

Methodenentwicklung zur Hochdurchsatzsequenzierung eines proteinkodierenden Markers zur Aufklärung der Diversität von *Polynucleobacter*-Bakterien in Umweltproben

Bakterien der Gattung *Polynucleobacter* sind kosmopolitisch (Antarktis bis Arktis) und ubiquitär im Süßwasser vertreten. Vermutlich gibt es weltweit keine oder nur sehr wenige Standgewässer (Seen, Teiche, Tümpel) in denen keine Bakterien dieser Gattung vorkommen. Jüngste Forschungsergebnisse erklären diese weite Verbreitung durch eine enorme ökologische Differenzierung des Taxons. Dies hat zur Ausbildung eines sehr großen kryptischen Artenkomplexes geführt, der durch Standardmethoden der mikrobiellen Diversitätsforschung (16S rRNA Gensequenzen) nicht aufgelöst werden kann. Zur Gewinnung von Einblicken in die Diversität des Taxons und zur Erforschung der ökologischen Präferenzen bzw. der Biogeographie einzelner Taxa, soll eine Methode zur Hochdurchsatzsequenzierung (Illumina, paired-end) eines hochauflösenden (proteinkodierenden) Markers entwickelt werden. Diese Methode soll die Erforschung der Diversität des Taxons in Umweltproben ermöglichen (kultivierungsunabhängige Methode).

Die Masterarbeit gliedert sich in folgende Abschnitte:

- Selektion geeigneter Marker mittels vergleichender Genomanalysen (Computer)
- Sequenzierung des besten Markers bei ca. 200 *Polynucleobacter*-Stämmen (Stammsammlung)
- Entwicklung von Primern und Etablierung eines PCR-Protokolls
- Exemplarische Illumina-Sequenzierung weniger Gewässerproben (z.B. saure/alkalische Seen) und Analyse der Ergebnisse (proof of principle)

Durchführung der Arbeit:

Hahn Lab, Forschungsinstitut für Limnologie, Mondsee (www.uibk.ac.at/limno)

Für Studierende der Uni Innsbruck stehen kostenlose Unterkünfte zur Verfügung.

Engagierte Masterstudierende benötigen für diese Masterarbeit 6 Monate

Starttermin: frühestens Oktober 2015

Kontakt: martin.hahn@uibk.ac.at

(www.uibk.ac.at/limno/hahn)

