

Metagenomic studies of the diversity and function of chemosynthetic microbial communities at oceanic spreading zones

A.Meyerdierks, Max Planck Institut für Marine Mikrobiologie, Bremen

Hydrothermalfelder an Spreizungsachsen sind einmalige, hochproduktive Lebensräume inmitten der meist nährstoffarmen Tiefsee. Ziel der beantragten Studie ist es, mit Hilfe der Metagenomanalyse einen umfassenderen Einblick in die genetische Grundausstattung der Primärproduzenten in hydrothermalen Sedimenten zu erlangen. Der Fokus wird dabei auf der Analyse der oberen Schichten typischer weiß-bedeckter Sedimente liegen, die in einer Tiefe von 28 cm eine Temperatur von bis zu 100°C aufwiesen. Basierend auf unseren Diversitätstudien werden in den restlichen zwei Jahren des SPP metagenomische Fosmid-Genbanken analysiert werden. Entsprechend vorliegender Ergebnisse, werden Fosmide analysiert werden, die Schlüsselgene der Methan- oder Sulfid-Oxidation tragen. Mit Hilfe bioinformatischer Programme wird versucht werden, die metagenomischen Fragmente einer bestimmten Spezies oder phylogenetischen Gruppe zuzuordnen. Zusätzlich werden Endsequenzen der klonierten, metagenomischen Fragmente bestimmt werden, um einen umfassenderen Einblick in die genetische Ausstattung der mikrobiellen Gemeinschaft zu erhalten. Die Expression der mRNA ausgewählter Schlüsselgene wird untersucht werden. Die interdisziplinäre Auswertung der Ergebnisse aller mikrobiologischen und molekularbiologischen Versuche vor dem Hintergrund geologischer und fluidgeochemischer Daten, wird einen tieferen Einblick in die Prozesse an der Bio-Geo Schnittstelle wie auch in den Energietransport vom Mantel zum Ozean geben.