

Pressemitteilung

Gemeinsame Pressemitteilung des Joint Genome Instituts und des Leibniz-Instituts DSMZ

Ein neues Kapitel über Actinobakterien in der Genomic Encyclopedia of Bacteria and Archaea

Groß angelegte vergleichende Analyse identifiziert biosynthetische Gencluster für neuartige Sekundärmetaboliten mit hohem Anwendungspotential

(Braunschweig/Berkeley, 21. November 2022): Die mikrobielle Vielfalt auf unserem Planeten ist immens, doch ein Großteil davon ist noch unbekannt. Seit mehr als einem Jahrzehnt arbeiten Forschende aus aller Welt mit dem Joint Genome Institute (JGI) des US-Energieministeriums (DOE) am Lawrence Berkeley National Laboratory (Berkeley Lab) zusammen, um diese Wissenslücken zu schließen. In einer Studie, die am 11. November 2022 in der Fachzeitschrift *Cell Genomics* veröffentlicht wurde, konzentrierte sich das internationale Team von Forschenden auf *Actinobacteria* (*Actinomycetota*), eine Gruppe von Bakterien mit vielfältigen Stoffwechselaktivitäten. *Actinobakterien* kommen in marinen und terrestrischen Umgebungen vor und spielen sowohl im Kohlenstoff- als auch im Stickstoffkreislauf eine wichtige Rolle. Sie sind in der Lage, Pflanzenmasse abzubauen - ein Prozess, der für die Herstellung von Biokraftstoffen nutzbar ist – und verbessern die Pflanzengesundheit. Sie können Krankheiten verursachen, aber auch Antibiotika produzieren. Dennoch geht das Team der Forschenden davon aus, dass genomische Informationen aktuell nur für einen Bruchteil der existierenden Vielfalt bei den Aktinobakterien verfügbar sind.

Die aktuelle Publikation ergänzt das Kompendium, das im Rahmen der Initiative *Genomic Encyclopedia of Bacteria and Archaea* (GEBA) erstellt wurde. "Dieses Projekt hat dazu beigetragen, die aktuelle Form des mikrobiellen Stammbaums des Lebens zu definieren, indem es die genomischen Informationen für Tausende seiner Äste ergänzt hat", sagte Natalia Ivanova, Hauptautorin der Studie und Leiterin der Microbiome Annotation Group des JGI. Viele dieser mikrobiellen Genomsequenzen wurden mit Hilfe von Techniken erstellt, bei denen das JGI Pionierarbeit geleistet hat, darunter Einzelzellgenomik und Metagenomik. Die GEBA-Initiative hat auch eine extrem umfangreiche Sammlung von Typstamm-Isolaten genutzt, die vom Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH bereitgestellt wurde. Das Leibniz-Institut DSMZ ist die weltweit vielfältigste Bioressourcen-Sammlung und hat seinen Sitz in Braunschweig auf dem Science Campus Braunschweig-Süd. Die DSMZ verfügt nicht nur über eine standardisierte Kultursammlung von höchstem internationalem Renommee, aus der Forschende verschiedene Bioressourcen für weiterführende Arbeiten beschaffen können, sondern unterhält auch verschiedene bioinformatische Werkzeuge und umfassende kuratierte Datenbanken, einschließlich nomenklatorischer und genomischer Informationen sowie wichtiger beschreibender Metadaten zu jedem Bakterien-Stamm. "Dies war insgesamt eine sehr fruchtbare Zusammenarbeit zwischen JGI und DSMZ, die nicht nur zu wertvollen Sequenzen führte, die die umfangreichen Informationen zu Stämmen der DSMZ ergänzt, sondern auch zu vielen weithin sichtbaren Publikationen", betonte Bioinformatiker Markus Göker, der die Produktion genomischer DNA an der DSMZ für GEBA-Actino und ähnliche Projekte leitet.

Pressemitteilung

Das BGC-Repertoire in Actinobakterien

Im Laufe der Jahre wurden mehr als 3.400 Genome von kuratierten DSMZ-Isolaten sequenziert, für die das Braunschweiger Team an der DSMZ hochwertige DNA zur Verfügung gestellt hat. Diese Stämme wurden physiologisch und enzymatisch charakterisiert und es wurde beschrieben, wie ihre Aktivitäten biochemische Reaktionen beeinflussen. Allein für diesen Artikel wurden mehr als 600 Genome (genannt "GEBA-Actino") aus DSMZ-Typstammdepots sequenziert. Diese Genomsequenzen und die Werkzeuge zu ihrem Vergleich sind jetzt vollumfänglich auf dem *Portal Integrated Microbial Genomes & Microbiomes* (IMG/M) des JGI verfügbar.

Im Rahmen einer vergleichenden Analyse wurden 824 neue GEBA-Actino-Genomsequenzen mit fast 5.000 öffentlich verfügbaren Sequenzen und 1.100 Metagenom-assemblierten Genomen (MAGs) kombiniert, die in einer früheren Studie aus sequenzierten Umweltproben rekonstruiert wurden. Im Einklang mit den strategischen Initiativen des JGI analysierte das JGI-Team über 80.000 biosynthetische Gencluster (BGCs) für die Synthese von Sekundärmetaboliten. Diese spezialisierten Verbindungen versetzen Organismen in die Lage, auf Umweltbelastungen zu reagieren oder Interaktionen untereinander zu vermitteln - manchmal antagonistische Interaktionen über antimikrobielle Mittel - und könnten in vielen Bereichen Anwendung finden. Das JGI-Team entdeckte, dass der weit verbreitete horizontale Gentransfer und der häufige Genverlust das BGC-Repertoire in den meisten Genomen prägt. Die BGC-Daten sind jetzt auch im Portal des *Secondary Metabolism Collaboratory* (SMC) des JGI enthalten (smc.jgi.lbl.gov).

Einzigartiger Wert der isolierten Genome

Eine wiederholte Erkenntnis in der Studie ist der einzigartige Wert von aus Isolaten sequenzierten Genomen im Gegensatz zu Genomen von nicht kultivierten Taxa. Das Zusammensetzen von MAGs aus Sequenzfragmenten aus der Umwelt kann zu hochwertigen, aber unvollständigen Genomsequenzen führen, die die Analysen verfälschen könnten. MAGs können auch ganze Populationen repräsentieren, bei denen einzelne Stämme vermischt wurden, während diese Probleme bei Referenzisolaten in der Regel nicht auftreten. "Insbesondere für die Entdeckung von Sekundärmetaboliten ist dies wichtig. Der Bedarf an qualitativ hochwertigen Genomsequenzen von Isolaten ist eindeutig", sagte Rekha Seshadri, Hauptautorin der Studie. "Und selbst wenn man *Actinobacteria* nicht zugeneigt ist, hoffen wir, dass die Herkunftsanalyse der Proben neuartiger Linien das Interesse an Kultivierungsbemühungen weckt, die auf wenig untersuchte Umweltproben abzielen. Selbst herkömmliche Kultivierungsansätze, die auf relativ leicht zugängliche Proben wie Seen und Flüsse angewandt werden, könnten dazu beitragen, die Lücken zu schließen", fügte sie hinzu.

Originalpublikation:

Seshadri R *et al.* Expanding the Genomic Encyclopedia of Actinobacteria with 824 Isolate Reference Genomes. *Cell Genomics*. 2022 Nov 11.

[doi 10.1016/j.xgen.2022.100213](https://doi.org/10.1016/j.xgen.2022.100213)

Pressemitteilung



Die neueste Ergänzung des Kompendiums der Genomic Encyclopedia of Bacteria and Archaea (GEBA) des JGI konzentriert sich auf Actinomycetes

Quelle: Zosia Rostomian/Berkeley Lab



Typstämme in Ampullen wie diesen wurden zur Erstellung von mikrobiellen Referenzgenomen verwendet

Quelle: DSMZ

Kontakte

Leibniz-Institut DSMZ

PhDr. Sven-David Müller, Pressesprecher des Leibniz-Instituts DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH

Tel.: 0531/2616-300

Email: press@dsmz.de

Pressemitteilung

Joint Genome Institute

Massie S. Ballon, Communications & Outreach

Email: miballon@lbl.gov

Über das Leibniz-Institut DSMZ

Das Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH ist die weltweit vielfältigste Sammlung für biologische Ressourcen (Bakterien, Archaea, Protisten, Hefen, Pilze, Bakteriophagen, Pflanzenviren, genomische bakterielle DNA sowie menschliche und tierische Zellkulturen). An der DSMZ werden Mikroorganismen sowie Zellkulturen gesammelt, erforscht und archiviert. Als Einrichtung der Leibniz-Gemeinschaft ist die DSMZ mit ihren umfangreichen wissenschaftlichen Services und biologischen Ressourcen seit 1969 globaler Partner für Forschung, Wissenschaft und Industrie. Die DSMZ ist als gemeinnützig anerkannt, die erste registrierte Sammlung Europas (Verordnung (EU) Nr. 511/2014) und nach Qualitätsstandard ISO 9001:2015 zertifiziert. Als Patent hinterlegungsstelle bietet sie die bundesweit einzige Möglichkeit, biologisches Material nach den Anforderungen des Budapester Vertrags zu hinterlegen. Neben dem wissenschaftlichen Service bildet die Forschung das zweite Standbein der DSMZ. Das Institut mit Sitz auf dem Science Campus Braunschweig-Süd beherbergt mehr als 82.000 Kulturen sowie Biomaterialien und hat knapp 200 Beschäftigte. www.dsmz.de

Über das Joint Genome Institute

Das Joint Genome Institute (JGI) des US-Energieministeriums, eine Nutzereinrichtung des DOE Office of Science am Lawrence Berkeley National Laboratory, hat sich zum Ziel gesetzt, die Genomik zur Unterstützung der DOE-Missionen im Zusammenhang mit der Erzeugung sauberer Energie und der Charakterisierung und Sanierung der Umwelt voranzutreiben. Das JGI bietet integrierte Hochdurchsatz-Sequenzierung und computergestützte Analysen, die systembasierte wissenschaftliche Ansätze für diese Herausforderungen ermöglichen. Folgen Sie [@jgi](https://twitter.com/jgi) auf Twitter.

Das Office of Science des DOE ist der größte Förderer der physikalischen Grundlagenforschung in den Vereinigten Staaten und arbeitet daran, einige der dringendsten Herausforderungen unserer Zeit zu bewältigen. science.energy.gov

Wenn Sie zukünftig unsere Pressemitteilungen nicht mehr erhalten möchten, informieren Sie uns unter press@dsmz.de.