_ETEC_H10407
ECO_042
ECO_E24377A
ECO_SE15
ECO_O157_H7_2_Sakai
ECO_NA114
ECO_O157_H70_EDL933
ECO_Xuzhou21
ECO_O157_H71_TW14359
ECO_O55_H7_1_RM12579
ECO_O157_H7_1_EC4115
ECO_O55_H7_CB9615

Met84-Leu84
Ser85-Lys85
Lys89-Cys89
Val90-Leu90
Leu197-Thr197
Thr278-Ile278
Lys279-Thr279

C-terminal domain changed
Pocket closed!

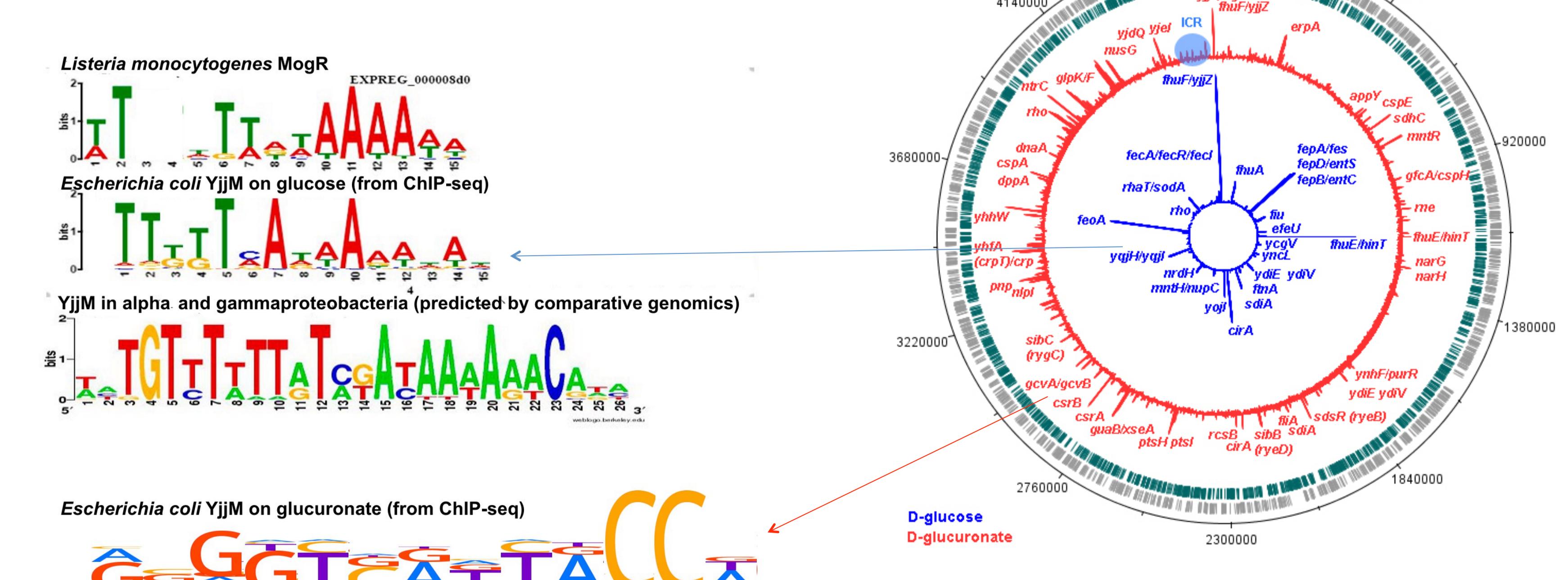


(Mutant structures)



Филогенетическое дерево, построенное по нуклеотидным последовательностям *yjjM*, укорененное по *E. coli* K-12 MG1655

Phylogenetic tree of nucleotide sequences of *yjjM* rooted for *E. coli* K-12 MG1655



Мотивы узнавания *YjjM* на ДНК зависят от источника углерода в среде.
YjjM recognition motifs in DNA may change depending on the carbon source present in the growth medium.

Лаборатория бактериальной и функциональной геномики
Laboratory of Bacterial and Functional Genomics