



Secuencia del genoma de *Azoarcus* sp. CIB: un organismo modelo para el estudio del catabolismo anaeróbico de compuestos aromáticos

Manuel Carmona, María Teresa Zamarro, Blas Blázquez, Gonzalo Durante-Rodríguez, Javier F. Juárez, Andrés Valderrama, José Luís García y Eduardo Díaz

Microbiología Molecular, Centro de Investigaciones Biológicas-CSIC. Madrid, España

El estudio de la biodegradación de compuestos contaminantes es un tema de gran interés en microbiología ambiental, tanto a nivel básico como por sus numerosas aplicaciones biotecnológicas (1). Mientras se poseen amplios conocimientos de los elementos que controlan la degradación aeróbica de compuestos aromáticos contaminantes, poco se sabe acerca de la de la genética y regulación que determina el catabolismo de compuestos aromáticos en ausencia de oxígeno. *Azoarcus* sp. CIB es una β -proteobacteria desnitrificante, anaerobia facultativa, aislada en nuestro laboratorio, con la capacidad de degradar tanto aeróbica como anaeróticamente aromáticos contaminantes tales como el tolueno o el *m*-xileno. Los trabajos realizados en nuestro grupo han permitido situar a *Azoarcus* sp. CIB como un organismo modelo para el estudio de la degradación anaeróbica de contaminantes (2).

Con el fin de conocer mejor la base molecular que controla estos procesos y utilizar *Azoarcus* sp. CIB como bacteria de referencia para estudios de degradación aeróbica/anaeróbica, se ha secuenciado el genoma de la cepa CIB mediante la técnica de pirosecuenciación, (3). Hemos priorizado el análisis preliminar del genoma a la búsqueda de genes implicados en el catabolismo de compuestos aromáticos, identificando *clusters* génicos implicados en (i) la degradación anaeróbica de tolueno, *m*-xileno, benzoato, 3-hidroxibenzoato, 3-metilbenzoato, fenilacetato, fenilalanina, fenol, *p*-cresol, 4-hidroxibenzoato (ii) la degradación aeróbica de benzoato, fenilacetato, tolueno, diterpenoides, gentisato, *N*-heterociclos, y (iii) la β -oxidación de ácidos dicarboxílicos (ruta baja de degradación de compuestos aromáticos y ácidos alicíclicos). Algunas de estas rutas catabólicas están siendo objeto de estudio actualmente. Dado nuestro interés en la modificación genética de *Azoarcus* sp. CIB, también hemos identificado, con el uso de la base de enzimas restricción/modificación (R/M) Rebase (4), genes que codifican para 4 metiltransferasas que podrían formar parte de sistemas R/M de tipo I y 8 genes *hsd* pertenecientes al tipo II. Diversas estrategias para incrementar la capacidad de incorporar DNA exógeno en la cepa CIB están en curso. Nuestro análisis del genoma de *Azoarcus* sp. CIB también ha revelado la existencia de genes que podrían codificar una nitrogenasa y varias hidrogenasas, lo que implicaría que esta cepa representa un nuevo grupo filogenético dentro del género *Azoarcus* que comparte características típicas de los *Azoarcus* endofitos de plantas, e.g., *Azoarcus* sp. BH72 (5), y otras exclusivas de los *Azoarcus* de vida libre, e.g. *Azoarcus* sp. EbN1 (6), tales como la de degradar anaeróticamente compuestos aromáticos.

1. Lovley, D.R. (2003). Nat. Rev. 1: 35-44.
2. Barragán et al. (2004). J. Bacteriol. 186: 5762-5774.
3. Margulies et al. (2005). Nature 437: 376-380.
4. Roberts et al. (2007). Nucleic. Acids Res. 35 : D269-270.
5. Krause et al. (2006). Nat. Biotechnol. 24: 1385-1391.
6. Rabus et al. (2005). Arch. Microbiol. 183 : 27-36.