

Job Advertisement

The Kiel University offers

5 PhD positions within the International Max Planck Research School (IMPRS. The first 6 months are funded by a scholarship. After this a 3 year fixed-term position, 65% TV-L E13 follows). The employment is associated with a teaching obligation of four teaching hours per week.

The International Max Planck Research School for Evolutionary Biology (IMPRS EvoBio) is a joint initiative between the Max Planck Institute for Evolutionary Biology, Christian Albrechts University in Kiel, and the GEOMAR Helmholtz Center for Ocean Research. IMPRS EvoBio comprises more than 30 faculty members and 50 PhD candidates. Current PhD candidates originate from more than 25 countries.

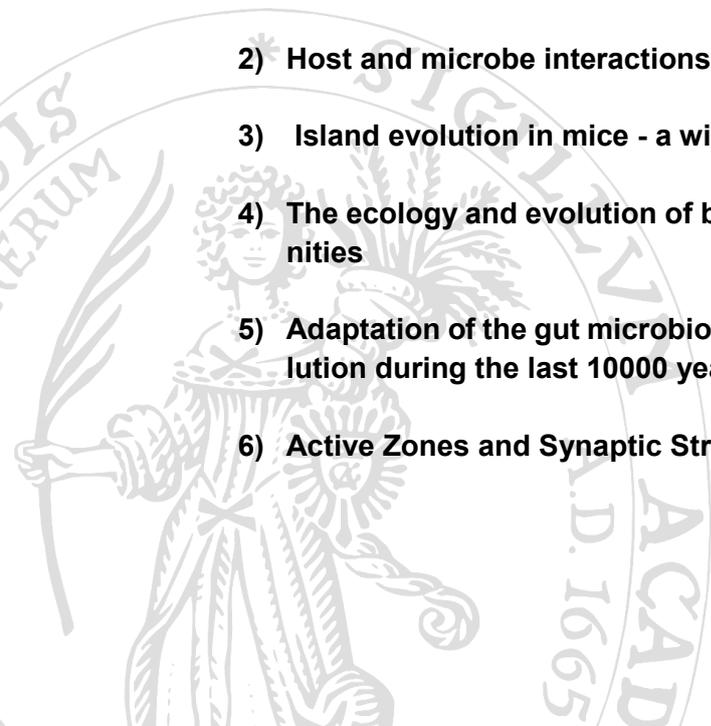
As a graduate school, IMPRS EvoBio offers a PhD program that delivers outstanding opportunities for young scientists. It provides an internationally competitive research environment with state of the art facilities. Participating groups work on a broad variety of scientific topics including molecular evolution, experimental evolution, and ecological / evolutionary genetics.

The program includes a rotation period of six months followed by a PhD project of three years. The students are mentored by their principal investigator in close collaboration with another IMPRS faculty member. Moreover, the student will be mentored by an individual thesis advisory committee. Training includes seminars, courses (including soft-skill courses), workshops, an annual retreat, opportunities to attend international meetings and visit collaborating laboratories. The language of the graduate school is English. German language courses for beginners are offered to foreign students.

The call for five CAU-IMPRS positions for 2023 is open now. If you are a motivated, career-minded, and curiosity-driven individual with a passion for evolutionary biology, then we would be delighted to hear from you.

Specific topics for this year's advertisement are:

- 1) Origin, evolution and mechanism of cholesterol metabolism by the human gut microbiome**
- 2) Host and microbe interactions of fungi in an animal metaorganism model**
- 3) Island evolution in mice - a window into the process of adaptation**
- 4) The ecology and evolution of bacteria-bacteria interactions in microbial communities**
- 5) Adaptation of the gut microbiome to changes in host lifestyle during human evolution during the last 10000 years**
- 6) Active Zones and Synaptic Structures in Non-Neuronal Cells**



- 7) **Stops on a journey - fate and impact of microbial connectivity in the seagrass meadow**
- 8) **Sex, immunity and male pregnancy**
- 9) **The developmental and molecular bases of the evolutionary novel brooding organ in syngnathids (pipefish and seahorses)**

Motivated and highly qualified candidates are welcome to apply. A Master of Science degree or a Diploma as well as a strong interest in Evolutionary Biology are prerequisites for entering the program. (You will find more information about the employment requirements with the project descriptions below).

Qualified candidates will be invited to participate in an online selection symposium. Selection will be based on evaluation of previously acquired qualifications, a presentation by the candidate and following discussion as well as an interview with members of the IMPRS faculty.

The deadline for applications is May 15, 2023.

The selection days will be held on **June 21 and 23, 2023** from **9 a.m. to 12 p.m.** as an **online symposium**.

The program starts on October 1, 2023 (later start date is possible)

Kiel University sees itself as a modern and cosmopolitan employer. We welcome your application regardless of your age, gender, cultural and social origin, religion, worldview, disability or sexual identity. We support gender equality.

Women with equivalent suitability, qualifications and special abilities will be given preferential consideration in the selection process.

The University of Kiel is active in its support for the employment of disabled persons. For this reason, disabled persons will be given preferential treatment over other equally qualified applicants.

We explicitly welcome applications from people with a migration background.

Applications should include: a letter of motivation (max. 1 page), curriculum vitae, and certificate of completed master degree.

We explicitly ask you to refrain from submitting photographs/application photos.

Please send your application via the following homepage by May 15, 2023

https://s-lotus.gwdg.de/mpg/mplm/imprs_evolbio_2023.nsf/application

- Description of doctoral projects -

- 1. Origin, evolution and mechanism of cholesterol metabolism by the human gut microbiome (PIs Poyet, Groussin, Baines)**

Background: Cardiovascular diseases (CVDs) are the first cause of morbidity and mortality globally. As human populations rapidly transition from rural and non-industrialized lifestyles to urban and industrialized lifestyles worldwide, the prevalence of risk factors of CVDs, including unhealthy diet, physical inactivity, tobacco and alcohol uses, also rises drastically.

Most of the common therapeutic strategies against CVD have only transient reduction effects on blood cholesterol levels, can have undesirable side effects, and are usually prescribed for life.

The PhD candidate will explore a new approach aiming to modulate the gut microbiome to reduce blood cholesterol, through the microbial conversion of intestinal cholesterol to coprostanol. Contrary to intestinal cholesterol, coprostanol is a sterol that is not reabsorbed through the intestines, and is almost entirely excreted through feces. Thus, intestinal cholesterol to coprostanol conversion is hypothesized to contribute to the regulation of blood cholesterol levels, and to represent an actionable metabolism that could be used to help reduce the amount of reabsorbed cholesterol. Strikingly, preliminary data strongly suggest that this function was lost during the recent evolution of humans towards industrialization. Factors driving this loss-of-function and its impact on the host are unknown.

Using the resources of the UKSH and GMbC biobanks of stool, blood and gut bacteria, including the long thought unculturable cholesterol-to-coprostanol converter bacterial species derived from the human gut microbiome that we recently isolated, the PhD candidate will be proposed to 1- use multi-omics data to investigate how bacterial converters and conversion pathways distribute and evolve across human populations, and between healthy and diseased states; 2- mechanistically characterize the enzymatic cholesterol-to-coprostanol conversion pathway using microbiology and gene expression techniques; 3- test for the *in-vivo* capability of the bacterial converters to reduce host intestinal and blood cholesterol levels.

This ambitious PhD proposal will offer the candidate the opportunity to develop a wide set of skills in various fields, such as anaerobic microbiology, next generation sequencing data analysis, mass spectrometry, and animal experiments.

Employment requirements:

- **Master (or equivalent):** Biology or related field
- Background in microbiology, bioinformatic, genomics, genetics
- Practical skills: *bacterial culturing, coding, molecular biology*

2. Host and microbe interactions of fungi in an animal metaorganism model (PIs Bosch, Stukenbrock)

Background: Fungi are key components of metaorganisms, yet the diversity and biology of fungi in microbial communities are largely unknown. Amplicon sequencing of the fungal marker locus ITS across different metaorganisms has revealed major groups of fungi associated with plants and animals, but most of this diversity is poorly characterized, and experimental studies are missing. The freshwater cnidarian species *Hydra* has been a model species in metaorganism research. The importance of bacteria in *Hydra*'s development, physiology, pathogen resistance and evolution has been well documented over the past decade. An essential resource in this research has been the availability of germ-free *Hydra* and the careful characterization of microbiota members and their interaction with the *Hydra* host. So far, the diversity and relevance of fungi have however been poorly addressed, although one study documents the path-

ogenic behavior of a filamentous fungus in the genus *Fusarium* with Hydra that had the epithelial microbiome removed. This finding underlines the relevance of bacteria-fungus interactions in metaorganisms and their potential importance for host health.

In this project we will use Hydra as a model species to study the relevance and diversity of fungi associated with an animal metaorganism. We will characterize the diversity of fungi in Hydra by amplicon sequencing and by culture-based approaches. A culture collection of fungi from Hydra will allow us to test hypotheses related to fungus-bacteria and fungus-host interactions. Finally, we will sequence the genomes of selected fungal species to characterize genome composition and the metabolic profile of *Hydra*-associated fungi.

The successful PhD candidate who will be engaged in this collaborative project will be able to develop skills in microbiota analyses, microbiology, and fungal genetics and genomics.

Employment requirements:

- **Master (or equivalent):** Biology or related field
- Background in Microbiology and microbial ecology, evolutionary biology. Knowledge on fungal biology is an advantage
- Practical skills: Microbiology methods, basic molecular biology methods, fungal cultivation, sequence analyses, knowledge on R and genome analyses are an advantage

3. Island evolution in mice - a window into the process of adaptation (PIs Boehmer, Guenther, Winkler)

Background: Island taxa often undergo extreme diversification because they experience unique environmental challenges that require novel solutions in terms of morphology, physiology as well as behaviour. Since Darwin's time, understanding the processes by which island lineages evolve has remained a captivating subject in evolutionary biology. Murids (mice, rats or similar) are known to display rapid morphological change after introduction into island habitats. They generally increase in size (gigantism) due to the island syndrome, a phenomenon documented to occur within less than 100 years. To a certain degree, the visible adaptations are due to plasticity, i.e., non-heritable morphological variability, that allows an organism to respond to its environment. This is the case in mice feeding on harder or softer food sources, which develop shape differences in the mandible after 6 months in a laboratory environment. Similar morphological trends have been observed in wild island populations, where especially island size and food-consistency seem to affect mandibular morphology. Even molar morphology can be subjected to rapid change, as seen in mice from the Orkney archipelago. They frequently display additional (functional) cusplets on the upper first molar and an overall simplified dental pattern.

In an evolutionary experimental framework, we will explore the pace of morphological, physiological, and behavioural change under simulated island conditions. We will therefore keep wild house mice (*Mus musculus*) in semi-natural environments of restricted size, and under different dietary regimes in order to simulate different food qualities and availabilities (highly abrasive food, highly energetic diets, control diet). House mice (*Mus musculus* L.) have successfully colonized a wide variety of habitats throughout the world due to their ability of rapid adaptation to new environments. Mice will be free to reproduce for up to 6 generations. For each generation, molar and mandibular shape will be assessed using state-of-the-art 3D geometric morphometrics. Dental wear patterns will be quantified on a micro-scale using dental micro-wear texture analysis. In addition, we will characterize reproductive, behavioural, and physiological traits which may facilitate rapid adaptation.

This setup will elucidate if morphological traits can adjust to environmental factors through plastic adaptation as quickly as traits more commonly assumed to be flexible - such as behaviour and reproduction - and highlight the potential of mice to respond to challenging environments. Overall, the proposed project will reveal a window into the process of adaptation.

Employment requirements:

- **Master (or equivalent):** Biology or related field
- Background in Evolutionary Biology, Morphology, Zoology or Behavioral ecology
- Practical skills:
 - Experience with quantitative morphology in vertebrates
 - Solid knowledge of statistical methods (e.g., modelling, multivariate methods)
 - English conversation, writing and presentation skills
 - Ability to collaborate within a team-based environment, ability to work effectively both in a team and independently
 - Ability and willingness to acquire new skills and learn new methods
- Desirable skills:
 - FELASA certificate and/or experience working with animals
 - Knowledge of geometric morphometrics
 - Experience in CT data segmentation and analysis

4. The ecology and evolution of bacteria-bacteria interactions in microbial communities (PI Unterweger)

Background: Bacteria commonly live in mixed communities of diverse strains and species. These might be bacterial pathogens during an infection or beneficial bacteria in symbiosis with a host. How and why bacteria co-exist in communities is not fully understood. One explanation is provided by positive and negative interactions between bacteria. These interactions are mediated by a range of sophisticated molecular mechanisms that enable activities from sharing nutrients to killing competitors.

We combine experimental work with genomics to study bacteria-bacteria interactions in natural bacterial populations. An ongoing project in the lab focuses on the intraspecific diversity of type VI secretion system effectors among clinical *Pseudomonas aeruginosa* isolates (Habich et al., BioRxiv 2022). Sampling of bacteria of the intestinal microbiota resulted in the discovery of a novel bacterial species (Fokt et al., Archives of Microbiology 2022) and a unique collection of bacterial isolates of the genus *Bacteroides* that are obligately associated with a host and interact with each other.

This PhD project will focus on the mechanism of interactions to (i) advance our molecular understanding using techniques of protein biochemistry and cutting-edge microscopy, (ii) test the costs and benefits of the interaction in changing environments including the exposure to antibiotics, and (iii) compare the role of the interaction across natural bacterial communities of the clinic and ancient remains. The project will strengthen our ongoing collaborations with the Bramkamp, Krause, Schulenburg, and Sondermann Labs. Wet-lab experiments will be complemented with computational analyses (e.g. using R).

We are looking for somebody, who is excited about the project, eager to join our team, willing to learn new skills, and motivated to develop ideas independently. For questions and additional information, please visit our website www.unterwegerlab.com or contact

d.unterweger@iem.uni-kiel.de.

Employment requirements:

- **Master (or equivalent):** Biology, Molecular Medicine, Life Science or related field
- **Background:** experience in microbiology and/or cell biology and/or genetics and/or microscopy
- **Practical skills:** *Skills to work in a wet lab, data analysis skills, skills to efficiently use a computer, learning skills, scientific writing and presenting skills, social skills*

5. Adaptation of the gut microbiome to changes in host lifestyle during human evolution during the last 10000 years (PIs Krause-Kyora, Groussin, Poyet)

Background: The human gut microbiome has experienced profound changes during the last 10,000 years. Recent comparisons among human populations of different geographies and lifestyles showed that microbial diversity is reduced in the gut microbiome of urban populations, especially those living industrialized lifestyles, compared to rural communities. Compositions of microbes also strongly associate with subsistence strategies, progressively shifting across foraging, pastoralist, farming and industrialized populations. These changes are largely attributed to major changes in socio-economic structures, such as shifts in diet, hygiene practices and healthcare. Yet, we are still limited in our understanding of the evolutionary processes driving changes in the gut microbiome, and to what extent shifts in host lifestyle (e.g. due to the rise of agriculture) impacted gut microbiomes and their functions. Importantly, there is only limited knowledge on the diversity and composition of ancient human microbiomes.

The overarching aim of the project is to understand how the gut microbiome evolved along a prehistoric and historic timeline, and how this evolution impacted microbiome functions.

The PhD candidate will leverage unique resources available at CAU and UKSH to tackle the objectives of the project and to perform cutting-edge microbiome research. They will be able to access multiple conserved ancient human samples, and use the Global Microbiome Conservancy biobank of stool, bacterial strains and multi-omics data.

The PhD candidate will conduct this project through three synergistic axes work packages. They will 1) generate ancient gut microbiome sequencing data using coprolite and cloacal samples from the last 5,000 years collected across Europe; 2) integrate ancient and existing gut microbiome data of worldwide modern human populations to extensively profile human gut microbial taxa and functions; 3) revive ancient fossilized gut bacteria and reconstruct ancestral microbiomes in anaerobic environments.

These work packages will provide the opportunity to investigate the evolution of gut microbiomes and illuminate the ecological and functional characteristics of ancient microbiomes along the human phylogeny. The project will particularly reveal the impact of major prehistoric and historic shifts in subsistence strategies that occurred during recent human evolution on microbiome structure and function.

Employment requirements:

- **Master (or equivalent):** Biology or related field
- Background in microbiology, bioinformatic, genomics, genetics, evolutionary biology
- Practical skills: *molecular biology, coding, bacterial culturing*

6. Active Zones and Synaptic Structures in Non-Neuronal Cells (PIs Roeder, Bramkamp)

Background: Active zones are the specialized areas of presynaptic structures where the fusion of synaptic vesicles with the plasma membrane occurs. The presence of sets of specialized proteins in a highly organized fashion characterizes these structures. Together with the other proteins that form synaptic structures, such as synaptic vesicles, they control and enable the well-ordered process of vesicle fusion. Consequently, active zones are hallmarks of neurons. For this reason, these structures play a central role not only in the function of neurons but also in the evolution of the nervous system. This view is also attributable to the fact that these structures are generally not found in non-neuronal cells. Using single-cell transcriptomics, we identified a cell population in the trachea of *Drosophila* in which all genes encoding active zone proteins and synaptic vesicle proteins are expressed at high levels. Based on these findings, these structures in the so-called Inca cells of the trachea should be characterized. This analysis includes the high-resolution localization of the relevant active zone proteins and their spatial relationship to each other. Furthermore, functional studies are necessary to evaluate the importance of individual proteins for the secretion process. Therefore, different methods can be combined in this project, among which high-resolution microscopy, sophisticated molecular genetics for the generation of the relevant probes, and precisely fitting physiological studies for the analysis of the secretion process are of particular importance.

This project aims to address key questions in the evolution of neurons. This includes the unresolved question of whether the main features of neurons, the active zone, and the presynaptic structure, are indeed found exclusively in neurons, or whether other secretory cells (such as the Inca cells) also contain these structures. Furthermore, it can be elucidated to what extent the expression of active zone proteins always leads to a neuron-like arrangement of the active zone. Finally, the system offers the unique possibility to evaluate the physiological relevance of all components by targeted gene silencing.

Employment requirements:

- **Master (or equivalent):** Biology or related field
- Background in biology, evolutionary biology, biochemistry, genetics
- Practical skills: *molecular biology, microscopy, immunohistochemistry, functional genetics*

7. Stops on a journey - fate and impact of microbial connectivity in the seagrass meadow (PIs Roth, Gruber-Vodicka)

Background: Marine metazoan life has evolved in a cocktail of microbes. Endless encounters have fostered a multitude of host-microbe symbioses that range from beneficial mutualism to virulent diseases. The outcome of a host-microbe interaction is hard to predict and depends on the timepoint and route of microbial transmission, as well as the to be targeted host niche and host immune responses. A microbe may even change from friend to foe depending on its replication potential and fitness. The first and crucial step to decipher how the factors that govern microbial fitness interact and turn a friend into a foe is to capture all hops in a microbe's journey. Such studies of microbial connectivity, i.e., by a comparative assessment of microbial diversity of interacting hosts have been performed on specific host-symbiont pairings, but have been prohibitively expensive for complete habitats. Only recent advances in high fidelity and long-read sequencing finally allow the identification of environmental microbes at strain resolution across all metazoans sharing the same habitat.

This PhD project will comparatively assess the microbial connectivity in seagrass meadows across the environmental gradients of the European waters. Strain-resolved bacterial metagenomics of host organisms inhabiting different positions in the food chain in a replicated design comparing the Baltic Sea, North Sea & the Mediterranean will unravel microbial connectivity in seagrass meadow and shed light on its susceptibility to environmental conditions. Using identified candidate microbes, we will then experimentally assess how microbes are transmitted between their invertebrate and vertebrate hosts under the respective environmental conditions and will link the outcomes to symbiont evolution or epigenetic regulation, but also to host immune reaction, arguably the costliest process for metazoans tailored to shape microbial colonization.

This project will enhance our knowledge of interactions in aquatic environments that are much more connected than terrestrial systems and will contribute to our understanding of microbe-metazoan interactions and dynamics in the food web seagrasses, the marine ecosystems in Europe with the highest ecological and economical value.

Employment requirements:

- **Master (or equivalent):** Biology or related field
- Background in Marine Biology and Evolutionary Biology
- Practical skills: *Snorkeling and/ or diving, Microbiology, Molecular Biology, Statistics, Genomics and/or Bioinformatics*

8. Sex, immunity and male pregnancy (PI Roth)

Background: Sex-specific life-history strategies are mediated by immune system activity and specificity, leading to changes in fertility and longevity. Mate choice is driven by the interplay of immunogenetic diversity between males and females, providing the offspring with an optimal immunogenetic specificity. The transfer of parental immunological experience additionally boosts the offspring immunological phenotype. Sequence mutations or deletions of immune genes, as well as a shift in immunological receptor diversity, or a change in immune system activity and specificity are therefore closely linked to life-history evolution and strategy. Adaptations in the immune system have repeatedly provided the evolutionary opportunity for new life-history strategies, among them is the unique evolution of male pregnancy in syngnathids (pipefish and seahorses). Male pregnancy coupled with the repetitive evolution of sex-role reversal within the syngnathids permits to disentangle the importance of sex vs. life history in the evolution of sexual immune dimorphism.

This PhD project will assess the drivers of sexual immune dimorphism and investigate whether sexual immune dimorphism is related to sex (male or female) or a result of specific life-history strategy using experimental approaches coupled with comparative genomics. This project will compare several syngnathid species that evolved on the male pregnancy gradient with either conventional or sex-role reversed species. Experiments will combine individual immune challenges or infections with parental immunological or microbial transfer to decipher sex from life history.

This project will enhance our understanding of sex, sexual selection and sex role and provide novel insights into the co-evolution of life-history with immune system adaptations.

Employment requirements:

- **Master (or equivalent):** Biology or related field
- Background in Evolutionary Biology, Immunology, Fish Biology
- Practical skills: *design of experiments, Molecular Biology, Genomics and/or Bioinformatics*

9. The developmental and molecular bases of the evolutionary novel brooding organ in syngnathids (pipefish and seahorses) (PI Schneider, Roth)

Background: Earth's biodiversity is thought to predominantly be the result of evolutionary refinements and optimization of existing traits via natural selection, however, occasionally also functionally new traits without an apparent precursor evolve – so-called “evolutionary novelties” (or “innovations”). While such traits can open-up new ecological niches and lead to adaptive radiations, their origin puzzled evolutionary biologists for decades. Only more recently advances in molecular biology provided new insights into the mechanisms involved: for instance, the evolutionary novel horns in horn beetles have no apparent morphological homologous precursor, but gene-regulatory cascades orchestrating the horns' formations were found to be remarkably similar to those regulatory cascades orchestrating appendage outgrowth. Evolution thus likely co-opted existing regulatory interactions to form the novel horn structure; horns and appendages share a “*deep homology*”. Another remarkable example of an evolutionary novelty is the brooding organ found in syngnathids (pipefish & seahorses). These fish uniquely evolved male pregnancy by brooding their eggs in specialized ventrally-positioned brooding patches and pouches. While some pipefish lineages only have an adhesive integument allowing them to attach eggs to their belly without providing further provisioning, more derived lineages, including seahorses, evolved elaborate pouches in which eggs develop and embryos hatch, all while being supplied with oxygen and nutrients in a well-protected micro-environment. The evolution of this form of reproduction is likely a key driver of the syngnathids diversification as lineages with more derived brooding organs tend to be more diverse.

The advertised project aims to shed light on the developmental and regulatory underpinnings of the syngnathids' brooding organ. The brooding organ tissue of various syngnathids representing different stages of brooding organ evolution will be sampled at 3-4 stages during the organ's development. The collected samples will be used for (i.) a comprehensive histological description of the tissue types involved in brooding organ formation for each species and stage and for (ii.) RNA-seq analyses to explore gene expression patterns and postulate possible gene regulatory relationships orchestrating identified developmental processes. Finally, (iii.) a sub-sample of these stages will be used in a cutting-edge multi-omics approach, where single-cell ATAC-seq and RNA-seq data will be produced and analyzed to construct a comprehensive regulatory map of cell types involved in brooding organ development. This map will allow us to identify cell-types contributing to brooding organ development, but also to identify key regulatory interaction, assess their homology to previously described regulatory interactions and deduce if and to what extent deep homology contributed to the evolution of the syngnathids' brooding organs.

Employment requirements:

- **Master (or equivalent):** Biology, Bioinformatics or related field
- Background in Evolutionary Biology, Morphology, Zoology, Development biology or Bioinformatics
- Fluency in English (within reason)
- Being enthusiastic about (your) research

- Desirable skills:
 - *Good basis in scientific writing skills, biostatistics & project conceptualization*
 - *Knowledge of Unix and R scripting (at least beginner's level)*
 - *Experience working with animals (preferentially fish)*
 - *Experience in histology work*

**** GERMAN VERSION ****

Stellenausschreibung

Die Christian-Albrechts-Universität zu Kiel vergibt im Rahmen der „**International Max Planck Research School“ (IMPRS) fuer Evolutionsbiologie**

5 Doktorand*innenstellen.

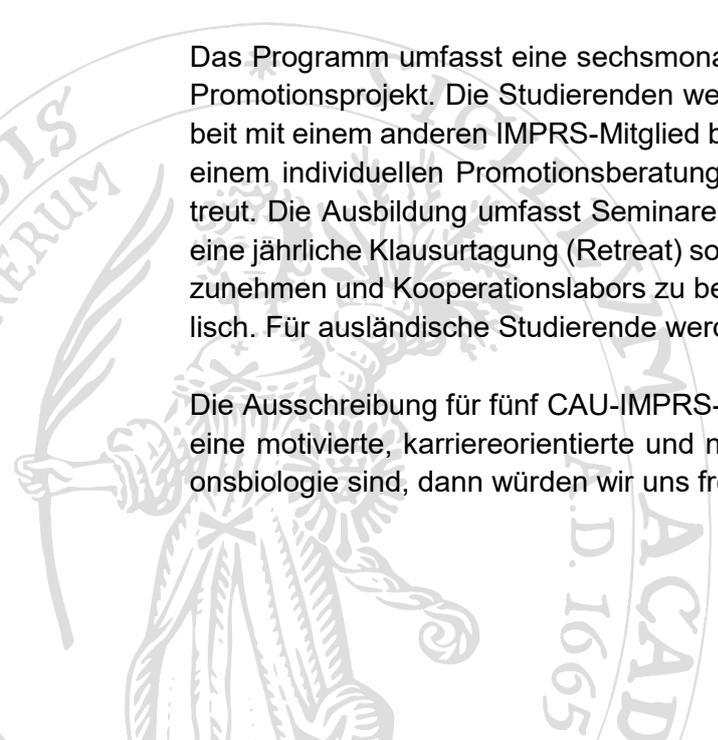
Die ersten sechs Monate werden über ein Stipendium finanziert. Danach erfolgt für weitere 3 Jahre eine befristete Beschäftigung an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, 65% TV-L E13. Die Lehrverpflichtung beträgt während des Arbeitsverhältnisses drei Lehrverpflichtungsstunden.

Die International Max Planck Research School for Evolutionary Biology (IMPRS EvolBio) ist eine gemeinsame Initiative des Max-Planck-Instituts für Evolutionsbiologie, der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel und des GEOMAR Helmholtz-Zentrums für Ozeanforschung Kiel. Die IMPRS EvolBio umfasst mehr als 30 Lehrkräfte und 50 Doktorand*innen. Die derzeitigen Studierenden kommen aus mehr als 25 Ländern.

Als Graduiertenschule bietet die IMPRS EvolBio ein Doktorand*innenprogramm, das jungen Wissenschaftler*innen hervorragende Möglichkeiten bietet. Sie bietet ein international konkurrenzfähiges Forschungsumfeld mit modernsten Einrichtungen. Die teilnehmenden Gruppen arbeiten an einem breiten Spektrum wissenschaftlicher Themen, darunter molekulare Evolution, experimentelle Evolution und ökologische / evolutionäre Genetik.

Das Programm umfasst eine sechsmonatige Rotationsphase, gefolgt von einem dreijährigen Promotionsprojekt. Die Studierenden werden von ihrem Betreuenden in enger Zusammenarbeit mit einem anderen IMPRS-Mitglied betreut. Darüber hinaus werden die Studierenden von einem individuellen Promotionsberatungsausschuss (Thesis Advisory Committee, TAC) betreut. Die Ausbildung umfasst Seminare, Kurse (einschließlich Soft-Skill-Kurse), Workshops, eine jährliche Klausurtagung (Retreat) sowie die Möglichkeit, an internationalen Tagungen teilzunehmen und Kooperationslabors zu besuchen. Die Sprache der Graduiertenschule ist Englisch. Für ausländische Studierende werden Deutschkurse für Anfänger*innen angeboten.

Die Ausschreibung für fünf CAU-IMPRS-Stellen für das Jahr 2023 ist jetzt eröffnet. Wenn Sie eine motivierte, karriereorientierte und neugierige Person mit einer Leidenschaft für Evolutionsbiologie sind, dann würden wir uns freuen, von Ihnen zu hören.



Doktorand*innenprojekte zu folgenden Themen werden angeboten:

- 1) **Ursprung, Evolution und Mechanismus des Cholesterinstoffwechsels durch das menschliche Darmmikrobiom**
- 2) **Wirts- und Mikrobeninteraktionen von Pilzen in einem Tier-Metaorganismus-Modell**
- 3) **Inselevolution bei Mäusen - ein Einblick in den Adaptationsprozess**
- 4) **Ökologie und Evolution der Wechselwirkungen zwischen Bakterien und Bakterien in mikrobiellen Gemeinschaften**
- 5) **Anpassung des Darmmikrobioms an Veränderungen des menschlichen Lebensstils während der letzten 10000 Jahre**
- 6) **Aktive Zonen and Synaptische Strukturen in nicht-neuronalen Zellen**
- 7) **Stationen einer Reise – Schicksal und Auswirkungen der mikrobiellen Konnektivität in der Seegraswiese**
- 8) **Geschlecht, Immunität und männliche Schwangerschaft**
- 9) **Die entwicklungsgeschichtlichen und molekularen Grundlagen des evolutionär neuartigen Brutorgans bei Syngnathiden (Seenadeln und Seepferdchen)**

Motivierte und hoch qualifizierte Bewerber*innen sind herzlich willkommen. Ein Master of Science-Abschluss oder ein Diplom sowie ein starkes Interesse an der Evolutionsbiologie sind Voraussetzungen für den Einstieg in das Programm. Nähere Informationen zu den Einstellungsbedingungen finden Sie bei den Beschreibungen der einzelnen Promotionsvorhaben (siehe unten).

Qualifizierte Kandidat*innen werden zur Teilnahme an einem Online-Auswahlsymposium eingeladen. Die Auswahl basiert auf der Bewertung der zuvor erworbenen Qualifikationen, einer Präsentation der/des Bewerber*in und einer anschließenden Diskussion sowie einem Interview mit Mitgliedern der IMPRS.

Die Bewerbungsfrist endet am 15. Mai 2023.

Die Auswahltage finden am 21. und 23. Juni 2023 jeweils von 9:00 - 12:00 Uhr als online Symposium statt.

Das Programm selbst beginnt am 1. Oktober 2023 (ein späteres Startdatum ist möglich)

Die Christian-Albrechts-Universität zu Kiel versteht sich als moderne und weltoffene Arbeitgeberin. Wir begrüßen Ihre Bewerbung unabhängig ihres Alters, ihres Geschlechts, ihrer kulturellen und sozialen Herkunft, Religion, Weltanschauung, Behinderung oder sexuellen Identität. Wir fördern die Gleichberechtigung der Geschlechter. Frauen werden bei gleichwertiger Eignung, Befähigung und fachlicher Leistung vorrangig berücksichtigt.

Die Christian-Albrechts-Universität zu Kiel setzt sich für die Beschäftigung von Menschen mit Behinderung ein: Bewerbungen von Schwerbehinderten und ihnen Gleichgestellten werden bei entsprechender Eignung bevorzugt berücksichtigt.

Ausdrücklich begrüßen wir es, wenn sich Menschen mit Migrationshintergrund bei uns bewerben.

Die Bewerbungen sollten enthalten: ein Motivationsschreiben, einen Lebenslauf, und Masterzeugnis.

Auf die Vorlage von Lichtbildern/ Bewerbungsfotos verzichten wir ausdrücklich und bitten daher, hiervon abzusehen.

Bitte bewerben Sie sich über die folgende Homepage bis zum 15. Mai 2023:
https://s-lotus.gwdg.de/mpg/mplm/imprs_evolbio_2023.nsf/application

Projektbeschreibungen

1. Ursprung, Evolution und Mechanismus des Cholesterinstoffwechsels durch das menschliche Darmmikrobiom (PIs Poyet, Groussin, Baines)

Hintergrund: Herz-Kreislauf-Erkrankungen (CVD) sind weltweit die Hauptursache für Morbidität und Mortalität. Mit dem raschen Übergang der Bevölkerung von einer ländlichen und nicht industrialisierten Lebensweise zu einer städtischen und industrialisierten Lebensweise steigt auch die Prävalenz von Risikofaktoren für Herz-Kreislauf-Erkrankungen, wie ungesunde Ernährung, Bewegungsmangel, Tabak- und Alkoholkonsum, drastisch an.

Die meisten der gängigen Therapiestrategien gegen Herz-Kreislauf-Erkrankungen haben nur eine vorübergehende Senkung des Cholesterinspiegels im Blut zur Folge, können unerwünschte Nebenwirkungen haben und werden in der Regel lebenslang verschrieben.

Der/die Doktorand*in wird einen neuen Ansatz erforschen, der darauf abzielt, das Darmmikrobiom zu modulieren, um den Cholesterinspiegel im Blut zu senken, und zwar durch die mikrobielle Umwandlung von Cholesterin aus dem Darm in Coprostanol. Im Gegensatz zu intestinalem Cholesterin ist Coprostanol ein Sterol, das nicht über den Darm resorbiert und fast vollständig über den Kot ausgeschieden wird. Daher wird angenommen, dass die Umwandlung von Cholesterin in Coprostanol im Darm zur Regulierung des Cholesterinspiegels im Blut beiträgt und einen Stoffwechsel darstellt, der zur Verringerung der rückresorbierten Cholesterinmenge genutzt werden könnte. Auffallend ist, dass vorläufige Daten stark darauf hindeuten, dass diese Funktion während der jüngsten Evolution des Menschen hin zur Industrialisierung verloren gegangen ist. Die Faktoren, die zu diesem Funktionsverlust geführt haben, und seine Auswirkungen auf den Wirt sind unbekannt.

Unter Verwendung der Ressourcen der UKSH- und GMbC-Biobanken von Stuhl, Blut und Darmbakterien, einschließlich der lange Zeit als unkultivierbar geltenden Cholesterin-zu-Coprostanol-Konverter-Bakterienspezies aus dem menschlichen Darmmikrobiom, die wir vor kurzem isoliert haben, wird der/die Doktorand*in vorgeschlagen, 1. die Multi-omics-Daten zu nutzen, um zu untersuchen, wie bakterielle Konverter und Konversionswege in menschlichen Populationen sowie zwischen gesunden und kranken Zuständen verteilt sind und sich entwickeln; 2- den enzymatischen Umwandlungsweg von Cholesterin in Coprostanol mit Hilfe von Mikrobiologie und Genexpressionstechniken mechanistisch zu charakterisieren; 3- die Fähigkeit der

bakteriellen Umwandler, den Cholesterinspiegel im Darm und im Blut des Wirts zu senken, in vivo zu testen.

Dieses ehrgeizige Promotionsvorhaben wird dem/der Kandidat*in die Möglichkeit bieten, ein breites Spektrum an Fähigkeiten in verschiedenen Bereichen zu entwickeln, wie z. B. anaerobe Mikrobiologie, Next Generation Sequencing-Datenanalyse, Massenspektrometrie und Tierversuche.

Beschäftigungsanforderungen:

- **Master (oder gleichwertig):** Biologie oder verwandtes Fachgebiet
- Hintergrund in Mikrobiologie, Bioinformatik, Genomik, Genetik
- Praktische Kenntnisse: *Bakterienkulturen, Kodierung, Molekularbiologie*

2. Wirts- und Mikrobeninteraktionen von Pilzen in einem Tier-Metaorganismus-Modell (PIs Bosch, Stukenbrock)

Hintergrund: Pilze sind wichtige Bestandteile von Metaorganismen, doch die Vielfalt und Biologie von Pilzen in mikrobiellen Gemeinschaften sind weitgehend unbekannt. Die Amplikon-Sequenzierung des Pilzmarker-Locus ITS in verschiedenen Metaorganismen hat wichtige Pilzgruppen aufgedeckt, die mit Pflanzen und Tieren assoziiert sind, aber der größte Teil dieser Vielfalt ist nur unzureichend charakterisiert, und es fehlen experimentelle Studien. *Hydra vulgaris* ist eine Modellart für die Erforschung von Metaorganismen. Die Bedeutung von Bakterien für die Entwicklung, Physiologie, Pathogenresistenz und Evolution von Hydra wurde in den letzten zehn Jahren nachgewiesen. Eine wesentliche Quelle für diese Forschung war die Verfügbarkeit von keimfreien Hydra und die sorgfältige Charakterisierung der Mikrobiota und ihrer Interaktion mit dem Hydra-Wirt. Bislang wurden die Vielfalt und die Bedeutung von Pilzen jedoch nur unzureichend untersucht, obwohl eine Studie das pathogene Verhalten eines Fadenpilzes der Gattung *Fusarium* bei Hydra dokumentiert wurde. Die Forschung unterstreicht die Relevanz von Bakterien-Pilz-Interaktionen in Metaorganismen und ihre potenzielle Bedeutung für die Gesundheit des Wirts.

In diesem Projekt werden wir Hydra als Modellart verwenden, um die Bedeutung und Vielfalt von Pilzen zu untersuchen, die mit einem Metaorganismus assoziiert sind. Wir werden die Vielfalt der Pilze in Hydra durch Amplikonsequenzierung und durch kulturbasierte Ansätze charakterisieren. Eine Kultursammlung von Pilzen aus Hydra wird es uns ermöglichen, Hypothesen in Bezug auf Pilz-Bakterien- und Pilz-Wirt-Wechselwirkungen zu testen. Schließlich werden wir die Genome ausgewählter Pilzarten sequenzieren, um die Genomzusammensetzung und das Stoffwechselprofil von Hydra-assoziierten Pilzen zu charakterisieren.

Die/der erfolgreiche Doktorand*in, die/der an diesem Projekt teilnimmt, wird die Möglichkeit bekommen, Fähigkeiten in den Bereichen Mikrobiota-Analysen, Mikrobiologie sowie Pilzgenetik und -genomik zu entwickeln.

Beschäftigungsanforderungen:

- **Master (oder gleichwertig):** Biologie oder verwandtes Fachgebiet
- Hintergrundwissen in Mikrobiologie, mikrobieller Ökologie, Evolutionsbiologie. Kenntnisse in der Pilzbiologie sind von Vorteil.
- Praktische Kenntnisse: *Mikrobiologische Methoden, grundlegende molekularbiologische Methoden, Pilzkultivierung, Sequenzanalysen, Kenntnisse in R und Genomanalysen sind von Vorteil*

3. Inselevolution bei Mäusen - ein Einblick in den Adaptationsprozess (Pls Boehmer, Guenther, Winkler)

Hintergrund: Inselarten unterliegen oft einer extremen Diversifizierung, weil sie einzigartigen Herausforderungen in ihrem Lebensraum ausgesetzt sind, die neuartige Lösungen in Bezug auf Morphologie, Physiologie und Verhalten erfordern. Seit Darwins Zeiten ist das Verständnis der Prozesse, durch die sich Inselarten entwickeln, ein aktuelles Thema in der Evolutionsbiologie geblieben. Muriden (Mäuse, Ratten und Ähnliches) weisen bekanntermaßen bereits kurz nach der Besiedlung eines Insellebensraums schnelle morphologische Veränderungen auf. Im Allgemeinen nehmen sie aufgrund des Inselsyndroms an Größe zu (Gigantismus) - ein Phänomen, das nachweislich innerhalb von weniger als 100 Jahren auftritt. Bis zu einem gewissen Grad sind die sichtbaren Anpassungen auf Plastizität zurückzuführen, d. h. auf eine nicht vererbte morphologische Variabilität, die es einem Organismus ermöglicht, auf seine Umwelt zu reagieren. Dies ist der Fall bei Mäusen, die sich von härteren oder weicherer Nahrung ernähren und dadurch schon nach 6 Monaten in einer Laborumgebung Formunterschiede im Unterkiefer entwickeln. Ähnliche morphologische Tendenzen wurden bei wilden Inselpopulationen beobachtet, bei denen vor allem die Größe der Insel und die Verfügbarkeit der Nahrung die Morphologie des Unterkiefers zu beeinflussen scheinen. Sogar die Morphologie der Backenzähne kann sich schnell verändern, wie bei Mäusen aus dem Orkney-Archipel zu beobachten ist. Sie weisen häufig zusätzliche (funktionelle) Höcker auf dem oberen ersten Backenzahn und ein insgesamt vereinfachtes Zahnmuster auf.

In einem evolutionären Versuchsrahmen wird der/die Doktorand*in das Tempo der morphologischen, physiologischen und verhaltensmäßigen Veränderungen unter simulierten Inselbedingungen untersuchen. Zu diesem Zweck werden wilde Hausmäuse (*Mus musculus* L.) in semi-natürlichen Umgebungen von begrenzter Größe und unter verschiedenen Ernährungsregimen gehalten, um unterschiedliche Nahrungsqualitäten und -verfügbarkeit zu simulieren (hochgradig abrasive Nahrung, hochenergetische Nahrung, Kontrolldiät). Hausmäuse (*Mus musculus*) haben aufgrund ihrer Fähigkeit, sich schnell an neue Umgebungen anzupassen, erfolgreich eine Vielzahl von Lebensräumen auf der ganzen Welt besiedelt. In dem Versuchsaufbau werden sich die Mäuse bis zu 6 Generationen lang frei vermehren. Für jede Generation wird der/die Doktorand*in die Form der Backenzähne und des Unterkiefers mit geometrischer 3D-Morphometrie quantifizieren. Zahnabnutzungsmuster werden auf der Mikrometer-Skala mit Hilfe der Oberflächentexturanalyse der Zähne quantifiziert. Darüber hinaus werden reproduktive, verhaltensbezogene und physiologische Merkmale charakterisiert, die eine schnelle Anpassung erleichtern könnten.

Auf diese Weise soll geklärt werden, ob sich morphologische Merkmale durch plastische Anpassung ebenso schnell an Umweltfaktoren anpassen können wie Merkmale, von denen man gemeinhin annimmt, dass sie flexibel sind - wie etwa Verhalten und Fortpflanzung. Der/die Doktorand*in wird am Modellorganismus Maus das Potenzial von Organismen aufzeigen, auf schwierige Umwelteinflüsse zu reagieren. Insgesamt wird das vorgeschlagene Projekt einen Einblick in Adaptationsprozesse geben, die die Grundlage für evolutionären Wandel darstellen.

Beschäftigungsanforderungen:

- **Master (oder gleichwertig):** Biologie oder verwandtes Fachgebiet
- Hintergrund in Evolutionsbiologie, Morphologie, Zoologie oder Verhaltensökologie
- Praktische Fähigkeiten:
 - *Erfahrung in quantitativer Morphologie der Wirbeltiere,*

- *Solide Kenntnisse in Statistik (z.B. Modellierung, Multivariate Methoden)*
- *Englischkenntnisse in Wort und Schrift sowie Präsentationsfähigkeit*
- *Teamfähigkeit und Eigenständigkeit*
- *Bereitschaft sich neue Fähigkeiten anzueignen und neue Methoden zu lernen*
- Wünschenswerte Fähigkeiten:
 - *FELASA Zertifikat und/oder Erfahrung mit Tierhaltung*
 - *Kenntnisse in Geometrischer Morphometrie*
 - *Erfahrung in Bearbeitung und Analyse von computertomografischen Daten*
 -

4. Ökologie und Evolution der Wechselwirkungen zwischen Bakterien und Bakterien in mikrobiellen Gemeinschaften (PI Unterweger)

Hintergrund: Bakterien leben häufig in Gemeinschaften aus verschiedenen Stämmen und Arten. Dabei kann es sich um bakterielle Krankheitserreger während einer Infektion oder um nützliche Bakterien in Symbiose mit einem Wirt handeln. Wie und warum Bakterien in Gemeinschaften koexistieren, ist nicht vollständig geklärt. Eine Erklärung liefern positive und negative Wechselwirkungen zwischen Bakterien. Diese Wechselwirkungen werden durch eine Reihe ausgeklügelter molekularer Mechanismen vermittelt, die Aktivitäten von der gemeinsamen Nutzung von Nährstoffen bis zur Vernichtung von Konkurrenten ermöglichen.

Wir kombinieren experimentelle Arbeiten mit Genomik, um die Wechselwirkungen zwischen Bakterien in natürlichen Bakterienpopulationen zu untersuchen. Ein laufendes Projekt des Labors konzentriert sich auf die intraspezifische Vielfalt von Effektoren des Typ-VI-Sekretionssystems unter klinischen *Pseudomonas aeruginosa*-Isolaten (Habich et al., BioRxiv 2022). Die Isolation von Bakterien der intestinalen Mikrobiota führte zur Entdeckung einer neuen Bakterienart (Fokt et al., Archives of Microbiology 2022) und einer einzigartigen Ansammlung von Bakterienisolaten der Gattung *Bacteroides*, die obligat mit einem Wirt assoziiert sind und miteinander interagieren.

Dieses PhD-Projekt wird sich auf den Mechanismus der Interaktionen konzentrieren, um (i) unser molekulares Verständnis mit Hilfe von Techniken der Proteinbiochemie und modernster Mikroskopie zu verbessern, (ii) die Kosten und Vorteile der Interaktion in sich verändernden Umgebungen, einschließlich der Exposition gegenüber Antibiotika, zu testen und (iii) die Rolle der Interaktion in klinisch relevanten und vorzeitlichen bakteriellen Gemeinschaften zu vergleichen. Das Projekt wird unsere laufenden Kooperationen mit den Laboren von Bramkamp, Krause, Schulenburg und Sondermann stärken. Die Experimente im Labor werden durch computergestützte Analysen (z.B. mit R) ergänzt.

Wir suchen jemanden, der sich für das Projekt begeistert, sich in unser Team einbringen möchte, bereit ist, neue Fähigkeiten zu erlernen, und motiviert ist, selbstständig Ideen zu entwickeln. Für Fragen und weitere Informationen besuchen Sie bitte unsere Website www.unterwegerlab.com oder kontaktieren Sie d.unterweger@iem.uni-kiel.de.

Beschäftigungsanforderungen:

- **Master (oder gleichwertig):** Biologie, Molekularmedizin, Biowissenschaften oder ein verwandtes Fachgebiet
- Hintergrund: Erfahrung in Mikrobiologie und/oder Zellbiologie und/oder Genetik und/oder Mikroskopie
- Praktische Fähigkeiten: *Fähigkeiten zur Arbeit in einem Nasslabor, Fähigkeiten zur Datenanalyse, Fähigkeiten zur effizienten Nutzung eines Computers, Lernfähigkeiten, Fähigkeiten zum wissenschaftlichen Schreiben und Präsentieren, soziale Fähigkeiten*

5. Anpassung des Darmmikrobioms an Veränderungen des menschlichen Lebensstils während der letzten 10000 Jahre (Pls Krause-Kyora, Groussin, Poyet)

Hintergrund: Das menschliche Darmmikrobiom hat sich in den letzten 10.000 Jahren tiefgreifend verändert. Jüngste Vergleiche zwischen menschlichen Populationen unterschiedlichen geografischen Ursprungs und Lebensstils haben gezeigt, dass die Diversität im Darmmikrobiom städtischer Populationen, mit einem industrialisierten Lebensstil, im Vergleich zu ländlichen Gemeinschaften reduziert ist. Die Zusammensetzung des Mikrobioms hängt auch stark mit den Subsistenzstrategien zusammen, die sich bei der Nahrungssuche, bei Viehzüchtern, Landwirten und industrialisierten Bevölkerungsgruppen allmählich verändern. Diese Veränderungen bringen auch tiefgreifende Veränderungen der sozioökonomischen Strukturen mit sich, wie z. B. Verschiebungen in der Ernährung, den Hygienepraktiken und der Gesundheitsversorgung. Dennoch ist unser Verständnis der evolutionären Prozesse, die zu Veränderungen im Darmmikrobiom führen, noch immer begrenzt, und wir wissen nicht, inwieweit sich Veränderungen in der Lebensweise des Menschen (z.B. durch den Beginn der Landwirtschaft) auf das Darmmikrobiom und seine Funktionen auswirken. Wichtig ist, dass es nur begrenzte Kenntnisse über die Vielfalt und Zusammensetzung der Mikrobiome des Menschen in der Antike gibt.

Das übergeordnete Ziel des Projekts ist es, zu verstehen, wie sich das Darmmikrobiom entlang einer prähistorischen und historischen Zeitachse entwickelt hat und wie sich diese Entwicklung auf die Funktionen des Mikrobioms ausgewirkt hat.

Die/der Doktorand*in kann die einzigartigen Ressourcen der CAU und des UKSH nutzen, um die Ziele des Projekts zu erreichen und modernste Mikrobiomforschung zu betreiben. Dazu wird die/der Kandidat*in Zugang zu historischen und prähistorischen menschlichen Proben und der Biobank der Global Microbiome Conservancy mit Stuhl, Bakterienstämmen und Multiomics-Daten haben.

Die/der Doktorand*in wird dieses Projekt in drei synergistischen Arbeitspaketen durchführen. Sie werden 1) alte Darmmikrobiom-Sequenzierungsdaten unter Verwendung von Koprolithen- und Kloakenproben aus den letzten 5.000 Jahren, die in ganz Europa gesammelt wurden, generieren; 2) alte und bestehende Darmmikrobiomdaten von weltweiten modernen menschlichen Populationen integrieren, um ein umfassendes Profil menschlicher Darmmikrobiom-Taxa und -Funktionen zu erstellen; 3) alte fossile Darmbakterien wiederbeleben und anaerobe Mikrobiome rekonstruieren.

Diese Arbeitspakete werden die Möglichkeit bieten, die Evolution der Darmmikrobiome zu untersuchen und die ökologischen und funktionellen Merkmale alter Mikrobiome entlang der menschlichen Phylogenie zu beleuchten. Das Projekt wird insbesondere die Auswirkungen bedeutender prähistorischer und historischer Verschiebungen in den Subsistenzstrategien, die während der jüngsten menschlichen Evolution auftraten, auf die Struktur und Funktion des Mikrobioms aufzeigen.

Beschäftigungsanforderungeng:

- **Master (oder gleichwertig):** Biologie oder verwandtes Fachgebiet
- **Hintergrund:** Mikrobiologie, Bioinformatik, Genomik, Genetik, Evolutionsbiologie

- Praktische Fähigkeiten: *Molekularbiologie, Coding, Bakterienkulturen*

6. Aktive Zonen and Synaptische Strukturen in nicht-neuronalen Zellen (PIs Roeder, Bramkamp)

Hintergrund: Aktive Zonen sind die spezialisierten Bereiche von Neuronen, in denen die Verschmelzung synaptischer Vesikel mit der Plasmamembran stattfindet. Diese Strukturen sind durch das Vorhandensein einer Reihe spezialisierter Proteine in hoch organisierter Form gekennzeichnet. Zusammen mit den anderen Proteinen, die synaptische Strukturen wie synaptische Vesikel bilden, kontrollieren und ermöglichen sie den geordneten Prozess der Vesikelfusion. Folglich sind aktive Zonen ein Markenzeichen von Neuronen. Daher spielen diese Strukturen nicht nur für die Funktion der Neuronen, sondern auch für die Evolution des Nervensystems eine zentrale Rolle. Diese Einschätzung beruht auf der Beobachtung, dass diese Strukturen in nicht-neuronalen Zellen im Normalfall nicht vorkommen. Mit Hilfe der Einzelzell-Transkriptomik haben wir eine Zellpopulation in den Tracheen von *Drosophila* identifiziert, in der alle Gene, die für Proteine der aktiven Zone und synaptische Vesikelproteine kodieren, in hohem Maße exprimiert werden. Basierend auf diesen Erkenntnissen sollten diese Strukturen in den sogenannten Inka-Zellen der Tracheen charakterisiert werden. Diese Analyse umfasst die hochauflösende Lokalisierung der relevanten Proteine der aktiven Zone und ihre räumliche Beziehung zueinander. Darüber hinaus sind funktionelle Untersuchungen vorgesehen, mit deren Hilfe die Bedeutung einzelner Proteine für den Sekretionsprozess aufgeklärt werden soll. Daher sollen in diesem Projekt verschiedenste Methoden kombiniert werden, wobei hochauflösende Mikroskopie, moderne Molekulargenetik zur Herstellung entsprechender Proben und passgenaue physiologische Studien zur Analyse des Sekretionsprozesses besonders hervorzuheben sind.

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass mit diesem Projekt Schlüsselfragen der Evolution von Neuronen adressiert. Dazu gehört die ungelöste Frage, ob die Hauptmerkmale von Neuronen, die aktive Zone und die präsynaptische Struktur, tatsächlich ausschließlich in Neuronen zu finden sind, oder ob auch andere sekretorische Zellen (wie die Inka-Zellen) diese Strukturen enthalten. Darüber hinaus kann geklärt werden, inwieweit die Expression von Proteinen der aktiven Zone zwangsläufig mit der für Neuronen typischen Struktur einhergeht. Schließlich bietet das System die einzigartige Möglichkeit, die physiologische Relevanz aller Komponenten dieser Struktur durch gezieltes *Gene-Silencing* funktionell zu evaluieren.

Beschäftigungsanforderungen:

- **Master (oder gleichwertig):** Biologie oder verwandtes Fachgebiet
- Hintergrund in Biologie, Evolutionsbiologie, Biochemie, Genetik
- Praktische Kenntnisse: *Molekularbiologie, Mikroskopie, Immunhistochemie, funktionelle Genetik*

7. Stationen einer Reise – Schicksal und Auswirkungen der mikrobiellen Konnektivität in der Seegraswiese (PIs Roth, Gruber-Vodicka)

Hintergrund: Das Leben der marinen Metazoen hat sich in einem Cocktail von Mikroben evolviert. Endlose Begegnungen haben eine Vielzahl von Wirt-Mikroben-Symbiosen hervorgebracht, die von nützlichem Mutualismus bis hin zu virulenten Krankheiten reichen. Das Ergebnis einer Wirt-Mikroben-Interaktion lässt sich nur schwer vorhersagen und hängt vom Zeitpunkt und dem Weg der mikrobiellen Übertragung sowie von der angestrebten Wirtsnische und der Immunantwort des Wirts ab. Mikroben können sogar vom Freund zum Feind werden, je nach ihrem Replikationspotenzial und ihrer Fitness. Der erste und entscheidende Schritt, um zu entschlüsseln, wie die Faktoren, die die mikrobielle Fitness bestimmen, zusammenwirken und einen Freund in einen Feind verwandeln, besteht darin, alle Stationen auf der Reise der Mikroben zu erfassen. Solche Studien der mikrobiellen Konnektivität, d. h. eine vergleichende Bewertung der mikrobiellen Vielfalt interagierender Wirte, wurden an spezifischen Wirts-Symbionten-Paaren durchgeführt, waren aber für komplette Lebensräume unerschwinglich. Erst die jüngsten Fortschritte bei der High-Fidelity- und Long-Read-Sequenzierung ermöglichen die Identifizierung der mikrobiellen Diversität in allen Metazoen, die denselben Lebensraum teilen.

Im Rahmen dieser Doktorarbeit wird die mikrobielle Konnektivität in Seegraswiesen über die Umweltgradienten der europäischen Gewässer hinweg vergleichend bewertet. Die bakterielle Metagenomik von Wirtsorganismen, die verschiedene Positionen in der Nahrungskette einnehmen, wird in einem replizierten Design, das die Ostsee, die Nordsee und das Mittelmeer vergleicht, die mikrobielle Konnektivität in Seegraswiesen entschlüsseln und ihre Anfälligkeit gegenüber Umweltbedingungen analysieren. Mit Hilfe identifizierter Kandidaten-Mikroben werden wir dann experimentell untersuchen, wie die Mikroben unter den jeweiligen Umweltbedingungen zwischen ihren Wirbellosen- und Wirbeltierwirten übertragen werden. Wir werden die Ergebnisse mit der Evolution der Symbionten oder der epigenetischen Regulierung, aber auch mit der Immunreaktion des Wirts in Verbindung bringen, dem wohl kostspieligsten Prozess für Metazoen, der genau auf die mikrobielle Besiedlung zugeschnitten ist.

Dieses Projekt wird unser Wissen über Interaktionen in aquatischen Umwelten erweitern, die viel stärker miteinander verbunden sind als terrestrische Systeme, und wird zu unserem Verständnis der Interaktionen zwischen Mikroben und Metazoen und der Dynamik im Nahrungsnetz der Seegräser beitragen, den marinen Ökosystemen in Europa mit dem höchsten ökologischen und wirtschaftlichen Wert.

Beschäftigungsanforderungen:

- **Master (oder gleichwertig):** Biologie oder verwandtes Fachgebiet
- Hintergrund in Meeresbiologie und Evolutionsbiologie
- Praktische Fähigkeiten: *Schnorcheln und/oder Tauchen, Mikrobiologie, Molekularbiologie, Statistik, Genomik und/oder Bioinformatik*

8. Geschlecht, Immunität und männliche Schwangerschaft (PI Roth)

Hintergrund: Geschlechtsspezifische Lebensstrategien werden durch die Aktivität und Spezifität des Immunsystems vermittelt und führen zu Veränderungen in der Fruchtbarkeit und Langlebigkeit. Die Partnerwahl wird durch das Zusammenspiel der immunogenetischen Vielfalt zwischen Männchen und Weibchen beeinflusst, wodurch die Nachkommen eine optimale immunogenetische Spezifität erhalten. Die Übertragung der elterlichen immunologischen Erfahrung verstärkt zusätzlich den immunologischen Phänotypen der Nachkommen. Sequenzmutationen oder Deletionen von Immungenen sowie eine Verschiebung der immunologischen

Rezeptordiversität oder eine Veränderung der Aktivität und Spezifität des Immunsystems sind daher eng mit der Life History Evolution verbunden. Anpassungen im Immunsystem haben wiederholt die evolutionäre Möglichkeit für neue Lebensstrategien geboten, darunter die einzigartige Evolution der männlichen Schwangerschaft bei Syngnathiden (Seenadeln und Seepferdchen). Die männliche Schwangerschaft in Verbindung mit der wiederholten Evolution der Geschlechtsrollenumkehr bei den Syngnathiden ermöglicht es, die Bedeutung des Geschlechts gegenüber der Life-History bei der Evolution des sexuellen Immundimorphismus zu entschlüsseln.

Im Rahmen dieser Doktorarbeit werden die Selektionsfaktoren des sexuellen Immundimorphismus bewertet und es wird untersucht, ob der sexuelle Immundimorphismus mit dem Geschlecht (männlich oder weiblich) zusammenhängt oder das Ergebnis einer spezifischen Lebensstrategie ist, wobei experimentelle Ansätze in Verbindung mit vergleichender Genomik zum Einsatz kommen. Im Rahmen dieses Projekts werden mehrere Syngnathidenarten verglichen, die sich auf dem Gradienten der männlichen Schwangerschaft mit konventionellen Geschlechterrollen oder Geschlechterrollenumkehr evolviert haben. In den Experimenten werden Impfungen oder Infektionen mit elterlichem immunologischem oder mikrobiellem Transfer kombiniert, um die Rolle des Geschlechts von der der Life-History zu entschlüsseln.

Dieses Projekt wird unser Verständnis von Geschlecht, sexueller Selektion und Geschlechterrolle verbessern und neue Erkenntnisse über die Koevolution von Lebensgeschichte und Anpassungen des Immunsystems liefern.

Beschäftigungsanforderungen:

- **Master (oder gleichwertig):** Biologie oder verwandtes Fachgebiet
- Hintergrund in Evolutionsbiologie, Immunologie, Fischbiologie
- Praktische Fähigkeiten: *Versuchsplanung, Molekularbiologie, Genomik und/oder Bioinformatik*

9. Die entwicklungsgeschichtlichen und molekularen Grundlagen des evolutionär neuartigen Brutorgans bei Syngnathiden (Seenadeln und Seepferdchen) (PI Schneider, Roth)

Hintergrund: Es wird angenommen, dass die Artenvielfalt auf der Erde überwiegend das Ergebnis einer evolutionären Verfeinerung und Optimierung bestehender Merkmale durch natürliche Selektion ist, dass sich aber gelegentlich auch funktionell neue Merkmale ohne offensichtlichen Vorläufer entwickeln - so genannte "evolutionäre Neuheiten" (oder "Innovationen"). Während solche Merkmale neue ökologische Nischen erschließen und zu adaptiven Radiationen führen können, gab ihr Ursprung den Evolutionsbiologen jahrzehntelang Rätsel auf. Erst in jüngster Zeit haben Fortschritte in der Molekularbiologie neue Einblicke in die beteiligten Mechanismen geliefert: So haben die evolutionär neuartigen Hörner bei Hornkäfern keinen offensichtlichen morphologischen homologen Vorläufer, aber es wurde festgestellt, dass die Genregulationskaskaden, die die Bildung der Hörner steuern, denjenigen Regulierungskaskaden bemerkenswert ähnlich sind, die das Auswachsen der Gliedmaßen steuern. Die Evolution hat also wahrscheinlich bestehende regulatorische Interaktionen genutzt, um die neuartige Hornstruktur zu bilden; Hörner und Anhängsel haben eine "tiefe Homologie". Ein weiteres bemerkenswertes Beispiel für eine evolutionäre Neuheit ist das Brutorgan der Syngnathiden (Seenadeln und Seepferdchen). Diese Fische haben als einzige die männliche Schwangerschaft evolviert indem sie ihre Eier in spezialisierten, ventral gelegenen Brutflecken und -beuteln ausbrüten. Während einige Seenadellinien nur über ein klebendes Integument verfügen,

das es ihnen ermöglicht, die Eier ohne weitere Versorgung an ihrem Bauch zu befestigen, haben sich bei abgeleiteten Linien, einschließlich der Seepferdchen, komplexe Beutelstrukturen entwickelt, in denen sich die Eier entwickeln und die Embryos schlüpfen, während sie in einer gut geschützten Mikroumgebung mit Sauerstoff und Nährstoffen versorgt werden. Die Evolution dieser Form der Fortpflanzung ist wahrscheinlich eine der Hauptursachen für die Diversifizierung der Syngnathiden, da Linien mit mehr abgeleiteten Brutorganen zu einer größeren Vielfalt neigen.

Das ausgeschriebene Projekt zielt darauf ab, die entwicklungsgeschichtlichen und regulatorischen Grundlagen des Brutorgans der Syngnathiden zu erhellen. Das Gewebe des Brutorgans verschiedener Syngnathiden, die verschiedene Stadien der Evolution des Brutorgans repräsentieren, wird in 3-4 Stadien der Entwicklung des Organs entnommen. Die gesammelten Proben werden verwendet für (i.) eine umfassende histologische Beschreibung der Gewebetypen, die an der Bildung des Brutorgans für jede Art und jedes Stadium beteiligt sind, und für (ii.) RNA-seq-Analysen um Genexpressionsmuster zu untersuchen und mögliche genregulatorische Beziehungen zu postulieren, die die identifizierten Entwicklungsprozesse steuern. Schließlich wird (iii.) eine Unterstichprobe dieser Stadien in einem innovativen Multi-omics-Ansatz verwendet, bei dem Einzelzell-ATAC-seq- und RNA-seq-Daten erzeugt und analysiert werden, um eine umfassende regulatorische Karte der an der Entwicklung der Brutorgane beteiligten Zelltypen zu erstellen. Diese Karte wird es uns ermöglichen, die Zelltypen zu identifizieren, die an der Entwicklung der Brutorgane beteiligt sind, aber auch die wichtigsten regulatorischen Interaktionen zu ermitteln, ihre Homologie zu bereits beschriebenen regulatorischen Interaktionen zu bewerten und abzuleiten, ob und inwieweit diese tiefe Homologie zur Evolution der Brutorgane der Syngnathiden beigetragen hat.

Beschäftigungsanforderungen:

- **Master (oder gleichwertig):** Biologie, Bioinformatik oder verwandtes Fachgebiet
- Hintergrund in Evolutionsbiologie, Morphologie, Zoologie, Entwicklungsbiologie oder Bioinformatik
- Fließende Englischkenntnisse (in angemessenem Umfang)
- Begeisterung für (Ihre) Forschung
- Wünschenswerte Fähigkeiten:
 - *Gute Kenntnisse in wissenschaftlichem Schreiben, Biostatistik und Projektkonzeption*
 - *Unix- und R-Scripting-Kenntnisse (mindestens Anfänger)*
 - *Erfahrung in der Arbeit mit Tieren (vorzugsweise Fische) Erfahrung in der histologischen Arbeit*

