

Die **AG Populationsgenomik** (Veterinärwissenschaftl. Department, LMU München) und die **AG Tierzucht und Haustiergenetik** (Institut für Tierzucht und Tierhaltung CAU zu Kiel) sucht zum nächstmöglichen Termin eine/n

## **Doktorandin/Doktoranden**

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

### **Introgression-Signaturen in der genetisch aktiven Fleckviehpopulation**

#### **Projektbeschreibung:**

Das Hauptziel des geplanten Projekts ist die Erstellung und Annotation einer genomweiten Karte von positiv selektierten Chromosomenfragmenten, die von Holstein in das Fleckvieh eingeführt wurden. Um dieses Ziel zu erreichen, wird eine umfangreiche Stichprobe von männlichen und weiblichen Tieren, die in den letzten drei Jahren routinemäßig für den BovineSNP50K-Chip typisiert wurden, einer Haplotyp-Analyse unterzogen. Diese Stichprobe aus der aktiven Fleckviehpopulation wird durch wichtige Vorfahren bis hin zu ersten Red Holstein (RH) Einkreuzungen ergänzt. Dies sollte eine vollständige Rückverfolgung von langen RH-Haplotypen zu genetisch aktiven Fleckviehpopulationen ermöglichen. Die erwarteten und beobachteten Häufigkeiten von RH-Haplotypen werden berechnet, und Chromosomenfragmente mit signifikanten Abweichungen werden detailliert untersucht. Nach eingehender Prüfung der ersten Introgressionssignaturen wird der Suchalgorithmus verfeinert und erneut angewendet. Mindestens zwei selektierte Chromosomenfragmente werden vertieft genetisch untersucht. Dazu gehören die Genotypisierung mit diagnostischen SNPs, die HD-Typisierung und die Sequenzierung des gesamten Genoms.

Das Projekt wird von der Tierzuchtforschung e.V. München und der Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V. durch Daten, Probenmaterial, Personal und Verbrauchsmaterial unterstützt und liegt damit an der Schnittstelle zwischen Forschung und Praxis. Damit soll ein reibungsloser Transfer von Forschungsergebnissen in die Praxis ermöglicht werden.

#### **Voraussetzungen:**

- Abgeschlossenes Studium der Veterinärmedizin, Agrarwissenschaften oder vergleichbarer internationaler Studiengang
- Begeisterung für Genetik, insbesondere Populationsgenomik (Vorliebe für Datenanalyse, Biometrie etc. ist von Vorteil).
- Bereitschaft, sich in die Analyse großer Datensätze einzuarbeiten (Auswertung von SNP- und Sequenzdaten auf Linux-Clustern, Analysen mit R usw.).

#### **Wir bieten:**

- Sehr gute Einarbeitung und Betreuung
- Motiviertes Team
- Vergütung nach E 13 TV-L (65%)
- Sie werden sowohl von der LMU als auch von den Projektpartnern der CAU betreut, haben aber die Wahl, in München oder Kiel vor Ort zu arbeiten.

---

Bewerberinnen und Bewerber werden gebeten,  
ihre Bewerbungsunterlagen möglichst bis zum 01.09.2022 einzureichen:

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

**Prof. Dr. Georg Thaller**  
**Institut für Tierzucht und Tierhaltung**  
**Hermann-Rodewald-Straße 6**  
**24118 Kiel**

Die Einreichung in digitaler Form ist erwünscht:

[i.medugorac@lmu.de](mailto:i.medugorac@lmu.de)

und

[gthaller@tierzucht.uni-kiel.de](mailto:gthaller@tierzucht.uni-kiel.de)

Rückfragen können auch per E-Mail oder telefonisch an Herrn Medugorac (089/2180-3310) oder Herrn Thaller (0431/880-7329) gerichtet werden.