



Auswahl von Enzymen aus Mikroorganismen für den Industriegebrauch

■ Kurz und bündig

Neue Enzyme können nach spezifischen Parametern für die industrielle Anwendung ausgewählt werden.

■ Fragestellung

In vielen industriellen Produktionsverfahren und industriell hergestellten Produkten werden Enzyme eingesetzt. Enzyme werden genutzt um z. B. eine bestimmte chemische Reaktion auszuführen für die sonst sehr viel Energie aufgewendet werden müsste. So sind z.B. Enzyme in Waschmitteln vorhanden und ermöglichen niedrigere Washtemperaturen bei gleicher Waschkraft. Da Enzyme eine sehr komplexe dreidimensionale Struktur besitzen, können diese nicht synthetisiert werden. Entsprechend wird auf Enzyme zurückgegriffen, die in der Natur vorkommen. Viele der industriell gebräuchlichen Enzyme kommen in Mikroorganismen, besonders Bakterien, vor. Bei herkömmlichen Methoden für die Enzymauswahl sucht man nach Mikroorganismen die die ausgewählte Eigenschaft besitzen. Allerdings kommen in der Regel nur im Labor kultivierbare Mikroorganismen für die Enzymauswahl in Frage. Die meisten Mikroorganismen können aber nicht im Labor kultiviert werden, wodurch potenziell wertvolle Enzyme für die Industrie unerreichbar bleiben. Es wird daher nach einer Lösung gesucht diese Enzyme auch für die Industrie zur Verfügung zu stellen.

■ Lösung

Ein Weg, um neue Enzyme zu finden, ist, sogenannte Metagenom-Daten zu nutzen. Als Metagenom bezeichnet man die Gesamtheit aller Gene aller Arten zusammen die gemeinsam leben z.B. in einem Biotop wie einer heißen Quelle. Es sind somit alle Informationen über verschiedenste Mikroorganismen und

Schlagworte

Biotechnologie
Enzyme
Bakterien
Metagenomik
Bioinformatik
Metatranskriptom
Reverse OMICs
Mikroorganismen

Entwicklungsstand

Enzyme werden im Labormaßstab ausgewählt und auf spezifische Eigenschaften geprüft.

Technology Readiness Level

1 2 3 **4** 5 6 7 8 9



ihre Gene und potentiellen Enzyme vorhanden, ohne dass diese kultiviert werden müssen. Weitere Informationen über nicht kultivierbare Mikroorganismen sind auch in hergestellten Genbibliotheken zu finden, welche zusammen mit den Metagenom-Sequenzdaten für funktions- bzw. sequenzbasierte Durchmusterungen genutzt werden können. Das besondere hierbei ist das nicht nur auf öffentlich nutzbare Datenbanken, sondern auf eigene Datenbanken und Bibliotheken zurückgegriffen werden kann, dadurch stehen mehr Informationen über potentiell nutzbare Enzyme zur Verfügung.

■ Vorteile

Nicht kultivierbare Mikroorganismen können mit in die Suche einbezogen werden, es gibt daher eine größere Auswahl an potentiell einsetzbaren Genen und Enzymen. Die Methode ist für die Auswahl vieler unterschiedlicher Enzyme anwendbar.

■ Weitere Anwendungsmöglichkeiten

- Enzyme für den Abbau von Abfällen (z.B. Mikroplastik)
- Enzyme für die Aufbereitung von Klärschlamm
- Alle Prozesse in denen Enzyme chemische Reaktionen ersetzen/ verbessern könnten
- Auswahl von neuen Enzyme für bereits bekannte Reaktionen zur Prozessoptimierung

Forschungseinrichtung

Universität Göttingen
Genomic and Applied
Microbiology

Ansprechpartner für weitere Informationen

Feodora Lenz
Annemone Radleff-Schlimme
Innovationsscouts
☎ 0551 39-217 - 34 / 38
✉ Innovationsscouts@snic.de



EUROPÄISCHE UNION
Europäischer Fonds für
regionale Entwicklung



Mehr Infos zum SNIC unter
www.snic.de