

Die Mehrzahl der in Europa vorkommenden Tier- und Pflanzenarten weisen nur eingeschränkte Nord-Süd-Verbreitungen auf. Bei Arten mit breiter Nord-Süd-Verbreitung, aber auch bei Arten mit engeren Verbreitungsgrenzen, wurde festgestellt dass Individuen häufig an die lokalen klimatischen Verhältnisse angepasst sind und sich in ihren spezifischen Anpassungen von Individuen anderer Standorte unterscheiden. Im Gegensatz zu Makroorganismen ist nur wenig über die Biogeographie von Mikroorganismen bekannt, es wird jedoch angenommen, dass die meisten wirtsunabhängigen Mikroorganismen sehr weite Verbreitungen aufweisen. Weiterhin ist weitgehend unbekannt ob Taxa wirtsunabhängige Mikroorganismen Populationen ausbilden, die spezifisch an lokale Standortbedingungen angepasst sind. Wir werden untersuchen ob ein Bakterium, von dem wir wissen, dass es innerhalb Europas eine weite Verbreitung vom Mittelmeergebiet bis Lappland aufweist, Populationen mit Anpassungen an lokale klimatische Bedingungen ausgebildet hat. Die untersuchte Bakterienart lebt in Süßgewässern und repräsentiert eine wichtige Art des Bakterioplanktons. Wir werden Stämme aus Seen isolieren, die entlang eines 3000 km langen Nord-Süd Gradienten quer durch Europa liegen. Die isolierten Stämme werden in standardisierten Laboruntersuchungen auf Unterschiede in ihren physiologischen und biochemischen Anpassungen an die Wachstumstemperatur und UV-Strahlung untersucht. Die Populationsstruktur des Taxons entlang des untersuchten Nord-Süd Gradienten wird durch Genomsequenzierung ausgewählter Vertreter sowie durch Multilokus Sequenz Typisierung (MLST) aller Stämme charakterisiert. Die erhaltenen phänotypischen und genetischen Daten werden die Rekonstruktion mikroevo­lutionärer Prozesse ermöglichen und werden Einblicke in das Potential dieses Taxons sich an verändernde Umweltbedingungen anzupassen ermöglichen. Insgesamt werden die in diesem Projekt gewonnen Erkenntnisse bessere Vorhersagen der mikroevo­lutionären Reaktionen aquatischer Bakterien auf den globalen Klimawandel ermöglichen. Weiterhin werden die gewonnenen Erkenntnisse zu einer bedeutenden Erweiterung unseres Verständnisses der mikrobielle Diversität und Biogeographie beitragen.