

XRscanning

Deep mutational scanning of oxidoreductases for the synthesis of bio-based chemicals

Programm / Ausschreibung	Bridge, Bridge - ÖFonds, Bridge Ö-Fonds 2019	Status	laufend
Projektstart	01.11.2020	Projektende	31.05.2024
Zeitraum	2020 - 2024	Projektlaufzeit	43 Monate
Keywords	Enzyme Engineering; data-driven enzyme design; deep mutational-scanning; utilization of renewable resources; xylose reductase		

Projektbeschreibung

XRscanning zielt auf die Entwicklung neuer Techniken zum Enzymengineering von Enzymen zur katalytischen Umwandlung von Kohlehydraten. Ziel ist es, die Vorhersehbarkeit von Enzym Engineering zu erhöhen und so die Entwicklung biokatalytischer Prozesse schneller zu machen. Ansatz des Projektes ist die Kombination sogenannter Next-Generation Sequenzierungstechniken mit zellbasierten Selektionsmethoden zur Identifizierung verbesserter Mutanten, um Änderungen der Primärsequenz mit der Funktion der codierten Enzymvarianten zu korrelieren. Diese sogenannten Fitnesslandschaften stellen systematische Daten dar, deren Auswertung Enzym Engineering erheblich beschleunigen können. Aktuell wenden der akademische und der Industriepartner fokussierte gerichtete Evolution zur Verbesserung von Enzymen ein. Von der gemeinsamen Entwicklung von Expertise in Deep Mutational Scanning erwarten beide eine deutliche methodische Verbesserung zum Stand der Technik, insbesondere im Hinblick auf die erfolgreiche Vorhersagen von erfolgreichen Enzymvarianten, um das rationale Element im Enzym Engineering zu erhöhen. XRscanning fokussiert dabei auf die Optimierung von Enzymen zur stofflichen Nutzung von Fraktionen aus dem Aufschluss von Lignocellulose.

Abstract

XRscanning aims to establish novel enzyme engineering techniques for the improvement of carbohydrate-converting enzymes. Aim is increase of the predictive element in enzyme engineering projects and thus the shortening of development-time horizons in the development of biocatalytic processes. The scientific approach combines next-generation sequencing with intracellular selection assays for the identification of improved enzyme variants for a better correlation of sequence modifications with altered function. This so-called fitness landscape provides a systematic data set, whose evaluation is expected to speed up enzyme engineering considerably. The joint development of the expertise in deep mutational scanning is expected to increase the predictive element in enzyme engineering and to allow for a significant improvement of the this methodology. XRscanning focuses on the improvement of enzymes used for the valorization of lignocellulosic biomass.

Projektkoordinator

- Technische Universität Graz

Projektpartner

- Annikki GmbH