



## סמינריון

הנך מוזמן/ת להרצאה סמינריונית של הפקולטה להנדסת ביוטכנולוגיה ומזון שתקיים ביום  
ד' 02.05.2018, חדר 300 בשעה 14:00.

**מרצה:** אלון רומנו

**מנחה:** פרופ' יובל שוהם

**נושא הסמינר בעברית:** אפיון גנים ממקור מטא-גנומי המעורבים בפירוק צלולוז והמי-  
צלולוז

**נושא הסמינר באנגלית:**

Characterization of Metagenomic Genes Involved in Cellulose and Hemicellulose  
Degradation

**תקציר ההרצאה בעברית:**

הסמינר יינתן בשפה העברית

המחסור ההולך וגדל בדלקים מאובנים וההשפעות האקולוגיות ההרסניות שלהם מחייב פיתוח מקורות אנרגיה חלופיים ברי קיימא. דרך אחת לצמצם את הביקוש לדלקים מאובנים היא על ידי שימוש בדלקים ביולוגיים, למשל אתנול המופק מפוליסוכרים הנמצאים בדופן תא הצמח. בכדי להפוך ביומסה אורגנית לאתנול, נדרשים אנזימים מפרקי צלולוז (צלולאזות, גליקוזיד הידרולאזות), בעלי פעילות צלוליטית גבוהה. במחקר זה נעשה שימוש במטה-גנומיקה על מנת לזהות אנזימים חדשים המעורבים בפירוק של ביומסה. מידע מטה-גנומי שמקורו במעיינות חמים, עבר תהליך סינון ומיצוי באמצעות אלגוריתם ייעודי שפותח במעבדתנו, ותוצאותיו נותחו על בסיס ההקשר הגנומי ואנליזה ביואינפורמטית. מתוך כשישה מיליון גנים המקודדים לחלבון, זוהו שני גליקוזיד הידרולאזות חדשים אשר נבחרו להמשך בחינה ביוכימית. רצפי הגנים הסינתטיים שובטו, בוטאו ונוקו מ-*E. coli*. החלבונים עברו אפיון ביוכימי תוך שימוש בסובסטרטים סינטטיים וטבעיים. החלבון GH5\_156 הראה פעילות נמוכה על סובסטרטים שונים, גובש והמבנה התלת ממדי שלו נפתר. החלבון HP\_107 זוהה כגליקוזיד הידרולאז ממשפחה 5, בעל פעילות הידרוליטית על מספר סובסטרטים של הפוליסוכר מנן (Mannan). החלבון הראה דמיון נמוך לתתי-משפחות ידועות במשפחה 5, דבר העשוי להצביע על גילוי תת-משפחה חדשה.

### Abstract:

The seminar will be held in Hebrew

The growing dependency on depleting fossil fuels and their ecological drawbacks requires the development of alternative energy sources. One way to alleviate the demand for fossil fuels, is by using renewable bio-fuels, such as naturally plentiful lignocellulosic biomass. For the economic conversion of biomass to biofuels, highly active cellulose degrading enzymes (i.e. cellulases) are required. This research used nature's genetic diversity, i.e. metagenomics, in order to identify novel genes involved in the degradation of cellulose and hemicellulose. Using an algorithm developed in our lab, thermal spring metagenomes were screened, and then further characterized based on their genomic context and bioinformatic analysis. Out of approximately six million open reading frames, two novel glycoside hydrolases were selected for further examination. The target genes were made synthetically, cloned, overexpressed in *E. coli* and purified. The proteins were biochemically characterized using synthetic and natural substrates. Protein GH5\_156, exhibited low activity on several substrates. The protein was crystalized and its three dimensional structure was solved. Protein HP\_107 was identified as a glycoside hydrolase family 5, with endo-mannanase activity. The protein showed little similarity to known GH5 subfamilies suggesting HP\_107 represents a new subfamily.