Discussie onderzoeksverslag

Voor het onderzoek is er gebruik gemaakt van de sequentie data aangeleverd door het HAN BioCenter. Deze data is verkregen doormiddel van een metagenomics onderzoek, waarmee gebruik gemaakt is Illumina MiSeq technologie als paired-end reads en is gesequenst van DNA uit de compost die gebruikt wordt om champignons te kweken. Lang niet alle sequenties waren van goede kwaliteit, de meeste hadden erg slechte ascii-scores. Voornamelijk de reverse reads waren slecht gesequenst. Desondanks zijn de 200 sequenties van een annotatie voorzien, er zullen dus annotaties tussen zitten die niet accuraat zijn.

Meerdere blast resultaten hebben een hit gegeven op het 2-isopropylmalate synthase eiwit geproduceerd door het organisme Actinotalea fermentans ATCC 43279 = JCM 9966 = DSM 3133 (accession: KGM15509). Het eiwit wordt door de ribosomen van de cel geproduceerd en beschikt over twee GO termen: het ‘Biologisch proces’ en de ‘moleculaire functie’. Het biologisch proces van dit eiwit is het in gang brengen van de chemische reactie die leidt tot het aminozuur leucine. De moleculaire functie is het katalyseren van de eerste stap in de L-leucine biosynthesis pathway (bijlagen). Van het eiwit 2-isopropylmalate synthase was geen 3d structuur aanwezig. Daarom is er voor gekozen om een ander organisme toe zoeken wat ook het 2-isopropylmalate synthase eiwit produceert, waar wellicht wel een 3d structuur van aanwezig is. Het organisme *Leifsonia xyli subsp. xyli (strain CTCB07)* bezit ook het leuA gen en produceert daarmee ook het 2-isopropylmalate synthase eiwit, hier waren wel 3d structuren aanwezig.

Door de 200 sequenties van een annotatie te voorzien heeft dit onderzoek er voor gezorgd dat er een beter inzicht is in de microflora van de compost afkomstig van champignonkwekers. Dit houdt in dat onderzoekers nu zekerder zijn van de microflora in de compost. Een beperking van het onderzoek is dat er maar 200 sequenties van een annotatie zijn voorzien, beter zou zijn geweest als alle 2500000 reads van een annotatie waren voorzien. Een mooi vervolg onderzoek zou kunnen zijn: ‘Welke van de geannoteerde sequenties hebben een negatieve of positieve invloed op de champignongroei?’ of ‘Kunnen we voorspellen welke microflora zich zal ontwikkelen in de verschillende stadia van de champignongroei?’.

De onderzoeksvragen die aan het begin van de onderzoek gesteld werden waren: ‘Welke micro-organismen kun je identificeren aan de hand van de dataset?’ en ‘Welke eiwitten kun je identificeren aan de hand van de dataset?’. Aan de hand van de dataset hebben we onder andere de bacterie Actinotalea fermentans ATCC 43279 = JCM 9966 = DSM 3133 (accession: KGM15509) kunnen identificeren. Deze bacterie produceert onder andere het eiwit het 2-isopropylmalate synthase, dat verantwoordelijk is voor het katalyseren van de chemische reactie van 3-methyl-2-oxobutanoate + acetyl-CoA naar L-leucine.