

# Looduslike ja laboratoorsete mikroobitüvede kolleksioon CELMS

SIGNE VIGGOR, EEVA HEINARU,  
MERIKE JÕESAAR

Mikroorganismide (bakterid, arhed, mikroseened) biomassil on oluline roll Maa ökosüsteemide toimimisel. Kuigi teaduslikus uurimistöös tuginetakse viimasel ajal mikroobide mitmekesisuse uurimisel DNA-põhiste meetoditele, on uute liikide tuvastamiseks ja nende omaduste kirjeldamiseks vaja kasutada kultiveerimispõhiseid meetodeid. Eriti huvipakkuvad on erinevatest kasvutingimustest või -keskkondadest isoleeritud mikroobid, keda on võimalik kasutada keskkonna puhastamisel ja mitmesugustes biotehnoloogia rakendustes. Mikroobikolleksioonide roll on säilitada puhaskultuure või ka mikroobikooslusi, et neid saaks kasutada nii teadus- ja õppetöös kui ka tehnoloogilises uurimistöös.

## Mikroobikogu CELMS loomine ja areng Tartu Ülikooli molekulaar- ja rakubioloogia instituudi geneetika õppetoolis

Mikrobioloogiliste kogude loomine kerkis päevakorda juba 19. sajandi lõpus, kui võeti laialdasemalt kasutusele tardsootmed ning

lahjenduskülvi tehnika, millega sai isoleerida puhaskultuure. Esimese teadaoleva mikrobikogu asutas 1890. aastal Frantisek Král (1846–1911) Prahast. Säilinud on kollektiooni *Král Sammlung von Mikroorganismen* 1900. aastal välja antud mikrobikultuuride (bakterid, seened ja vetikad) kataloog, kus on loetletud ligikaudu 800 erinevat tüve.<sup>1</sup> Mikrobioloogilist uurimistööd tehti samal ajal ka Tartu ülikoolis – mikrobioloogia laborid olid olemas nii farmaatsia-, patoloogia- kui ka hügieeniinstituudi juures – ning sellele ajale omaselt olid peamiseks uurimisobjektideks haigustekitajad. Mingid kogud olid samuti olemas, sest nende saatus oli arutluse all rahvusülikooli loomisel, kuid pole teada, kuidas siis mikroobe säilitati ning kas neid on säilinud tänapäevani. Mikroobide säilitamine agarsöötmetega täidetud katseklaasides või Petri tassidel nõudis palju tööd, sest sageli on nad elujõulised vaid lühikest aega (mõni nädal kuni paar kuud) ning pidevalt tuli külve uuendada.

Eesti mikrobioloogia-alase uurimistöö alguseks loetakse Karl Schlossmanni 1918. aasta algul Tartus asutatud bakterioloogia laboratooriumit.<sup>2</sup> Schlossmann evakueerus koos venekeelse ülikooliga Voroneži ja järjepidev uurimistöö sai uue alguse pärast naasmist 1920. aastal bakterioloogia kabineti rajamisega, mis nimetati 1929. aastal bakterioloogia instituudiks. Selle järglane on tänapäeval bio- ja siirde-meditiini instituudi mikrobioloogia osakond, kus tehakse õppe- ja teadustööd meditsiinilise mikrobioloogia erinevates valdkondades. Kuid mikroobe uuritakse ja säilitatakse ka teistes ülikooli instituutides.

1990. aastal loodi professor Ain Heinaru initsiatiivil geneetika ja tsütoloogia kateedri, molekulaarbioloogia laboratooriumi ning osaliselt arstiteaduskonna üld- ja molekulaarpatoloogia instituutide alusel molekulaar- ja rakubioloogia instituut (TÜ MRI), kus tehakse teadus- ja õppetööd nii bakteri- kui ka pärmitüvedega.<sup>3</sup> 1962. aastal ülikooli õppima asunud Heinaru keskendus oma teadustöös Tartu

<sup>1</sup> Lindsay Sly, B. Kirsop, *100 years of culture collections: proceedings of the Král Symposium to celebrate the centenary of the first recorded service culture collection* (Osaka: Institute for Fermentation, 1990).

<sup>2</sup> Omakäelises eluloos ütleb Schlossmann, et „avas Tartus oma bakterioloogia laboratooriumi“, mis ilmselt polnud seotud ülikooliga. Samal ajal asus ta tööle ülikooli naha- ja suguhaiguste ambulatooriumi ordinaatorina. – Karl Schlossmann, *Curriculum Vitae*. RA, EAA.2100.2b.75, l. 13–13p. (toim).

<sup>3</sup> Ain Heinaru, *Geneetika. Õpik kõrgkoolidele* (Tartu: Tartu Ülikooli kirjastus, 2012).

Riikliku Ülikooli arstiteaduskonna mikrobioloogia kateedris dotsent Eugen Theodor Valdek Tallmeistri (1916–96) juhendamisel mikrobiogeneetikale ja ravimresistentsuse ülekande uurimisele patogeensetel bakteritel. Tulnud tagasi järeldoktorantuurist (1977) Edinburghi ülikooli professori Paul Broda laborist, jätkas ta teadusteemana bakterite biodegradatiivsete plasmiidide (kromosoomiväline rõngas DNAd, millel paiknevad geenid kodeerivad orgaanilisi ühendeid lagundavaid ensüüme) uurimist ning kasutas selleks annetusena kaasa saadud bakterikultuure. Kahjuks on neist tüvedest säilinud vaid üksikud, kuna uurimisteedad muutusid, ning tüvede säilitamiseks oluaks vaja teha järjepidevalt ümberkülv nii piiratud tööjõu- kui ka säilitustingimustel.

Molekulaar- ja rakubioloogia instituudi loomise ajal toimus ka loengute ja praktikumide uuendamine ning üha olulisemaks muutus vajadus alalise mikroobikogu järele. Peale TÜ MRI kolimist 1994. aastal Riia 23 majja ja tänu vastava aparatuuri soetamisele olid lõpuks loodud tingimused mikroobide pikaajaliseks säilitamiseks. Et tagada mikrobioloogia praktikumitööde käigus isoleeritud ja identifitseeritud, aga ka olemasolevate teadustööks kasutatud tüvede säilimine, tegi professor Heinaru ettepaneku luua looduslike ja laboratoorsete mikroobitüvede kollektsoon, akronüümiga CELMS (*Collection of Environmental and Laboratory Microbial Strains*). Alates 1995. aastast säilitatakse kollektsoonis teadustöö käigus kogutud, ostetud või annetatud ja laboratoorselt selekteeritud/konstrueeritud mutantseid mikroobitüvesid.

Kollektsiooni CELMS kataloog on avalikult kättesaadav (alates 2012. aastast) Eesti elektroonilise mikroobide andmebaasi (EEMB) veebilehel.<sup>4</sup> Nimetatud andmebaasi kuuluvad lisaks CELMSile veel Tartu Ülikooli bio- ja siirdemeditsiini instituudi mikrobioloogia osakonnas 1994. aastal asutatud inimese mikrobioota biopanga HUMB (*Human Microbiota Biobank*) ja 2009. aastal asutatud Tervisetehnoloogiate Arenduskeskuse reproduktiivtraktist pärinevate mikroobitüvede ja mikrobioota proovide kollektsiooni CREP (*Collection of Reproductive Tract Microorganisms*) kataloogid koos tüvede kirjeldustega. 2008. aastast kuulub CELMS rahvusvahelistesse kollekt-

---

<sup>4</sup> Eesti elektrooniline mikroobide andmebaas. <http://eemb.ut.ee/> (21.10.2024).

sioonide ühendustesse WFCC-MIRCEN (*World Federation of Culture Collections, World Data Centre for Microorganisms*) ja ECCO (*European Culture Collections' Organisation*). Eesti rahvuslikke mikroobikollektsioone CELMS ja HUMB rahastab alates 2004. aastast Haridus- ja Teadusministeerium.

2015. aastal koostatud projekti „Mikroorganismide säilitamise kaardistamine“ aruande<sup>5</sup> kohaselt on Eesti vanim järjepidevalt toimiv mikroobide kollektsioon 1949. aastal asutatud Maaelu Teadmuskeskuse (endise nimetusega Eesti Põllumajandusuuringute Keskus)<sup>6</sup> kollektsioon, mille esimesed säilikud olid mügarbakterid. Kokku vastas küsimustikule 48 asutust (ülikoolid, haiglad, riigi teadusasutused, teadus- ja arenduskeskused, eraettevõtted), millest 20-l oli mikroobikollektsioon. Paljud asutused märkisid, et säilitavad väikest arvu tüvesid, mida kasutatakse võrdlusmaterjalina analüüsiteenuse kvaliteedikontrollis või teadustöös. Tervishoiu või toiduohutusega tegelevate asutuste kollektsioonid, näiteks Veterinaar- ja Toidulaboratooriumi (Riigi Laboriuuringute ja Riskihindamise Keskus) ja Sihtasutuse Põhja-Eesti Regionaalhaigla kogud, on piiratud juurdepääsuga ning asutusesiseseks kasutamiseks.

Oma olemuselt erineb mikrobioloogiline kogu teistest loodusteaduslikest kogudest, nagu näiteks botaanilised, zooloogilised, geoloogilised ja mükoloogilised kogud, sest selle moodustavad silmale nähtamatud mikroskoopilised organismid. Erandlik on ka see, et säilitatakse elusorganisme. Kui kollektsiooni algusaastatel isoleeriti mikroobitüvesid peamiselt Ida- ja Kirde-Eesti kaevandus- ja tööstuspiirkonna vee- ja pinnaseproovidest, siis hiljem on lisandunud tüved mitmesugustest erinevatest geograafilistest piirkondadest või materjalidest, näiteks Läänemeri, Atlandi ookean, rabad, kompost jt.

CELMSi kollektsioonis säilitatavad tüved on puhaskultuurid, mis tähendab, et laborisse toodud proovist söötmeplaadile tehtud külvidest välja kasvanud kolooniatest tehakse korduvaid lahjenduskülve seni, kuni söotmel kasvavad ainult ühesugused kolooniad ehk ühe

---

<sup>5</sup> Projekti „Mikroorganismide säilitamise kaardistamine“ (15.10.2015–20.12.2015) lõpparuanne. 2015. [https://www.pikk.ee/upload/files/LISA\\_Maaeluministeeriumi\\_aruanne.pdf](https://www.pikk.ee/upload/files/LISA_Maaeluministeeriumi_aruanne.pdf) (21.10.2024).

<sup>6</sup> Maaelu Teadmuskeskus. <https://metk.agri.ee/mikroorganismide-kollektsioon> (21.10.2024).

raku paljunemisel tekkinud rakukogum. Alles seejärel hakatakse tegelema tüve identifitseerimisega. Ajalooliselt põhinesid esimesed määramised tüvede morfoloogilistel (koloonia ja raku kirjeldus), biokeemilistel, füsioloogilistel, seroloogilistel, ökoloogilistel jt tunnustel. Suureks abiks oli identifitseerimisel Bergey süstemaatilise bakterioloogia käsiraamat (*Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*; esimene väljaanne 1984–89, teine 2001–12)<sup>7</sup>, kuhu on koondatud info bakterite taksonoomiast. Eelmise sajandi lõpus soetati firmast Biolog<sup>8</sup> seadmed ja tarkvara, mis võimaldas määrata isolaatide kasvu korraga 95 substraadil ning saadud metaboolse mustri alusel leida andmebaasist sarnaseim bakteriliik.

Molekulaarbioloogiliste meetodite arenedes ning DNA järjestuste sekveneerimise lihtsustumisel ja odavnemisel hakati mikroobide määramisel kasutama polüfaasilist taksonoomiat – lisaks fenotüübilistele tunnustele võeti arvesse ka genotüübilisi tunnuseid. Enamasti kasutatakse identifitseerimisel tüve 16S rRNA-d kodeeriva geeni järjestust (see geen on olemas kõikide bakterite genomides ning seepärast saab selle järjestust kasutada bakterite klassifitseerimisel/rühmitamisel) ning kui see on vähemalt 97% ulatuses identne andmebaasi kantud tüve järjestusega, siis võib väita, et tegemist on ühe perekonna esindajatega. 16S rRNA geeni järjestuste põhjal väga sarnaste bakterite, näiteks pseudomonaadide ja enterobakterite täpsaks määramiseks kasutatakse lisaks ka teiste geenide järjestusi. Tuntumad on nn koduhoidjad geenid, mis täidavad kõigis organismides sama funktsiooni ning on konserveerunud järjestusega.

Sageli on söötmeplaadil kasvavate mikroobide kolooniad väga sarnased ja välistamaks ühe tüve kordumist, tehakse molekulaarne tüpiseerimine BOX-PCR-meetodil BOXA1R-praimeriga (lühike DNA järjestus). Reaktsiooni tulemusel tekkinud produktide lahutamisel geelelektroforeesil saadakse igale tüvele ainulaadne erineva pikkusega DNA fragmentidest koosnev mustristik – „bakteri sõrmjälj“, mis võimaldab välja valida üksteisest erinevad tüved. Mõnedel CELMSi kollektsiooni tüvedel on sekveneeritud ka täisgenoom, mis võimaldab kiiresti tuvastada huvipakkuvate ensüümide olemasolu

<sup>7</sup> *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*. <https://www.bergeys.org/publications/> (21.10.2024).

<sup>8</sup> *Biolog*. 1984. <https://www.biolog.com/> (21.10.2024).

ehk saada infot tüve kataboolse võimekuse kohta. See info aitab teadlastel kitsendada rakendusuuringuteks sobivate tüvede hulka.

CELMSi kollektsioonis säilitatakse puhaskultuure glütserooli lahuses  $-80^{\circ}\text{C}$  juures. Teistes kollektsioonides kasutatakse ka lüofiliseerimist (külmkuivatamine), mõlema meetodi kasutuselevõtt on oluliselt lihtsustanud mikrobioloogide tööd. CELMSi loomisest alates on kollektsiooni lisatavate tüvede puhul tähtsaks peetud nende eelnevat iseloomustamist (näiteks kataboolsete plasmiidide ja funktsionaalsete geenide tuvastamine), mis võimaldab potentsiaalsetel kasutajatel lihtsamalt leida neile huvipakkuvaid tüvesid. Kollektiooni kataloogis olevaid tüvesid saab tellida teadus- ja õppetöökst tasuta, väljalaenuutamise aluseks on materjalide üleandmise leping.

## CELMSi mikroobikogu tüvede praktilistest rakendustest

Teadusliku uurimistöö projektis „Põlevkivikaevanduste heitvete mõju Kirde-Eesti veekogudele“ (1988–91) isoleeriti kaevandus- ja tööstuspiirkonna aladelt baktereid eesmärgiga selgitada võimalusi nende kasutamiseks looduse puhastamisel. Piirkonna saastel oli mitmeid allikaid ja see on toimunud pikema aja jooksul. Viru ja Estonia kaevandustest väljapumbatav vesi juhiti esmalt settebasseinidesse ning seejärel ümbritsevasse veekogudesse. 1988. aasta lõpus Estonia kaevanduses toimunud põlengu järel sattus ümbritsevasse keskkonda suur kogus fenoolseid ühendeid sisaldavat vett. Hiljem (1991–95) isoleeriti mikroobe Kohtla-Järvel asuva põlevkivitööstuse tahkete jäätmete prügila ja seda ümbritsevatelt aladelt kogutud veeproovidest. Aastakümneid juhiti kraavide kaudu Kohtla jõkke tööstuse ja olmeveega tihendatud poolkoksi mägedest loodust saastavate aromaatsete ja alifaatsete orgaaniliste ühendite rikast nõrgvett (joonis 1).

Teadusprojektide käigus uuriti isoleeritud tüvede võimet lagundada aromaatseid ühendeid ning kirjeldati kataboolsete geenide (need kodeerivad ensüüme, mis osalevad aromaatsete ühendite lagundamisel) struktuure ja asetust genoomis.<sup>9</sup> 21. sajandi alguses

---

<sup>9</sup> E. Heinsalu *et al.*, „Three types of phenol and p-cresol catabolism in phenol- and p-cresol-degrading bacteria isolated from river water continuously polluted with phenolic compounds“, *FEMS Microbiol Ecol*, 31(3) (2000):195-205.



**Joonis 1.** Vesi Kohtla-Järve poolkoksimäe jalamil olevas kraavis on punakas, aromaatsete ühendite rikas. Foto Merike Jõesaar, 2004.

**Joonis 2.** Kohtla-Järve poolkoksi ladestusalal tehti aastatel 2004–06 fütoremediatsiooni ja bioaugmentatsiooni katseid. Suvel aromaatsede ühendeid lagundavaid baktereid sisaldava veega kastetud kaskedel (*Betula pendula*) oli sügiseks suurem võra ja juurestik (paremal) kui ainult veega kastetud kaskedel (vasakul). Foto Merike Jõesaar.



kasutati valimit neist tüvedest fütoremediatsiooni (taimtervendamine) ning bioaugmentatsiooni (bioloogiline tervendamine mikroobide abil) katsetes poolkoksi ladustamise aladel. Aastatel 2001–03 kasutati katselappidel kolme CELMSi kollektiooni tüve. Katsete tulemusel vähenes kolme kuuga poolkoksis õlide ja aromaatsete ühendite kontsentratsioon kuni 53,6% ning suurenes rohttaimede biomass ja juurestik võrreldes kontrollalaga.<sup>10</sup> Poolkoksi prügila vanema osa haljastamiseks oli istutatud 1980.–90. aastatel kaski (*Betula pendula*). Kuna eelmised katsed olid paljulubavad, mõjustati aastatel 2004–06 erinevate bakteritüvede seguga kaskede mulda. Kaskede juurestiku lähedusest võetud proovides (joonis 2) oli veel aasta möödumisel leitav multiplasmiidne, fenooli ja naftaleeni lagundav *Pseudomonas fluorescens* tüvi PC20.<sup>11</sup>

Uurimisrühmade tehtud katsed näitasid, et kollektioonis CELMS säilitatavaid loodusest eraldatud tüvesid on võimalik kasutada keerukate ökoloogiliste probleemide lahendamiseks. Aromaatsete, aga ka teiste antropogeense päritoluga ühendite lagundamisel osalevad ensüümid on kodeeritud kas kromosoomis või plasmiidides paiknevate geenide poolt. Viimased pakuvad teadlastele eriti huvi, sest nende kaudu on võimalik kataboolsete geenide ülekandumine bakterite vahel, mille tulemusel võib kiirenda saasteainete lagundamine. Plasmiidide täpsemaks uurimiseks ja iseloomustamiseks on määratud näiteks eelmistes katsetes kasutatud *Pseudomonas fluorescens* PC20 kolme plasmidi (pPHE20, pNAH20 ja pG20) järjestused ning kirjeldatud nende horisontaalset ülekannet.<sup>12</sup>

Alates eelmise sajandi keskpaigast on põllumajanduses kasutatud herbitsiidi 2,4-diklorofenoksüüädikhapet (2,4-D). Seda sünteetilist ühendit on võimelised lagundama paljud mullabakterid, kaasa arvatud CELMSis säilitatav 1985. aastal Eestis eraldatud *Achromobacter xylosoxidans* subsp. *denitrificans* tüvi EST4002, mille 2,4-D

---

<sup>10</sup> J. Truu *et al.*, „Formation of microbial communities in oil shale chemical industry solid wastes during phytoremediation and bioaugmentation“, *Bioremediation of Soils Contaminated with Aromatic Compounds*, 76 (2007), 57.

<sup>11</sup> J. Juhanson *et al.*, „Survival and catabolic performance of introduced *Pseudomonas* strains during phytoremediation and bioaugmentation field experiment“, *FEMS Microbiology Ecology*, 70(3) (2009), 446–455.

<sup>12</sup> E. Elken *et al.*, „Formation of new PHE plasmids in *pseudomonads* in a phenol-polluted environment“, *Plasmid*, 110 (2020), 102504.





ti tootvat mikroobitüve *Bacillus coagulans* SIM-7. Ülekuumenenud nisust eraldatud tüve säilitatakse mikroobikogus CELMS ning selle puhastamisel ja identifitseerimisel osalesid ka kogu töötajad. 2001. aastal vormistati tüvele patenditaotlus „Termofiilne mikroorganismi tüvi *Bacillus coagulans* SIM-7 DSM 14043 L(+)-laktaadi tootmiseks fermenteeritavatest suhkrutest ja nende segudest“<sup>14</sup> ning nüüd säilitatakse tüve SIM-7 ka Saksamaa mikroorganismide ja rakukultuuride kollektsioonis DSMZ (*Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH*).<sup>15</sup> Termofiilne mikroaerofiilne homofermentatiivselt L(+)-laktaati tootev *B. coagulans* tüvi SIM-7 võiks huvi pakkuda tööstustele.

Põhja-Eestis leiduvat graptoliitargilliiti peetakse tuleviku ressursiks metallide ja biometaanii tootmisel. Aastatel 2014–18 isoleeriti sellest mitmeid aeroobseid ja anaeroobseid mikroobikooslusi, et nende abil suurendada maagaasi tootlikkust lähtekivimist. 30. mail 2014 graptoliitargilliidist eraldatud metanogeneesi stimuleerivas mikroobikoosluses ARGCON5 domineeris bakteri perekond *Bacillus* koos arhede hulka kuuluva perekonnaga *Methanosarcina* (joonis 4). 2016. aastal esitatud patenditaotluses „Meetod graptoliitargilliidi metallorgaanilise aine lõhustamiseks mikroobikoosluse abil“ kirjeldatakse meetodit argilliidis sisalduva metallorgaanilise aine lagundamiseks mikroobse koosluse abil, mille number CELMS kogus on EEUT ARGCON5.<sup>16</sup> Teadlased jätkavad uuringuid efektiivsete metallide bioleostamise meetodite väljatöötamiseks.

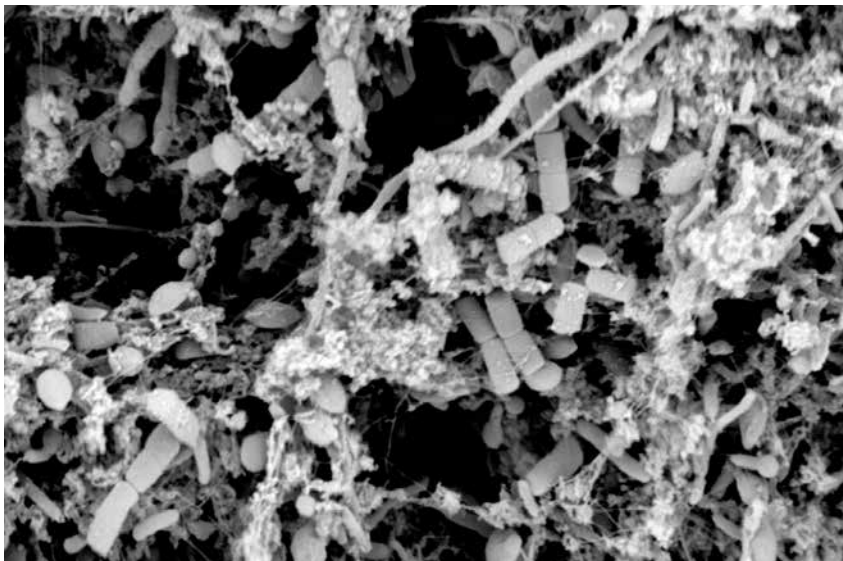
Kogus säilitatakse ka Indias asuva toornafta töötlemistehase reoveepuhastist India, Portugali ja Eesti teadlaste ühisprojektis WRANA (*Wastewater reuse: improving the odds by understanding natural attenuation*) isoleeritud bakteritüvesid. Neist kahte iseloomustati põhjalikumalt, toornaftat sisaldavatel söötmetel teostatud katsed näitasid, et tüved lagundavad efektiivselt aromaatsid ja alifaatsid orgaanilisi ühendeid (joonis 5) ning võiksid seetõttu pakkuda huvi biotehnoloogiliste rakenduste arendajatele õlidega saastunud kesk-

---

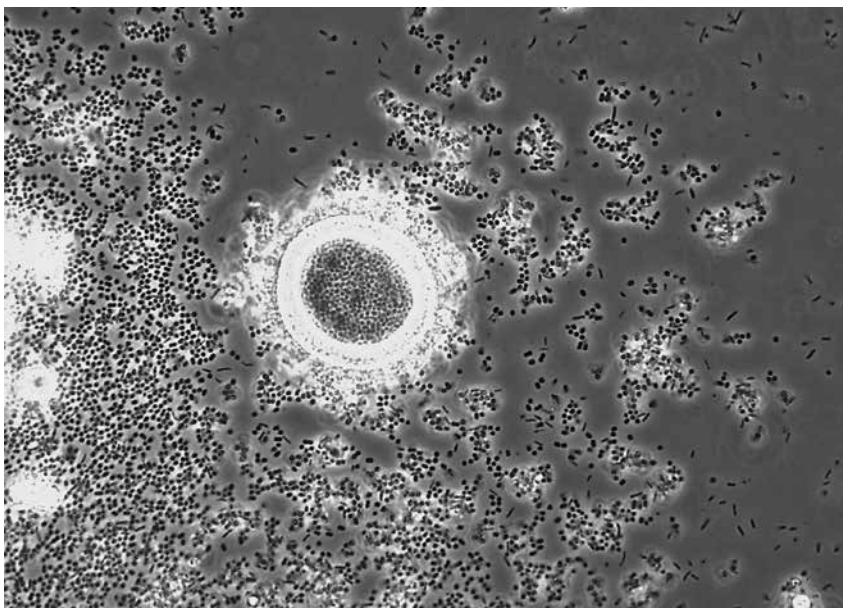
<sup>14</sup> *SIM7 patent / PATENDIAMET*. 2005; <https://www1.epa.ee/patent/andmed.asp?N-roParam=P200100164&ID=X550864&NID=&offset=3301&HKR> (21.10.2024).

<sup>15</sup> *Leibniz Institute DSMZ – German Collection of Microorganisms and Cell Cultures*.

<sup>16</sup> A. Menert *et al.*, „Methanogenesis and metal leaching on anaerobic decomposition of graptolite argillite“, *Environmental Technology & Innovation*, 31 (2023).



**Joonis 4.** Skaneeriva elektronmikroskoobi foto graptoliitargilliidi tükil kasvavatest mikroobidest (Argi\_1410021(x5.0k).jpg, 58. katsepäev). Foto Hans Priks.



**Joonis 5.** Toornafta tilga ümber on kogunenud seda lagundavad mikroobid. Foto on tehtud faaskontrastmikroskoobiga Olympus BX41, 1000-kordne suurendus.

kondade puhastamiseks bioremediatsiooni (bioloogiline tervendamine mikroobide abil) meetodil.<sup>17</sup>

Taastuvate loodusvarade efektiivne kasutamine ja väärindamine on loodussäästlik ning võimaldab vähendada naftal põhinevate toodete tootmist. Seega on otstarbekas uurida näiteks puidutöötlemisel suures koguses tekkiva jäätmelignotselluloosi bioväärindamist. See keeruka struktuuriga biopolümeer koosneb tselluloosist (40–50%), hemitselluloosist (25–30%) ja ligniinist (15–20%). Kui tselluloos ja hemitselluloos koosnevad suhkru jääkidest, siis ligniin aromaatsetest ühenditest. Lähtudes suurenenud huvist lignotselluloosi lagundavate omadustega tüvede vastu, valiti CELMSi kogust välja 30 erineva süstemaatilise kuuluvuse (põhiliselt aktinobakterid,  $\alpha$ -,  $\beta$ - ja  $\gamma$ -proteobakterid) ja päritoluga (isoleeritud fenoolsete ühenditega saastunud jõgede veest, heitlehiste puude mahlast, rabajärvedest ja mereveest) bakterit. Neist tüvedest 17 oli pärit purjelaeva Admiral Bellingshauseni ekspeditsioonil (2019–20) Lõuna-Atlandi ookeanist võetud veeproovidest. Väga erinevate bakterite valik võimaldas iseloomustada ekstreemsetes tingimustes (temperatuur, pH, soolsus) vastupidavate mikroobide võimet lagundada lignotselluloosi mudelsubstraate ja määrata lignotselluloosi koostisesse kuuluvate polümeeride lagundamisel osalevate ensüümide esinemist. Kontrolltüvedena kasutati *Pseudomonas putida* tüvesid KT2440 ja mt-2, mis on tuntud kui aromaatsete ühendite lagundajad. Saadud tulemused näitasid, et uuritavas valimis oli tüvesid, mis suudavad lagundada nii tselluloosi (10 tüve 30st), hemitselluloosi (10 tüve 30st) kui ka ligniini (8 tüve 30st). Kui tselluloosi ja hemitselluloosi degradatsioonil on aktiivsed aktinomütseedid, siis ligniini lagundavad põhiliselt  $\gamma$ -proteobakterid. Taolised uurimused annavad võimaluse selekteerida välja biotehnoloogilise potentsiaaliga biopolümeere lagundavaid baktereid.

CELMSi kollektsioonis säilitatavaid tüvesid kasutatakse Tartu Ülikooli mikrobioloogia ja viroloogia, geneetika jt praktikumide (eesti- ja ingliskeelsed kursused) töödes, aga ka kooliõpilastele ja linnakodanikele mõeldud teadust populariseerivate ürituste, näiteks Tartu Ülikooli lahtiste uste päeva ja teadlaste öö töötubade, geneetika õppepäevade, rahvusvahelise mikrobioloogia päeva jmt

<sup>17</sup> S. Viggor *et al.*, „Potential of Indigenous Strains Isolated from the Wastewater Treatment Plant of a Crude Oil Refinery“, *Microorganisms*, 11 (3) (2023).

puhul korraldatud tegevustes. Lisaks õppematerjalidele on CELMSi tüvede põhjal kirjutatud hulk bakalaureuse-, magistri- ja doktori-töid. Tartu Ülikooli teaduskooli koordineeritud bioloogia õpitubade, bioloogiaolümpiaadi lõppvooru, rahvusvahelise bioloogiaolümpiaadi ettevalmistuskursuse ja rahvusvahelise loodusteaduste olümpiaadi klassikalistel mikrobioloogilistel meetoditel (preparaatide valmistamine, külviviisid, arvukuste arvutamine jne) põhinevates töodes on samuti kasutatud kolleksiooni mikroobe.

CELMSi eesmärk on toetada mikrobioloogilist teadus- ja õppe-tööd; isoleerida ja kirjeldada mikroobitüvesid kasutamiseks biotehnoloogilises ettevõtluses; isoleerida ja kirjeldada mikroobitüvesid kasutamiseks keskkonnabiotehnoloogilistes rakendustes reostuse kõrvaldamiseks; säilitada isoleeritud mikroobitüvesid rahvusliku rikkusena. Kuivõrd siin on tegemist geneetilise ressursiga tegeleva mikroobide rahvuskolleksiooniga, järgib teaduskolleksioon Nagoya protokollist tulenevaid nõudeid.

Täname Anne Meretit ja Riho Terast abi eest jooniste kujundamisel ja vormistamisel.

◆ ◆ ◆

**Signe Viggor**, *dr*, on Tartu Ülikooli Molekulaar- ja Rakubioloogia Instituudi geneetika teadur.

**Eeva Heinaru**, *MSc* (mikrobioloogia), on Tartu Ülikooli Molekulaar- ja Rakubioloogia Instituudi projektijuht.

**Merike Jõesaar**, *dr*, on Tartu Ülikooli Molekulaar- ja Rakubioloogia Instituudi geneetika teadur.

## Collection of Environmental and Laboratory Microbial Strains CELMS

Signe Viggor, Eeva Heinaru, Merike Jõesaar  
University of Tartu, Institute of Molecular and Cell Biology

The Collection of Environmental and Laboratory Microbial Strains (CELMS) was established in 1995, and it is located in the Institute of Molecular and Cell Biology of the University of Tartu. A microbiological collection differs from other natural science collections, such as botanical, zoological, geological, and mycological collections, because it consists of living microscopic organisms that are invisible to the naked eye. Like other microbial culture collections, the primary function of CELMS is to collect, maintain, and distribute microbial strains, which have unique properties and practical values in teaching, research assays, biotechnology, etc. For example, CELMS stores microorganisms with various bioremediation capabilities isolated from different environmental conditions. Determining the complete nucleotide sequences of the strains' biodegradative plasmids helps researchers study horizontal gene transfer processes in nature. To make the deposited strains more visible and attractive, several tests are being performed to identify potential characteristics useful for biotechnological applications. For example, several strains have been recently screened for the ability to catabolize biopolymers – cellulose, hemicellulose, and lignin, to find potential strains that could be used for the valorization of the wood industries' waste or byproducts. The public catalog of CELMS is available on the Estonian Electronic Microbial dataBase (EEMB) website [footnote 4], where there are listed for each culture general (isolation location/source, important features necessary for strain identification etc.) and specific characteristics (ability to degrade or produce certain chemicals, resistance to drugs, presence of plasmids etc.), and, if available, links to nucleotide sequences deposited in GenBank, as well as information concerning published scientific data. The deposited cultures can be ordered (free of charge) for academic research (non-commercial purposes) after signing a Material Transfer Agreement. The CELMS collection preserves well-characterized cultures that are of interest to researchers in the fields of environmental protection, biotechnological applications, waste recycling, etc.