中国农业科技导报 2008, 10(5) 45-52 DOI: ISSN: 1008-0864 CN: CN 11-3900/S

本期目录 | 下期目录 | 过刊浏览 | 高级检索 [打印本页] [关闭]

专论

Pseudomonas stutzeri |A1501基因组结构及功能注释

燕永亮[1] 杨剑[2] 窦岳坦[1] 平淑珍[1] 王忆平[3] 金奇[2] 林敏[1]

[1]中国农业科学院生物技术研究所,北京100081 [2]病毒基因工程国家重点实验室,北京100176 [3]北京大学生命科学学院,北京100871

摘要:

采用全基因组“shotgun”方法完成了固氮斯氏假单胞菌A1501的全基因组序列测定,并进行了基因组结构与功能注释分析。A1501基因组全长4 567 418 bp,含有4 146个ORFs。该基因组中已鉴定了42个编码转座酶的重复序列,这些序列的存在预示着转座现象在A1501菌中非常活跃,预示该菌与其他生物之间基因交流可能比较频繁。比较基因组表明,为了适应特定的生存环境,假单胞菌在基因组结构和遗传信息容量上产生了明显的分化。此外,基因组分析鉴定了A1501环境适应的遗传基础,包括物质转运、信号传导和趋化系统等,这些系统是细菌能够在根际土壤环境中保持竞争力以及能够与水稻形成高效联合固氮体系的关键。A1501基因组的完成为进一步开展功能基因组学和蛋白质组学研究奠定了基础。

关键词: 基因组测序 斯氏假单胞菌A1501 联合固氮 比较基因组学

Genome Structure and Functional Annotation of Nitrogen- |fixing Pseudomonas stutzeri A1501

YAN Yong-liang| YANG Jian, DOU Yue-tan| PING Shu-zhen| WANG Yi-ping, JIN Qi, LIN Min

1. Biotechnology Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081 ; |2. State Key Laboratory for Molecular Virology and Genetic Engineering, Beijing 100176 ; |3. College of Life Sciences, Peking University, Beijing 100871, China

Abstract:

The genome sequencing of Pseudomonas stutzeri A1501 was accomplished by using the " shotgun " strategy, then the genome structure and gene function annotation analysis were also carried out. The genome of P. stutzeri A1501 is composed of 4 567 418 bp, with 4 146 ORFs. In the genome, 42 copies of repeat sequences encoding multiple transposases were identified, implying transposition in A1501 was very active and the lateral gene transfer was frequently between A1510 and other organisms. Comparative genomics showed that in order to adapt to the niche lifestyle, Pseudomonas strains modulate their genome structure and genome contents. The genetic basis of A1501 including the transport system, signal transduction system and the chemotaxis system etc. are identified by genome analysis. These systems are key points for bacteria to remain competitive in the rhizosphere environment, and to construct an associative high-nitrogen-fixing system with rice. The accomplishment of A1501 genome is a foundation for further transcriptomic and proteomics study.

Keywords: genome sequencing, Pseudomonas stutzeri A1501, associative nitrogen fixation, comparative genomics

收稿日期 2008-09-02 修回日期 2008-09-18 网络版发布日期

DOI:

基金项目:

国家973计划项目（2007CB707805、2007CB109203及2001CB108904）,国家863计划项目（2007AA021304和2006AA020101）及国家自然科学基金项目（30470047和30200007）资助

通讯作者: 林敏，研究员，博士，博士生导师，主要从事固氮微生物及特殊环境微生物的分子生物学和基因工程研究。Tel：010-82106145；E-mail：linmin57@vip．163．com

作者简介: 燕永亮|博士|主要从事固氮微生物分子遗传学及功能基因组学研究。E-mail：yongliangyan@yahoo．com．cn。

作者Email:

参考文献:

扩展功能
本文信息
Supporting info
PDF(571KB)
[HTML全文]
参考文献[PDF]
参考文献
服务与反馈
把本文推荐给朋友
加入我的书架
加入引用管理器
引用本文
Email Alert
文章反馈
浏览反馈信息
本文关键词相关文章
基因组测序 斯氏假单胞菌
A1501 联合固氮 比较基因组学
本文作者相关文章
PubMed

本刊中的类似文章

文章评论

反馈人		邮箱地址	
反馈标题		验证码	7421