

Trotz einer geradezu explosiven Zunahme an neu sequenzierten Genomen sind die Ursachen der enormen Genomgrößenvariation bei Eukaryonten - welche etwa fünf Größenordnungen umfasst – immer noch unklar und völlig umstritten. In diesem Projekt sollen die Mechanismen und Auswirkungen von Genomgrößenvariation innerhalb evolutionär kurzer Zeiträume untersucht werden, d.h. Variation zwischen nahe verwandten Arten, zwischen Populationen innerhalb einer Art und zwischen Individuen innerhalb einer Population. Insbesondere die Variation innerhalb Populationen eignet sich hervorragend als Modellsystem zum Test allgemeiner Hypothesen der Ursachen von Genomgrößenvariation, u.a. weil der Effekt eines großen vs. kleinen Genoms vor einem relativ einheitlichen genetischen Hintergrund quantifiziert werden kann.

Als Modellsystem soll in diesem Projekt das fakultativ (a)sexuelle Rädertier *Brachionus plicatilis* verwendet werden, ein kryptischer Artenkomplex bestehend aus ca. 14 nahe verwandten Arten und Unterarten. Innerhalb dieses Komplexes werden wir uns auf die sogenannte "Austria"-Linie konzentrieren, eine Spezies mit 1,9-3,5 fach vergrößertem Genom (im Vergleich zu den nächsten verwandten Spezies), und auf die sogenannte OHJ-Population ("Obere Halbjochlacke" - eine Salzlacke in der Nähe von Illmitz, Niederösterreich) innerhalb derer die Genomgrößen zwischen einzelnen Individuen um bis zu 25% variieren.

Folgende Ziele sollen im Projekt erreicht werden: (1) Mittels vergleichender Genomsequenzierung sollen die genauen Mechanismen der Genomgrößenvariation identifiziert werden und zwar (i) zwischen der "Austria"-Linie und ihren nächsten Verwandten, (ii) zwischen Populationen innerhalb der "Austria"-Linie und (iii) zwischen Individuen der OHJ-Population, (2) es sollen die genauen Vererbungsmechanismen innerhalb der OHJ-Population geklärt werden und (3) es sollen anhand der OHJ-Population Annahmen und Vorhersagen verschiedener allgemeiner Hypothesen zu den Ursachen von Genomgrößenvariation getestet werden, insbesondere: (i) ob die Genomgröße mit verschiedenen anderen organismischen Eigenschaften variiert, z.B. Körpergröße, (ii) ob Individuen mit größeren Genomen höheren Mutationsraten ausgesetzt sind und (iii) ob ein kleines Genom unter bestimmten Nährstoffbedingungen höhere Populationswachstumsraten ermöglicht.

Wir erwarten, dass die Ergebnisse aus diesem Projekt zu neuen und generellen Einsichten in die Mechanismen und Ursachen von Genomgrößenvariation führen. Unser Modellsystem *B. plicatilis* eignet sich besonders gut für derartige Untersuchungen, da es eine Vielzahl von experimentellen Manipulationen ermöglicht die bei den bestehenden Modellorganismen nur schwer zu realisieren sind (z.B. Langzeitexperimente über viele Generationen). Des weiteren werden innerhalb dieses Projekts umfangreiche genomische Daten zu einem wichtigen, aber noch genomisch wenig charakterisierten Invertebraten gewonnen.