



Farklı Bölgelerden İzole Edilen Bakterilerin Gıda Endüstrisinde Önemli Olan Bazı Enzimleri Üretim Potansiyellerinin Taranması



Elif Gülşen KARABACAK¹, Hayrettin SAYGIN², Nevzat ŞAHİN³, Ahmet Hilmi ÇON⁴

^{1,4}Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Gıda Mühendisliği Bölümü, Samsun, Türkiye

^{2,3}Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, Samsun, Türkiye

ÖZET

Günümüzde farklı alanlarda kullanılmaya başlanan ticari değeri olan veya ekstrem şartlara dayanıklı enzimlerin yerli kaynaklardan daha verimli olarak üretilmesi oldukça önemlidir. Farklı ve ekstrem şartların hem ortamın mikrobiyotasını, hem de bu ortamlara uyum sağlamış mikroorganizmaların metabolit üretim yeteneklerini şekillendirebilmesi nedeniyle, alışlagelmiş alanlar dışından izole edilen mikroorganizmaların endüstriyel enzimlerinin varlığının belirlenmesi için taranması önem taşıyan ve başarı şansını arttıran bir yaklaşım olarak kabul edilmektedir. Bu yaklaşıma uygun olarak çalışmada, daha önceki çalışmalarda farklı lokalitelerden izole edilen ve tüm genom dizi analizleri gerçekleştirilen mikroorganizmaların gıda endüstrisinde yararlanılan endüstriyel olarak öneme sahip 14 farklı enzim açısından üretici olup olmadıkları biyoinformatik araçlar (Rapid Annotation using Subsystem Technology; RAST version 2.0) kullanılarak taranmış ve izolatların tamamının en az 2 enzimi üretme potansiyeline sahip oldukları belirlenmiştir.

AMAÇ

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik laboratuvarlarında farklı bölgeler ve farklı koşullara sahip topraklardan izole edilerek stoklanan bakterilerin enzim üretim yeteneklerinin biyoinformatik araçlarla taranarak belirlenmesi

MATERYAL

Çalışmada; başta Karakum Çölü olmak üzere çok farklı ekolojik özelliklere sahip alanlara ait sediment ve toprak gibi materyallerden izole edilmiş Ondokuz Mayıs Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümünde depolanan bakterilerin tüm genom dizileri kullanılmıştır.

METOD

Tüm genom dizileri belirlenmiş toprak bakteri izolatlarının ilgili enzimleri üretim genlerine sahip olup olmadıkları, tüm filogenetik ağaçtaki prokaryotlar için yüksek kaliteli genom açıklamaları sunan biyoinformatik bir araç olan "Rapid Annotation using Subsystem Technology" (RAST version 2.0) kullanılarak belirlenmiştir.



RAST sistemi; çoğu bilim insanı tarafından gen fonksiyonları ile yeni yolları (pathway) keşfetmek için yaygın olarak kullanılmaktadır.

SONUÇ

Çalışmada farklı ekolojik özelliklere sahip alanlara ait sediment ve toprak gibi materyallerden izole edilmiş ve tüm genom dizileri belirlenmiş toplam 54 adet toprak bakterisi, gıda endüstrisinde yararlanılan 14 enzimin üretim genlerinin varlığı açısından RAST (version 2.0) taranmış ve elde edilen sonuçlar Tablo 1'de özetlenmiştir.

Çalışma sonucunda ulaşılan veriler başlıca şunlardır:

- Taranan bakterilerden her biri bu enzimlerden en az iki tanesini kodlayan gen bölgesine sahiptir.
- Taranan tüm bakteriler transglutaminaz enzimi üreten gene sahiptir.
- Kitinaz, laktaz, glukoamilaz, lipaz ve ksilinaz enzimleri üretim genleri yaygın olarak bulunmaktadır.



Bu sonuçlar; ilgili bakterilerin enzim üretim genlerinin ekspresyonunun ve üretim miktarının belirlenerek endüstriye kazandırılmasının gerektiğini ortaya koymaktadır.

Çalışmada hemen tamamı ithal edilerek kullanılan önemli gıda enzimlerinin yerli kaynaklardan üretilmesi ülke ekonomisine büyük katkı verecektir. Yine, bu çalışmada daha önceki sistematik çalışmalarda izole edilerek stoklanmış bakterilerin enzim üretimi için taranması şeklinde izlenen yolun kısa zamanda ve ekonomik olarak sonuçlandırılabilir olması, daha önce yapılan çalışmalarda izole edilen mikroorganizmaların bu tip taramalarda kullanılmasının önemli olduğunu kanıtlamaktadır.

Tablo 1. Enzim Üretim Yetenekleri Taranan Mikroorganizmalar ve Tarama Sonuçları

Organizma	Selülaz	Glukoamilaz	Transglutaminaz	Kitinaz	İnvertaz	Laktaz	α-Amilaz	β-Amilaz	Pullulanaz	Lipaz	Ksilinaz	Levansukraz	Pektinesteraz	Fitaz
<i>Streptomyces</i> sp. YC537		+	+	+						+				
<i>Nonomuraea</i> sp. K271		+	+	+	+	+				+				
<i>Shimazuella</i> sp. KC615			+	+			+	+	+	+				
<i>Microbacterium</i> sp. 5K110			+				+			+				
<i>Kribella</i> sp. KC401			+	+	+					+	+			
<i>Streptomyces</i> sp. 8K308	+		+	+		+				+	+			
<i>Actinoadura</i> sp. 7K507	+	+	+	+		+				+				
<i>Actinoadura</i> sp. KC345		+	+	+		+				+				
<i>Actinoadura</i> sp. KC06	+	+	+	+	+					+				
<i>Actinoadura</i> sp. KC216			+	+		+	+			+				
<i>Actinoadura</i> sp. 7K534	+	+	+	+		+				+				
<i>Actinoadura</i> sp. 6K520			+	+			+			+	+			
<i>Saccharopolyspora</i> sp. 7K502	+		+			+	+			+				
<i>Saccharopolyspora</i> sp. 5K548		+	+	+		+				+	+			
<i>Saccharopolyspora</i> sp. 16K309			+	+		+				+	+			
<i>Microbacterium</i> sp. 5K110			+		+		+			+	+			
<i>Saccharopolyspora</i> sp. 16K404			+	+						+	+			
<i>Jiangella</i> sp. KC603			+	+						+				
<i>Jiangella</i> sp. 5K138			+	+		+								
<i>Jiangella</i> sp. 8K307			+							+	+			
<i>Kribella</i> sp. 16K104	+	+	+	+						+				
<i>Micromonospora</i> sp. 15K316			+	+						+				
<i>Micromonospora</i> sp. 723	+		+	+		+				+				
<i>Micromonospora</i> sp. KC721			+	+						+		+		
<i>Micromonospora</i> sp. KC213			+	+		+				+		+		
<i>Micromonospora</i> sp. KC207	+		+	+		+				+	+			
<i>Micromonospora</i> sp. KC606		+	+	+		+				+		+	+	
<i>Nonomuraea</i> sp. KC201		+	+	+		+				+	+			
<i>Nonomuraea</i> sp. KC712		+	+	+		+				+	+			
<i>Nonomuraea</i> sp. KC310		+	+	+						+	+			
<i>Nonomuraea</i> sp. 6K102		+	+	+	+					+	+			
<i>Streptomyces</i> sp. 13K301		+	+	+		+				+	+			
<i>Sinosporangium</i> sp. 7K107	+	+	+	+						+				
<i>Salinispora</i> sp. 13K206	+	+	+			+				+				
<i>Nonomuraea</i> sp. KC333			+	+						+	+			+
<i>Streptomyces</i> sp. A7024	+	+	+			+	+			+	+			
<i>Streptomyces</i> sp. SB3404		+	+	+	+	+				+	+			
<i>Nocardioide</i> sp. KC13			+	+		+	+		+	+	+			
<i>Rhodococcus</i> sp. 14C212		+	+							+				
<i>Streptomyces</i> sp. HC44	+	+	+	+	+	+			+	+			+	
<i>Streptomyces</i> sp. YC504	+	+	+			+				+				
<i>Streptomyces</i> sp. YC419	+	+	+	+		+				+				
<i>Streptomyces albus</i>		+	+	+		+				+				
<i>Streptomyces cadmiisoli</i>	+	+	+	+		+			+	+				
<i>Rhodococcus aetherivorans</i>		+	+							+				
<i>Laceyella thermophila</i>		+	+			+				+				
<i>Streptomyces variegatus</i>	+	+	+	+					+	+			+	
<i>Kribbella pittospori</i>		+	+	+					+	+	+			
<i>Jiangella muralis</i>		+	+						+	+				
<i>Nonomuraea gerezanensis</i>	+	+	+	+					+	+	+			
<i>Kribbella antibiotica</i>	+	+	+	+						+	+			
<i>Actinoadura darangshiensis</i>	+		+						+	+				
<i>Nonomuraea maritima</i>		+	+			+	+		+	+	+			
<i>Streptomyces phaeoluteigriseus</i>	+	+	+	+			+			+	+		+	

KAYNAKLAR

- Aziz, R. K., Bartels, D., Best, A., Dejongh, M. 2008. "The RAST Server: Rapid Annotations using Subsystems Technology", BMC Genomics, 9:75, 1-15.
- Overbeek, R., Olson, R., Pusch, G. D., Olsen, G. J. 2014. "The SEED and the Rapid Annotation of microbial genomes using Subsystems Technology (RAST)", Nucleic Acids Research, 42, 206-214.
- TOPAL, Ş. 1988. "Mikrobiyal Enzimler ve Biyoteknolojik Yolla Rennin Üretimindeki Gelişmeler", Gıda, 13:3, 183-190.