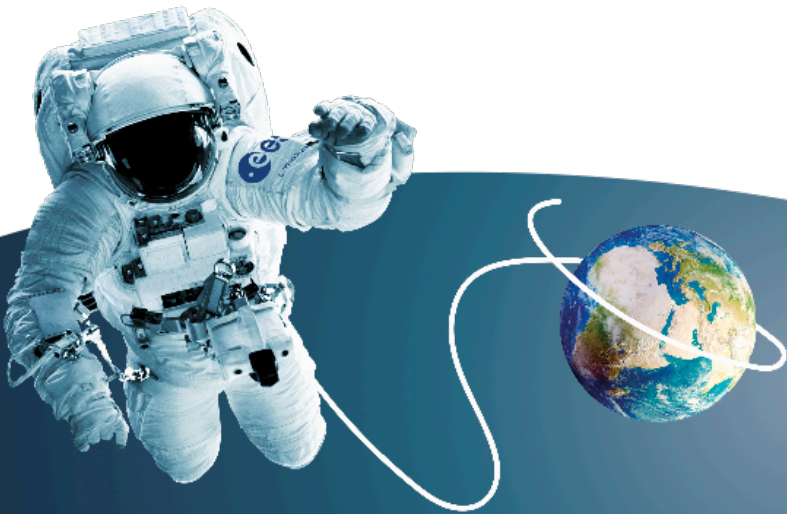




CREATING
A CIRCULAR
FUTURE

Genetic responses of metabolically active *Arthrospira* sp. PCC 8005 to chronic high-dose gamma irradiation

Paul Janssen





← Nicolas Morin →

← Hanene Badri →

← Anu Yadav →

1989

2010

2014

2015

2016 - 2019



MELISSA concept

Arthrospira PCC 8005 genome

genome annotation (ARTANN)

genome sequence version 5

microarray studies



PCC 8005

BRIGITTE (~20,000 Gy.h⁻¹)

5 – 15 min

RITA (~530 Gy.h⁻¹)

6 – 10 h

3-stage response to ⁶⁰Co gamma:

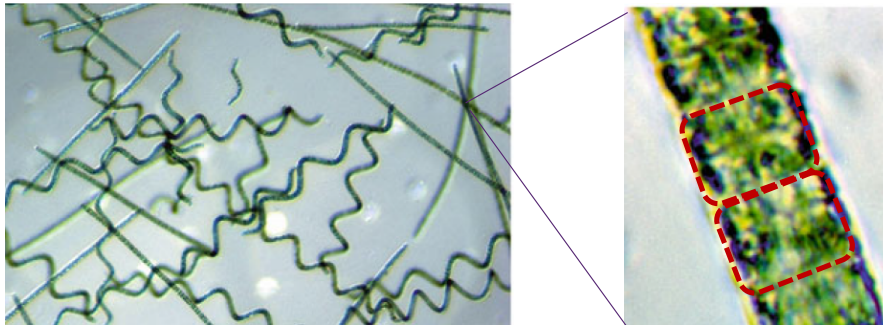
(Badri *et al.*, 2015a, 2015b)

**EMERGENCY
SURVIVAL
RECOVERY**

shutting down central processes
redirection of cellular resources
restart of metabolic activity

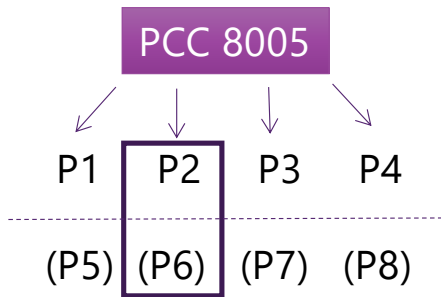


Two PCC 8005 morphotypes (2012 → 2013 / 18 mths maintenance)



Morphological change during strain maintenance (continuous culturing)

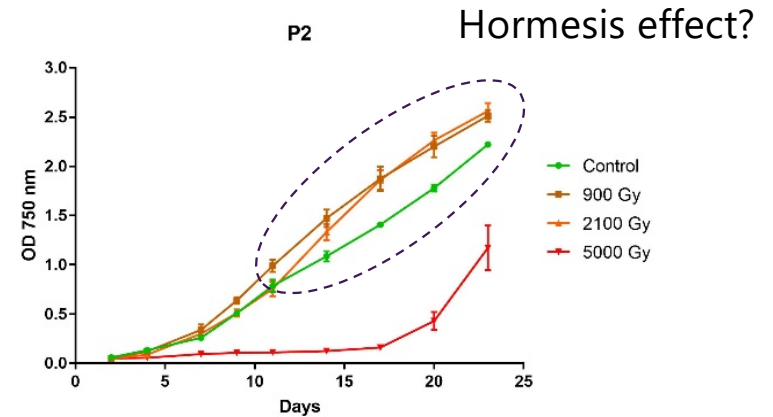
P2 helical → P2 **straight**
 P6 helical → P6 helical



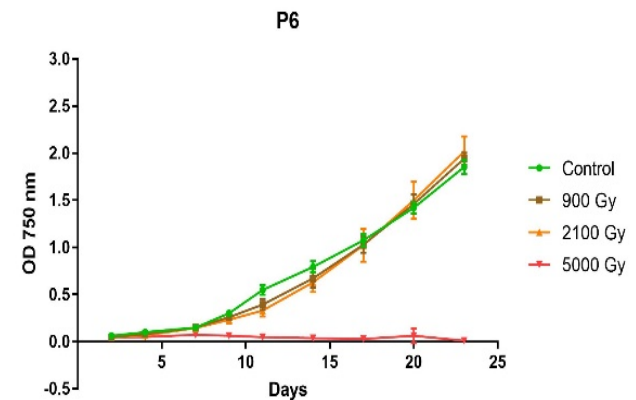
2018

RITA facility at SCK•CEN
⁶⁰Co gamma rays
 dose rate: ca. **600 Gy.h⁻¹**
 temperature: RT
 in the **dark**

Exp time at max. dose: ~9 h



(Yadav *et al.*, 2019)





Analyses

Cell level analysis

- Post-irradiation growth
- Ultrastructures / TEM analysis

Molecular level analysis

- Pigments P2↑ (APC)
- Total antioxidant activity P2↑
- Trehalose content P2↓

Whole genome sequencing & genome comparison

Comparison	SNPs	indels	large inserts
P2 vs Ref	301	310	8
P6 vs Ref	355	314	10
P2/P6 vs Ref	243	288	7
P2 vs P6	168	48	4

Ref is the strain PCC 8005 **reference genome** (Janssen et al., 2010) (updated version 5 of 15 February 2014, available at NCBI under GenBank assembly accession number GCA_000973065).





Genome sequence comparison

genomic differences between P2 and P6 affecting a total of 41 CDS of which only nine encode proteins of a known function

ID	Function	(aa)	P2 changes	P6 changes
10196	adenylosuccinate synthetase (PurA)	446		C248G
10705	Ser/Thr protein kinase	825	E290fs	
11989	hemolysin-type calcium-binding protein	1261		V592R, L596R, A597D+insPDGPI
12033	gas vesicle protein (GvpC)	151		K135D
30654	Nitrilase/cyanide hydratase	269	L21F	
41442	putative diguanylate cyclase	195	G136R, T172A, C176R	
60747	Signal transduction histidine kinase	790		L443*
61039	WD-40 repeat protein	818	A124G	Q100K, T106R, E8
30483	Ser/Thr protein phosphatase	360		Large insertion

(Yadav *et al.*, 2019)

no genetic tools for further analysis
(of individual genomic changes)

EUROPEAN JOURNAL OF PHYCOLOGY
<https://doi.org/10.1080/09670262.2019.1675763>

British Phycological Society
 Understanding and using algae

Taylor & Francis
 Taylor & Francis Group

Check for updates

Helical and linear morphotypes of *Arthrospira* sp. PCC 8005 display genomic differences and respond differently to ⁶⁰Co gamma irradiation


Anu Yadav ^a, Pieter Monsieurs ^b, Agnieszka Misztak ^c, Krzysztof Waleron ^d, Natalie Leys ^a, Ann Cuypers ^e and Paul J. Janssen ^a

^aInterdisciplinary Biosciences, Microbiology Unit, Belgian Nuclear Research Centre (SCK•CEN), 2400 Mol, Belgium; ^bDepartment of Biomedical Sciences, Institute of Tropical Medicine (ITG), 2400 Antwerp, Belgium; ^cDepartment of Biotechnology, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdansk, 80-307 Gdansk, Poland; ^dDepartment of Pharmaceutical Microbiology, Medical University of Gdansk, 80-416 Gdansk, Poland; ^eEnvironmental Biology, Centre for Environmental Sciences, Hasselt University, 3590 Diepenbeek, Belgium

ABSTRACT
Arthrospira are multicellular cyanobacteria that typically reside in alkaline lakes of (sub)tropical regions and are mass cultivated around the globe in a variety of outdoor facilities and photobioreactors for their high nutritional, pharmaceutical and clinical value. *Arthrospira* sp. strain PCC 8005 was selected by the European Space Agency as an oxygen producer and nutritional end-product in a bioregenerative life support system for long-haul missions. Being highly resistant to ionizing radiation, it is also an ideal candidate for other space applications such as *in situ* resource utilization and terraformation. During long-term strain maintenance involving continuous subculturing we noted an irreversible morphological change in PCC 8005 subcultures i.e. from only helical to only straight trichomes. These morphotypes displayed differences in growth rate, buoyancy and resistance to gamma radiation. We also found marked differences in antioxidant capacity, pigment content and trehalose concentration, while whole-genome comparison revealed a difference of 168 SNPs, 48 indels and four large insertions affecting, in total, 41 coding regions across both genomes. Although nine of these regions encoded proteins with a known function, no conclusive genotype-phenotype associations could be determined. Nonetheless, genomic changes

➔ Poster nr. 56 (pitch)


Irradiation of metabolically active cells



RITA facility at SCK•CEN
⁶⁰Co gamma rays
 dose rate: ca. **600 Gy.h⁻¹**
 temperature: RT
 in the **dark**

Exp time at max. dose: ~9 h

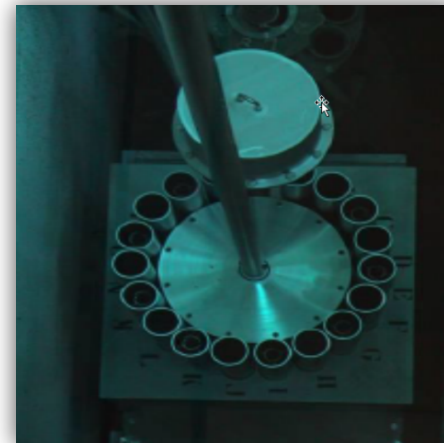
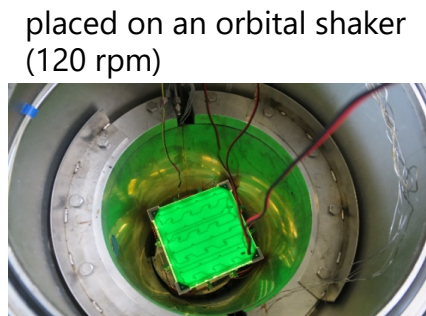
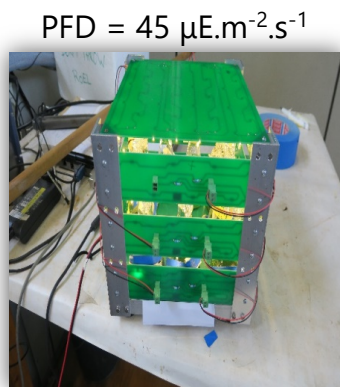
2018



GEUSE II facility at SCK•CEN
 SNF gamma rays (mainly ¹³⁷Cs)
 dose rate: ca. **80 Gy.h⁻¹**
 temperature: RT
 in the **light (LED tower)**

Exp time at max. dose: ~72 h
 (= ca. one life cycle)

2019

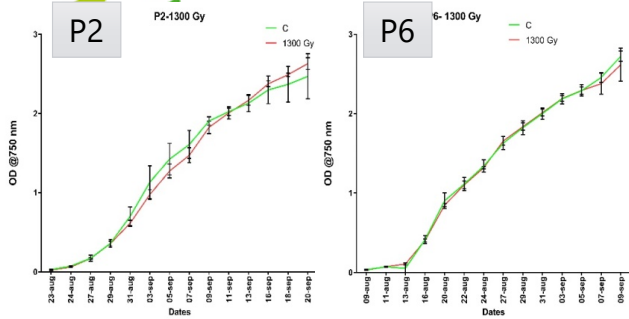


⁶⁰Co 1.17 MeV + 1.33 MeV

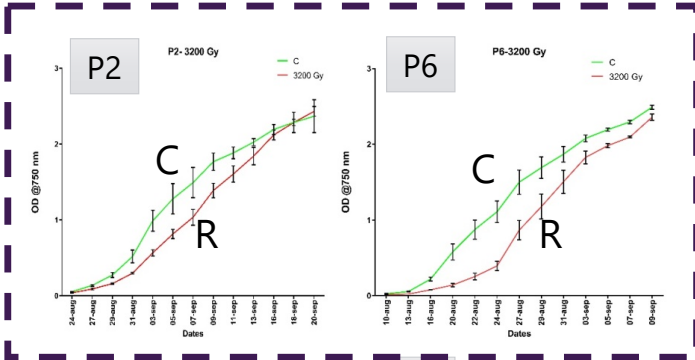
SNF (1 yr old)
¹³⁷Cs 0.67 MeV

RNAseq: 4-way comparison

1450 Gy

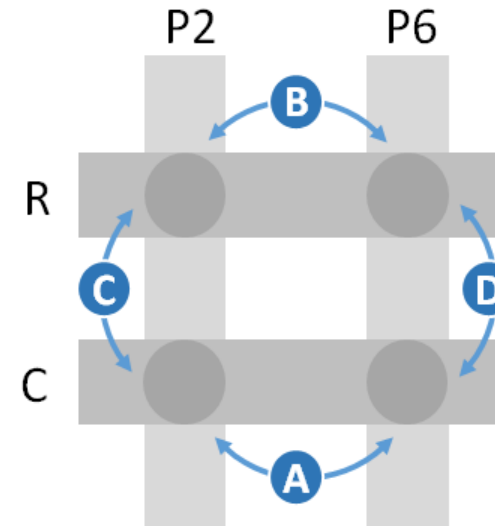
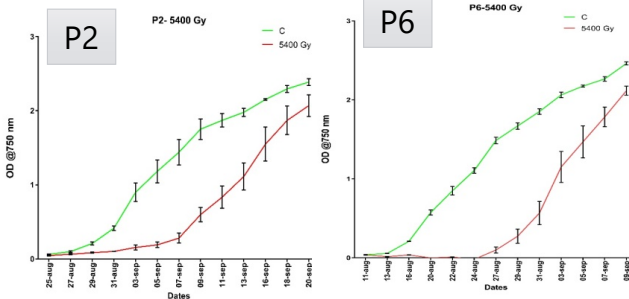


3200 Gy



RNA, triplicates

5700 Gy

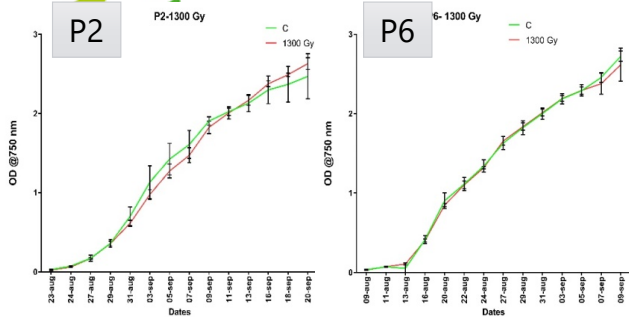


Selection of DEGs:

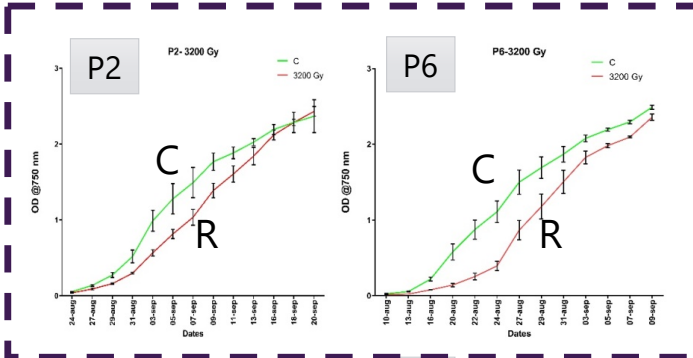
$-0.5 \geq \log_2FC \geq 1$ and $FDR < 0.05$

RNAseq: 4-way comparison

1450 Gy

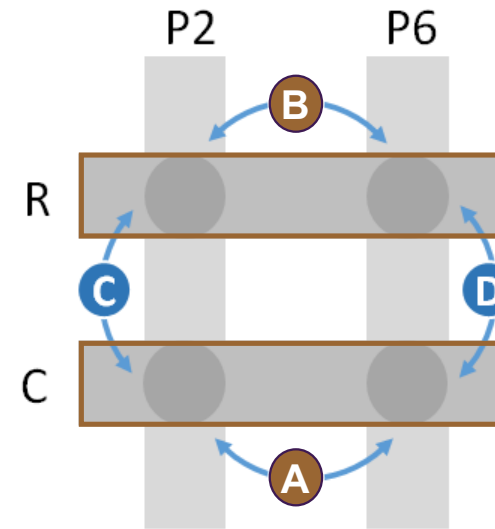
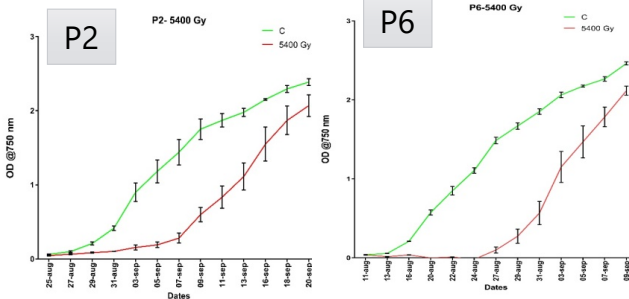


3200 Gy



RNA, triplicates

5700 Gy

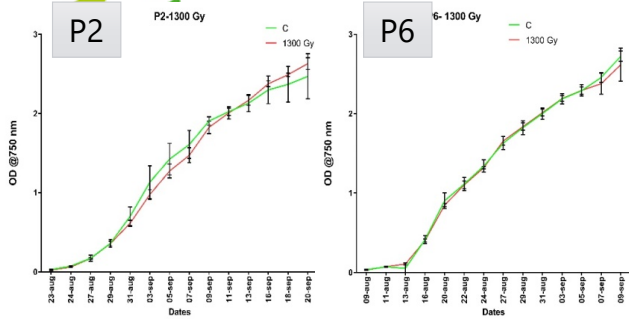


Selection of DEGs:

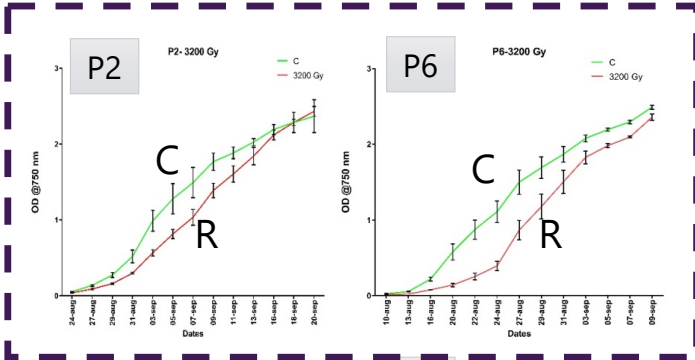
$-0.5 \geq \log_2FC \geq 1$ and $FDR < 0.05$

RNAseq: 4-way comparison

1450 Gy

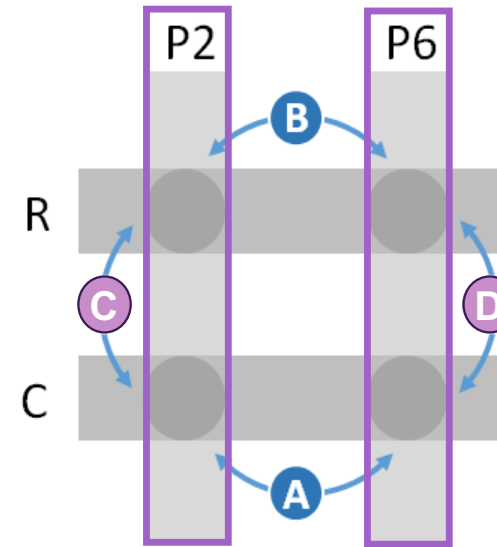
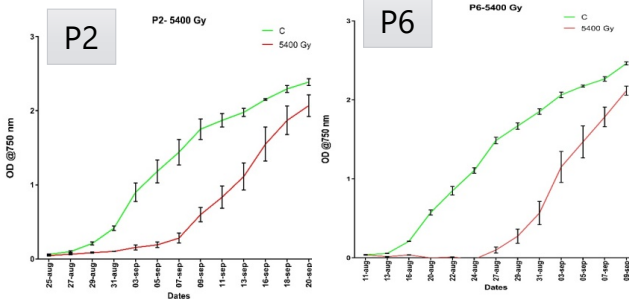


3200 Gy



RNA, triplicates

5700 Gy



Selection of DEGs:

$$-0.5 \geq \log_2FC \geq 1 \text{ and } FDR < 0.05$$



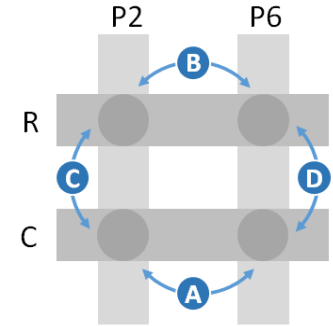
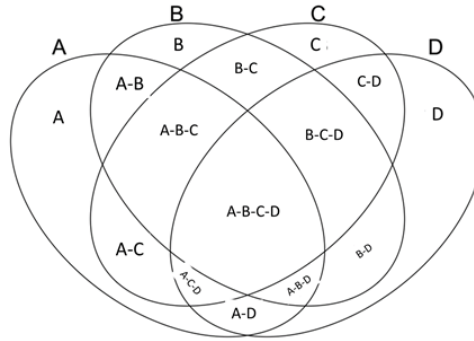
RNAseq data for 4 sets (P2 vs P6 & RAD vs REF)

A				B				C				D				CDS sta	CDS en	Strand	Info1
logFC [P6c-P2c]	FDR [P6c-P2c]	logFC [P6R-P2R]	FDR [P6R-P2R]	logFC [P2R-P2C]	FDR [P2R-P2C]	logFC [P6R-P6C]	FDR [P6R-P6C]	logFC [P2R-P2C]	FDR [P2R-P2C]	logFC [P6R-P6C]	FDR [P6R-P6C]	CDS sta	CDS en	Strand	Info1				
-0,114746657	0,955545409	0,575093197	0,528997843	1,164265704	0,028230227	1,854105557	1,78E-05	1,164265704	0,028230227	1,854105557	1,78E-05	177880	178869	-	locus_tag=ARTHROv5_101				
0,247711453	0,821151816	0,319687362	0,728836623	1,777836491	4,61E-07	1,8498124	8,23E-08	1,777836491	4,61E-07	1,8498124	8,23E-08	3928487	3929038	-	locus_tag=ARTHROv5_407				
0,632997786	0,321818498	0,245012533	0,814440306	2,236066809	3,79E-10	1,848081556	1,15E-07	2,236066809	3,79E-10	1,848081556	1,15E-07	5837981	5838610	+	locus_tag=ARTHROv5_600				
-0,197122787	0,874204447	0,625789418	0,324102238	1,023692385	0,007214857	1,846604591	8,87E-08	1,023692385	0,007214857	1,846604591	8,87E-08	5806503	5806871	+	locus_tag=ARTHROv5_6085				
-0,365758681	0,671352963	0,291589089	0,760511999	1,187770302	0,001323067	1,845118072	1,15E-07	1,187770302	0,001323067	1,845118072	1,15E-07	116153	116710	+	locus_tag=ARTHROv5_101				
0,069741571	0,958835299	0,11671299	0,933778811	1,792400815	8,97E-08	1,839372234	4,20E-08	1,792400815	8,97E-08	1,839372234	4,20E-08	5997695	5997943	-	locus_tag=ARTHROv5_610				
0,125008554	0,926538611	0,468568196	0,53471908	1,493571843	2,85E-05	1,837131485	9,52E-08	1,493571843	2,85E-05	1,837131485	9,52E-08	486794	487843	-	locus_tag=ARTHROv5_104				
0,861180912	0,555803385	0,119762917	0,95458216	2,571318609	2,19E-05	1,829900614	0,000389135	2,571318609	2,19E-05	1,829900614	0,000389135	2206852	2206980	+	locus_tag=ARTHROv5_20				
0,10980215	0,958779781	0,877874915	0,239520879	1,06070453	0,072430811	1,828777294	3,22E-05	1,06070453	0,072430811	1,828777294	3,22E-05	3856884	3857066	+	locus_tag=ARTHROv5_407				
-0,493161876	0,704683098	0,634970119	0,520811378	0,699799949	0,29042559	1,827931944	0,000136298	0,699799949	0,29042559	1,827931944	0,000136298	898181	2898471	-	locus_tag=ARTHROv5_3050				
0,277531882	0,944686859	1,377161416	0,373138156	0,722014785	0,687735568	1,82164432	0,038773424	0,722014785	0,687735568	1,82164432	0,038773424	1758359	1758523	-	locus_tag=ARTHROv5_11				
-0,763501901	0,127318448	0,854380664	0,089277053	0,201920278	0,726907815	1,819802843	6,70E-08	0,201920278	0,726907815	1,819802843	6,70E-08	3172268	3172738	+	locus_tag=ARTHROv5_30				
0,638869029	0,244665997	0,424942674	0,580307994	2,032671027	1,22E-09	1,818744672	6,24E-08	2,032671027	1,22E-09	1,818744672	6,24E-08	3836604	3836780	+	locus_tag=ARTHROv5_4058				
-0,383150132	0,626607224	0,437039839	0,56536803	0,982543123	0,007709985	1,802733093	9,89E-08	0,982543123	0,007709985	1,802733093	9,89E-08	8541003	5541392	-	gene=cheY1				
0,190102738	0,885086875	0,819354775	0,140283363	1,173006569	0,002922163	1,802258606	3,96E-07	1,173006569	0,002922163	1,802258606	3,96E-07	2344596	2345072	-	locus_tag=ARTHROv5_2021				
-0,099764263	0,942649723	0,402108859	0,628340553	1,298366898	0,000337959	1,80024002	1,80E-07	1,298366898	0,000337959	1,80024002	1,80E-07	3916982	3917407	-	locus_tag=ARTHROv5_406				
0,123526714	0,932743547	0,178166499	0,889750106	1,742741693	3,02E-06	1,797381478	5,76E-07	1,742741693	3,02E-06	1,797381478	5,76E-07	5661752	5662162	+	locus_tag=ARTHROv5_6069				
0,003566776	1	0,644935045	0,472126012	1,155839388	0,040926924	1,797207656	5,62E-05	1,155839388	0,040926924	1,797207656	5,62E-05	2245620	2246624	+	locus_tag=ARTHROv5_2017				
-1,092657227	0,033826972	0,420335671	0,651702784	0,275670647	0,656659845	1,788663544	3,00E-06	0,275670647	0,656659845	1,788663544	3,00E-06	5749564	5749836	-	locus_tag=ARTHROv5_6077				
-0,302372755	0,875876658	0,354516925	0,788405291	1,12214721	0,062174577	1,779036891	0,000343726	1,12214721	0,062174577	1,779036891	0,000343726	2188205	2190241	-	locus_tag=ARTHROv5_20				
0,795463938	0,102276868	0,511503813	0,453157082	2,057691023	6,04E-10	1,773730898	1,23E-07	2,057691023	6,04E-10	1,773730898	1,23E-07	3835569	3835751	+	locus_tag=ARTHROv5_405				
-0,118275112	0,936899924	0,341282803	0,724318204	1,309521568	0,000917856	1,769079483	1,38E-06	1,309521568	0,000917856	1,769079483	1,38E-06	5749988	5750236	-	locus_tag=ARTHROv5_60				
0,515193793	0,885875	0,547613112	0,786425211	1,735496323	0,133886895	1,767915642	0,03693793	1,735496323	0,133886895	1,767915642	0,03693793	5328760	5328957	+	locus_tag=ARTHROv5_6034				
0,107348735	0,942649723	0,35567925	0,702996197	1,514665335	7,19E-05	1,76299585	1,11E-06	1,514665335	7,19E-05	1,76299585	1,11E-06	3926483	3928486	-	locus_tag=ARTHROv5_406				
0,06104963	0,963699559	0,498998631	0,483190482	1,321899641	0,000171382	1,759848641	2,21E-07	1,321899641	0,000171382	1,759848641	2,21E-07	488937	490952	-	locus_tag=ARTHROv5_1049				
-0,335459294	0,765974895	0,957880532	0,094731003	0,466318315	0,410822461	1,759658141	4,30E-06	0,466318315	0,410822461	1,759658141	4,30E-06	3490185	3490673	-	locus_tag=ARTHROv5_4023				
0,873930502	0,098389366	0,971544713	0,045447993	1,655593858	8,16E-06	1,753208069	5,07E-07	1,655593858	8,16E-06	1,753208069	5,07E-07	3840207	3840335	+	locus_tag=ARTHROv5_405				
0,462176891	0,588545847	0,25296689	0,811282563	1,957499988	1,38E-07	1,748289987	1,12E-06	1,957499988	1,38E-07	1,748289987	1,12E-06	5806879	5807202	+	locus_tag=ARTHROv5_6083				
-0,348006266	0,751354055	1,006889359	0,07380063	0,384728361	0,529574091	1,739623986	6,56E-06	0,384728361	0,529574091	1,739623986	6,56E-06	5801998	5802285	+	locus_tag=ARTHROv5_608				
0,122071739	0,981442056	1,395946848	0,530301422	0,460861948	0,850894042	1,734737057	0,138118994	0,460861948	0,850894042	1,734737057	0,138118994	3616091	3616258	-	locus_tag=ARTHROv5_40				
0,488443679	0,623824483	0,114342907	0,943942315	2,106366804	2,91E-07	1,732266033	6,35E-06	2,106366804	2,91E-07	1,732266033	6,35E-06	5352549	5353346	-	locus_tag=ARTHROv5_6036				
-0,481682119	0,881181129	2,714603677	0,06039604	-1,465552678	0,366957456	1,730733118	0,055145478	-1,465552678	0,366957456	1,730733118	0,055145478	5669763	5670083	+	gene=hsdR				
0,000381992	1	-0,547392185	0,405551682	2,277518396	1,19E-11	1,729744219	4,31E-07	2,277518396	1,19E-11	1,729744219	4,31E-07	5246325	5247467	-	locus_tag=ARTHROv5_60				



Breakdown of differentially expressed genes

- 6658 genes
- 1 tmRNA
 - 6 rRNA
 - 42 tRNA
 - 288 miscRNA



FDR < 0.05	Higher expressed genes ($\log_2FC \geq 1$)				Lower expressed genes ($\log_2FC \leq -0.5$)			
comparison	A	B	C	D	A	B	C	D
known function	12(8)	20(8)	41(12)	54(19)	23(6)	16(10)	87(35)	76(31)
RNA genes	6(1)	2(1)	21(12)	9(5)	1(1)	5(5)	29(12)	31(14)
unknown function	81(33)	83(50)	273(81)	333(145)	130(26)	41(19)	600(379)	270(125)
total	99(42)	105(59)	335(105)	396(169)	154(33)	62(34)	716(426)	377(170)

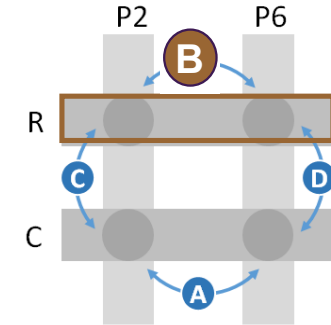
} 253 }
 [related to known genomic differences?]

P2 } P6
 2x



γ -irradiated cells P2 vs P6: 36 genes with function

B



	MaGe-ID	COG		[P6C-P2C]			[P6R-P2R]			[P2R-P2C]			[P6R-P6C]		
		ID	Class	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR
<i>pyrD</i>	41290	COG0159	E	1,35	2,54	0,001	1,23	2,34	0,004	1,17	2,25	0,002	1,05	2,07	0,005
<i>mscS</i>	30508	COG0668	M	0,90	1,86	0,052	1,00	2,00	0,034	-0,64	0,64	0,125	-0,54	0,69	0,233
<i>rfpX</i>	30213	nd	nd	-0,58	0,67	0,321	1,73	3,32	0,000	-2,46	0,18	0,000	-0,15	0,90	0,815
<i>sufR</i>	11765	COG2345	K	0,57	1,48	0,365	1,09	2,13	0,023	-0,35	0,78	0,509	0,17	1,13	0,791
<i>hliA</i>	40644	nd	nd	-0,48	0,72	0,469	1,57	2,97	0,000	-2,45	0,18	0,000	-0,40	0,76	0,410
<i>clpC1</i>	11572	COG0542	O	0,39	1,31	0,610	1,13	2,19	0,008	0,24	1,18	0,665	0,98	1,97	0,009
<i>norR</i>	10321	COG0664	T	-0,39	0,76	0,722	1,52	2,87	0,011	-0,97	0,51	0,088	0,94	1,92	0,054
<i>ddpX</i>	60722	COG2173	M	-0,27	0,83	0,786	1,04	2,05	0,033	-1,14	0,45	0,002	0,16	1,12	0,809
<i>intA9</i>	11275	nd	nd	0,17	1,13	0,886	1,19	2,28	0,007	-2,02	0,25	0,000	-1,00	0,50	0,008
<i>mutT2</i>	60942	COG0494	L, R	0,85	1,81	0,111	1,58	2,98	0,000	-0,58	0,67	0,259	0,14	1,10	0,847
<i>rnc2</i>	10310	COG0571	K	0,58	1,50	0,360	1,06	2,09	0,017	2,24	4,71	0,000	2,72	6,58	0,000
<i>hsdR1a</i>	30623	COG0610	V	0,25	1,19	0,903	1,06	2,09	0,039	3,00	8,00	0,000	3,81	14,03	0,000
<i>hyuA</i>	10456	COG0145/6	Q	0,75	1,68	0,190	1,24	2,37	0,006	0,58	1,50	0,221	1,08	2,12	0,005
<i>clpB2</i>	41259	COG0542	O	0,57	1,48	0,345	2,44	5,41	0,000	-0,75	0,60	0,064	1,12	2,18	0,002
<i>cbpA</i>	61127	COG2214	O	-0,55	0,69	0,367	1,18	2,26	0,005	-0,30	0,81	0,559	1,42	2,68	0,000
<i>hspA</i>	61125	COG0071	O	0,38	1,30	0,625	1,66	3,15	0,000	-0,05	0,97	0,946	1,23	2,35	0,000
<i>ruvA</i>	40103	COG0632	L	0,25	1,19	0,864	1,47	2,76	0,008	-0,11	0,93	0,912	1,10	2,15	0,014
<i>dnaK3a</i>	11999	COG0443	O	-0,14	0,91	0,910	1,28	2,42	0,001	-0,49	0,71	0,259	0,93	1,90	0,013
<i>mazF</i>	12008	COG2337	T	0,15	1,11	0,910	1,19	2,27	0,014	0,13	1,09	0,863	1,16	2,23	0,003
<i>htpG</i>	20229	COG0326	O	0,10	1,07	0,940	1,08	2,11	0,015	0,35	1,27	0,478	1,33	2,51	0,000
<i>psbU</i>	40969	COG1555	L	-1,39	0,38	0,000	-1,07	0,48	0,015	-0,14	0,91	0,824	0,18	1,13	0,768
<i>ycf4</i>	11992	nd	nd	-1,26	0,42	0,001	-1,30	0,41	0,001	0,48	1,39	0,277	0,44	1,36	0,361
<i>ndhD4</i>	60715	COG1008	C	-1,13	0,46	0,007	-1,07	0,48	0,028	-0,60	0,66	0,165	-0,54	0,69	0,275
<i>gvpC1a</i>	12034	nd	nd	-0,71	0,61	0,158	-1,06	0,48	0,016	0,07	1,05	0,916	-0,27	0,83	0,624
<i>fabF2</i>	11990	COG0304	Q	-0,69	0,62	0,198	-1,08	0,47	0,020	0,55	1,47	0,202	0,17	1,13	0,798
<i>thiC</i>	61026	COG0422	H	-0,60	0,66	0,282	-1,27	0,41	0,002	0,12	1,09	0,847	-0,55	0,68	0,225
<i>psaE</i>	30570	nd	nd	-0,55	0,68	0,351	-1,00	0,50	0,029	-0,24	0,84	0,651	-0,69	0,62	0,099
<i>dnaJ</i>	11068	COG2214	O	-0,49	0,71	0,481	-1,03	0,49	0,044	-0,19	0,87	0,752	-0,73	0,60	0,106
<i>lytE</i>	30321	COG3409	M	-0,46	0,73	0,505	-0,98	0,51	0,033	0,49	1,41	0,259	-0,03	0,98	0,974
<i>trpA</i>	20243	COG0159	E	-0,15	0,90	0,904	-1,00	0,50	0,045	0,50	1,42	0,269	-0,34	0,79	0,556
<i>psaC</i>	10235	COG1145	C	-0,11	0,93	0,933	-1,23	0,43	0,003	0,55	1,46	0,192	-0,57	0,67	0,189
<i>ispD</i>	30478	COG1211	I	0,05	1,04	0,970	-1,02	0,49	0,044	0,25	1,19	0,661	-0,82	0,57	0,055
<i>psbH</i>	40752	nd	nd	-0,01	1,00	0,999	-0,94	0,52	0,043	0,48	1,40	0,264	-0,45	0,73	0,339
<i>trxA3</i>	11001	COG0526	C	-0,57	0,68	0,354	-1,26	0,42	0,005	-0,50	0,71	0,269	-1,20	0,44	0,002
<i>gvpJ</i>	12040	nd	nd	-0,53	0,69	0,403	-1,18	0,44	0,006	-0,20	0,87	0,737	-0,85	0,55	0,032
<i>psaX</i>	40172	nd	nd	-0,14	0,91	0,911	-1,11	0,46	0,010	0,07	1,05	0,923	-0,90	0,53	0,018



scl: cen

Reference

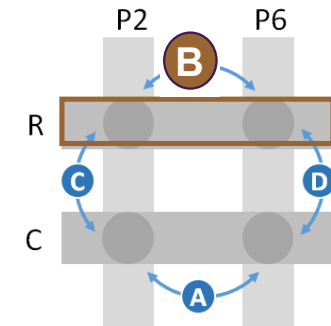
ISC: Restricted



γ -irradiated cells P2 vs P6: 7 RNA genes

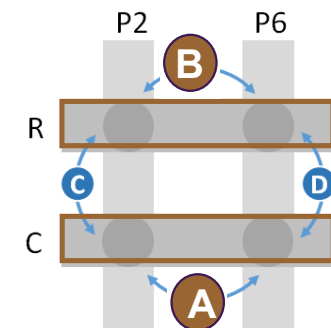
B

	length (nt)	Rfam		[P6C-P2C]			[P6R-P2R]			[P2R-P2C]			[P6R-P6C]		
		ID	Class	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR
RNA210	79	RF00029	grp II intron	0.82	1.76	0.139	1.20	2.31	0.024	-0.60	0.66	0.249	-0.21	0.86	0.745
RNA220	78	RF00029	grp II intron	2.88	7.37	0.000	1.23	2.35	0.003	2.12	4.35	0.000	0.47	1.39	0.309
RNA109	139	RF02033	HEARO	-0.80	0.57	0.095	-1.05	0.48	0.021	0.21	1.15	0.717	-0.04	0.97	0.967
RNA111	139	RF02033	HEARO	0.19	1.14	0.866	-0.99	0.50	0.027	1.11	2.16	0.002	-0.08	0.95	0.921
RNA142	138	RF02033	HEARO	-0.34	0.79	0.670	-0.98	0.51	0.030	0.46	1.38	0.294	-0.18	0.88	0.776
RNA219	137	RF02033	HEARO	-0.17	0.89	0.885	-0.99	0.50	0.029	0.42	1.33	0.361	-0.40	0.76	0.405
RNA254	137	RF02033	HEARO	0.17	1.13	0.884	-0.97	0.51	0.033	1.24	2.36	0.000	0.09	1.06	0.903



non-irradiated/ γ -irradiated cells P2 vs P6 (A + B):

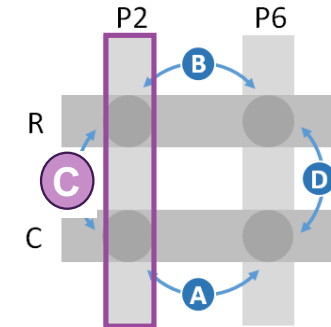
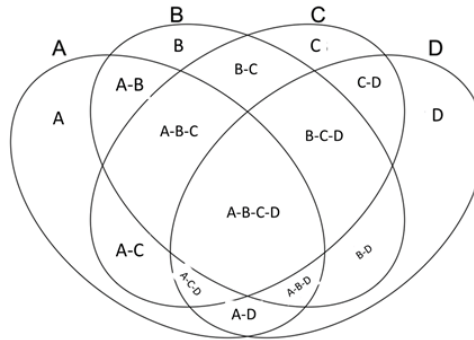
211 + 124 = 335 genes of unknown function





γ -irradiation regulated genes in P2 (C)

Defined function: 128
 RNA: 50
 Unknown: 873 (83%)



FDR < 0.05	Higher expressed genes ($\log_2FC \geq 1$)				Lower expressed genes ($\log_2FC \leq -0.5$)			
comparison	A	B	C	D	A	B	C	D
known function	12(8)	20(8)	41(12)	54(19)	23(6)	16(10)	87(35)	76(31)
RNA genes	6(1)	2(1)	21(12)	9(5)	1(1)	5(5)	29(12)	31(14)
unknown function	81(33)	83(50)	273(81)	333(145)	130(26)	41(19)	600(379)	270(125)
total	99(42)	105(59)	335(105)	396(169)	154(33)	62(34)	716(426)	377(170)

1051 DEGs

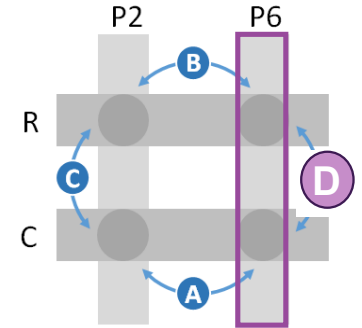
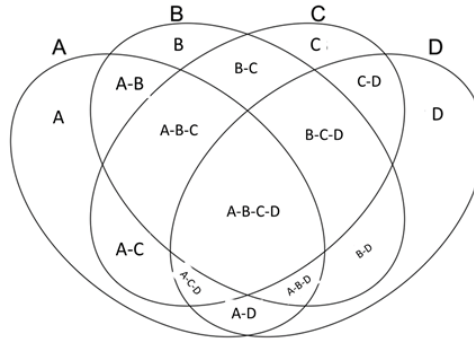


γ -irradiation regulated genes in P6 (D)

Defined function: 130

RNA: 40

Unknown: 603 (78%)



FDR < 0.05	Higher expressed genes ($\log_2FC \geq 1$)				Lower expressed genes ($\log_2FC \leq -0.5$)			
comparison	A	B	C	D	A	B	C	D
known function	12(8)	20(8)	41(12)	54(19)	23(6)	16(10)	87(35)	76(31)
RNA genes	6(1)	2(1)	21(12)	9(5)	1(1)	5(5)	29(12)	31(14)
unknown function	81(33)	83(50)	273(81)	333(145)	130(26)	41(19)	600(379)	270(125)
total	99(42)	105(59)	335(105)	396(169)	154(33)	62(34)	716(426)	377(170)

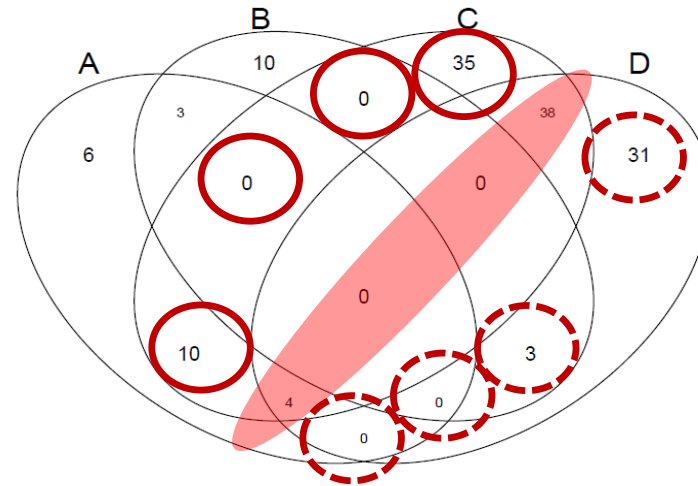
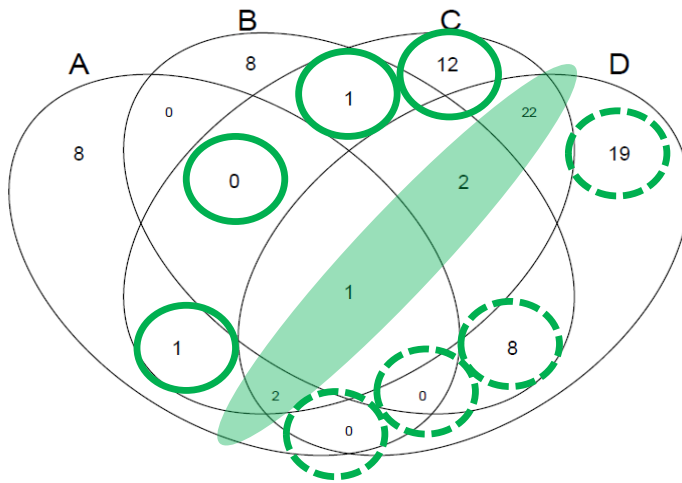
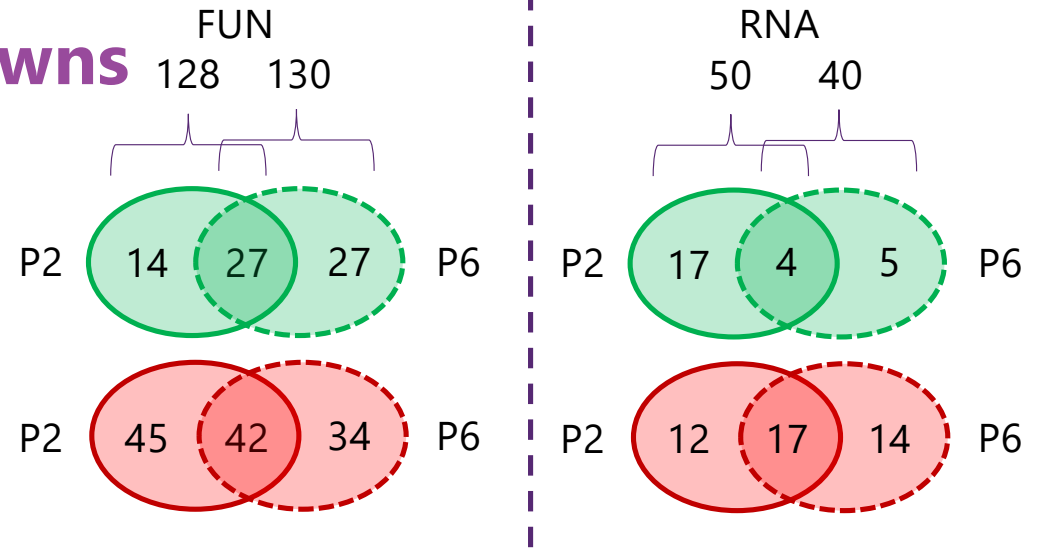
773 DEGs



The caveat of unknowns

	total	???	%	FUN	RNA
A	253	211	83	35	7
B	167	124	74	36	7
C	1051	873	83	128	50
D	773	603	78	130	40

~14%



C = ↑↓ in P2

D = ↑↓ in P6



C

D

	MaGe-ID	COG		[P6C-P2C]			[P6R-P2R]			[P2R-P2C]			[P6R-P6C]		
		ID	Class	logFC	FC	FDR	logFC		FDR	logFC		FDR	logFC		FDR
<i>pflB</i>	60899	COG1882	C	1,27	2,41	0,001	0,65	1,57	0,267	1,47	2,78	0,000	0,85	1,81	0,027
<i>mutT1</i>	40086	COG1051	F	0,48	1,39	0,543	0,02	1,02	0,993	1,25	2,38	0,001	0,80	1,74	0,058
<i>czcD</i>	10962	COG1230	P	1,08	2,11	0,051	0,60	1,51	0,421	1,44	2,71	0,001	0,96	1,94	0,024
<i>nanE</i>	41334	COG3010	G	0,90	1,87	0,062	0,43	1,34	0,594	1,27	2,42	0,000	0,80	1,74	0,048
<i>sigG</i>	40126	COG1595	K	0,86	1,82	0,065	0,26	1,20	0,789	1,55	2,92	0,000	0,95	1,93	0,012
<i>sseA</i>	60026	COG2897	P	0,63	1,55	0,251	-0,01	0,99	1,000	1,34	2,53	0,000	0,70	1,62	0,095
<i>cbiN</i>	30439	COG1930	P	0,59	1,50	0,350	-0,28	0,82	0,777	1,39	2,63	0,000	0,53	1,44	0,263
<i>plsC</i>	30643	nd	nd	0,59	1,51	0,451	-0,18	0,88	0,903	1,05	2,08	0,020	0,28	1,22	0,675
<i>ndhJ</i>	60547	COG0852	C	0,49	1,40	0,459	0,12	1,08	0,934	1,08	2,11	0,002	0,71	1,64	0,082
<i>acaE</i>	40592	nd	nd	0,46	1,38	0,490	-0,16	0,89	0,895	1,45	2,73	0,000	0,82	1,77	0,034
<i>mtnW</i>	10760	COG1850	G	0,39	1,31	0,699	-0,16	0,89	0,917	1,09	2,13	0,014	0,54	1,46	0,312
<i>gcp</i>	30658	COG0533	O	0,21	1,15	0,873	-0,70	0,61	0,282	1,04	2,06	0,010	0,13	1,10	0,860
<i>isiA</i>	61180	nd	nd	0,07	1,05	0,968	-0,29	0,82	0,799	1,21	2,32	0,006	0,86	1,81	0,074
<i>chlB</i>	60133	COG2710	C	0,01	1,00	0,999	-0,24	0,85	0,814	1,02	2,03	0,005	0,77	1,71	0,054
<i>arhA</i>	10467	nd	S	0,68	1,61	0,190	0,08	1,06	0,957	3,67	12,71	0,000	3,07	8,37	0,000
<i>arhB</i>	10468	nd	S	1,47	2,76	0,000	0,07	1,05	0,965	4,90	29,85	0,000	3,50	11,33	0,000
<i>arhC</i>	10469	nd	S	0,73	1,66	0,159	0,08	1,05	0,961	4,57	23,79	0,000	3,92	15,10	0,000
<i>arhD</i>	10470	nd	S	0,65	1,57	0,242	0,07	1,05	0,965	4,55	23,36	0,000	3,97	15,65	0,000
<i>arhE</i>	10471	nd	S	0,43	1,34	0,595	0,13	1,10	0,921	4,47	22,20	0,000	4,18	18,12	0,000
<i>metE</i>	60603	COG0620	E	1,21	2,32	0,003	0,59	1,50	0,351	2,93	7,62	0,000	2,30	4,94	0,000
<i>hsdR1b</i>	30624	COG0610	V	0,68	1,61	0,501	0,86	1,82	0,171	2,17	4,49	0,000	2,35	5,09	0,000
<i>hsdR1c</i>	30625	COG0610	V	0,31	1,24	0,863	0,38	1,31	0,761	1,13	2,19	0,059	1,21	2,31	0,018
<i>groL1</i>	61181	COG0459	O	-3,05	0,12	0,000	0,35	1,28	0,678	1,49	2,82	0,000	4,90	29,87	0,000
<i>groS</i>	61182	COG0234	O	-3,13	0,11	0,000	0,64	1,56	0,282	1,24	2,37	0,000	5,02	32,34	0,000
<i>norB</i>	10323	COG3256	P	1,08	2,12	0,143	0,66	1,58	0,452	1,44	2,72	0,009	1,02	2,02	0,035
<i>glbN</i>	10324	COG2346	R	1,41	2,65	0,194	0,47	1,38	0,731	2,24	4,71	0,002	1,30	2,46	0,023
<i>panE</i>	30591	COG1893	H	0,83	1,78	0,295	0,44	1,36	0,652	1,94	3,84	0,000	1,55	2,93	0,000
<i>dusA</i>	20088	COG0042	J	0,70	1,62	0,491	0,31	1,24	0,782	2,29	4,90	0,000	1,91	3,75	0,000





										C			D		
<i>cas1</i>	40678	COG1518	L	0,57	1,48	0,665	0,74	1,67	0,395	1,36	2,57	0,024	1,53	2,89	0,001
<i>ubiA1</i>	10854	COG0382	H	0,40	1,32	0,684	0,33	1,25	0,750	1,39	2,62	0,001	1,32	2,50	0,001
<i>phaP</i>	10501	nd	nd	0,32	1,24	0,708	0,09	1,06	0,955	1,62	3,08	0,000	1,39	2,63	0,000
<i>ppiC</i>	60867	COG0760	O	0,47	1,39	0,719	0,56	1,48	0,580	1,25	2,37	0,032	1,33	2,52	0,005
<i>rmlA</i>	12054	COG1209	M	0,33	1,26	0,772	0,39	1,31	0,696	1,04	2,05	0,022	1,10	2,14	0,009
<i>dnaK5</i>	10362	COG0443	O	0,22	1,17	0,853	-0,28	0,82	0,770	2,60	6,05	0,000	2,10	4,28	0,000
<i>folE1</i>	40925	COG0302	H	0,15	1,11	0,910	-0,04	0,97	0,980	2,46	5,51	0,000	2,27	4,83	0,000
<i>narGb</i>	10336	COG5013	C	0,37	1,30	0,959	0,23	1,18	0,953	3,53	11,56	0,030	3,39	10,48	0,006
<i>cheC1</i>	60571	COG1776	N	0,22	1,16	0,864	0,47	1,39	0,552	1,02	2,02	0,013	1,28	2,42	0,001
<i>cheB1</i>	60572	COG2201	N	0,48	1,40	0,543	0,42	1,34	0,614	1,68	3,21	0,000	1,62	3,08	0,000
<i>cheW1</i>	60576	COG0835	N	-0,43	0,74	0,627	0,62	1,53	0,357	1,12	2,17	0,005	2,16	4,47	0,000
<i>cheA1</i>	60577	COG0643	N	-0,14	0,91	0,917	0,36	1,28	0,685	1,37	2,59	0,000	1,87	3,66	0,000
<i>cheY1</i>	60578	COG0784	T	-0,38	0,77	0,627	0,44	1,35	0,565	0,98	1,98	0,008	1,80	3,49	0,000
<i>groL2</i>	30259	COG0459	O	-2,32	0,20	0,000	0,62	1,54	0,314	0,53	1,45	0,214	3,48	11,13	0,000
<i>nifJ</i>	41291	(#)	C	0,65	1,57	0,247	0,95	1,94	0,045	0,80	1,74	0,045	1,10	2,15	0,003
<i>cas2</i>	40676	COG1518	L	0,72	1,65	0,536	0,95	1,93	0,252	1,05	2,07	0,134	1,27	2,42	0,012
<i>rpsS</i>	11035	COG0185	J	-0,26	0,83	0,793	0,67	1,59	0,276	0,17	1,12	0,792	1,10	2,14	0,003
<i>rplV</i>	11036	COG0091	J	-0,43	0,74	0,584	0,57	1,49	0,394	0,05	1,04	0,946	1,05	2,07	0,006
<i>rplP</i>	11038	COG0197	J	-0,61	0,66	0,286	0,63	1,54	0,320	-0,06	0,96	0,929	1,17	2,25	0,001
<i>rplN</i>	11041	COG0093	J	0,05	1,03	0,973	0,68	1,60	0,246	0,41	1,33	0,379	1,04	2,06	0,005
<i>cbsR</i>	30501	COG0664	T	0,01	1,01	1,000	0,84	1,79	0,389	0,81	1,76	0,308	1,65	3,13	0,002
<i>cysA</i>	30503	COG1118	P	0,42	1,33	0,756	0,89	1,85	0,220	1,10	2,14	0,052	1,57	2,97	0,000
<i>oppD</i>	10748	COG0444	P	-0,23	0,85	0,857	0,70	1,62	0,290	0,34	1,27	0,560	1,27	2,41	0,001
<i>proA1</i>	41057	COG0014	E	-0,22	0,86	0,866	0,48	1,39	0,563	0,79	1,73	0,078	1,49	2,80	0,000
<i>bioF</i>	61132	COG0156	H	-0,20	0,87	0,890	0,25	1,19	0,842	0,67	1,59	0,199	1,12	2,18	0,011
<i>psbI</i>	30303	nd	nd	-0,09	0,94	0,951	0,29	1,23	0,759	0,89	1,85	0,021	1,27	2,41	0,000
<i>arsI</i>	60129	COG0346	E	-0,06	0,96	0,962	0,23	1,18	0,825	0,78	1,72	0,050	1,08	2,12	0,004
<i>cry</i>	10963	COG0415	L	-0,06	0,96	0,972	0,50	1,41	0,560	0,86	1,81	0,070	1,41	2,66	0,000
<i>rmlD</i>	12053	COG1091	M	0,05	1,04	0,973	0,51	1,42	0,557	0,64	1,56	0,209	1,10	2,14	0,009
<i>rbsK</i>	40318	COG0524	G	-0,02	0,98	0,988	0,40	1,32	0,639	0,62	1,54	0,159	1,05	2,07	0,006
<i>cyp</i>	60259	COG2124	Q	0,02	1,01	0,993	0,73	1,66	0,212	0,86	1,82	0,033	1,58	2,99	0,000



C

D

	MaGe-ID	COG		[P6C-P2C]			[P6R-P2R]			[P2R-P2C]			[P6R-P6C]		
		ID	Class	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR
<i>gvpV</i>	30356	nd	nd	-1,50	0,35	0,000	0,14	1,10	0,917	-1,03	0,49	0,004	0,61	1,52	0,158
<i>faxB1</i>	10168	nd	nd	-0,26	0,83	0,877	0,71	1,63	0,665	-1,36	0,39	0,048	-0,39	0,76	0,669
<i>faxB2</i>	20055	nd	nd	-1,08	0,47	0,253	1,05	2,07	0,567	-1,88	0,27	0,020	0,25	1,19	0,853
<i>faxB3</i>	30751	nd	nd	-2,31	0,20	0,000	1,12	2,18	0,508	-2,81	0,14	0,000	0,63	1,55	0,542
<i>faxB4</i>	50359	nd	nd	-1,11	0,46	0,150	1,37	2,58	0,361	-2,54	0,17	0,000	-0,06	0,96	0,973
<i>terD</i>	60676	COG2310	T	-0,86	0,55	0,065	0,26	1,20	0,793	-0,97	0,51	0,008	0,14	1,10	0,838
<i>terX</i>	60677	COG2310	T	-1,22	0,43	0,002	0,22	1,17	0,834	-1,15	0,45	0,001	0,29	1,22	0,600
<i>pvullR1</i>	50004	COG3587	V	-0,75	0,60	0,202	0,38	1,31	0,742	-1,31	0,40	0,002	-0,18	0,88	0,811
<i>pvullR2</i>	50009	COG3587	V	-1,30	0,41	0,008	0,83	1,77	0,391	-1,95	0,26	0,000	0,17	1,13	0,848
<i>petJ2</i>	40025	COG2010	C	-1,07	0,48	0,011	0,11	1,08	0,943	-0,97	0,51	0,009	0,21	1,16	0,736
<i>rpsO</i>	20177	COG0184	J	-0,96	0,52	0,030	0,65	1,57	0,274	-1,50	0,35	0,000	0,11	1,08	0,882
<i>hisI</i>	11384	COG0139	E	-0,94	0,52	0,036	0,16	1,12	0,899	-0,80	0,57	0,039	0,30	1,23	0,588
<i>ndhD3</i>	60389	COG1008	C	-0,95	0,52	0,042	-0,59	0,67	0,421	-1,00	0,50	0,009	-0,64	0,64	0,170
<i>pilC</i>	11821	COG1459	U	-0,90	0,53	0,049	0,41	1,33	0,619	-0,77	0,59	0,048	0,54	1,45	0,230
<i>sigE</i>	11781	COG1595	K	-0,99	0,50	0,050	0,28	1,21	0,825	-1,12	0,46	0,008	0,15	1,11	0,853
<i>nblA2</i>	61095	nd	S	0,44	1,36	0,526	0,99	1,99	0,031	-1,08	0,47	0,003	-0,53	0,69	0,240
<i>insB</i>	30106	COG1662	L	-0,90	0,54	0,052	0,40	1,32	0,649	-1,73	0,30	0,000	-0,43	0,74	0,388
<i>rnc1</i>	30253	COG0571	K	-0,90	0,54	0,061	-0,36	0,78	0,724	-1,04	0,49	0,008	-0,49	0,71	0,340
<i>narM</i>	10384	nd	S	-0,79	0,58	0,116	0,50	1,42	0,511	-1,03	0,49	0,006	0,26	1,20	0,659
<i>aroK</i>	40741	COG0703	E	-0,78	0,58	0,139	-0,14	0,91	0,926	-1,15	0,45	0,003	-0,51	0,70	0,326
<i>nrdR</i>	10244	COG1327	K	-0,70	0,61	0,170	-0,12	0,92	0,934	-0,99	0,50	0,007	-0,40	0,76	0,418
<i>ppnK2</i>	30759	COG0061	G	-0,70	0,61	0,206	-0,42	0,75	0,661	-0,83	0,56	0,048	-0,55	0,68	0,280
<i>plsX</i>	30178	COG0416	I	-0,66	0,63	0,225	-0,17	0,89	0,893	-0,88	0,54	0,024	-0,39	0,76	0,450
<i>perR</i>	30342	COG0735	P	-0,60	0,66	0,281	0,37	1,29	0,664	-0,89	0,54	0,017	0,08	1,06	0,918
<i>chIL</i>	41143	COG1348	P	-0,27	0,83	0,772	0,17	1,12	0,893	-1,13	0,46	0,002	-0,69	0,62	0,101
<i>chIN</i>	41145	COG2710	C	-0,59	0,66	0,296	0,33	1,26	0,724	-1,68	0,31	0,000	-0,75	0,59	0,066
<i>pmbA1</i>	10219	COG0312	R	-0,58	0,67	0,318	0,03	1,02	0,987	-0,84	0,56	0,030	-0,23	0,86	0,710
<i>purN</i>	10062	COG0299	F	-0,59	0,66	0,360	0,42	1,34	0,695	-1,49	0,36	0,000	-0,48	0,72	0,378
<i>dcm</i>	30353	COG0270	L	-0,61	0,66	0,459	0,98	1,97	0,272	-1,43	0,37	0,006	0,16	1,12	0,859
<i>rfaE</i>	11853	COG2870	M	-0,48	0,72	0,489	0,30	1,23	0,760	-0,92	0,53	0,018	-0,14	0,91	0,844



<i>secE</i>	60950	COG0690	U	-0,46	0,73	0,490	0,38	1,31	0,639	-0,76	0,59	0,046	0,08	1,06	0,912
<i>argF</i>	12086	COG0078	E	-0,40	0,76	0,611	0,11	1,08	0,949	-0,83	0,56	0,040	-0,32	0,80	0,566
<i>ainM</i>	40255	COG2189	L	-0,53	0,69	0,642	1,56	2,94	0,119	-1,97	0,26	0,003	0,11	1,08	0,921
<i>dam</i>	60398	COG0338	L	0,39	1,31	0,679	0,76	1,69	0,427	-1,29	0,41	0,010	-0,92	0,53	0,059
<i>valS</i>	10769	COG0525	J	-0,32	0,80	0,708	-0,12	0,92	0,937	-0,95	0,52	0,014	-0,75	0,60	0,081
<i>ainR</i>	30352	COG3587	V	-0,30	0,81	0,775	0,83	1,77	0,279	-1,28	0,41	0,004	-0,15	0,90	0,855
<i>hisR</i>	30044	COG0745	T	-0,35	0,78	0,816	0,64	1,56	0,736	-1,53	0,35	0,029	-0,53	0,69	0,550
<i>trmH</i>	60580	COG0565	J	-0,14	0,91	0,919	0,46	1,38	0,602	-1,04	0,49	0,010	-0,44	0,74	0,398
<i>pdxA</i>	40188	COG1995	H	-0,13	0,92	0,928	0,36	1,28	0,760	-1,14	0,45	0,009	-0,65	0,64	0,199
<i>hsdR3</i>	50203	COG0610	V	-0,08	0,95	0,961	0,58	1,50	0,630	-1,24	0,42	0,017	-0,58	0,67	0,344
<i>purE</i>	11375	COG0041	F	0,07	1,05	0,961	0,25	1,19	0,863	-1,01	0,50	0,026	-0,84	0,56	0,078
<i>corA</i>	60812	COG0598	P	-0,06	0,96	0,967	0,35	1,27	0,759	-1,21	0,43	0,004	-0,80	0,57	0,083
<i>cysP</i>	30505	COG1613	P	-0,04	0,97	0,979	1,30	2,46	0,062	-1,37	0,39	0,007	-0,03	0,98	0,978
<i>dnaE</i>	11648	COG0587	L	0,02	1,02	0,988	0,31	1,24	0,798	-0,99	0,50	0,027	-0,70	0,62	0,154
<i>sigD</i>	60941	COG0568	K	-0,01	1,00	0,999	0,92	1,89	0,052	-0,76	0,59	0,049	0,17	1,12	0,789
<i>smpB2</i>	30583	COG0691	O	-0,45	0,73	0,518	0,29	1,22	0,760	-1,02	0,49	0,005	-0,29	0,82	0,601
<i>kaiA</i>	60140	nd	nd	-0,59	0,66	0,301	0,03	1,02	0,987	-1,37	0,39	0,000	-0,74	0,60	0,082
<i>kaiB</i>	60141	COG0526	C, O	-0,84	0,56	0,080	0,16	1,12	0,912	-1,91	0,27	0,000	-0,91	0,53	0,024
<i>kaiC</i>	60142	COG0467	T	0,00	1,00	1,000	0,43	1,35	0,686	-1,12	0,46	0,009	-0,69	0,62	0,153
<i>snaRb</i>	40882	COG3587	V	-1,33	0,40	0,002	0,02	1,01	1,000	-2,66	0,16	0,000	-1,31	0,40	0,006
<i>snaRa</i>	40883	COG3587	V	-0,95	0,52	0,039	-0,29	0,82	0,804	-2,27	0,21	0,000	-1,61	0,33	0,000
<i>snaX</i>	40884	COG1396	K	-0,96	0,51	0,036	-0,15	0,90	0,925	-2,33	0,20	0,000	-1,52	0,35	0,000
<i>nblA1</i>	61056	bd	S	-1,09	0,47	0,007	0,59	1,50	0,361	-2,89	0,13	0,000	-1,21	0,43	0,001
<i>nrtA</i>	40621	COG0715	P	0,95	1,93	0,030	0,69	1,62	0,235	-1,38	0,39	0,000	-1,64	0,32	0,000
<i>nrtB</i>	40620	(a)	P, L	0,82	1,77	0,084	0,32	1,25	0,739	-1,16	0,45	0,001	-1,66	0,32	0,000
<i>nrtC</i>	40619	(b)	P	0,69	1,62	0,199	0,72	1,64	0,279	-1,21	0,43	0,002	-1,19	0,44	0,002
<i>nrtD</i>	40618	COG1116	P	0,88	1,84	0,065	0,43	1,34	0,645	-1,38	0,38	0,000	-1,83	0,28	0,000
<i>glpK</i>	12110	COG0554	C	-0,67	0,63	0,226	-0,48	0,72	0,565	-1,07	0,47	0,004	-0,89	0,54	0,034
<i>nirA</i>	11944	COG0155	P	0,58	1,49	0,310	0,33	1,26	0,720	-1,57	0,34	0,000	-1,82	0,28	0,000
<i>pcrA</i>	41347	COG0210	L	-0,52	0,70	0,487	-0,37	0,77	0,764	-1,16	0,45	0,008	-1,01	0,50	0,036
<i>intB2</i>	20252	nd	nd	-0,44	0,74	0,529	-0,32	0,80	0,742	-1,86	0,28	0,000	-1,73	0,30	0,000
<i>nadC</i>	10738	COG0157	H	0,43	1,35	0,552	0,09	1,06	0,957	-0,85	0,55	0,030	-1,20	0,44	0,001

C

D



<i>glcD</i>	60706	COG0277	C	-0,42	0,75	0,585	-0,35	0,79	0,724	-1,12	0,46	0,003	-1,05	0,48	0,008	
<i>hypA1</i>	40490	COG0375	R	0,37	1,29	0,638	0,43	1,34	0,594	-1,64	0,32	0,000	-1,58	0,33	0,000	
<i>nthB</i>	60176	nd	nd	0,36	1,28	0,655	-0,06	0,96	0,974	-1,47	0,36	0,000	-1,89	0,27	0,000	
<i>fmdA</i>	20218	COG2421	C	0,36	1,28	0,656	-0,22	0,86	0,834	-1,09	0,47	0,002	-1,67	0,31	0,000	
<i>banIR</i>	40641	COG3587	V	-0,37	0,78	0,681	-0,28	0,82	0,835	-1,24	0,42	0,003	-1,15	0,45	0,009	
<i>murG</i>	40561	COG0707	M	0,38	1,30	0,696	0,15	1,11	0,943	-1,23	0,43	0,011	-1,45	0,37	0,001	
<i>cynB</i>	11877	COG0600	P	0,29	1,22	0,741	-0,39	0,76	0,646	-1,78	0,29	0,000	-2,47	0,18	0,000	
<i>cynD</i>	11878	COG1116	P	1,30	2,46	0,001	-0,24	0,85	0,825	-0,91	0,53	0,016	-2,45	0,18	0,000	
<i>cynX</i>	11879	COG3558	S	0,84	1,80	0,069	-0,26	0,83	0,791	-1,27	0,42	0,000	-2,37	0,19	0,000	
<i>cynS</i>	11880	COG1513	P	0,72	1,65	0,156	0,07	1,05	0,965	-2,09	0,23	0,000	-2,74	0,15	0,000	
<i>bcp4</i>	10833	COG1225	O	-0,29	0,82	0,753	-0,18	0,88	0,886	-1,32	0,40	0,000	-1,21	0,43	0,001	
<i>stpA</i>	10080	nd	nd	0,31	1,24	0,760	0,75	1,68	0,412	-1,62	0,32	0,000	-1,18	0,44	0,007	
<i>sodB</i>	50113	COG0605	P	-0,25	0,84	0,802	-0,28	0,82	0,761	-0,83	0,56	0,028	-0,86	0,55	0,024	
<i>livG</i>	10485	COG4674	R	-0,24	0,84	0,815	-0,26	0,83	0,825	-1,69	0,31	0,000	-1,71	0,31	0,000	
<i>arsR</i>	12041	COG0640	K	0,22	1,16	0,853	-0,11	0,93	0,952	-0,82	0,57	0,050	-1,15	0,45	0,003	
<i>hsdS</i>	11311	COG0732	V	-0,23	0,85	0,855	0,06	1,04	0,980	-1,45	0,37	0,001	-1,15	0,45	0,014	
<i>nrtP</i>	11808	COG2223	P	0,21	1,16	0,857	0,15	1,11	0,922	-2,65	0,16	0,000	-2,71	0,15	0,000	
<i>narB</i>	11809	COG0243	C	-0,04	0,97	0,976	0,12	1,09	0,941	-2,45	0,18	0,000	-2,28	0,21	0,000	
<i>cheY6</i>	10887	COG0784	T	0,18	1,13	0,882	0,02	1,01	0,995	-1,18	0,44	0,001	-1,34	0,40	0,000	
<i>ptpS</i>	60189	COG0720	H	-0,17	0,89	0,886	-0,18	0,88	0,889	-0,98	0,51	0,011	-0,99	0,50	0,012	
<i>cobA</i>	11943	COG0007	H	-0,11	0,93	0,931	0,88	1,84	0,091	-2,32	0,20	0,000	-1,33	0,40	0,000	
<i>ndhD2</i>	40540	COG1008	C	-0,07	0,95	0,959	-0,77	0,59	0,252	-1,00	0,50	0,012	-1,70	0,31	0,000	
<i>glmS</i>	10231	COG0449	M	-0,05	0,97	0,973	0,04	1,03	0,985	-1,00	0,50	0,016	-0,91	0,53	0,035	
<i>gmk</i>	40786	COG0194	F	-0,04	0,97	0,981	-0,10	0,93	0,961	-1,30	0,41	0,002	-1,36	0,39	0,001	
<i>msrA</i>	20193	COG0225	O	-0,02	0,99	0,988	-0,04	0,97	0,984	-1,20	0,44	0,001	-1,21	0,43	0,001	
<i>yhdJ</i>	10381	COG0863	L	0,00	1,00	1,000	-0,23	0,85	0,909	-1,12	0,46	0,030	-1,35	0,39	0,007	
<i>smpB1</i>	30581	COG0691	O	0,44	1,35	0,722	-0,60	0,66	0,721	-0,31	0,80	0,739	-1,35	0,39	0,033	
<i>hypB1</i>	40489	COG0378	K	1,45	2,73	0,000	0,36	1,28	0,708	-0,50	0,71	0,285	-1,59	0,33	0,000	
<i>nthA</i>	60175	nd	nd	0,95	1,93	0,032	-0,29	0,82	0,756	-0,51	0,70	0,239	-1,75	0,30	0,000	
<i>gap1</i>	11456	COG0057	G	0,63	1,55	0,245	-0,20	0,87	0,864	-0,05	0,97	0,950	-0,87	0,55	0,024	
<i>aat2</i>	30789	COG0436	E	0,64	1,55	0,255	-0,59	0,66	0,391	-0,28	0,82	0,602	-1,51	0,35	0,000	

C

D



C

D

<i>carA</i>	40314	COG0505	E	0,61	1,53	0,281	-0,13	0,92	0,931	-0,52	0,70	0,251	-1,25	0,42	0,001
<i>ntcB</i>	30796	COG0583	K	0,69	1,62	0,291	0,52	1,44	0,660	-0,95	0,52	0,072	-1,12	0,46	0,015
<i>glnB</i>	50271	COG0347	E	0,57	1,48	0,322	-0,18	0,88	0,879	-0,59	0,66	0,150	-1,34	0,40	0,000
<i>glnA</i>	12133	COG0174	E	0,50	1,42	0,433	-0,83	0,56	0,110	-0,75	0,60	0,055	-2,08	0,24	0,000
<i>susA1</i>	40478	COG0438	M	0,59	1,51	0,341	-0,31	0,81	0,779	-0,54	0,69	0,271	-1,44	0,37	0,000
<i>trkA-N</i>	30371	(c)	P	0,62	1,53	0,352	-0,20	0,87	0,893	-0,16	0,90	0,828	-0,97	0,51	0,027
<i>pstB2</i>	61058	COG1117	P	0,51	1,42	0,451	-0,19	0,88	0,887	-0,47	0,72	0,319	-1,17	0,44	0,002
<i>clpS1</i>	10221	COG2127	S	0,39	1,31	0,602	-0,02	0,99	0,996	-0,38	0,77	0,416	-0,80	0,58	0,046
<i>murC</i>	30611	COG0773	M	0,39	1,31	0,610	-0,63	0,65	0,327	0,04	1,03	0,959	-0,98	0,51	0,010
<i>mreB</i>	10081	COG1077	D	0,37	1,29	0,654	-0,04	0,97	0,982	-0,62	0,65	0,168	-1,03	0,49	0,009
<i>glk</i>	41418	COG0837	G	0,35	1,28	0,676	-0,46	0,72	0,576	-0,08	0,94	0,909	-0,90	0,53	0,028
<i>amt1</i>	11376	COG0004	P	0,32	1,25	0,703	-0,93	0,53	0,052	-0,01	0,99	0,996	-1,26	0,42	0,000
<i>cobK</i>	30030	COG2099	H	0,32	1,25	0,748	-0,28	0,83	0,835	-0,42	0,75	0,473	-1,01	0,49	0,025
<i>psb27</i>	20093	nd	nd	0,26	1,20	0,786	-0,70	0,62	0,227	0,04	1,03	0,960	-0,92	0,53	0,016
<i>hup1</i>	50038	COG0776	L	0,29	1,22	0,800	-0,05	0,96	0,982	-0,73	0,60	0,163	-1,07	0,48	0,022
<i>folB</i>	11313	COG1539	H	-0,23	0,85	0,832	-0,50	0,71	0,539	-0,79	0,58	0,054	-1,06	0,48	0,007
<i>purD</i>	30320	COG0151	F	0,22	1,17	0,846	-0,31	0,81	0,759	-0,35	0,78	0,493	-0,88	0,54	0,031
<i>helD</i>	60750	COG0210	L	-0,22	0,86	0,861	-0,39	0,76	0,718	-0,77	0,59	0,087	-0,95	0,52	0,035
<i>aapJ</i>	10389	COG0834	T	0,16	1,12	0,890	-0,46	0,72	0,539	-0,25	0,84	0,643	-0,88	0,54	0,024
<i>proA2</i>	40817	COG0014	E	0,16	1,12	0,900	-0,11	0,93	0,947	-0,62	0,65	0,152	-0,89	0,54	0,029
<i>nblB1</i>	50028	COG1413	C	-0,13	0,91	0,920	-0,91	0,53	0,089	-0,76	0,59	0,060	-1,54	0,34	0,000
<i>lepB2</i>	10203	COG0681	U	-0,12	0,92	0,925	-0,64	0,64	0,324	-0,49	0,71	0,276	-1,00	0,50	0,009
<i>fabZ</i>	41232	COG1043	M	0,08	1,06	0,957	-0,24	0,84	0,833	-0,52	0,70	0,261	-0,85	0,56	0,044
<i>psbN</i>	40753	nd	nd	-0,06	0,96	0,966	-0,71	0,61	0,211	-0,13	0,92	0,838	-0,78	0,58	0,049
<i>cyaB1</i>	30420	(d)	T	0,05	1,04	0,977	-0,51	0,70	0,692	-0,49	0,71	0,431	-1,05	0,48	0,049
<i>hisIE</i>	30028	(e)	E	0,02	1,01	0,992	-0,58	0,67	0,410	-0,53	0,69	0,236	-1,13	0,46	0,003
<i>gpmI</i>	30574	COG0696	G	-0,01	1,00	0,999	-0,47	0,72	0,539	-0,41	0,75	0,388	-0,88	0,54	0,028



Common DEGs

27 induced



42 repressed



10-30x

arhA	rnc2
arhB	cas1
arhC	ubiA1
arhD	phaP
arhE	ppiC
metE	rmlA
hsdR1b	dnaK5
hsdR1c	folE1
groL1	cheC1
groS	cheB1
norB	cheW1
glbN	cheA1
panE	+ narGb
dusA	(gene fragment)

nthB	fmdA	glpK
nrtA	banI	narB
nrtB	murG	cheY6
nrtC	cynB	ptpS
nrtD	cynD	cobA
nrtP	cynX	ndhD2
nirA	cynS	glmS
pcrA	bcp4	gmk
intA9	stpA	msrA
intB2	sodB	yhdJ
nadC	livG	snaRa
glcD	arsR	snaRb
hypA1	kaiB	snaX
nblA1	hsdS	+ yedYa
		(gene fragment)

- central pathways
- regulation
- detoxification
- protection
- survival
- transport
- defense
- unknown



Strain-specific DEGs

P2

Protection: *mutT*, ***sseA***, ***isiA***, *acaE*, *nblA*, ***hliA***, ***rfpX***, *dnaE*, *purE*, *purN*, *pvullR*

Avoidance:

Detoxification: *czcD*, *terD*, *terX*

System: *ndhJ*, *chlB*, *mtnW*, *gcp*, *pflB*, *cbiN*, *plsC*, *nanE*, *gvpV*, *ddpX*, *petJ*, *ndhD3*, *narM*, *aroK*, *hisl*, *argF*, *kaiA*, *kaiC*, *chlL*, *chlN*, *corA*, *rfaE*, *pdxA*, *ppnK2*, *nadC*, *cysP*, *secE*, *pilC*, *vals*, *rnc1*, *trmH*, *rpsO*, *plsX*, *smpB2*

Regulation: ***sigG***, ***sigE***, *perP*, *faxB*, *nrdR*, *hisR*, ***sigD***, *pmbA*

P6

Protection: ***htpG***, ***groL2***, ***clpB2***, ***hspA***, ***dnaK5***, *hsdR*, *cas2*, *ruvA*, *clpS1*, *hup1*, *helD*, *nblB1*, (*clpC*)

Avoidance: *huyA*, *trxA3*

Detoxification:

System: ***psbl***, *cyp*, *cry*, *cheY1*, *rplN*, *rplP*, *rplV*, *rpsS*, *rbsK*, *nifJ*, *proA1*, *oppD*, *mazF*, *arsL*, *rmlD*, *cysA*, *gap1*, *aat2*, *fabZ*, *gvpJ*, *murC*, *mreB*, ***psaX***, ***psbN***, ***psb27***, *aapJ*, *amt1*, ***glnA***, ***glnB***, *ntcB*, *carA*, *hisIE*, *hypB1*, *glk*, *gpml*, *susA1*, *purD*, *nadC*, *folB*, *cyaB*, *cobK*, *pstB2*, *trkA-N*, *smpB1*, *lepB2*

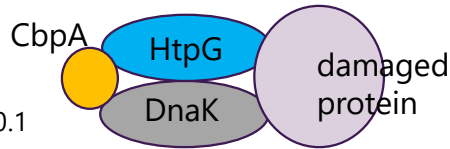
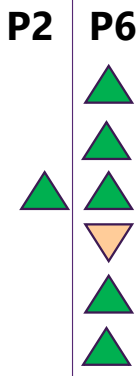
Regulation: *cysR*, *sufR*

Looking for expression patterns

Protection

Chaperonins (damage)

Hsp100	<i>clpB2</i>
Hsp90	<i>htpG</i>
Hsp70	<i>dnaK5</i>
Hsp40	<i>dnaJ</i>
Hsp20	<i>hspA</i>
CbpA	<i>cbpA</i>



FDR 0.1

DnaJ = functional homologue

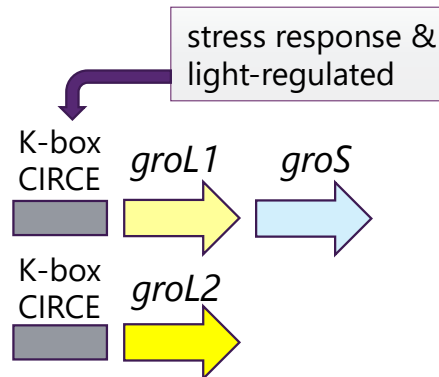
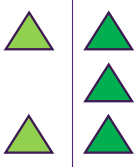
Related protease

<i>clpC</i>



Chaperonins (folding)

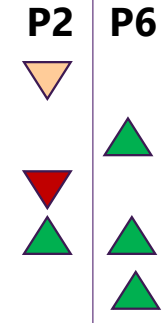
Hsp60	<i>groL1</i>
	<i>groL2</i>
Hsp10	<i>groS</i>



solitary → radiation damage control in P6? (folding)

DNA interaction

<i>mutT2</i>
<i>ruvA</i>
<i>rnc1</i>
<i>(rnc2)</i>
<i>mazF</i>



NUDIX hydrolase

helicase

ribonuclease III

toxin-antitoxin system

PS-protection

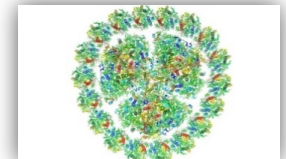
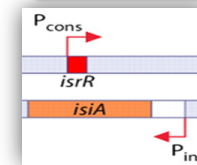
<i>rfpX</i>
<i>hliA</i>
<i>isiA</i>
<i>isiR</i>



high-intensity light (HL)

PSII protection & energy quenching

IsiA-PSI supercomplex

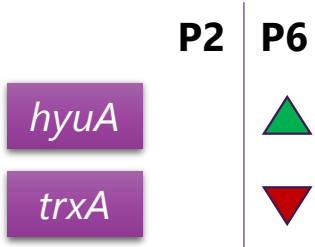


+ Chl a storage

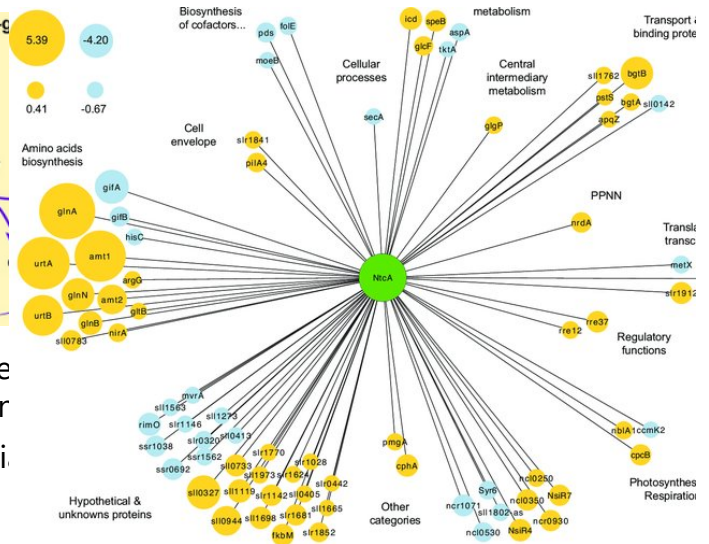
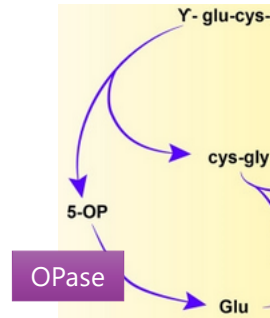


Expression patterns

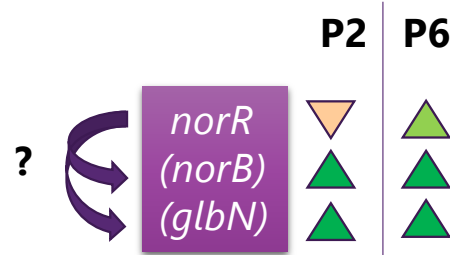
ROS avoidance & detoxification



5-oxoprolinase - recycles glutamate derived from the product 5-oxoproline back into the glutathione biosynthesis
thioredoxin - protects cells against oxidative stress via

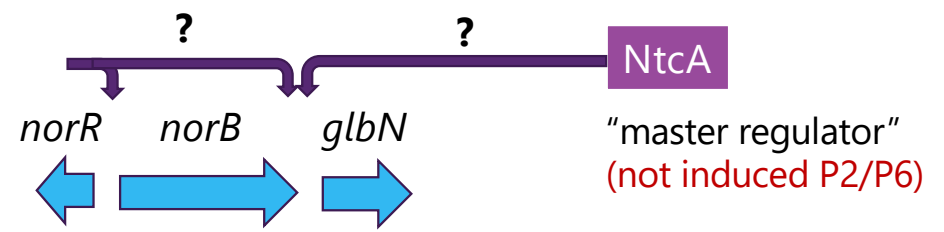


RNS/ROS detoxification



unique linkage:
(TJSD91, C1, CS-328)

sigma-54 dependent **transcriptional regulator of nitric oxide reductase (NOR)**
nitric oxide reductase (NOR); denitrification, redox signaling, removal of RNS
cyanoglobin; binds oxygen with high affinity but in a reversible manner; also binds NO



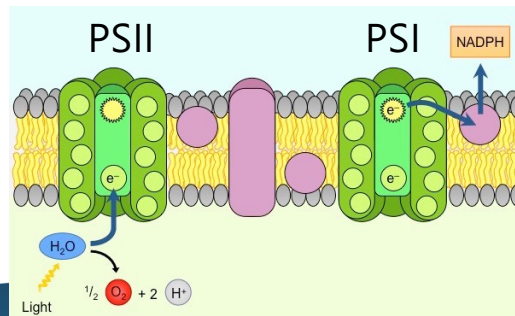
does NorR regulate other genes?



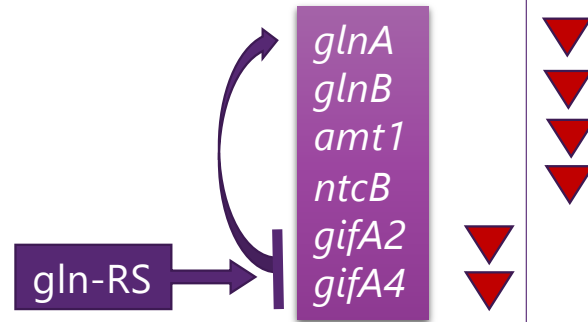
Expression patterns

"System"

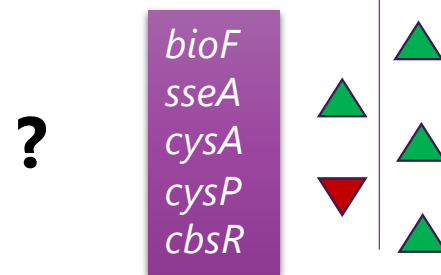
Photosystem	P2	P6	
PSI	<i>ycf4</i>	>	
	<i>psaC</i>	>	
	<i>psaE</i>	>	
	<i>psaX</i>	>	▼
	<i>psbH</i>	>	
	<i>psbU</i>	>	
	PSII	<i>psbI</i>	▲
<i>psbN</i>		▼	
<i>psb27</i>		▼	



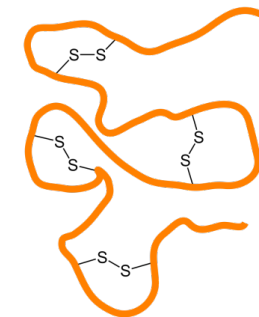
Central pathways



Sulfur household



Protein structure
PRX catalytic sites
Metal-binding

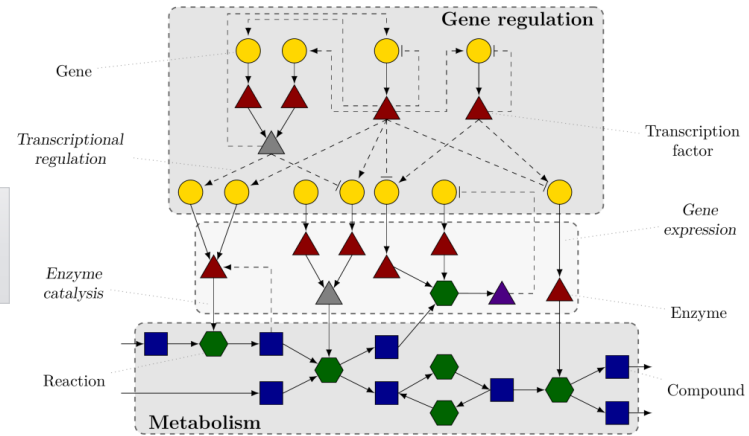




Expression patterns

Regulation

"trickle down" cascade effects



Sigma factors

P2 P6

sigG
sigD
sigE



extracytoplasmic function (ECF) ; external stimuli (HL, UV, pH, HM, antibiotics, ..)
housekeeping // e.g. photosynthesis genes
housekeeping // e.g. nitrogen metabolism

Transcriptional regulators

nrdR
perR
hisR



regulates *nrdAB* (encoding ribonucleotide reductase)
iron-responsive regulator of H₂O₂ stress defense genes
two-component transcriptional regulator

norR



cbsR



(RNTs -> DNTs -> DNA)

!!

negatively controls
isiA and *sigD*





First conclusions

P2: fast activation of specific genes generally allocated to the thematic groups of **Protection, Avoidance, and Detoxification**

P6: activation of **System** genes mostly involved in amino acid biosynthesis and molecular resourcing (i.e., recycling building blocks of damaged nucleic acids and proteins), or encode proteins of the 50S and 30S ribosomal units which need to be abundant in times of higher protein turnover

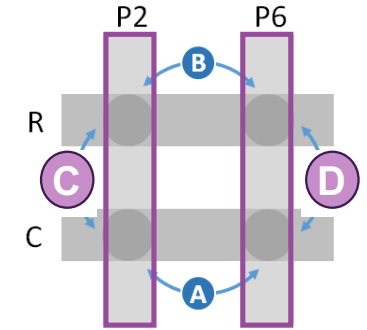
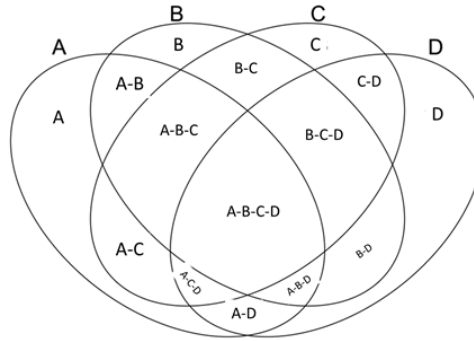
P2 may have a better fine-tuned damage-avoiding response to IR exposure than the P6 strain which is obliged, as a consequence, to invest more resources to control the extent of cellular damage, be it on the nucleic acid or protein level, and repair and recycle degradation products as much and quickly as possible

this “sluggish” behavior of the P6 strain could explain its lower IR resistance as revealed by a longer post-radiation recovery time to normal growth.



RNA genes regulated by γ -irradiation in P2 & P6

RNA: 90
50 in P2
40 in P6



FDR < 0.05	Higher expressed genes ($\log_2FC \geq 1$)				Lower expressed genes ($\log_2FC \leq -0.5$)			
comparison	A	B	C	D	A	B	C	D
known function	12(8)	20(8)	41(12)	54(19)	23(6)	16(10)	87(35)	76(31)
RNA genes	6(1)	2(1)	21(12)	9(5)	1(1)	5(5)	29(12)	31(14)
unknown function	81(33)	83(50)	273(81)	333(145)	130(26)	41(19)	600(379)	270(125)
total	99(42)	105(59)	335(105)	396(169)	154(33)	62(34)	716(426)	377(170)



C

D

	length (nt)	Rfam		[P6C-P2C]			[P6R-P2R]			[P2R-P2C]			[P6R-P6C]		
		ID	Class	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR
RNA73	78	RF00029	grp II intron	-0,12	0,92	0,952	-0,71	0,61	0,413	1,25	2,38	0,013	0,66	1,58	0,294
RNA98	187	RF01419	lsrR	0,57	1,48	0,809	-0,85	0,55	0,580	1,70	3,24	0,046	0,27	1,21	0,848
RNA102	79	RF00029	grp II intron	0,33	1,26	0,687	-0,78	0,58	0,140	1,01	2,01	0,006	-0,11	0,93	0,876
RNA110	78	RF00029	grp II intron	1,45	2,74	0,000	0,82	1,76	0,111	1,15	2,22	0,001	0,51	1,43	0,252
RNA153	65	RF00029	grp II intron	0,72	1,64	0,166	0,53	1,45	0,427	1,14	2,20	0,001	0,96	1,94	0,011
RNA156	79	RF00029	grp II intron	0,22	1,16	0,904	-0,79	0,58	0,350	1,47	2,77	0,003	0,46	1,38	0,526
RNA224	78	RF00029	grp II intron	0,63	1,55	0,247	-0,37	0,77	0,661	1,10	2,14	0,002	0,09	1,07	0,900
RNA248	78	RF00029	grp II intron	2,30	4,94	0,000	0,30	1,23	0,748	2,49	5,60	0,000	0,48	1,40	0,300
RNA264	137	RF02033	HEARO	0,58	1,50	0,303	-0,73	0,60	0,183	1,13	2,20	0,001	-0,18	0,88	0,770
RNA273	78	RF00029	grp II intron	1,78	3,44	0,000	0,06	1,04	0,974	2,33	5,04	0,000	0,61	1,52	0,160
RNA276	24	RF01356	CRISPR-DR28	1,64	3,13	0,004	-0,50	0,71	0,641	1,96	3,90	0,000	-0,18	0,88	0,835
RNA285	65	RF00029	grp II intron	0,60	1,51	0,306	0,18	1,13	0,879	1,21	2,31	0,001	0,80	1,74	0,047
RNA239	79	RF00029	grp II intron	1,02	2,03	0,379	-0,50	0,71	0,757	1,57	2,97	0,031	0,05	1,03	0,974
RNA265	77	RF00029	grp II intron	0,41	1,33	0,589	-0,11	0,92	0,938	1,04	2,06	0,004	0,52	1,44	0,248
RNA2	78	RF00029	grp II intron	0,04	1,03	0,977	0,08	1,06	0,961	1,23	2,34	0,000	1,27	2,41	0,000
RNA68	79	RF00029	grp II intron	0,42	1,34	0,585	0,55	1,47	0,403	1,25	2,38	0,000	1,38	2,61	0,000
RNA269	146	RF00174	cobalamin	0,65	1,57	0,273	0,24	1,18	0,815	1,49	2,81	0,000	1,09	2,12	0,004
RNA280	65	RF00029	grp II intron	0,27	1,21	0,777	0,45	1,36	0,547	1,08	2,11	0,003	1,26	2,39	0,000
RNA43	79	RF00029	grp II intron	-1,17	0,44	0,004	0,47	1,39	0,520	-0,06	0,96	0,927	1,58	2,98	0,000
RNA44	78	RF00029	grp II intron	-0,48	0,72	0,460	0,07	1,05	0,964	0,54	1,46	0,194	1,10	2,14	0,002
RNA67	78	RF00029	grp II intron	0,39	1,31	0,611	0,63	1,55	0,297	0,90	1,86	0,016	1,14	2,20	0,002
RNA222	138	RF02033	HEARO	-0,48	0,72	0,460	0,28	1,21	0,766	0,31	1,24	0,535	1,07	2,09	0,003
RNA283	78	RF00029	grp II intron	-0,45	0,73	0,505	0,50	1,41	0,471	0,10	1,07	0,884	1,04	2,06	0,004



C

D

	length (nt)	Rfam		[P6C-P2C]			[P6R-P2R]			[P2R-P2C]			[P6R-P6C]		
		ID	Class	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR	logFC	FC	FDR
RNA60	85	RF00029	grp II intron	-0,84	0,56	0,072	0,32	1,24	0,732	-0,81	0,57	0,036	0,35	1,28	0,501
RNA105	78	RF00029	grp II intron	-0,60	0,66	0,511	0,04	1,03	0,992	-1,43	0,37	0,012	-0,79	0,58	0,263
RNA120	142	RF01482	AdoCbl_ribo	-0,57	0,67	0,354	0,07	1,05	0,967	-0,93	0,52	0,018	-0,29	0,82	0,627
RNA157	79	RF00029	grp II intron	-0,24	0,85	0,866	1,22	2,32	0,119	-1,31	0,40	0,017	0,15	1,11	0,872
RNA228	80	RF00029	grp II intron	-0,32	0,80	0,727	0,46	1,37	0,623	-1,19	0,44	0,003	-0,41	0,75	0,448
RNA229	65	RF00029	grp II intron	-0,43	0,74	0,553	0,36	1,28	0,685	-0,79	0,58	0,042	0,00	1,00	1,000
tRNA8	73	RF00005	Ala tRNA	-0,30	0,81	0,740	0,69	1,62	0,276	-1,37	0,39	0,000	-0,38	0,77	0,471
tRNA15	74	RF00005	Pro tRNA	-0,41	0,75	0,682	0,67	1,59	0,569	-1,62	0,33	0,001	-0,54	0,69	0,394
tRNA20	85	RF00005	Ser tRNA	-0,48	0,72	0,599	0,49	1,40	0,706	-1,28	0,41	0,010	-0,32	0,80	0,671
tRNA30	85	RF00005	Leu tRNA	0,03	1,02	0,984	0,44	1,36	0,566	-1,11	0,46	0,002	-0,70	0,62	0,096
tRNA40	87	RF00005	Ser tRNA	-0,07	0,95	0,959	0,40	1,32	0,619	-0,92	0,53	0,013	-0,44	0,74	0,346
tRNA41	75	RF00005	Thr tRNA	-0,51	0,70	0,596	-0,17	0,89	0,946	-1,18	0,44	0,030	-0,84	0,56	0,192
tRNA4	74	RF00005	Asp tRNA	0,34	1,26	0,687	0,27	1,21	0,787	-0,87	0,55	0,026	-0,94	0,52	0,016
tRNA11	74	RF00005	Arg tRNA	0,05	1,03	0,973	0,29	1,23	0,847	-2,16	0,22	0,000	-1,91	0,27	0,000
tRNA13	77	RF00005	Val tRNA	-0,31	0,81	0,744	0,14	1,10	0,941	-2,47	0,18	0,000	-2,02	0,25	0,000
tRNA14	72	RF00005	Gln tRNA	-0,39	0,76	0,614	-0,06	0,96	0,974	-1,65	0,32	0,000	-1,32	0,40	0,000
tRNA17	73	RF00005	Trp tRNA	-0,51	0,70	0,419	0,58	1,49	0,364	-1,91	0,27	0,000	-0,82	0,57	0,035
tRNA18	82	RF00005	Tyr tRNA	0,65	1,57	0,248	0,26	1,20	0,830	-1,36	0,39	0,000	-1,75	0,30	0,000
tRNA19	72	RF00005	Thr tRNA	0,65	1,57	0,235	0,33	1,26	0,747	-1,42	0,37	0,000	-1,74	0,30	0,000
tRNA26	83	RF00005	Leu tRNA	-0,29	0,82	0,762	0,27	1,21	0,825	-2,08	0,24	0,000	-1,52	0,35	0,000
tRNA27	72	RF00005	Val tRNA	-0,47	0,72	0,505	-0,52	0,70	0,539	-1,52	0,35	0,000	-1,57	0,34	0,000
tRNA31	71	RF00005	Gly tRNA	-0,29	0,82	0,754	-0,51	0,70	0,508	-1,49	0,36	0,000	-1,71	0,31	0,000
tRNA32	72	RF00005	Gly tRNA	0,52	1,44	0,500	-0,33	0,79	0,859	-1,77	0,29	0,000	-2,62	0,16	0,000
tRNA35	73	RF00005	Phe tRNA	-0,37	0,77	0,634	0,35	1,28	0,693	-1,54	0,34	0,000	-0,81	0,57	0,042

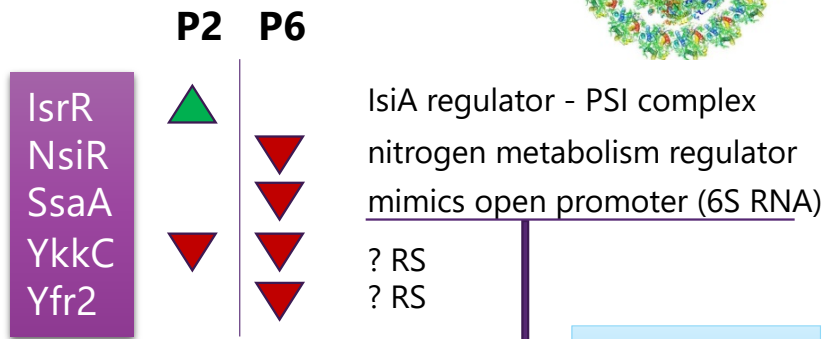
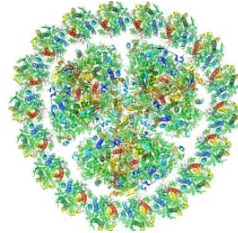


										C			D		
tRNA37	73	RF00005	His tRNA	-0,21	0,87	0,857	0,91	1,88	0,102	-2,38	0,19	0,000	-1,26	0,42	0,001
tRNA38	73	RF00005	Arg tRNA	-0,42	0,75	0,569	-0,60	0,66	0,360	-0,95	0,52	0,011	-1,14	0,45	0,002
tRNA39	90	RF00005	Ser tRNA	0,32	1,25	0,705	-0,21	0,87	0,849	-1,07	0,48	0,003	-1,59	0,33	0,000
RNA116	237	RF00028	grp I intron	0,19	1,14	0,864	-0,30	0,81	0,750	-0,86	0,55	0,022	-1,35	0,39	0,000
RNA182	149	RF00442	ykkC-yxkD	0,50	1,41	0,440	-0,01	0,99	1,000	-1,25	0,42	0,000	-1,76	0,29	0,000
tRNA9	74	RF00005	Arg tRNA	0,21	1,16	0,852	-0,02	0,99	0,996	-0,74	0,60	0,056	-0,97	0,51	0,009
tRNA16	71	RF00005	Cys tRNA	0,12	1,09	0,927	-0,42	0,75	0,655	-0,47	0,72	0,339	-1,01	0,50	0,013
tRNA29	81	RF00005	Leu tRNA	0,49	1,40	0,491	0,06	1,04	0,974	-0,44	0,74	0,381	-0,87	0,55	0,037
RNA9	139	RF02033	HEARO	0,40	1,32	0,595	-0,60	0,66	0,345	0,21	1,15	0,715	-0,79	0,58	0,046
RNA45	121	RF02033	HEARO	-0,02	0,99	0,991	-0,13	0,91	0,934	-0,76	0,59	0,076	-0,87	0,55	0,040
RNA49	79	RF00029	grp II intron	0,31	1,24	0,719	-0,47	0,72	0,515	-0,01	0,99	0,993	-0,79	0,58	0,045
RNA81	65	RF00029	grp II intron	0,77	1,71	0,596	-2,12	0,23	0,223	0,27	1,20	0,854	-2,63	0,16	0,007
RNA90	78	RF00029	grp II intron	-0,12	0,92	0,940	-0,68	0,63	0,580	-0,92	0,53	0,087	-1,47	0,36	0,004
RNA124	78	RF00029	grp II intron	-1,10	0,47	0,271	-4,71	0,04	0,058	-1,54	0,34	0,065	-5,15	0,03	0,002
RNA131	78	RF00029	grp II intron	0,10	1,07	0,943	-0,11	0,93	0,952	-0,68	0,62	0,130	-0,89	0,54	0,038
RNA134	79	RF00029	grp II intron	-0,17	0,89	0,930	-1,57	0,34	0,223	-0,66	0,63	0,400	-2,06	0,24	0,005
RNA162	57	RF02399	NsiR1	1,90	3,74	0,000	0,05	1,04	0,982	0,91	1,88	0,113	-0,94	0,52	0,048
RNA200	75	RF01701	Cyano-1 (Yfr2)	0,39	1,31	0,624	-0,51	0,70	0,510	-0,15	0,90	0,811	-1,06	0,48	0,006
RNA242	185	RF00013	6S (SsaA)	0,37	1,29	0,643	-0,52	0,70	0,466	-0,15	0,90	0,815	-1,03	0,49	0,006



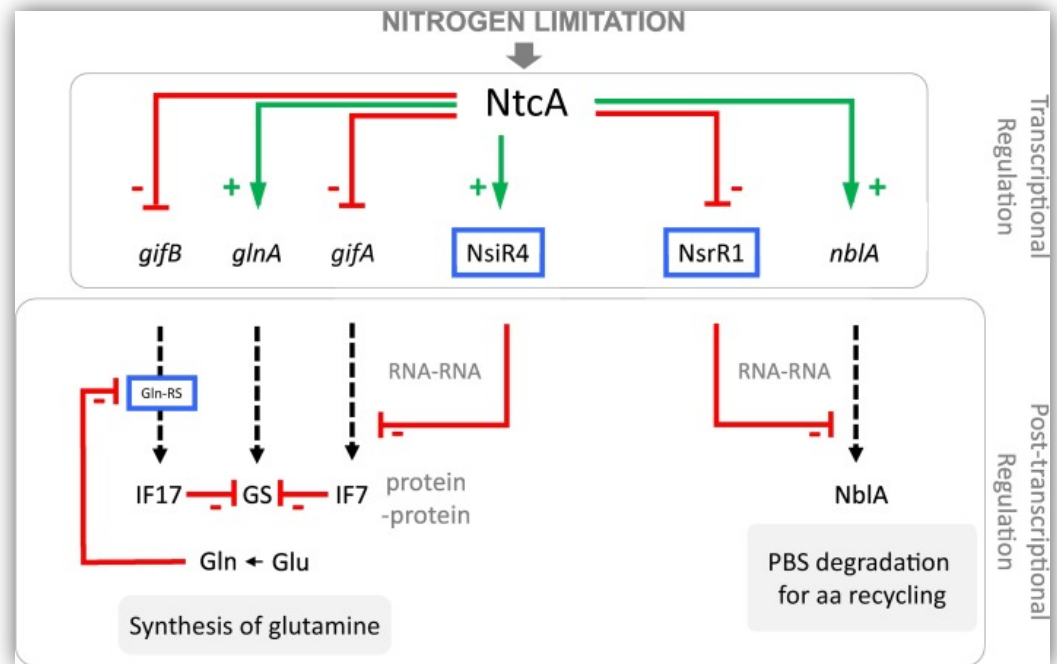
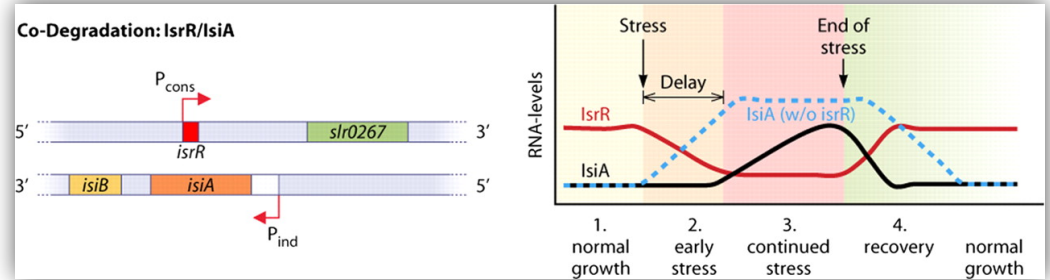
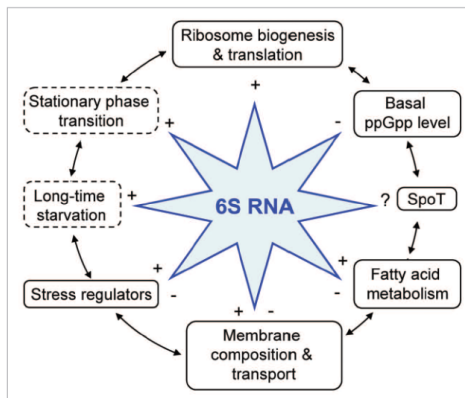
Small ncRNA's

Most notable



sigma factors

growth adaptation





tRNA pool repositioning?

Of the **42 tRNAs**, **24 were repressed** by γ -irradiation (**none induced**)

6 in P2

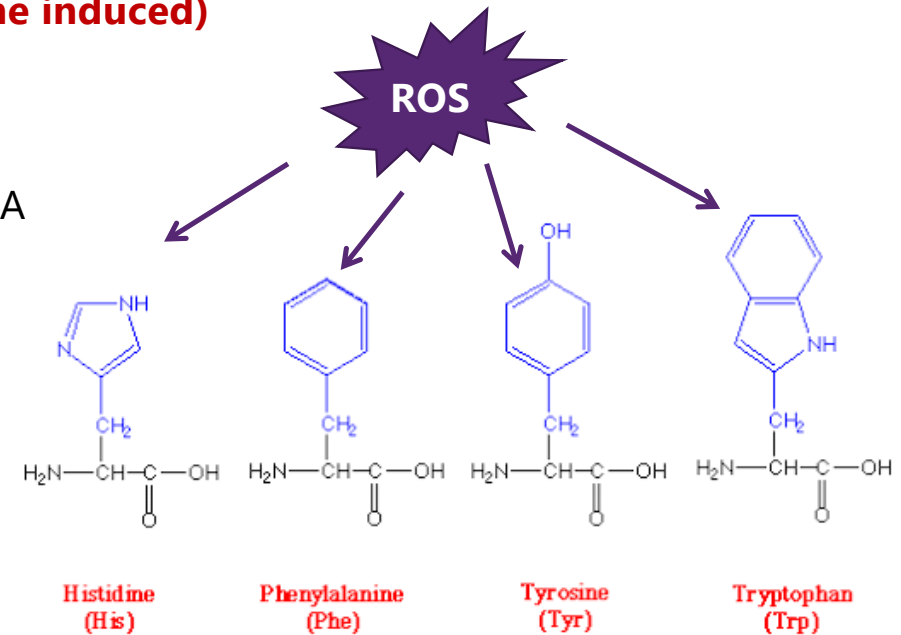
3 in P6

15 in both P2 and P6, including **Trp, Tyr, Phe,** and **His** tRNA

Arthrospira seems to rearrange its tRNA pool as to address priority changes of protein synthesis (growth)

AND/OR

it attempts to limit or **avoid** the production of proteins holding certain **aa residues that are particularly prone to ROS attack** or redox-mediated modification





Many questions for (much more) further work

Improved analysis <> interpretation

P2 vs P6 genome: 41 CDS effected, 9 known, 32 unknown function

RNAseq analysis → >80% unknown !!



Major investment in functional annotation required!



Acknowledgements

sck cen

Anu Yadav, Laurens Maertens, Mohamed M. Ahmed,
Natalie Leys, Paul J. Janssen



Ann Cuypers



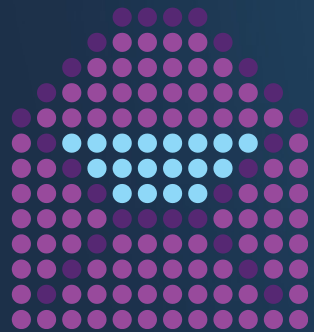
Tim Meese, Filip Van Nieuwerburg



MELISSA



MICRO-ECOLOGICAL
LIFE SUPPORT SYSTEM
ALTERNATIVE



pjanssen@sckcen.be

THANK YOU.

Paul Jaak Janssen
SCKCEN

www.melissafoundation.org

Follow us



PARTNERS

IN COOPERATION WITH

