

Am **Institut für Sicherheit und Qualität bei Milch und Fisch** des Max Rubner-Instituts

(Bundesforschungsinstitut für Ernährung und Lebensmittel, Standort Kiel, Hermann-Weigmann-Str. 1, 24103 Kiel) sind ab sofort Themen für **zwei Masterarbeiten** zu vergeben:

Masterarbeit 1

Experimenteller Test von DNA-Microarray-Sonden für die Artbestimmung von Fischereierzeugnissen

Die Vielfalt von Fischereierzeugnissen ist immens. Zahlreiche Fisch-, Krebs- und Muschelarten werden importiert und von der deutschen Fischindustrie verarbeitet bzw. vom Handel vertrieben. Nicht immer erhalten die Betriebe jedoch die Spezies, die sie bestellt haben. Bei verarbeiteten Erzeugnissen kann die genaue Spezies morphologisch meist nicht mehr bestimmt werden. Hier kommen DNA-analytische Methoden zum Einsatz mittels derer die Tierart ermittelt werden kann. Den Goldstandard stellt dabei die Sequenzierung von PCR-Produkten geeigneter Genmarker mit nachfolgendem Abgleich der bestimmten DNA-Sequenzen mit internationalen Datenbanken dar. Diese Analyse ist jedoch langwierig und kostenintensiv. In dem Projekt „DNA-Chip-basierter qualitativer Schnelltest zur Fischartendifferenzierung“ soll eine schnelle Analytik entwickelt werden, mit der verschiedene Fisch- und Garnelenarten überprüft werden können. Zunächst soll die DNA-Microarray-Hybridisierung im Labor etabliert werden. Hierzu müssen verschiedene Versuchsbedingungen getestet werden. Anschließend soll ein Set von festgelegten Oligonukleotid-Sonden mit der DNA verschiedener Fisch- und Garnelenarten auf Spezifität und Sensitivität getestet werden. Folgende Techniken kommen in der Masterarbeit zum Einsatz: DNA-Extraktion, PCR, ggf. isothermale Amplifikation, DNA-Microarray-Hybridisierung, Bioinformatik etc..

Wünschenswert: Erste Erfahrungen mit molekularbiologischen Methoden (z.B. PCR)

Masterarbeit 2

Speziesbestimmung in Fisch-Mischungen durch next-generation sequencing (NGS)

Voruntersuchungen haben gezeigt, dass in Packungen diverser Fischereierzeugnisse verschiedene Spezies gemischt sein können, obwohl nur eine Spezies angegeben ist. Die Bestimmung der Spezies vieler Einzelindividuen durch konventionelle Sanger-Sequenzierung ist dabei arbeits- und kostenintensiv. Hoch-parallele next-generation sequencing (NGS)-Verfahren stellen eine Alternative zur klassischen Sanger-Sequenzierung dar, doch fehlen hier bisher validierte Verfahren. In dieser Masterarbeit sollen Mischungen unterschiedlicher Spezies (z.B. Tropenzungen, Papageifische, Snapper etc.) durch eine gezielte (targeted) NGS-Analyse („Metabarcoding“) untersucht werden. Dazu müssen zunächst Proben aus dem Handel gezogen und die Einzelindividuen per klassischer Sanger-Sequenzierung auf Artebene bestimmt werden. Anschließend sollen die Proben durch ein NGS-Verfahren sequenziert werden. Die NGS-Daten müssen schließlich bioinformatisch ausgewertet und die Ergebnisse mit denen der konventionellen Sequenzierung verglichen werden, um eine Aussage über die Zuverlässigkeit der Methode zu treffen. Folgende Techniken kommen in der Masterarbeit zum Einsatz: DNA-Extraktion, PCR, NGS, Bioinformatik etc..

Wünschenswert: Erste Erfahrungen mit molekularbiologischen Methoden (z.B. PCR), Erfahrungen mit Linux-basierten Software-Programmen sowie Lust und Talent, sich in die Bioinformatik einzuarbeiten