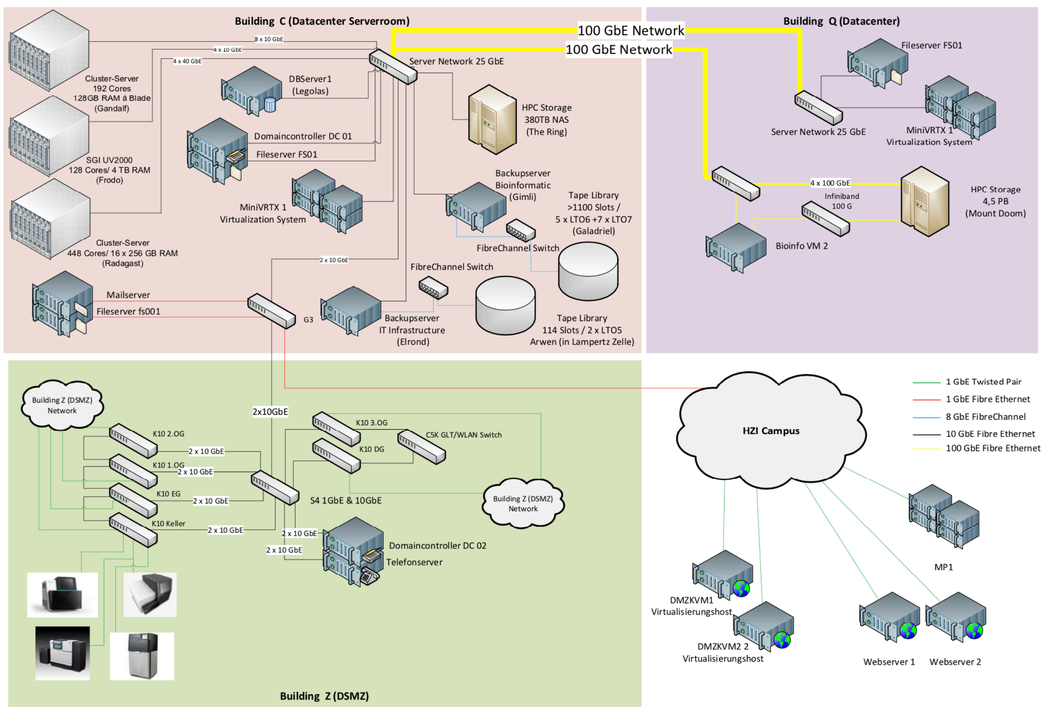
Abteilung Bioinformatik & Datenbanken

Komplettgenomik und Amplikonsequenzierung: Sequenzbasierte Erfassung der Biodiversität

Boyke Bunk, Cathrin Spröer, Sixing Huang

Bioinformatik für das ganze Haus



DSMZ Compute- und *in house* Serverinfrastruktur

Serverinfrastruktur:

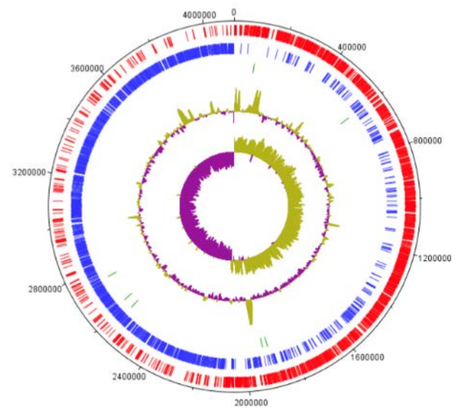
- Bioinformatik Servercluster
- 4,5 PB HPC Zentralspeicher
- 100 Gbit Ethernet
- Backup-Infrastruktur

Nutzung:

- Anleitung und Ausbildung von Forschenden und externen Gästen
- Zugriff über SSH oder Virtualisierung
- Vorteile von Linux ohne Wechsel des Betriebssystems
- Vorinstallierte Pipelines
- Einfache Dokumentation im Wiki-System

Schwerpunktthemen:

- Komplettgenomik
- Diversitätsanalyse (Bakterien und Pilze)
- Phylogenomik
- Metagenomik
- Einzelzellgenomik

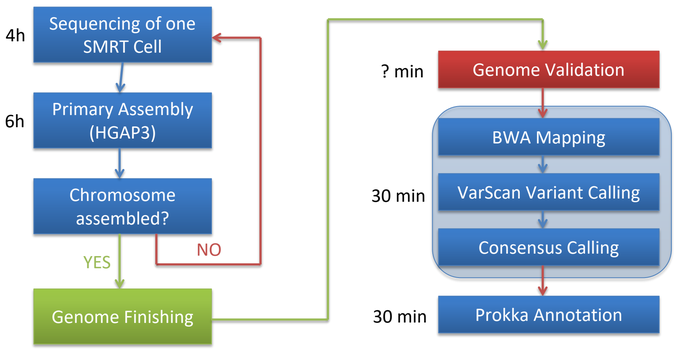


Komplettgenom von *Clostridiodes difficile* 1296^T

Pipeline: Komplettgenomsequenzierung

PacBio Sequel II – *Long Read* Sequenzierer

Durchsatz: 100 Gbp
Leseweite: > 10 kbp
Einsatzzwecke: Komplettgenomsequenzierung, Metagenomik, Transkriptomik



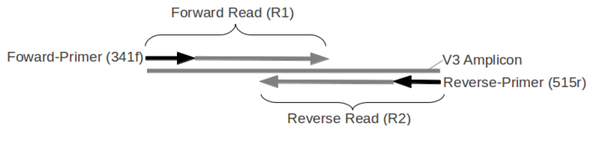
Pipeline Komplettgenomsequenzierung: Assembly, hybride Fehlerkorrektur, Annotation

Pipeline: Amplikonsequenzierung

Durchsatz: 120 Gbp
Leseweite: bis zu 2x150 bp
Einsatzzwecke: Amplikonsequenzierung, hybride Fehlerkorrektur, Metagenomik

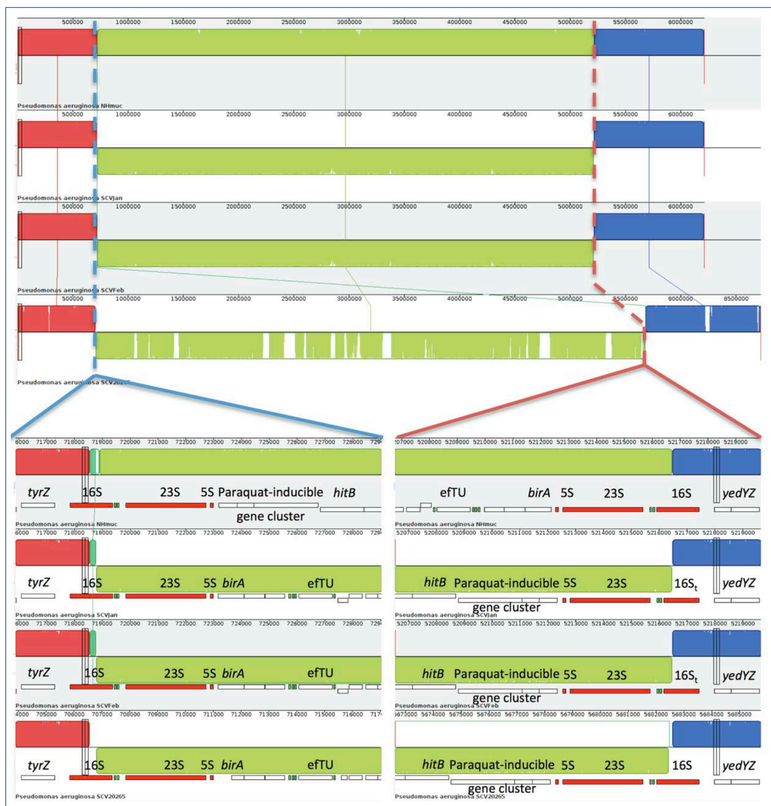
Hochdurchsatz-Diversitätsanalyse:

- Multiplexing-Verfahren nach Bartram
- V3-Region (160-190 bp)
- bis zu 60 Umweltproben
- 1-2 Mio Reads/Probe
- Vollständige Amplikon-Analyse-pipeline



Illumina NextSeq – *Short Read* Sequenzierer

Wissenschaftliche Schlüsselergebnisse



Chromosomale Inversion im Genom von *Pseudomonas aeruginosa*

Bilanz 2013 – 2019: 1392 Komplettgenome

- Methylomanalyse von *Helicobacter pylori* inkl. Knockouts der RM-Systeme *(Krebes, 2014, NAR)*
- Inversion bedingt SCV-Phaenotyp von *Pseudomonas aeruginosa* *(Irvine, 2019, Microb Genom)*
- Populationsgenomik von *Phaeobacter* *(Freese, 2017, Genome Biol Evol)*
- Antimikrobielle Resistenzen *(Falgenhauer, 2017, Antimicrob Agents Chemother)*
- Wirkstoffkandidaten aus neuen Bakterienisolaten wie Myxobacterien *(Panter, 2019, ACS Chem Biol)*
- *Geobacter* & *Raoultella* in bioelektrochemischen Reaktorsystemen *(Kubannek, 2020, ChemElectroChem)*
- Reannotation des Referenzgenoms *Clostridiodes difficile* 630 Δerm *(Dannheim, 2015, J Med Microbiol)*
- Positionsspezifische Basenmodifikationsanalyse Phasevariation *Salmonella enterica* *(Cota, 2015, NAR)*
- Komplettgenomik Oligo-Mouse-Microbiota *(Garzetti, 2017, Genome Announc)*
- Ableitung von phänotypischen Merkmalen über Einzelzellgenomik *(Dedysh, 2020, Environ Microbiol)*

Förderung durch DFG
Transregio SFB Roseobacter (TRR 51)
SPP2374
VolkswagenStiftung
CDInfect
Bundesministerium für Bildung und Forschung
DZIF Deutsches Zentrum für Infektionsforschung