

P-TB04: TARGETED CELL SORTING COMBINED WITH SINGLE CELL GENOMICS CAPTURES LOW ABUNDANT MICROBIAL DARK MATTER WITH HIGHER SENSITIVITY THAN METAGENOMICS

Hang Dam^{1*}, John Vollmers², Morgan Sobol², Angela Cabezas³, Anne-Kristin Kaster²

¹ School of Biotechnology and Food Technology, Hanoi University of Science and Technology

² Karlsruhe Institute of Technology, Germany

³ Universidad Tecnológica, Durazno, Uruguay

SUMMARY

Rare members of environmental microbial communities are often overlooked and unexplored, primarily due to the lack of techniques capable of acquiring their genomes. Chloroflexi belong to one of the most understudied phyla, even though many of its members are ubiquitous in the environment and some play important roles in biochemical cycles or biotechnological applications. We here used a targeted cell-sorting approach, which enables the selection of specific taxa by fluorescent labeling and is compatible with subsequent single-cell genomics, to enrich for rare Chloroflexi species from a wastewater-treatment plant and obtain their genomes. The combined workflow was able to retrieve a substantially higher number of novel Chloroflexi draft genomes with much greater phylogenetical diversity when compared to a metagenomics approach from the same sample. The method offers an opportunity to access genetic information from rare biosphere members which would have otherwise stayed hidden as microbial dark matter and can therefore serve as an essential complement to cultivation-based, metagenomics, and microbial community-focused research approaches.

Keywords: Chloroflexi, NGS, wastewater.

ỨNG DỤNG CỦA PHƯƠNG PHÁP TÁCH TẾ BÀO CÓ CHỌN LỌC KẾT HỢP VỚI GIẢI TRÌNH TỰ HỆ GEN TẾ BÀO ĐƠN TRONG XÁC ĐỊNH TRÌNH TỰ GEN CỦA VI SINH VẬT TRỰC TIẾP TỪ MÔI TRƯỜNG

Đàm Thúy Hằng^{1*}, John Vollmers², Morgan Sobol², Angela Cabezas³, Anne-Kristin Kaster²

¹ Viện Công nghệ sinh học và Công nghệ Thực phẩm, Đại học Bách Khoa Hà Nội

² Học viện Công nghệ Karlsruhe, Đức

³ Trường Đại học Công nghệ Uruguay, Uruguay

Đa số vi sinh vật trong môi trường tự nhiên chưa được phát hiện và khai thác, chủ yếu do thiếu các phương pháp cần thiết để thu nhận hệ gen của chúng. Chloroflexi là một trong những ngành vi sinh vật ít được nghiên cứu nhất, mặc dù các thành viên của ngành vi sinh vật này phân bố rộng rãi trong môi trường và chúng đóng vai trò quan trọng trong các chu trình sinh địa hóa và có các ứng dụng quan trọng trong công nghệ sinh học. Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng phương pháp tách tế bào có chọn lọc, cho phép thu được các vi sinh vật thuộc một mức độ phân loại đặc hiệu bằng kỹ thuật đánh dấu huỳnh quang và giải trình tự gen thế hệ mới, để làm giàu và thu nhận hệ gen của vi khuẩn thuộc ngành Chloroflexi hiếm trong mẫu nước của nhà máy xử lý nước thải. Phương pháp này đã cho phép thu nhận được số lượng hệ gen của ngành vi khuẩn Chloroflexi với mức độ đa dạng hơn rất nhiều so với phương pháp metagenomics. Phương pháp tách tế bào có chọn lọc tạo cho phép thu được thông tin về mặt di truyền của các thành viên có mặt trong hệ sinh thái ở mật độ rất thấp mà có thể bị bỏ qua nếu sử dụng phương pháp khác. Phương pháp tách tế bào có chọn lọc là công cụ bổ sung cho các phương pháp nuôi cấy truyền thống cũng như phương pháp metagenomics để nghiên cứu một nhóm vi sinh vật cụ thể trong môi trường.

Keywords: Chloroflexi, Giải trình tự thế hệ mới, nước thải.

* Author for corresspondence: Tel:096174307; Email: hang.damthuy1@hust.edu.vn