

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

Verantwortlich: Anke Meyerdierks

Hydrothermalfelder in der Tiefsee gehören zu den produktivsten Lebensräumen auf der Erde. Die Primärproduktion an diesen Orten beruht auf chemoautotrophen Prozessen wie der Oxidation von Wasserstoff, Methan, Fe(II)-Ionen, und Sulfid. Ziel der Studie ist es, einen genauereren Einblick in die biochemische Grundausstattung von Mikroorganismen zu erhalten, die zahlenmäßig häufig sind und eine Rolle bei der Verknüpfung biologischer und geochemischer Prozesse in hydrothermalen Systemen spielen. Hierzu soll die Metagenomanalyse angewendet werden. Hochmolekulare genomische DNA soll direkt aus der Umweltprobe extrahiert und in Fosmidvektoren kloniert werden. Die Metagenombanken, sollen zunächst auf das Vorkommen eines phylogenetischen Markers untersucht werden. Im folgenden soll nach Genen gesucht werden, die Proteine kodieren, welche eine Relevanz für biogeochemische Prozesse am untersuchten Standort haben, wie z. B. solche, die an der Umsetzung der zwei häufigsten Substrate der marinen mikrobiellen Chemosynthese (Methan und Sulfid) beteiligt sind. 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.