

Die **AG Populationsgenomik** (Veterinärwissenschaftl. Department, LMU München)
sucht zum nächstmöglichen Termin eine/n

Doktorandin/Doktoranden

für die Dauer von **zwei Jahren mit Verlängerungsoption** im Rahmen des Forschungsprojekts

Thema: Weiterführende molekulargenetische Untersuchungen zur natürlichen Schwanzlängenvariation beim Merinolandschaf

Projektbeschreibung:

In vielen Schafrassen wie z. B. dem Merinolandschaf (MLS), der häufigsten Schafrasse in Deutschland, unterliegt die Schwanzlänge einer natürlichen Variation. Züchter in Neuseeland und Australien versuchten diese Variation zu nutzen, um die Schwanzlänge der dortigen Merinos mithilfe züchterischer Methoden zu verkürzen und damit die tierschutzrelevante Praktik des Schwanzkupierens zu umgehen. Diese Versuche scheiterten an der verringerten Lebensfähigkeit der homozygoten Embryos bzw. dem erhöhten Auftreten von Missbildungen.

Im Zuge einer in der AG Populationsgenomik angefertigten Dissertation wurden bereits umfassende phänotypische Untersuchungen zur Schwanzlängenvariation beim MLS und eine erste Kartierung der Gene hinter der Schwanzlänge durchgeführt. Dabei konnte ein chromosomenweit signifikantes Maximum auf Chromosom 11 kartiert werden, in dessen Konfidenzintervall ein vielversprechendes Kandidatengen identifiziert wurde. Die genomweite Signifikanzschwelle wurde jedoch nicht erreicht und potenziell kausale Loci sollten weiter eingegrenzt werden.

Ziel dieser Anschlussstudie ist es, möglichst die kausalen Varianten hinter der Schwanzlänge zu identifizieren. Dieses Ziel soll mittels Feinkartierung in einem erweiterten Datensatz, welcher zusätzlich phäno- und genotypisierte MLS-Lämmer mit extremem Phänotyp einschließt, sowie anschließender Ganzgenomsequenzierungen erreicht werden. Mit der Entschlüsselung der genetischen Grundlagen der Schwanzlänge wäre eine Zucht auf kürzere Schwänze unter Ausschluss negativer Begleiterscheinungen möglich, um so das Schwanzkupieren auf lange Sicht überflüssig zu machen.

Voraussetzungen:

- Abgeschlossenes Studium der Tiermedizin, Agrarwissenschaften o. Ä.
- Begeisterung für Genetik, insbesondere Populationsgenetik (Vorliebe für Datenanalyse, Biometrie, Bioinformatik etc. ist von Vorteil)
- Bereitschaft, sich in die Analyse großer Datensätze am Computer einzuarbeiten (Auswertung von Sequenzdaten auf Linux-Server, Analysen mit R etc.)

Wir bieten:

- Sehr gute Einarbeitung und Betreuung
- Nettes kleines Team
- Vergütung nach E 13 TV-L (50%)

Bewerber/innen werden gebeten, ihre Bewerbungsunterlagen möglichst vor dem **01.11.2019** an den Betreuer zu senden:

PD Dr. habil. Ivica Medugorac
AG Populationsgenomik
Lena-Christ-Str. 48
82152 Martinsried

Die Einreichung in digitaler Form ist erwünscht:
i.medugorac@lmu.de (CC an: **Elisabeth.Kunz@gen.vetmed.uni-muenchen.de**)

Rückfragen können ebenfalls per Email oder telefonisch (089/2180-3310) an Herrn Medugorac gerichtet werden.