

Коллекция микроорганизмов ИЦиГ СО РАН как основа для создания биотехнологически перспективных штаммов-продуцентов

Брянская А.В.^{1,2*}, Уварова Ю.Е.^{1,2}, Горячкова Т.Н.^{1,2}, Шипова А.А.^{1,2},
Задорожный А.В.^{1,2}, Богачева Н.В.^{1,2}, Коржук А.В.^{1,2}, Шляхтун В.Н.^{1,2},
Мещерякова И.А.^{1,2}, Чесноков Д.О.^{1,2}, Павлова Е.Ю.^{1,2}, Бочков Д.В.^{1,2},
Банникова С.В.^{1,2}, Васильева А.Р.^{1,2}, Пельтек С.Е.^{1,2}

¹ Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

² Курчатowski геномный центр ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия

* alla@bionet.nsc.ru

Ключевые слова: коллекция микроорганизмов; штамм-продуцент; биотехнология

Мотивация и цель: Создание эффективных штаммов-продуцентов невозможно без прочного фундамента в виде коллекции микроорганизмов, обладающих биотехнологическими свойствами. Для этой цели помимо направленного поиска, сбора и выделения микроорганизмов, необходимо всестороннее их изучение с использованием классических и современных инструментов, методов и подходов, в частности протеомики, транскриптомики, метаболомики и биоинформатики, которая позволяет провести анализ полученных данных для поиска и создания новых эффективных штаммов-продуцентов.

Методы и алгоритмы: Коллекция микроорганизмов создавалась в результате отбора образцов в экстремальных по температуре, pH, солености, уровню загрязнения и другим параметрам экосистемах, расположенных на территории Российской Федерации. Выделение микроорганизмов проводилось классическими микробиологическими методами. Для штаммов коллекции проведено полногеномное секвенирование на приборе Illumina MiSeq (США) с последующим аннотированием. Поиск соответствующих генов и ферментов, определение метаболомных и протеомных профилей штаммов проведен с использованием комплекса методов протеомики, метаболомики и биоинформатики.

Результаты: В рамках данной работы создана и постоянно пополняется новыми культурами Коллекция микроорганизмов биотехнологического назначения ФИЦ ИЦиГ СО РАН. В настоящее время в коллекции имеется более 3000 культур, среди которых есть не только представители различных филумов, но и доменов. В геномах штаммов найдены гены целевых ферментов: амилазы, протеазы, маннаназы, ксиланазы, целлюлазы, необходимые для осуществления современных биотехнологических процессов. На этой основе проведено клонирование целевых генов в геном дрожжей *Komagataella phaffii* T07 и получены эффективные штаммы-продуценты и препараты ферментов амилазы, маннаназы, ксиланазы, протеазы, целлюлазы и др.

Выводы: Для создания эффективных штаммов-продуцентов нужна последовательность определенных действий: поиск, выделение и характеристика исходных

штаммов, а затем непосредственно генно-инженерные и биотехнологические работы. В Коллекции микроорганизмов биотехнологического назначения ФИЦ ИЦиГ СО РАН осуществляется именно такой комплексный подход, который позволил сформировать прочную базу для генетических, молекулярно-биологических и биотехнологических исследований и позволяет в настоящее время получать эффективные штаммы-продуценты и препараты ферментов.

Финансирование: Исследование поддержано Министерством науки и высшего образования Российской Федерации (№ FWNR-2022-0022) и «Курчатовским геномным центром ИЦиГ СО РАН» (№ 075-15-2019-1662).

Collection of microorganisms of FRC ICG SB RAS as a basis for creation of biotechnologically promising strains-producers

Bryanskaya A.V.^{1,2*}, Uvarova Y.E.^{1,2}, Goryachkovskaya T.N.^{1,2}, Shipova A.A.^{1,2}, Zadorozhny A.V.^{1,2}, Bogacheva N.V.^{1,2}, Korzhuk A.V.^{1,2}, Shlyakhtun V.N.^{1,2}, Mescheryakova I.A.^{1,2}, Chesnokov D.O.^{1,2}, Pavlova E.Yu.^{1,2}, Bochkov D.V.^{1,2}, Bannikova S.V.^{1,2}, Vasilieva A.R.^{1,2}, Peltek S.E.^{1,2}

¹ Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

² Kurchatov Genomic Center of the Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

* alla@bionet.nsc.ru

Key words: microbial collection; strains-producers; biotechnology

Motivation and Aim: Creation of effective strains-producers is impossible without a solid foundation in the form of a collection of microorganisms with biotechnological properties. For this purpose, in addition to purposeful search, collection and isolation of microorganisms, it is necessary to study them comprehensively using classical and modern tools, methods and approaches, in particular proteomics, transcriptomics, metabolomics and bioinformatics, allowing to analyse the obtained data in order to search for and create new effective strains-producers.

Methods and Algorithms: The collection of microorganisms was created as a result of sampling in extreme ecosystems of the Russian Federation in terms of temperature, pH, salinity, pollution level and other parameters. Microorganisms were isolated using classical microbiological methods. Full genome sequencing on Illumina MiSeq (USA) with subsequent annotation was performed for the strains of the collection. The search for relevant genes and enzymes, determination of metabolomic and proteomic profiles of strains was carried out using a combination of proteomics, metabolomics and bioinformatics methods.

Results: The collection of microorganisms for biotechnological purposes of FRC ICG SB RAS has been established and is constantly replenished with new cultures. Currently, the collection includes more than 3,000 cultures, among which there are representatives of not only different phyla, but also domains. Genes of target enzymes: amylase, protease, mannanase, xylanase, cellulase, necessary for modern biotechnological processes, were found in the genomes of the strains. On this basis, the target genes were cloned into the genome of yeast *Komagataella phaffii* T07 and effective strains-producers and preparations of enzymes amylase, mannanase, xylanase, protease, cellulase, etc. were obtained.

Conclusion: Creation of effective producer strains requires a sequence of certain actions: search, isolation and characterisation of initial strains, and then direct genetic engineering and biotechnological work. The collection of microorganisms for biotechnological purposes of FRC ICG SB RAS implements just such an integrated approach, which has allowed to form a solid base for genetic, molecular-biological and biotechnological research and allows to obtain effective strains-producers and enzyme preparations.

Funding: The study is supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (No. FWNR-2022-0022) and Kurchatov Genomic Center, Federal Research Center ICG SB RAS (No. 075-15-2019-1662).