

## **Tagungsprogramm**

**Wir bedanken uns auf diesem Wege noch einmal bei allen Sponsoren,  
die durch ihre Unterstützung diese Tagung ermöglicht haben.**

**BM:BWK – Das Bundesministerium für Bildung, Wissenschaft und  
Kultur**

**<http://www.bmbwk.gv.at/>**

**VTA Engineering Umwelttechnik**

**<http://www.vta.cc/>**

**Innsbrucker Kommunalbetriebe**

**<http://www.ikb.at/>**

**Tiroler Wasserkraft**

**<http://www.tiwag.at/>**

**Land Tirol**

**<http://www.tirol.gv.at/>**

**Innsbruck Tourismus**

**<http://www.innsbruck-tourism.at/>**

**ÖFG – Österreichische Forschungsgemeinschaft**

**<http://www.oefg.at/>**

**Firma Uwitec**

**<http://www.uwitec.at/>**

**Messerrestaurant „Zum Kaiserwirt“**

**<http://www.kaiserwirt.at/>**

**STUDIA**

**<http://www.studia.at/>**

**Die Buchhandlung „Wagner’sche“ hat uns ermöglicht. für 2 Wochen  
ein Schaufenster zum Thema „Protozoologie“ zu gestalten.**

**<http://www.wagnersche.at/>**

**(Die Buchhandlung ist nur 2 Gehminuten vom Hotel entfernt!)**

## Tagungsprogramm

**Mittwoch, 3. März 2004**

**Ab 12.00      Anmeldung im Tagungsbüro (Hotel Grauer Bär)**

**Ab 19.00      Begrüßungsbuffet im Hotel Grauer Bär**

Alle Vorträge finden im Tagungssaal des Hotels Grauer Bär statt. Wir bitten alle Vortragenden, am besten gleich **bei der Anmeldung den Vortrag auf CD-Rom abzugeben**, damit wir alle Beiträge auf einem Tagungs-PC sammeln können (somit wird zeitraubendes Ab-, An-, Ein- und Umstecken - um nur ein paar Varianten zu nennen - von Laptops vermieden). Wir garantieren, dass die Vorträge nach der Tagung alle von diesem Tagungs-PC wieder gelöscht werden, damit **keine Probleme mit Urheberrechten** auftreten.

Am Freitag 5. März 2004 veranstalten wir ab 9.00 die **Podiumsdiskussion zum Thema „Protozoologie und Arbeitswelt – Welche Berufschancen gibt es für „junge“ ProtozoologInnen?“**. Wir haben Erna Aescht, Hubert Blatterer, Marina Ettl und Thomas Weisse gebeten, uns anfangs kurz über ihre Erfahrungen zum oben genannten Thema zu berichten. Uns alle verbindet die Begeisterung für die Protozoologie. Daher erscheint es uns wichtig, auch über die Arbeitsmarktsituation für „junge“ ProtozoologInnen zu sprechen, damit dieser Wissenschaftszweig weiter lebendig bleibt.

Der **gesellige Abend am 5. März 2004 (Tiroler Abend s.l.)** findet im Messerrestaurant „Zum Kaiserwirt“ statt. Dieses Gasthaus ist per pedes in ca. 5 Minuten vom Hotel Grauer Bär aus zu erreichen. Ein Lageplan ist an der Info-Tafel der Tagung zu finden. Natürlich gibt es wieder Musik für alle Tanzlustigen - jedoch in einem separaten Raum, damit man sich auch weiterhin in Ruhe unterhalten kann.

Drei **wichtige Telefonnummern** (in Österreich von Mobiltelefonen aus immer die Landesvorwahl mitwählen):

Hotel Grauer Bär:    +43 (0)512 59 24 0    Fax: +43(0)512/57 45 35

Taxi:                    +43 (0)512 5311 oder +43 (0)512 1718

Tagungsarzt: Dr. Klaus Pissarek    +43 (0)676 916 7454

Möglichkeiten zur **Internet-Nutzung** stehen bereit (siehe Info-Tafel der Tagung).



Während der Tagung ist im Hotel Grauer Bär eine Auswahl der **Kunstwerke von Herrn Ing. Franz Wieser** zu sehen. Besonders fasziniert haben uns die Darstellungen von einzelligen und wir haben Herrn Wieser deshalb gebeten, am geselligen Abend dabeizusein. Somit besteht für jeden die Möglichkeit, den Künstler am Abend des 5. März persönlich kennen zu lernen. Wir hoffen mit der Ausstellung der Bilder einmal eine

andere, faszinierende Sicht der Natur zu ermöglichen. (siehe Biografie am Ende des Programmheftes).

*Durch Raum und Zeit*

### **Donnerstag, 4. März 2004, Vormittag**

Ab 8.00 Anmeldung im Tagungsbüro (Hotel Grauer Bär)

**09.00 - 09.15 Begrüßung und Eröffnung der 23. Jahrestagung**

#### **Interaktionen Protisten – Bakterien**

**Chairperson: Jens Boenigk**

09.15 - 10.00	<b>Matthias Horn.</b> Endosymbionten frei lebender Amöben.
---------------	---

10.00 - 10.15 **Walochnik Julia, Hauröder B., Müller K.D., Aspöck Horst, Zöller L. & Michel Rolf.**  
An endocytobiont harbouring *Naegleria* strain identified as *N. clarki*.

10.15 - 10.30 **Rinke C., Ott J. A. & Bright M.**  
Bitte zu Tisch: Nahrungsbeziehungen in der chemoautotrophen *Zoothamnium niveum* Symbiose.

**10.30 - 11.00 Kaffeepause**

#### **Interaktionen: Protisten – Bakterien**

**Chairperson: Tobias Garstecki**

11.00 - 11.15 **Salcher Michaela, Psenner Roland, Pernthaler Jakob & Posch Thomas.**  
Es gibt nicht nur eine Antwort – Sukzession bakterieller Fraßschutzmechanismen, ausgelöst durch unterschiedliche Protistenarten.

11.15 - 11.30 **Becks Lutz, Jürgens Klaus & Arndt Hartmut.**  
Chaotisches Verhalten – ein allgemein gültiges Phänomen in zwei-Beute-ein-Räuber Systemen? Bakterien - Protozoen Interaktionen im Chemostaten.

11.30 - 11.45 **Weitere Markus, Matz Carsten, Bergfeld Tanja, Rice Scott A. & Kjelleberg Staffan.**  
Kontrolle bakterieller Biofilme durch Protozoen: Komplexe Wechselwirkungen zwischen Fraßtypen und Bakterieneigenschaften.

11.45 - 12.00 **Karaman Gülcan, Hausmann Klaus & Radek Renate.**  
Der Anheftmechanismus der ektobiontischen Bakterien an Flagellaten aus der Termiten *Mastotermes darwiniensis*.

12.00 - 12.30 **POSTER (P1 - P8)**

**P1 Fokin Sergei I.**  
Some bacterial infections of *Paramecium*. Occurrence and dynamics.

- P2 Omura Gen & Suzaki Toshinobu.**  
Degradative transformation of trichocysts to small granules during re-infection of algae-free *Paramecium bursaria* with *Chlorella*.
- P3 Buchholz Thomas G., Bright Monika, Bulgheresi Silvia, Fried Johannes, Ludwig Wolfgang & Ott Joerg A.**  
Vergleichende morphologische und molekularphylogenetische Untersuchungen an geografisch weit verbreiteten und ökologisch differenten *Zoothamnium niveum* – Populationen (Ciliophora, Oligohymenophorea, Peritrichia).
- P4 Császár Nikolaus, Heindl Niels, Löffler Jasmin, Schraick Margit & Nussbaumer Andrea.**  
*Zoothamnium niveum*, ein kolonialer, peritricher Ciliat auf der Suche nach Sulfid.
- P5 Stadler Peter, Hahn Martin W., Wiedlroither Anneliese & Boenigk Jens.**  
Räuber-Beute-Interaktionen zwischen Ultramikrobakterien und *Spumella* spp.
- P6 Jürgens Klaus, Mylnikov Alexander P. & Schilling Mario.**  
Qualitative und quantitative Analyse bakterivorer Nanoflagellaten in Mikrokosmosexperimenten.
- P7 Schwarz Julian M.V. & Frenzel Peter.**  
The effects of Protozoa on microbial communities and processes in an anoxic rice field soil.
- P8 Boenigk Jens.**  
The Disintegration Method®: Ein neuer methodischer Ansatz für die Analyse von Bakterien und Flagellaten in tondominierten Sedimenten.

**12.30 - 14.00 Mittagessen**

---

## Donnerstag, 4. März 2004, Nachmittag

### Diversität, Phylogenie und Taxonomie von Ciliaten

Chairperson: Sabine Agatha

- 14.00 - 14.15 **Weisse Thomas, Foissner Wilhelm, Gächter E., Müller H. & Strüder-Kypke M.C.**  
Das 'Meseres-Projekt': Konzept und erste Ergebnisse.
- 14.15 - 14.30 **Berger Helmut, Moon-van der Staay Seung Yeo, Moon-van der Staay Georg W., Hackstein Johannes H. P., Krautgartner Wolf-Dietrich & Foissner Wilhelm.**  
Reconciling morphological and 18S rRNA phylogenies in the stichotrichines (Ciliophora, Spirotrichea), including new sequences from some rare species.
- 14.30 - 14.45 **Schmidt Stephanie L., Bernhard Detlef & Schlegel Martin.**  
Phylogenetische Analyse der Spirotrichea (Ciliophora) mittels Gensequenzen der small subunit (ssu) rDNA.
- 14.45 - 15.00 **Petroni Giulio, Hartmann Manuela, Ludwig Wolfgang & Schleifer Karl-Heinz.**  
Stop codon usage in *Euplotidium itoi* and new insight into genetic code evolution within Spirotrichea.
- 15.00 - 15.15 **POSTER (P9 – P12)**
- P9 Hartmann Manuela, Petroni Giulio, Ludwig Wolfgang & Schleifer Karl-Heinz.**  
Characterization of macronuclear tubulin gene minichromosomes in the hypotrich ciliate *Euplotidium itoi*.
- P10 Fried Johannes, Wulff Katharina, Ludwig Wolfgang & Schleifer Karl Heinz.**  
*Epistylis*, *Opercularia* und *Carchesium* – Phylogenie peritricher Ciliaten basierend auf 18S-rDNS Sequenzanalysen.
- P11 Lara Enrique, Jousset Alexandre, Harms Hauke & Chatzinotas Antonis.**  
Analysis of ciliate diversity in soils using 18S rDNA clone libraries and denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE).
- P12 Weber Silvia, Fried Johannes, Michalowski Tadeusz, McEwan Neil, Ludwig Wolfgang & Schleifer Karl Heinz.**  
Identifizierung von Pansen-Ciliaten mittels Fluoreszenz-*in-situ*-Hybridisierung (FISH).
- 15.15 - 15.45 **Kaffeepause**

### Diversität, Phylogenie und Taxonomie

Chairperson: Ulrike G. Berninger

- 15.45 - 16.00 **Fried Johannes, Weber Silvia, Michalowski Tadeusz, McEwan Neil, Ludwig Wolfgang, Hackstein Johannes & Schleifer Karl Heinz.**  
Untersuchung von Pansen-Ciliaten (Litostomatea, Entodiniomorpha, Vestibuliferida) mittels Fluoreszenz-*in-situ*-Hybridisierung (FISH).
- 16.00 - 16.15 **Stoeck Thorsten, Fowle William H. & Epstein Slava S.**  
Protistendiversität: von der rRNA zu REM Bildern.
- 16.15 - 16.30 **Xu Kuidong & Foissner Wilhelm.**  
Morphology, Encystment, and Ontogenesis of *Arcuospathidium cultriforme* (Ciliophora, Haptoria).
- 16.30 - 16.45 **Hoppenrath M., van Beusekom J., Wiltshire K.H. & Patterson D.J.**  
Darstellung von Mikroalgen-Biodiversitätsdaten im Internet – das Plankton\*net-Projekt.
- 16.45 - 17.15 **POSTER (P13 – P20)**
- P13 Engels Eveline, van der Staay Georg W.M., Moon-van der Staay Seung Yeo & Hackstein Johannes H.P.**  
Identification of mitochondrial-type chaperonin 60 (HSP 60) proteins in the anaerobic ciliate *Nyctotherus ovalis*.
- P14 Engels Eveline, van der Staay Georg W.M., Moon-van der Staay Seung Yeo, Huynen Martijn A. & Hackstein Johannes H.P.**  
Identification of a PP<sub>i</sub>-Dependent Phosphofruktokinase from the anaerobic ciliate *Nyctotherus ovalis*.
- P15 Moon-van der Staay Seung Yeo, van der Staay Georg W.M., Donders Maarten & Hackstein Johannes H.P.**  
Identification of a “bacterial” gene in *Nyctotherus ovalis*.
- P16 van der Staay Georg W.M., de Graaf Rob M., van Alen Theo A., Moon-van der Staay Seung Yeo, Boxma Brigitte, van Hoek Angela H.A.M., Gabaldon Toni, Huynen Martijn A. Hackstein & Johannes H.P.**  
A mitochondrial genome in the hydrogenosomes of the ciliate *Nyctotherus ovalis*.
- P17 Pavlekovic Marko, Fried Johannes, Ludwig Wolfgang & Schleifer Karl Heinz.**  
Einfluss verschiedener Fixierungsmethoden auf die Autofluoreszenz von Ciliaten.
- P18 Dietrich Désirée, Budeus Gereon, Berninger Ulrike-Gabriele & Weitere Markus.**  
Langanhaltender Effekt vertikaler Wasserbewegung auf die Tiefenverteilung von Nanoplankton in der Grönlandsee.
- P19 Hamilton Kristina, Morritt David & Shaw Paul.**  
The potential role of marine scavenging guilds in the transmission of the parasitic dinoflagellate *Hematodinium* sp.
- P20 Murray Shauna, Hoppenrath Mona & Patterson David J.**

A web-based key to the sand-dwelling dinoflagellates.

**Ab 17.15**      **Posterbesichtigung**

---

## Freitag, 5. März 2004, Vormittag

### Angewandte Protozoologie Chairperson: Hans-Dieter Görtz

- 09.00 - 09.10 **Oberndorfer H. & Blatterer H.**  
Wimpertiere (Ciliaten) - Indikatoren der Gewässergüte, [Video ca. 9 min.].

09.10 - 10.00 **Podiumsdiskussion**  
**Protozoologie und Arbeitswelt –**  
**Welche Berufschancen gibt es für junge ProtozoologInnen?**  
Aescht Erna, Blatterer Hubert, Ettl Marina, Weisse Thomas

- 10.00 - 10.15 **Pernfuss Barbara, Stemer Judith, Strasser Hermann & Pöder Reinhold.**  
*Paramecium* spp. als Biosensoren zur Risikobewertung von Oosporein.
- 10.15 - 10.30 **Kirchmair Martin & Huber Lars.**  
Ein neuer Endoparasit in Wurzeln von Weinreben: *Sorosphaera viticola* nom. prof. (Plasmodiophoromycota).
- 10.30 - 11.00 Kaffeepause**

### Zellbiologie / Genetik Chairperson: Klaus Hausmann

- 11.00 - 11.15 **Preisfeld Gela & Brommund Ulrike.**  
Paramylon in den Euglenida– das Relikt einer Endocytobiose?
- 11.15 - 11.30 **Tiedtke A. & Scheidgen-Kleyboldt G.**  
Genetische Analyse der Biogenese von Phagosomen bei *Tetrahymena thermophila*.
- 11.30 - 11.45 **Plattner Helmut & Kissmehl Roland.**  
Molekulare Aspekte des Vesikelverkehrs in *Paramecium*
- 11.45 - 12.00 **Simon Martin & Schmidt Helmut J.**  
Varianz von Oberflächenantigenen bei *Paramecium primaurelia*.
- 12.00 - 12.30 **POSTER (P21 – P29)**
- P21 Sehring Ivonne M., Kasielke Nicole & Plattner Helmut.**  
Ca<sup>2+</sup> oscillations mediated by exogenous GTP in *Paramecium* cells: assessment of possible Ca<sup>2+</sup> sources.
- P22 Simon Martin, Breiner Hans-Werner, Weber Beatrix & Schmidt Helmut J.**  
Gene-Silencing bei *Paramecium*, eine „ruhige“ Methode um Oberflächenproteine zu wechseln.
- P23 Pfannkuchen Martin & Schweikert Michael.**  
A Window to the Cell.

- P24 Wylezich Claudia, Radek Renate, Schier Warun & Schlegel Martin.**  
Molekularbiologische Charakterisierung von *Nephridiophaga blattellae*.
- P25 Moon-van der Staay Seung Yeo, van der Staay Georg W.M., Michalowski Tadeusz, Jouany Jean-Pierre, Newbold Jamie & Hackstein Johannes H.P.**  
Diversity of rumen ciliates in a red deer assessed from molecule and morphology.
- P26 Moon-van der Staay Seung Yeo, van der Staay Georg W.M., Newbold Jamie, McEwan Neil R., Michalowski Tadeusz, Javorský Peter, Jouany Jean-Pierre & Hackstein Johannes H.P.**  
Gut ciliates from mammals are monophyletic.
- P27 Severing Edouard, Ederveen Antoine, van der Staay Georg W.M., Moon-van der Staay Seung Yeo, de Graaf Rob M., van Alen Theo A., McEwan Neil, Newbold Jamie, Jouany Jean-Pierre, Michalowski Tadeusz, Pristas Peter, Fried Johannes & Hackstein Johannes H.P.**  
Pyruvate: ferredoxin oxidoreductase (PFO) genes from the rumen: protozoal or bacterial origins?
- P28 Severing Edouard, Ederveen Antoine, van der Staay Georg W.M., Moon-van der Staay Seung Yeo, de Graaf Rob M., van Alen Theo A., McEwan Neil, Newbold Jamie Jouany, Jean-Pierre, Michalowski Tadeusz, Pristas Peter, Fried Johannes, Ricard Guenola, Huynen Martijn & Hackstein Johannes H.P.**  
Fe-Hydrogenases from bovine rumen: a metagenomic approach.
- P29 van Hoek Angela H.A.M. \*, van Alen Theo A., Vogels Godfried D. & Hackstein Johannes H.P.**  
Contribution by the methanogenic endosymbionts of anaerobic ciliates to methane production in Dutch freshwater sediments.

12.30 - 14.00 Mittagessen

---

## Freitag, 5. März 2004, Nachmittag

### Ökologie

Chairperson: Markus Weitere

- |               |  |
|---------------|--|
| 14.00 - 14.45 | <b>Psenner Roland.</b><br>Alpine Limnologie – Extremökosysteme unter dem Druck globaler Veränderungen. |
|---------------|--|
- 14.45 - 15.00 **Boechat Iola Gonçalves & Adrian Rita.**  
Biochemie von Protozoen beeinflusst deren Futterqualität.
- 15.00 - 15.15 **POSTER (P30 – P33)**
- P30 Garstecki Tobias & Newsham Kevin.**  
Beziehungen zwischen Diversität, Produktivität und Stabilität in einfachen mikrobiellen Nahrungsgeweben aus der Antarktis.
- P31 Eßer Markus, Ackermann Barbara, Budde Heidrun, Scherwaß Anja & Arndt Hartmut.**  
Trophische Interaktionen von Biofilmen des Rheins unter dem Einfluss von Metazoen.
- P32 Henkes G., Kreuzer K. & Bonkowski M.**  
Wirkung von Protozoen und *Mykorrhiza* auf das Wachstum von Weizen.
- P33 Kreuzer K., Kern Ch., Herdler S. & Bonkowski M.**  
Wirkung von Protozoen auf Wurzelarchitektur von Reis.
- P34 Sommaruga R., Summerer M. & Sonntag B.**  
Does symbiosis between algae and ciliates additionally represent a strategy to minimize damage by solar UV radiation?
- 15.15 - 15.45 Kaffeepause**
- Phagocytose, Ingestion**  
Chairperson: Thomas Posch
- 15.45 - 16.00 **Klein Hans Peter.**  
Phagocytose und intrazelluläre Verdauung bei *Amoeba proteus*.
- 16.00 - 16.15 **Baumberg Doreen & Hausmann Klaus.**  
Digestionsablauf beim carnivoren Ciliaten *Homalozoon vermiculare*.
- 16.15 - 16.30 **Pfandl Karin, Boenigk Jens & Posch Thomas.**  
Größenselektives Fraßverhalten von *Cyclidium glaucoma*.
- 16.30 - 16.45 **Boenigk Jens, Pfandl Karin & Novarino Gianfranco.**  
Einfluß suspendierter Sedimente auf Wachstum und Fraß bakterivorer Protisten.
- 16.45 - 17.00 **Kage Manfred P., Kage Christina & Foissner Wilhelm.**  
VIDEO  
Video documentation of three giant ciliates: *Bresslauides discoideus*, a Laurasian endemic; *Condylostomides* n.sp., a Gondwanan endemic; and *Blepharisma americanum*, a cosmopolite.
- 17.00 – 19.00 Mitgliederversammlungen DGP & DGNP**

**Ab 19.15 Tiroler Abend mit Buffet, Musik und Tanz, Posterprämierung**

---

**Samstag, 6. März 2004, Vormittag**

**Taxonomie und Ökologie  
Chairperson: Mona Hoppenrath**

- |       |   |  |
|-------|---|--|
| 09.00 | - | <b>Agatha Sabine.</b>  |
| 09.45 |   | A phylogenetic system for the Oligotrichida and Choreotrichida (Protozoa, Ciliophora) based on morphologic and ontogenetic features. |
- 09.45 - **Claeßens-Kenning Monika & Wickham Stephen.**  
10.00 Der ultraoligotrophe Golf von Aqaba als Modellsystem: Verbindung zwischen dem mikrobiellem Nahrungsgewebe und höheren trophischen Ebenen im oligotrophen Ozean.
- 10.00 - **Wickham Stephen & Berninger Ulrike-G.**  
10.15 Ciliaten-Zooplankton Interaktionen in einem antarktischen Nahrungsnetz.
- 10.15 - **Kröwer Sandra & Zimmermann-Timm Heike.**  
10.30 Räumliche und zeitliche Dynamik der benthischen Ciliaten in der Mittleren Elbe.
- 10.30 - Kaffeepause**  
**11.00**

**„Flagellaten“, „Amöben“ & „Ökologie“  
Chairperson: Thomas Weisse**

- 11.00 - **Baumgartner Manu, Silberman Jeffrey D. & Roger Andrew J.**  
11.15 Glykolytische Enzyme in *Trimastix pyriformis*: ein phylogenetisches Mosaik
- 11.15 - **Scheckenbach Frank, Wylezich Claudia & Arndt Hartmut.**  
11.30 Molekularbiologische Untersuchungen zur Biodiversität heterotropher Nanoflagellaten.
- 11.30 - **Willkomm Marlene.**  
11.45 Erste Untersuchungen der Flagellatengemeinschaft im Biofilm der Ilm – einem Fluss 3. Ordnung im Thüringer Wald.
- 11.45 - **Hammer Astrid, Schumann Rhena & Schubert Hendrik.**  
12.00 Cryptophyceen der Darß-Zingster Boddenkette: Zu den Ursachen der Winterblütenbildung.
- 12.00 - **Bonkowski Michael.**  
12.15 Förderung von Pflanzenwachstum durch Protozoen.
- 12.15 - **Wanner Manfred, Xylander Willi E.R.**  
12.30 Unterliegen terrestrische Thekamöbengemeinschaften einer Sukzession?
- 12.30 - Verabschiedung**  
**12.45**  
**Ab 12.45 Mittagessen und Abreise**
-



**Ing. Franz Wieser**  
**A-5400 Hallein, Panzlweg 6,**  
**Tel. 0664/1629617**  
**E -mail: [franzwieser@gmx.at](mailto:franzwieser@gmx.at)**



Absolvent der höheren technischen Lehranstalt für Hochbau (1969-1974), lebt in Hallein.

Mehrere Jahre Mitarbeiter in einem Architekturbüro. Zurzeit Geschäftsführer des RHV „Tennengau-Süd“.

Intensive Beschäftigung mit dem Medium der Malerei.

Teilnahme an zahlreichen Ausbildungslehrgängen und Malreisen bei in- und ausländischen Künstlern.

Einzel- und Gemeinschaftsausstellungen in Stadt und Land Salzburg, sowie in anderen österreichischen Bundesländern.

Einzelausstellung von Reiseskizzen in Dublin.

Mitglied der Berufsvereinigung bildender Künstler Österreichs Lg. Salzburg Bv. Berchtoldvilla

Mitglied bei der Kommunikationsplattform KUNSTTEAM

Preisträger beim Kulturfondwettbewerb 2002 sowie beim Wettbewerb für Nachwuchskünstler des Salzburger Kulturfonds.

Vorlieben: Meditatives Naturwandern - Beobachten - Betrachten

*„Ich gestalte in meinen Bildern die von der Sehnsucht nach Mythen gespeisten Abbilder meiner inneren Welten. Ich wuchs in Kuchl, Gasteig auf einem Bergbauernhof auf. Schon von Kindheit an spürte ich den starken Drang zum Ausdruck gesammelter Gefühle. Aufgrund des traditionellen Umfeldes negierte ich vorerst meine diesbezüglichen innersprachlichen Impulse.*

*Durch den Besuch der Höheren technischen Lehranstalt für Hochbau und danach durch eine mehrjährige Mitarbeit in einem Architekturbüro intensivte ich meine Neigung zum Zeichnen, Skizzieren und schließlich zum bildnerischen Ausdruck. Die nicht sprachliche Ausdrucks- und Erlebnisform der Malerei wurde durch langjährige Identitätssuche immer mehr zum Mittel meiner Persönlichkeitsfindung und Selbstverwirklichung. Wichtig wurde mir dabei das Eindringen in die Phantasieräume und das Öffnen der sonst oft verborgenen Gefühls- und Traumwelten.*

*Es ist mir daher ein Anliegen, in meinen Arbeiten die Landschaften der Seele aufzuspüren. Liegende oder stehende Formen, unter- aber auch überirdische Sphären, Höhlen und Gänge, Wurzeln und Hügel dienen mir dabei als Ausdrucksmittel. Das Dunkle, Angsteinflößende und Schreckhafte will ich nicht leugnen oder verdrängen. Feurige Innenräume setze ich gerne in Kontrast zu kalten, erdigen Oberflächen. Unsicherheiten, aber auch Träume, Wünsche und Visionen versuche ich so in Seelenräume zu packen, um so ein eigenes Verständnis dafür zu gewinnen.*

*Die Landschaften der Seele bezeichne ich als das große Mysterium des Lebens. In einer Zeit in der so vieles „in das Außen“ projiziert wird, ist für mich eine bewusste „Innenschau“ eine Notwendigkeit und eine Chance zugleich, um zu sich selbst und zur Schöpfung zu finden. Ich bin überzeugt davon, dass sich bezüglich des Eigenverständnisses in der Selbstwahrnehmung eine neue Zeit anbahnt. Wenn wir Verständnis für unsere Wünsche aber auch Ängste und Unsicherheiten wecken, wenn wir diesbezüglich aufwachen und aufmachen, dann kann sich ein neuer Wirkstoff für unsere Welt entfalten.“*

## **A phylogenetic system for the Oligotrichida and Choreotrichida (Protozoa, Ciliophora) based on morphologic and ontogenetic features.**

**Agatha Sabine**

*University of Salzburg, Institute for Zoology, Hellbrunnerstrasse 34, A-5020 Salzburg, Austria.*

In 1992, Petz and Foissner established a phylogenetic system at suprafamilial level for the oligotrichs, choreotrichs, and halteriids using Hennig's cladistic method (J. Protozool. 39, 159). By examination of the old literature and, especially, the more detailed recent morphologic and ontogenetic studies, this phylogenetic tree is elaborated. Although oligotrichs and choreotrichs do not provide many morphological characters, as compared to the hypotrichs and stichotrichs, the reduced somatic ciliature produces a considerable diversity of patterns. In the Oligotrichida, a convergent development of similar ciliary patterns in tontoniids and strombidiids is more parsimonious than the assumption that the contractile tontoniid tail with its complex ultrastructure and function has evolved several times. Besides the tontoniid tail, the complex cyrtos (cytopharyngeal basket) in *Cyrtostrombidium* and the neofunctional organelle (a permanent tube in which the oral primordium develops) in *Limnostrombidium* and *Pelagostrombidium* are further important apomorphies characterizing new families. In the Choreotrichida, the phylogenetic analysis of cell and lorica features supports the gene trees (Strüder-Kypke and Lynn 2003, J. Zool. 260, 87) and the conclusions that similar loricae have developed independently several times, for instance, the hyaline type found in *Eutintinnus*, *Metacylis*, *Nolaclusilis*, and *Salpingella*. In contrast to the lorica-based tintinnid evolution (Kofoid and Campbell 1939, Bull. Mus. Comp. Zool. Harvard 84, 1), the Codonellidae and Codonellopsidae with their agglutinated loricae are not close to the base of the tintinnid tree, but show the most highly developed ciliary patterns. The early branching of the Tintinnidiidae matches, however, the traditional classification schemes. Study supported by the FWF project T116.

## **Digestionsablauf beim carnivoren Ciliaten *Homalozoon vermiculare***

**Baumberg Doreen & Hausmann Klaus**

*Freie Universität Berlin, Institut für Biologie / Zoologie, AG Protozoologie, Königin-Luise-Str. 1-3, D-14195 Berlin*

Gegenstand der vorliegenden licht- und elektronenmikroskopischen Studie ist die Verdauung bei *Homalozoon vermiculare*. Dieser räuberische Ciliat verschlingt seine Beutetiere – beispielsweise Ciliaten der Gattungen *Colpidium* oder *Paramecium* – vollständig und bildet anfangs jeweils nur eine einzige, sehr große Nahrungsvakuole aus. In der ersten Verdauungsphase wird diese Nahrungsvakuole im Verlaufe von ca. 20 Minuten zunächst in zahlreiche kleinere Vakuolen zerlegt, wobei diese teilweise mit einer ausgeprägte Mikrofilamentschicht umgeben sind. Während dieser Phase finden Segregationsprozesse in der Art statt, dass in den Vakuolen jeweils spezifische Nahrungsbestandteile wie Mitochondrien der Beuteorganismen, Bakterien aus den Nahrungsvakuolen der Beuteciliaten und eigene, abgeschossene Toxicysten sowie abgeschossene wie ruhende Trichocysten gesondert konzentriert werden. Die zweite, 1½ – 2 Stunden nach der Phagocytose beginnende Phase der Digestion ist von dem eigentlichen Abbau der aufgenommenen Nahrung geprägt. Dieses Stadium kann zwei bis zehn Stunden andauern, wobei die Digestionsvakuolen im gesamten Cytoplasma von *H. vermiculare* verteilt sind und unterschiedlich weit fortgeschrittene Stadien der Verdauung aufweisen. Die ersten Defäkationsprozesse wurden vier Stunden nach der Nahrungsaufnahme registriert, wenn *P. bursaria* als Futter verabreicht wurde. In diesem Falle wurden scheinbar ausschließlich die endocytobiontischen (unversehrten?) Zoochlorellen ausgeschieden.

## **Glykolytische Enzyme in *Trimastix pyriformis*: ein phylogenetisches Mosaik**

**Baumgartner Manu, Silberman Jeffrey D. & Roger Andrew J.**

*Department of Biochemistry and Molecular Biology, Dalhousie University, Halifax, Canada.*

*Trimastix pyriformis* ist ein frei lebender anaerober Flagellat. Statt klassischer Mitochondrien besitzt er Organelle, die von einer doppelten Membran umgeben sind und deren Funktion unbekannt ist. Zusammen mit Oxymonaden bildet *Trimastix* eine neue, bisher nicht untersuchte anaerobe Linie. Die verwandtschaftliche Beziehung zu anderen anaeroben Flagellaten ist noch ungeklärt.

In einem EST Projekt (im Rahmen des ‚Protist EST Project‘ finanziert von Genome Canada) erhielten wir die Gene für acht glykolytische Enzyme, darunter die für anaerobe Protisten typische Pyruvat-Dikinase. Phylogenetische Analysen zeigen, dass die einzelnen Enzyme unterschiedlichen Ursprungs sind: Sechs der acht Enzyme liegen in phylogenetischen Bäumen innerhalb vorwiegend bakterieller Cluster. Diese Gene wurden anscheinend lateral von unterschiedlichen bakteriellen Gruppen auf einen Vorfahr von *Trimastix* übertragen oder - wie im Fall von Aldolase und Glyzerinaldehydphosphat-Dehydrogenase (GAPDH) - auf den gemeinsamen Vorfahr zweier Flagellaten-Gruppen. Die Aldolase von *T. pyriformis* ist nämlich nahe verwandt zu der von Diplomonaden, die GAPDH zu der von Parabasaliden. Nur Enolase und Triosephosphat-Isomerase wurden vertikal auf *T. pyriformis* vererbt.

Die beobachteten Phylogenien der glykolytischen Enzyme können nur durch extensiven lateralen Gentransfer (LGT) erklärt werden. LGT ist dabei bei anaeroben Protisten wie *Giardia*, *Trichomonas*, *Entamoeba* oder auch *Trimastix* besonders häufig.

## **Chaotisches Verhalten – ein allgemein gültiges Phänomen in zwei-Beute-ein-Räuber Systemen? Bakterien - Protozoen Interaktionen im Chemostaten**

**Becks Lutz<sup>1</sup>, Jürgens Klaus<sup>2</sup> & Arndt Hartmut<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Zoologisches Institut – Allgemeine Ökologie und Limnologie, Universität zu Köln, Weyertal 119, 50923 Köln, Germany

<sup>2</sup>Institut für Ostseeforschung Warnmünde, Sektion Biologie, Seestraße 15, 18119 Rostock, Germany

Ziel dieser Arbeit war es, die biologische Relevanz von Spiralchaos in der realen Welt zu untersuchen. Dafür wurde ein Laborsystem etabliert, das es erlaubt, die intrinsischen Faktoren eines zwei-Beute-ein-Räuber Systems ohne externe Störungen zu analysieren. Der Einsatz von Protozoen und Bakterien als Modellorganismen erlaubt es, Populationsdynamiken in kurzer Zeit zu verfolgen und der Einsatz von axenischen Kulturen gewährleistet eine definierte Artenzusammensetzung. Deswegen wurden in einem Chemostatsystem die Abundanzänderungen des Cilliaten *Tetrahymena pyriformis* (Ciliophora, Hymenostomatia) und zweier Bakterienstämme über mehrere Wochen verfolgt. In weiteren Versuchen wurden die Interaktionen zwischen den drei Arten in zwei-Arten Systemen und mittels immunologischer Techniken weiter verifiziert. Des Weiteren wurde ein mathematisches Modell analysiert und die Ergebnisse genutzt, um die Experimente zu planen und mit den experimentellen Ergebnissen zu vergleichen.

Sowohl die praktische als auch die theoretische Analyse zeigten Hinweise auf chaotisches Verhalten. So weit uns bekannt, ist dies der erste Nachweis von Chaos in einem Laborsystem mit definierter mikrobieller Lebensgemeinschaft. Die Interaktionen zwischen den drei Arten und das mathematische Modell müssen in weiteren Experimenten verifiziert werden.

## **Reconciling morphological and 18S rRNA phylogenies in the stichotrichines (Ciliophora, Spirotrichea), including new sequences from some rare species**

**Berger Helmut<sup>1</sup>, Moon-van der Staay Seung Yeo<sup>2</sup>, Moon-van der Staay Georg W.<sup>2</sup>, Hackstein Johannes H. P.<sup>2</sup>, Krautgartner Wolf-Dietrich<sup>3</sup> & Foissner Wilhelm<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>*Technisches Büro für Ökologie, Radetzkystrasse 10, 5020 Salzburg, Austria*

<sup>2</sup>*Catholic University of Nijmegen, Faculty of Science, Department of Evolutionary Microbiology, Toernooiveld 1, 6525 ED Nijmegen, The Netherlands*

<sup>3</sup>*Universität Salzburg, Institut für Zoologie, Hellbrunnerstrasse 34, 5020 Salzburg, Austria*

We performed a comparative morphological and molecular study on oxytrichid and urostylid stichotrichs (= part of the former hypotrichs). Included are new small subunit (18S) ribosomal RNA (rRNA) gene sequences from five rare oxytrichs (*Gonostomum namibiense*, *Cyrtohymena citrina*, *Hemiurosoma terricola*, *Onychodromopsis flexilis*, *Orthoamphisiella breviseries*) and published sequences, based on cultures provided by W. Foissner, of two key genera, viz., *Gastrostyla* and *Engelmanniella*. These and other sequences, altogether 27 species representing 23 genera, were used to analyze how 18S rRNA based phylogenetic trees can be reconciled with the morphological and ontogenetical data. In 18S rRNA trees, the oligotrichine family Halteriidae invariably clusters within the oxytrichid clade, usually near *Oxytricha granulifera*, type of the genus. This position is hardly supported by morphological and ecological evidences and, especially, it contradicts the current ontogenetic findings; possibly, it is an artifact caused by taxa undersampling. In contrast, most morphological and DNA sequence data of the stichotrichs can be harmonized with the CEUU (Convergent Evolution of Urostylids and Uroleptids) hypothesis which suggests that the urostylid midventral pattern evolved from an oxytrichine ancestor developing a second time within the Oxytrichidae. The systematic position of one of the two key genera could be clarified with the 18S rRNA sequences: *Gastrostyla* is a stylonychine oxytrichid. Based on the molecular data and a reassessment of ontogenesis, a new genus is established for *Onychodromus quadricornutus* Foissner, Schlegel & Prescott.

## Biochemie von Protozoen beeinflusst deren Futterqualität

**Boéchat Iola Gonçalves & Adrian Rita**

*Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei, Müggelseedamm 301, D-12587, Berlin, Deutschland.*

Protozoen sind nicht nur wichtige Komponenten des mikrobiellen Nahrungsnetzes, sie interagieren auch mit Komponenten des klassischen Nahrungsnetzes. Sie stellen Konkurrenten um Nahrungsressourcen, Prädatoren des Phytoplanktons und Beuteorganismen für das Zooplankton dar. Fraßdruck auf Protozoen durch planktische Crustaceen und Rotatorien wurde inzwischen hinlänglich nachgewiesen. Die Futterqualität, und hier insbesondere die der Futterqualität zugrunde liegende biochemische Zusammensetzung der Beuteprotozoen, ist jedoch weitestgehend unverstanden. Die biochemische Zusammensetzung (Aminosäuren, Fettsäuren und Sterole) von Protozoen unterschiedlicher Ernährungsweise (bakterivor versus algivor) und deren Beuteorganismen wurde analysiert. Anschließend wurde die Futterqualität der Protozoen anhand von Populationswachstums- und Reproduktionsexperimente untersucht. Der Rotator *Keratella quadrata* diente hierbei als Modell-Prädator. Die biochemische Zusammensetzung der Protozoen spiegelte in der Regel die ihrer Beuteorganismen wider. Die massenspezifischen Konzentrationen waren jedoch in den Protozoen höher. Wie erwartet erwiesen sich algivore Protozoen als Beute höherer Qualität für *K. quadrata*. Dies konnte zum Teil auf die biochemische Zusammensetzung der Protozoen zurückgeführt werden. Neben anderen Parameter waren die  $\omega 6:\omega 3$  Fettsäureverhältnisse, der Anteil von Linolsäure (18:2 $\omega 6$ ) sowie einige Sterole der Beuteprotozoen mit dem Populationswachstum und der Reproduktion von *K. quadrata* signifikant korreliert.

**„The Disintegration Method“:  
Ein neuer methodischer Ansatz für die Analyse von  
Bakterien und Flagellaten in tondominierten Sedimenten**

**Boenigk Jens**

*Institut für Limnologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften,  
Mondseestr. 9, A-5310 Mondsee*

Eine Direktzählungen von Bakterien und Flagellaten in Sedimenten, insbesondere in Feinsedimenten, ist nur eingeschränkt nutzbar, da einerseits Zellen durch die Probenvorbehandlung zerstört werden, andererseits Zellen durch die Sedimentpartikel maskiert werden. Diese Probleme können durch eine Lösung der Silikatpartikel mit Flußsäure und nachfolgender Fluoreszenzfärbung der Bakterien reduziert werden.

Die entwickelte „Disintegration“-methode ersetzt die mechanische Auftrennung von Sediment und Zellen teilweise durch eine chemische Lösung der Silikate. Verluste an Bakterienzellen durch die Behandlung waren nicht signifikant und 90 – 111% der Zellen wurden in unterschiedlichen Tönen nach der Silikatlösung wiedergefunden. Insbesondere für die Analyse von Feinsedimenten und Tönen umgeht diese Methode sowohl eine starke Verdünnung, als auch lange Ultraschallbehandlung bzw. mechanisches Schütteln. Die Methode eignet sich insbesondere für Sedimente, in denen die Partikelabundanz die Organismenabundanz um Größenordnungen überschreitet, während in Böden mit hohen Anteilen an organischer Substanz sowie in kalkdominierten Sedimenten die Methode nur eingeschränkt nutzbar ist.

## **Einfluß suspendierter Sedimente auf Wachstum und Fraß bakterivorer Protisten**

**Boenigk Jens<sup>1,2</sup>, Pfandl Karin<sup>1</sup> & Novarino Gianfranco<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> *Institut für Limnologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften, Mondseestr. 9, A-5310 Mondsee*

<sup>2</sup> *The Natural History Museum, Department of Zoology, Protista & Mathematics Division, Cromwell Road, London SW7 BD5, UK*

Suspendierte Feinsedimente sind in Gewässern insbesondere temporär nach Niederschlägen oder Resuspensionsereignissen bedeutend und können in turbulenten Gewässern bis zu mehreren Gramm pro Liter ausmachen. Ein bedeutender Teil dieser suspendierten Sedimente liegt in der Ton- bzw. Siltfraktion vor und weist damit ähnliche Größen auf, wie kleinere Protisten und Bakterien. Der Einfluß dieser Sedimentpartikel auf verschiedene ökophysiologische Parameter, insbesondere auf Wachstum und Fraß, sowie auf das Verhalten verschiedener Protisten wurde untersucht. Generell zeigte sich ein negativer Effekt der Sedimentpartikel auf das Wachstum der Protisten, auch wenn dieser Trend wesentlich schwächer ausgeprägt ist als dies für Metazoen beschrieben ist. In einigen Fällen wirkte sich suspendiertes Sediment sogar positiv auf die Wachstumsraten aus. Dies mag mit indirekten Effekten der veränderten Räuber-Beute-Beziehungen in der Gegenwart von Sedimentpartikeln zusammenhängen. Der Effekt suspendierter Sedimente schwankt stark auch zwischen nahe verwandten Isolaten stark. Eine Verallgemeinerung der Trends über größere funktionelle Gruppen hinweg erscheint zwar möglich, wird aber von vielen Abweichungen und „Ausnahmen“ unterbrochen.

## **Förderung von Pflanzenwachstum durch Protozoen**

**Bonkowski Michael**

*FB Biologie, TU-Darmstadt, Schnittspahnstr. 3, D-64287 Darmstadt*

Positive Wirkungen von Einzellern (Protozoen) auf Pflanzenwachstum sind vielfach belegt, aber funktionell wenig untersucht. Nährstofffreisetzungen aus beweideten Bakterien der Rhizosphäre (microbial loop) wurden bisher als hauptsächlichlicher Mechanismus angesehen. Neuere Untersuchungen dagegen zeigen, dass die zugrunde liegenden Mechanismen sehr viel komplexer sind und hauptsächlich auf selektiver Beweidung der Bakteriengemeinschaft in der Rhizosphäre und Veränderungen der Wurzelarchitektur der Pflanzen beruhen. Größte Bedeutung erlangen Wechselwirkungen der Protozoen mit Pflanzen im Zusammenspiel mit Mykorrhiza. Resultierende morphologische und physiologische Veränderungen in der Pflanze, bis hin zu höheren trophischen Ebenen (Herbivore) werden dargestellt.

**Vergleichende morphologische und molekularphylogenetische  
Untersuchungen an geografisch weit verbreiteten und ökologisch  
differenten *Zoothamnium niveum* – Populationen  
(Ciliophora, Oligohymenophorea, Peritrichia)**

**Buchholz Thomas G.<sup>1</sup>, Bright Monika<sup>1</sup>, Bulgheresi Silvia<sup>1</sup>, Fried Johannes<sup>2</sup>,  
Ludwig Wolfgang<sup>2</sup> & Ott Joerg A.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Institut für Ökologie und Naturschutz, Universität Wien, Althanstraße 14, A-1090  
Wien, thomas.buchholz@gmx.net

<sup>2</sup>Lehrstuhl für Mikrobiologie, Technische Universität München, Am Hochanger 4, D-  
85350 Freising; johannes.fried@uibk.ac.at

*Zoothamnium niveum* (Hemprich & Ehrenberg, 1831) Ehrenberg, 1838 ist ein festsitzender, in Kolonien lebender, mariner Ciliat, der in Symbiose mit schwefeloxidierenden, chemolithoautotrophen Bakterien lebt, welche die Oberfläche des Ciliaten überwachsen. Diese Symbiose zwischen Ciliaten und Bakterien besiedelt Substrate, die sich innerhalb der Sauerstoff / Sulfid – Chemokline befinden. Die Chemokline bildet sich an verrottenden, abgestorbenen Pflanzenmaterialien. Während *Z. niveum* in der Karibik auf der Oberfläche von Mangroven-Torf wächst, bei dessen Zersetzung ganzjährig ein ausreichend hoher Sulfidgehalt in der Chemokline entsteht, wurden *Z. niveum* ähnliche, symbiontische Ziliatenkolonien im Mittelmeer bisher ausschließlich in den warmen Spätsommermonaten gefunden, wenn sich hohe Sulfid-Konzentrationen an großen Ansammlungen von Seegrass-Debris bilden.

Das Ziel der hier vorgestellten Untersuchungen war herauszufinden, ob es sich bei *Z. niveum* aus der Karibik und den symbiontischen *Zoothamnium*-Vertretern aus dem Mittelmeer um dieselbe Art handelt, deren weit verbreitete Populationen unterschiedliche ökologische Ansprüche haben, oder aber, ob sie verschiedene Arten darstellen, bei denen sich aufgrund einer konvergenten Entwicklung der symbiontischen Lebensweise hohe morphologische Ähnlichkeiten ausgebildet haben. Innerhalb dieser Untersuchungen wurden Morphologie und Biometrie von zwei karibischen Populationen mit den entsprechenden Merkmalen einer mediterranen Population verglichen. Des Weiteren wurde die 18S-rDNA dieser untersuchten Populationen sequenziert und im Vergleich mit Sequenzen der limnischen *Z. arbuscula* phylogenetisch analysiert.

Trotz der großen geografischen Distanz und dem Vorkommen in unterschiedlichen Habitaten und Klimaten sind die neu untersuchten Populationen morphologisch und molekularphylogenetisch in den untersuchten Merkmalen nicht signifikant voneinander unterscheidbar und bilden daher das monophyletische Taxon *Zoothamnium niveum*. Dieses Taxon unterscheidet sich molekularphylogenetisch deutlich von *Z. arbuscula*, welches mit der Gruppe der Vorticellidae und Epistylidae clustert. Die Gattung *Zoothamnium* ist folglich eine paraphyletische Gruppe innerhalb der peritrichen Ciliaten.

## **Der ultraoligotrophe Golf von Aqaba als Modellsystem: Verbindung zwischen dem mikrobiellem Nahrungsgewebe und höheren trophischen Ebenen im oligotrophen Ozean**

**Claeßens-Kenning Monika & Wickham Stephen**

*Universität Salzburg, Zoologisches Institut*

Der ultraoligotrophe Golf von Aqaba wird als Modellsystem für den nährstoffarmen Ozean genutzt, um grundlegende und noch wenig untersuchte Fragen zur Planktodynamik zu beantworten. Es ist wenig über das Schicksal der dominierenden Picoautotrophen in diesen Systemen bekannt; deren potentielle Hauptkonsumenten, die Protisten sind ebenfalls wenig untersucht und verstanden. Daher stellen sich u.a. folgende Fragen: Sind die heterotrophen Nanoflagellaten oder, wie in manchen Süßwassersystemen, kleine Ciliaten die Hauptkonsumenten der Picoautotrophen? Welchen Stellenwert hat Nährstoffrecycling in einem so stark nährstoff-limitierten System für die Primärproduktion und die angrenzende trophischen Ebenen? Der Schwerpunkt liegt bei den Ciliaten und deren Stellung und Bedeutung im oligotrophen Ozean. Neben deskriptiven Untersuchungen der vertikalen Verteilung (bis 400m Tiefe) mit hoher taxonomischer Auflösung, erfolgten intensive experimentelle Untersuchungen. Zum einen wurden Fraktionierungsexperimente mit Nährstoffmanipulationen kombiniert, bei denen mittels inverser Filtration drei Größenfraktionen erstellt wurden ( $<0.8\mu\text{m}$ ,  $<6\mu\text{m}$  und  $<64\mu\text{m}$ ). Zum anderen wurden Copepoden-Experimente durchgeführt, die sowohl die natürliche Copepodenabundanz, als auch die Extremwerte widerspiegelten.

Erste Ergebnisse zeigen, dass es sich um eine sehr diverse Ciliatengemeinschaft handelt, welche scheinbar wenig durch die Fraßfeinde reguliert wird, sondern vielmehr durch bottom-up Effekte beeinflusst wird. Choreotriche Ciliaten scheinen den Golf von Aqaba zu dominieren und sind mit einer Vielzahl von Arten erfasst worden.

## ***Zoothamnium niveum*, ein kolonialer, peritricher Ciliat auf der Suche nach Sulfid**

**Császár Nikolaus, Heindl Niels, Löffler Jasmin, Schraick Margit & Nussbaumer Andrea**

*Abteilung Meeresbiologie, Institut für Ökologie und Naturschutz, Universität Wien,  
Althanstrasse 14, 1090 Wien, Österreich*

*E-mail: a9104268@unet.univie.ac.at*

*Zoothamnium niveum* (HEMPRICH & EHRENBERG, 1831), ein kolonialer, peritricher Ciliat, der in Symbiose mit thiotrophen Ektosymbionten lebt, wurde in der Nähe der meeresbiologischen Station STARESO in Calvi, Korsika gefunden. *Z. niveum* wächst dort auf verrottendem Debris von *Posidonia oceanica* (Potamogetonaceae) und an vertikalen Felsoberflächen, die von Debris umgeben sind. Das Ziel dieser Studie war herauszufinden ob der kompostierende *P. oceanica* Debris die Haupt-Sulfidquelle für die chemoautotrophen Symbionten darstellt. Um zu testen ob die Entfernung dieser vermeintlichen Sulfidquelle zu einer Abnahme der Koloniedichte führt wurden zwei Stellen mit dichtem *Z. niveum* Bewuchs ausgewählt. Nach der Entfernung des Debris an einer Stelle wurden markierte Areale (3,2 x 2,1 cm) mit einer digitalen Unterwasserkamera photographiert und mit der ungestörten Referenz-Stelle verglichen. Die Entfernung des *P. oceanica* Debris resultierte in einer durchschnittlichen Nettoabnahme der Koloniedichte von 65,9%, während am ungestörten Referenz-Habitat ein mittlerer Nettozuwachs von 14,4% beobachtet wurde. Dieses Ergebnis deutet darauf hin, dass der Debris den Hauptanteil der Sulfidquelle darstellt.

In einem Laborexperiment wurde das chemotaktische Verhalten der mobilen Verbreitungsstadien (Schwärmer) untersucht. In einem Wahlexperiment konnten die Schwärmer gleichzeitig zwischen einem sulfidischen-, einem nicht sulfidisch/hypoxischen-, einem oxischen- und einem Thiosulfat-Milieu als Ansiedelungsfläche wählen. Die Ergebnisse zeigten eine signifikante Präferenz der Schwärmer für das sulfidische- gegenüber allen anderen Milieus. Die Ansiedelung der Schwärmer und die Gründung neuer Kolonien werden offensichtlich durch eine positive Chemotaxis zu Sulfid gesteuert. Die Experimente bestätigen Sulfid als wichtigen ökologischen Schlüsselfaktor mit entscheidender Bedeutung für die Verteilung von *Zoothamnium niveum*.

## **Langanhaltender Effekt vertikaler Wasserbewegung auf die Tiefenverteilung von Nanoplankton in der Grönlandsee**

**Dietrich Désirée<sup>1\*</sup>, Budeus Gereon<sup>2</sup>, Berninger Ulrike-Gabriele<sup>3,4</sup> & Weitere Markus<sup>1,3</sup>**

<sup>1</sup>*Freie Universität Berlin, Institut für Biologie/ Zoologie, AG Protozoologie, D-14195 Berlin*

<sup>2</sup>*Alfred-Wegener-Institut, Abteilung Messtechniken und Entwicklung, D-27568 Bremerhaven*

<sup>3</sup>*Alfred-Wegener-Institut., Abteilung Pelagische Ökosysteme, D-27570 Bremerhaven*

<sup>4</sup>*Universität Salzburg, Institut für Zoologie, A-5020 Salzburg*

\**Email Désirée Dietrich: desidiet@aol.com*

Heterotrophes Nanoplankton (2 – 20 µm), hauptsächlich bestehend aus Nanoflagellaten, spielt eine Schlüsselrolle im Stofffluss der Ozeane. Anders als die meisten Metazoen sind Protozoen weitgehend unempfindlich gegenüber hydrostatischem Druck und man findet auch in tiefen Wasserschichten Arten, die aus dem Oberflächenwasser bekannt sind. Dies suggeriert, dass Austauschprozesse zwischen dem relativ organismen- und nährstoffreichen Oberflächenwasser und dem extrem oligotrophen Tiefenwasser von großer Bedeutung für die Rekrutierung von Tiefseeprototozoen sind. Da sowohl die eigene Sinkgeschwindigkeit als auch die eigene Bewegung des Nanoplanktons zu vernachlässigen ist, können solche Austauschprozesse nur über die Assoziation mit sinkenden Partikeln oder über direkte Wasserbewegung stattfinden.

In der hier vorgestellten Studie haben wir erstmalig den Einfluss vertikaler Wasserbewegung auf die Tiefenverteilung von Nanoplankton innerhalb eines so genannten Tiefseetornados in der Grönlandsee untersucht. Dabei handelt es sich um eine etwa 10 km breite homogene und zirkulierende Wassersäule in einem Tiefenbereich von etwa 600 bis 3000 m, die von warmem Oberflächenwasser bedeckt ist. Die homogene Wassermasse besteht aus ehemaligem Oberflächenwasser, welches vor der Ausbildung der warmen Oberflächenschicht im Frühjahr in die Tiefe transportiert wurde. Während sich die Abundanz des heterotrophen Nanoplanktons im Sommer (Juli) oberhalb und unterhalb der homogenen Wassermasse nicht von einer geschichteten Referenzstation außerhalb des Wirbels unterschied, war die Abundanz innerhalb des Wirbels etwa doppelt so hoch. Dagegen konnten wir über den gesamten Tiefenbereich keine Unterschiede in der Abundanz des autotrophen Nanoplanktons zwischen den beiden Stationen feststellen. Dies ist ein Indiz für eine ähnliche Sedimentationsgeschwindigkeit zwischen dem Wirbel und der Referenzstation, da sich Chlorophyll nur kurze Zeit in dem dunklen Tiefenwasser hält. Folglich lässt sich die erhöhte Abundanz des heterotrophen Planktons innerhalb des Wirbels nicht durch erhöhte Sedimentation, sondern durch einen lang anhaltenden Effekt des vertikalen Transportes von Oberflächenwasser erklären.

## **Identification of mitochondrial-type chaperonin 60 (HSP 60) proteins in the anaerobic ciliate *Nyctotherus ovalis***

**Engels Eveline, van der Staay Georg W.M., Moon-van der Staay Seung Yeo & Hackstein Johannes H.P.**

*Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Sci., University of Nijmegen, Toernooiveld 1, NL-6525ED Nijmegen, The Netherlands*

Two genes, both encoding a mitochondrial-type chaperonin 60 protein (HSP 60), have been identified in a macronuclear gDNA library of the hydrogenosome-bearing, anaerobic ciliate *Nyctotherus ovalis* from the hindgut of the cockroach *Blaberus spec. var. Amsterdam*. Using PCR on total DNA from *Blaberus spec. var. Amsterdam*, we have been able to reinforce the presence of two genes encoding HSP60 on (macronuclear) gene-sized chromosomes. This means that these genes are an integral part of the *N. ovalis* genome. Since in aerobic, mitochondriate organisms HSP 60 proteins are involved in mitochondrial import and protein folding, also these genes argue for a (ciliate) mitochondrial ancestry of the hydrogenosomes of *N. ovalis*. Phylogenetic analysis confirms previous evidence that the hydrogenosomes of *N. ovalis* are anaerobic mitochondria that produce hydrogen.

### References:

- Akhmanova, A., Voncken, F., van Alen, T., van Hoek, A., Boxma, B., Vogels, G., Veenhuis, M. & Hackstein, J.H.P. (1998) A hydrogenosome with a genome. *Nature* 396, 527-528.
- Hackstein, J.H.P., Akhmanova, A., Voncken, F., van Hoek, A., van Alen, T., Boxma, B., Moon-van der Staay, S.Y., van der Staay, G., Leunissen, J., Huynen, M., Rosenberg, J. & Veenhuis, M. (2001) Hydrogenosomes: convergent adaptations of mitochondria to anaerobic environments. *Zoology* 104, 290-301.
- Voncken, F., Boxma, B., Tjaden, J., Akhmanova, A., Huynen, M., Verbeek, F., Tielens, A.G.M., Haferkamp, I., Neuhaus, H.E., Vogels, G.D., Veenhuis, M.; and Hackstein, J.H.P. (2002) Multiple origins of hydrogenosomes: functional and phylogenetic evidence from the ADP/ATP carrier of the anaerobic chytrid *Neocallimastix* sp. *Molecular Microbiology*, 44 (6): 1441-1454.
- van der Giezen, M., Birdsey, GM, Horner, DS, Lucocq, J, Dyal, PL, Benchimol, M, Danpure, CJ, and Embley, TM. (2003) Fungal hydrogenosomes contain mitochondrial heat-shock proteins. *Molecular Biology and Evolution*, 20 (7): 1051-1061.

Supported by the EU Contract QLK3-2002-02151 "CIMES"

## **Identification of a PP<sub>i</sub>-Dependent Phosphofructokinase from the anaerobic ciliate *Nyctotherus ovalis***

**Engels Eveline, van der Staay Georg W.M., Moon-van der Staay Seung Yeo, Huynen Martijn A.\* & Hackstein Johannes H.P.**

*Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Sci., and \*Nijmegen Centre of Molecular Life Sciences (NCMLS) and \*CMBI, University of Nijmegen, Toernooiveld 1, NL-6525ED Nijmegen, The Netherlands*

One of the key regulatory steps in the glycolytic pathway is an irreversible, committing step catalyzed by an ATP-dependent phosphofructokinase (PFK) (ATP-PFK; EC 2.7.1.11). In certain organisms (i.e. bacteria, a few anaerobic eukaryotes, and plants) this step is catalysed by a PP<sub>i</sub>-dependent PFK (PP<sub>i</sub>-PFK; EC 2.7.1.90), which uses PP<sub>i</sub> instead of ATP as a phosphoryl donor, conserving ATP and rendering the reaction reversible under physiological conditions.

We have been able to identify two genes encoding PP<sub>i</sub>-dependent PFK's in a gDNA library of *N. ovalis*, which is made up exclusively from macronuclear gene-sized chromosomes. This is the first report of a PP<sub>i</sub>-dependent PFK in ciliates. Notably, phylogenetic analysis indicates a close relationship with plant PFK's. One might speculate as to whether this gene has been acquired by lateral gene transfer from plants or by an endosymbiotic (organelle) gene transfer to the nucleus from a cryptic, (secondary) ancestral plastid.

### Reference:

Siebers, B; Klenk, H; Hensel, R, (1998): PP<sub>i</sub>-Dependent Phosphofructokinase from *Thermoproteus tenax*, an Archeal Descendant of an Ancient Line in Phosphofructokinase Evolution. J Bacteriol, 180 (8): 2137-2143

Supported by the EU Contract QLK3-2002-02151 "CIMES"

## **Trophische Interaktionen von Biofilmen des Rheins unter dem Einfluss von Metazoen**

**Eber Markus, Ackermann Barbara, Budde Heidrun, Scherwaß Anja & Arndt Hartmut**

*Universität zu Köln, Zoologisches Institut, Allgemeine Ökologie und Limnologie,  
Weyertal 119, 50931 Köln*

Es gibt bisher nur wenige Arbeiten, die sich mit dem Einfluss der Meio- und Makrofauna auf Biofilmgemeinschaften (insbesondere Flagellaten und Ciliaten) befassen. Ziel der vorliegenden Arbeit ist es, den Sukzessionsverlauf der Biofilmentwicklung im Freiland, sowie trophische Interaktionen im Biofilm in Laborexperimenten zu untersuchen. In einer Fließrinne des Ökologischen Rheinlabors eingebrachte Modellsubstrate (Objekträger in einem Trägersystem), die auf dem Ponton des Laborschiffes der Universität Köln montiert ist, werden dort langfristig bis zu 18 Monaten exponiert. Dieses Modellsystem wird alle drei Wochen beprobt und die Komponenten der Biofilmgemeinschaft analysiert. Hierbei werden Bakterien, Algen, Flagellaten, Ciliaten, Amöben, Meiofauna und Makrofauna erfasst. Die Bakterien werden nach DAPI-Färbung unter dem Epifluoreszenz-Mikroskop ausgezählt. Zudem wird die dreidimensionale Struktur von Biofilmen mittels Laser-Scanning-Mikroskop untersucht. Ansonsten werden die Organismen durch Lebendzählung erfasst, für Kontrolluntersuchungen, bzw. für die Artuntersuchung werden zusätzlich Teilproben fixiert. Die bisherigen Ergebnisse bestätigten, dass die Flagellaten ein dominanter Faktor innerhalb des Ökotons Biofilm sind (bis zu 100.000 heterotrophe Flagellaten/cm<sup>2</sup>). Die Ciliaten erreichen Abundanzen von bis zu 2500 Ind./cm<sup>2</sup> und die Diatomeen von bis zu 600 Ind./cm<sup>2</sup>. Innerhalb der Meiofauna dominieren die Nematoden mit bis zu 65 Ind./cm<sup>2</sup> die Biofilmgemeinschaft, wobei die Nematoden wiederum von einem Vertreter der Chromadoridae (*Punctodora ratzeburgensis*) als typischem Epistrate-feeder dominiert werden. Im Laborexperiment werden durch Versuche in Miniaturfließkammern die trophischen Interaktionen in Biofilmen untersucht.

## Some bacterial infections of *Paramecium*. Occurrence and dynamics

**Fokin Sergei I.**

*Biological Research Institute of St.Petersburg State University, 198504, Russia*

Assessing the number of various endocytobioses in Ciliophora one should account for the difference between the rate and stability of bacterial infection in the natural populations and under laboratory conditions. In the former (when samples from the natural habitats are examined) intracellular bacteria are much more frequent than in ciliate cultures kept in the laboratory. Thus, the laboratory material examined for endocytobiosis is often only a pale shadow of the actual situation in natural ecosystems. However, data on the presence and dynamics of bacterial infection in natural ciliate populations are scarce, mostly concerning methanogenic bacteria of ciliates from sapropel, *Holospora*-infectious bacteria from nuclear apparatus of different *Paramecium* species and cytoplasmic symbionts of the *P. aurelia* species complex. According to modern data, frequency of occurrence of most other symbionts (except cytoplasmic bacteria of *Euplotes* and some other obligatory endocytobionts) is rather low, though task-oriented search usually reveals their presence.

Bacteria from the genus *Holospora* have been so far discovered only in the Northern Hemisphere (Eurasia and North America), chiefly in regions with temperate climate. In some populations of the host (*P. caudatum*) the infection was recorded steadily for many years running, reaching more than 30% of infected cells, in others it was noted only once, despite extensive further search for infected cells. In many populations of *P. caudatum* from the environs of St. Petersburg no infection was found during several years of monitoring. Interestingly, *H. obtusa*, *H. undulata* and *H. caryophila* have a much broader distribution, and generally are observed much more frequently than *H. elegans* and *H. recta*. *Holospora* sp. (in the macronucleus of *P. putrinum*) was recovered from nature only once. Laboratory experiments show that an important function of infectious bacteria in natural ciliate populations may be increasing bacterial diversity by introducing non-infectious bacteria into the nuclear apparatus of the host

It appears that temporal dynamics of *Holospora* distribution is epidemic: in some years the number of infected populations increases and then infected cells become rare for a long time. The same holds true for frequency of occurrence of some other intracellular bacteria of *Paramecium*: *Caedibacter*, *Nonospora*, *Pseudolyticum*.

## **Untersuchung von Pansen-Ciliaten (Litostomatea, Entodiniomorphida, Vestibuliferida) mittels Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung (FISH)**

**Fried Johannes<sup>1</sup>, Weber Silvia<sup>1</sup>, Michalowski Tadeusz<sup>2</sup>, McEwan Neil<sup>3</sup>, Ludwig Wolfgang<sup>1</sup>, Hackstein Johannes<sup>4</sup> & Schleifer Karl Heinz<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> *Lehrstuhl für Mikrobiologie, Technische Universität München, Am Hochanger 4, D-85350 Freising, Germany*

<sup>2</sup> *Kielanowski Institute of Animal Physiology and Nutrition, Polish Academy of Sciences, Instytutcka 3, PL-05-110 Jablonna, Poland*

<sup>3</sup> *Division of Microbiology and Immunology, Rowett Research Institute, Greenburn Road, Bucksburn, AB21 9SB Aberdeen, Scotland, U.K.*

<sup>4</sup> *Department of Evolutionary Microbiology, Faculty of Science, Catholic University of Nijmegen, Toernooiveld 1, NL-6525 ED Nijmegen, The Netherlands*

Pansen von Wiederkäuern sind oft sehr dicht mit Ciliaten besiedelt, die eine wichtige Rolle im Verdauungsprozess ihrer Wirte spielen. In der Literatur findet man nur wenige und auch selten neue Informationen, um diese komplexe Organismengemeinschaft hinsichtlich ihrer Diversität zu erfassen [1, 2]. Die Variabilität ihrer meist sehr komplexen Formen macht es äußerst schwierig, Gattungen oder gar Arten voneinander zu unterscheiden. Derzeitige Identifikationsmethoden beschränken sich meist auf die Lebendbeobachtung dieser oft sehr mobilen Organismen in einer dichten Masse organischen Materials. Quantitative Analysen sind praktisch nicht, oder nur äußerst schwierig durchzuführen.

Die Entwicklung der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung (FISH), etabliert als Technik zur Identifikation von Prokaryonten und Eukaryonten mittels rRNS-gerichteter fluoreszenzmarkierter Nukleotidsonden [3, 4] ist ein vielversprechender Ansatz, um Pansen-Ciliaten zu identifizieren und eventuell sogar (mit DNS-gerichteten Sonden) auf den Besitz bestimmter Gene zu untersuchen [5].

Die vorliegende Studie zeigt, welche Probleme FISH an Pansen-Ciliaten in sich birgt, wie sie gelöst werden können und insbesondere welche Gensonden bisher erfolgreich getestet wurden. Weiter wird gezeigt, wie die FISH-Technik in Verbindung mit Konfokaler Laser Raster Mikroskopie zur Untersuchung der Zellmorphologie von Pansen-Ciliaten beitragen kann.

[1] Dogiel (1927): Arch. Protistenkd. 59(1): 1-288

[2] Williams, Coleman (1992): Springer Verlag, Berlin

[3] Amann R. et al. (1995): Microbiol. Rev. 59: 143-169

[4] Fried et al. (2002): Syst. Appl. Microbiol. 25: 555-571

[5] Zwirgmaier et al. (2004): Mol. Microbiol. 51(1): 89-96

Förderung: CIMES – Ciliates as monitors for environmental safety. EU-Projekt QLK3-CT-2002-02151

*Epistylis, Opercularia und Carchesium*  
**Phylogenie peritricher Ciliaten basierend auf  
18S-rDNS Sequenzanalysen**

**Fried Johannes, Wulff Katharina, Ludwig Wolfgang & Schleifer Karl Heinz**

*Lehrstuhl für Mikrobiologie, Technische Universität München, Am Hochanger 4, D-85350 Freising, Germany*

Untersuchungen zu den verwandtschaftlichen Beziehungen peritricher Ciliaten wurden aufgrund ihrer morphologischen Vielgestaltigkeit bisher sehr unterschiedlich interpretiert. Sequenzanalysen der 18S-rDNS von Ciliaten und daraus ableitbare Verwandtschaftsmuster ergaben in den letzten Jahren ein zum Teil neues Bild vom Stammbaum der Ciliaten.

In der vorliegenden Studie wurden aus Kläranlagen mehrere peritriche Ciliaten der Gattungen *Epistylis*, *Opercularia* und *Carchesium* isoliert und nach vergleichenden 18S-rDNS-Sequenzanalysen ein Stammbaum dieser Organismen erstellt. Dieser zeigt, dass eine Gruppe, bestehend aus Vertretern der Vorticellidae und der Rovinjellidae, mit der Gruppe der Epistylidae nah verwandt ist, während hingegen Opercularia mit beiden Gruppen nur eine geringe Verwandtschaft zeigt. Die Ergebnisse werden mit nach morphologischen Charakterisika erstellten phylogenetischen Analysen verglichen und diskutiert.

## **Beziehungen zwischen Diversität, Produktivität und Stabilität in einfachen mikrobiellen Nahrungsgeweben aus der Antarktis**

**Garstecki Tobias & Newsham Kevin**

*British Antarctic Survey, High Cross, Madingley Road, Cambridge CB3 0ET, GB*

Die Frage nach der Bedeutung der Diversität für die Produktivität und Stabilität von Lebensgemeinschaften ist eine zentrale ökologische Frage und erhält angesichts des weltweiten Rückgangs der Artenvielfalt zusätzliche Aktualität. Experimentelle Ansätze zu ihrer Beantwortung sind jedoch mit dem Problem konfrontiert, daß sich die Diversität von Freilandgemeinschaften nur schwer manipulieren läßt, während eine realistische Rekonstruktion dieser Gemeinschaften unter kontrollierten Bedingungen meist nicht möglich ist. Terrestrische und limnische Lebensgemeinschaften der Antarktis sind dagegen relativ artenarm und von Mikroorganismen dominiert, was eine Rekonstruktion in Labor-Mikrokosmen erleichtert.

Das Poster zeigt Ergebnisse eines solchen Mikrokosmos-Experimentes mit einem einfachen Bakterien/Bakterivoren-System: Zufallskombinationen von zwei, vier und sechs Kulturen bakterivorer Flagellatenarten aus der Antarktis wurden mit einer identischen Bakteriengemeinschaft in einem Batchsystem inkubiert und durch Temperaturerhöhungen gestört. Flagellatengemeinschaften mit größerer Artenzahl wiesen temperaturunabhängig einen höheren Biovolumen-Ertrag und eine höhere Ammoniumakkumulation auf als artenärmere Gemeinschaften. Das Gesamtbiovolumen war in den Mikrokosmen mit höherer Artenzahl stabiler (weniger variabel). Unsere Ergebnisse zeigen also einen positiven Effekt der Artenzahl auf die Produktivität und die Stabilität dieses Nahrungsgewebes und Auswirkungen auf seine Funktion im Nährstoffkreislauf. Das Poster diskutiert Mechanismen, die diesen Ergebnissen zugrundeliegen könnten, sowie ihre Relevanz für mikrobielle Nahrungsgewebe im Freiland.

## **The potential role of marine scavenging guilds in the transmission of the parasitic dinoflagellate *Hematodinium* sp.**

**Hamilton Kristina, Morrith David & Shaw Paul**

*School of Biological Sciences, Royal Holloway, University of London, Egham, Surrey, TW20 0EX, e-mail: K.Hamilton@rhul.ac.uk*

An extracellular dinoflagellate, *Hematodinium* sp. (Syndinea) has recently been identified in the scampi or Norway lobster, *Nephrops norvegicus* in the north-east Atlantic. The infection can be diagnosed by abnormal coloration of the carapace and haemolymph, and flesh with 'cotton-wool' appearance. Death is caused by anoxia due to severe reduction of oxygen-carrying capacity of the host. *Hematodinium* spp. have been observed in other crustacean species and are known to cause epizootics and damage fishery industries. *Hematodinium* sp. causes Bitter Crab Disease (BCD) in the Alaskan crabs (*Chionoecetes* spp.) and Pink Crab Disease (PCD) in the edible crab *Cancer pagurus* in France. To date no complete *in vivo* life-cycles of *Hematodinium*-like dinoflagellates have been described, and *in vitro* life cycles vary depending on host species. It is suggested that vegetative trophonts form multinucleate plasmodia, which compact and form clump colonies generating uninucleate trophonts. Trophonts conglomerate and become arachnoid sporonts, and sporoblasts are released from a raised centre. The multinucleate sporoblasts eventually give rise via sporogenesis to two morphologically distinct uninucleate dinospores: macro- and microspores. These mobile spores escape through the gills of the moribund crustaceans. No cyst formation has been observed and dinospores survive in seawater only up to 7 weeks, which suggests transmission via an intermediate host. Infection may be via ingestion or cracks in the cuticle. On the west coast of Scotland peracarids, brachyuran crabs and copepods are amongst possible intermediate *Hematodinium*-hosts as they scavenge on *Nephrops* carrion and are in turn preyed on by the scampi. These species will be investigated as likely parasite repositories using ELISA and an 18S rRNA gene-targeted PCR based diagnostic incorporating PCR primers specific to *Hematodinium* from *Nephrops*. On possible detection of the parasite histological studies will be undertaken to determine if these crustaceans are genuinely infected or carry the parasite in their guts.

## **Cryptophyceen der Darß-Zingster Boddenkette: Zu den Ursachen der Winterblütenbildung**

**Hammer Astrid<sup>1</sup>, Schumann Rhena & Schubert Hendrik**

<sup>1</sup> *Department of Biology, University of York, PO Box 373, York YO10 5YW, GB, email: ah44@york.ac.uk*

*Universität Rostock, Institut für Aquatische Ökologie, A.-Einstein-Str. 3, 18059 Rostock*

Unter Bedingungen stark eingeschränkter Lichtverfügbarkeit und niedriger Temperatur, wie sie in der winterlichen Darß-Zingster Boddenkette (südliche Ostseeküste) angetroffen werden, erreichen Cryptophyceen (phototrophe Phytoflagellaten) hohe Abundanzen. Gegenstand dieser Studie war es, die Ursachen der Blütenbildung zu erforschen. Dabei wurde besonderes Augenmerk gerichtet auf eine mögliche extreme Schwachlichtanpassung, herabgesetzte metabolische Aktivität sowie auf die Fähigkeit zur Mixotrophie. In Abhängigkeit von Lichtintensität und Temperatur wurden die genannten Parameter für die ökophysiologisch repräsentative Art *Rhodomonas salina* untersucht.

Die Lichtsättigungspunkte der Photosynthese ( $E_k$ ) als Lichtanpassungsparameter zeichneten sich für eine gegebene Temperatur durch Konstanz im untersuchten Lichtbereich aus. Ein Quotient aus  $E_k$  und der Wachstumslichtdosis ( $E_g$ ),  $E_k/E_g$ , von  $\leq 1$ , konnte nur für Kulturen gemessen werden, die bei  $\geq 60 \mu\text{mol Photonen m}^{-2} \text{s}^{-1}$  angezogen wurden, d.h. Kulturen unterhalb dieser Lichtdosis waren lichtlimitiert. Mit abnehmender Temperatur wurden Phycobiliproteine selektiv reduziert, was eingeschränkte Lichtsammlung bei Niedrigtemperaturen zur Folge hatte. Trotz nicht nachgewiesener Schwachlichtanpassung und obwohl eine positive Netto-Photosynthese erst für Kulturen  $> 30 \mu\text{mol Photonen m}^{-2} \text{s}^{-1}$  gemessen werden konnte, wurde bei  $10 \mu\text{mol Photonen m}^{-2} \text{s}^{-1}$  für alle Inkubationstemperaturen signifikantes Wachstum verzeichnet. Simultane Messungen der anorganischen Kohlenstofffixierung und der heterotrophen Kohlenstoffaufnahme durch *R. salina* ergaben, dass die Ernährung der Alge unter Schwachlicht und niedriger Temperatur ( $< 30 \mu\text{mol Photonen m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ,  $< 10^\circ\text{C}$ ) stärker durch die Aufnahme von organischem Kohlenstoff als durch Photosynthese bestimmt wurde. Der relative Beitrag der Heterotrophie erhöhte sich mit abnehmender Temperatur bis auf 93% der Ernährung. Diesen Ergebnissen entsprechend stellt die Ingestion von Bakterien und DOC für *R. salina* eine alternative Kohlenstoffquelle unter Licht- und Temperaturmangelsituationen dar.

## **Characterization of macronuclear tubulin gene minichromosomes in the hypotrich ciliate *Euplotidium itoi***

**Hartmann Manuela, Petroni Giulio, Ludwig Wolfgang & Schleifer Karl-Heinz**

*Lehrstuhl fuer Mikrobiologie, TU-Muenchen, Am Hochanger 4, D-85354 Freising, Germany*

*Dipartimento di Etologia, Ecologia, Evoluzione, Universita' di Pisa, via A. Volta n°4/6, 56126 Pisa, Italy*

We characterized macronuclear tubulin gene minichromosomes in the hypotrich ciliate *Euplotidium itoi* using a combination of methods. 3' single-stranded telomeric overhangs were extended with the addition of a homopolymeric tail by terminal deoxynucleotidyl transferase and then ligated to an anchor primer. The amplification of the different tubulin gene isoforms was performed using an internal primer combined with an anchor primer. Afterwards, the complete minichromosomes were reconstructed using the two overlapping fragments. During the study, some other complete minichromosomes, bearing unrelated genes, were also sequenced.

We characterized at least 2 isoforms of alpha-tubulin, 5 isoforms of beta-tubulin, and 2 isoforms of gamma-tubulin. The active expression of the more unusual isoform, beta-tubulin type 3, was also confirmed by RT-PCR.

A detailed analysis on the structure of these genes, including nucleotide and amino acid differences among tubulin gene isoforms, polyadenylation sites, putative chromosome fragmentation sites, ATGC-content in coding and non-coding region, stop codon usage, telomere sequence and length will be presented as well as some preliminary data on alpha- and beta-tubulin micronuclear organization.

## **Wirkung von Protozoen und Mykorrhiza auf das Wachstum von Weizen**

**Henkes G., Kreuzer K. & Bonkowski M.**

*FB Biologie, TU-Darmstadt, Schnittpahnstr. 3, D-64287 Darmstadt*

Weizen wurde in Split-Root Boxen in defauniertem und mit einer Bakteriensuspension reinokuliertem Boden angezogen. Eine Seite des Wurzelsystems wurde wechselweise mit Nacktamoeben (*Acanthamoeba castellanii*), axenischer Mykorrhiza (*Glomus intraradices*) oder beiden Organismen beimpft. Protozoen und Mykorrhiza hatten konträre Wirkungen auf die Wurzelarchitektur und Nährstoffversorgung der Pflanzen. Protozoen steigerten das Pflanzenwachstum, Mykorrhiza dagegen wirkte als Pflanzenparasit, doch wurde die nachteilige Wirkung des Symbionten durch Protozoen kompensiert.

## **Darstellung von Mikroalgen-Biodiversitätsdaten im Internet: Das Plankton\*net-Projekt**

**Hoppenrath Mona<sup>1,2</sup>, van Beusekom J.<sup>2</sup>, Wiltshire K.H.<sup>1</sup> & Patterson D.J.<sup>3</sup>**

<sup>1</sup> AWI, *Biologische Anstalt Helgoland, Kurpromenade, D-27498 Helgoland*

<sup>2</sup> AWI, *Wattenmeersation Sylt, Hafenstr. 43, D-25992 List/Sylt*

<sup>3</sup> *School of Biological Sciences, Heydon Laurence Building, University of Sydney, Sydney NSW 2006*

Die auf Helgoland und Sylt über viele Jahre erhobenen Daten zur Phytoplankton-Artenzusammensetzung sollen in Form einer taxonomischen Datenbank im Internet präsentiert werden. Abbildungen und Beschreibungen von 293 Arten (172 Diatomeen, 108 Dinoflagellaten, 5 Prymnesiophyceen, 2 Raphidophyceen und 6 weitere Taxa) sollen bis Ende des Jahres abrufbar sein. Die Datenbank wird als Teil eines bereits existierenden Systems – micro\*scope / star\*site – etabliert, um die dort vorhandenen Bioinformatik-Funktionen zu nutzen. Die Software der star\*sites kommt aus dem uBio-Projekt (universal Biological indexer and organizer). Mit ihrem Kern-System, dem „Taxonomic Name Server“ (TNS), kann sie das Internet besonders effektiv auf artbezogene Daten durchsuchen. Bestimmungsschlüssel, wie z.B. Lucid-Keys, können über die Verknüpfung der Taxa mit diesem System, auf alle weiteren Informationsquellen zugreifen.

Das Plankton\*net-Projekt hat zum Ziel, nicht nur die taxonomischen Phytoplankton-Daten des AWI zu veröffentlichen, sondern auch eine „Vorlage“ für weitere Datensätze dieser Art zu liefern und somit der Ausgangspunkt für ein europäisches/internationales Netzwerk zu sein.

## ENDOSYMBIONTEN FREI LEBENDER AMÖBEN

**Matthias Horn**

*Abteilung Mikrobielle Ökologie, Universität Wien, Althanstr. 14, 1090 Wien*

Frei lebende Amöben stehen in vielfältigen Wechselbeziehungen mit Bakterien. Sie ernähren sich von Mikroorganismen oder dienen als Vermehrungsvehikel für humanpathogene Bakterien. Eine Vielzahl frei lebender Amöben beherbergen zusätzlich in ihrem Zellinneren Bakterien, mit denen sie stabile Lebensgemeinschaften eingehen. Erst der Einsatz moderner, molekularbiologischer Techniken ermöglichte die Identifizierung dieser Endosymbionten und führte zur Entdeckung bisher unbekannter Bakterien – die zum Teil nicht nur Protozoen, sondern möglicherweise auch den Menschen infizieren. Die vollständige Sequenzierung des Genoms eines Chlamydien-ähnlichen Symbionten von Akanthamöben lieferte erste Einblicke in die Interaktion zwischen Chlamydien-verwandten Bakterien und ihren Wirtszellen und erlaubte Rückschlüsse auf die Evolution dieser medizinisch bedeutenden Bakteriengruppe. Phylogenetische Untersuchungen zeigen, dass wichtige Virulenzfaktoren humanpathogener Chlamydien bereits vor mehr als 700 Millionen Jahren im letzten gemeinsamen Vorfahren symbiontischer und pathogener Chlamydien entwickelt wurden. Die Interaktion zwischen Bakterien und frühen Protozoen – lange vor der Entstehung des Menschen – war somit ein wichtiger und entscheidender Schritt in der Evolution intrazellulärer, humanpathogener Bakterien.

## **Qualitative und quantitative Analyse bakterivorer Nanoflagellaten in Mikrokosmosexperimenten**

**Jürgens Klaus<sup>1</sup>, Mylnikov Alexander P.<sup>2</sup> & Schilling Mario<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>*Institut für Ostseeforschung Warnemünde (IOW), Seestr. 15, 18119 Rostock*

<sup>2</sup>*Institute for the Biology of Inland Waters, Russian Academy of Sciences, Borok, Yaroslavskaya oblast 152742, Russian Federation*

In Labor-Mikrokosmosexperimenten wurde untersucht, wie sich der Einfluss von Nahrungsqualität (Zugabe verschiedener Bakterienarten) und Nahrungsquantität (Zugabe verschiedener Bakterienkonzentrationen) auf die Entwicklung bakterivorer Nanoflagellaten auswirkt. Als Ausgangsmaterial diente Plankton eines mesotrophen Sees, aus dem vorher Metazoen und große Protisten abfiltriert wurden. Die Kombination verschiedener Methoden (Epifluoreszenzdirektzählung, Lebendzählung, Identifikation in Licht- und Elektronenmikroskopie, PCR-DGGE und Sequenzierung) ermöglichte sowohl eine Quantifizierung als auch eine Artenanalyse der Flagellatensukzession. Die Ergebnisse aus mikroskopischen und molekularen Techniken stimmten gut überein und ergaben, dass Veränderungen in den Nahrungsressourcen nur einen sehr geringen Einfluss auf die Flagellatendiversität hatten. Einer insgesamt hohen Artenzahl (29 identifizierte Taxa) stand in allen Ansätzen eine geringe Diversität (Shannon-Index) gegenüber. Grund dafür war die starke Dominanz von heterotrophen Chrysoomonaden der Gattungen *Spumella* und *Paraphysomonas*. Nur bei hohen Nahrungskonzentrationen und gleichzeitiger Aggregatbildung traten, zu einem später Zeitpunkt der Sukzession, vermehrt substratassoziierte Formen (z.B. Bodoniden) und räuberische Arten (z.B. Thaumatomonaden) auf.

**Video documentation of three giant ciliates:  
*Bresslauides discoideus*, a Laurasian endemic;  
*Condylostomides* n.sp., a Gondwanan endemic;  
and *Blepharisma americanum*, a cosmopolite**

**Kage Manfred P.<sup>1</sup>, Kage Christina<sup>1</sup> & Foissner Wilhelm<sup>2</sup>**

<sup>1)</sup> *Institut für wissenschaftliche Fotografie, D-73111 Lauterstein, Germany*

<sup>2)</sup> *Universität Salzburg, Institut für Zoologie, A-5020 Salzburg, Austria*

Giant ciliates are easily recognizable and thus “flagships” in a biogeographical context. Several such flagships are known and have a restricted Laurasian/Gondwanan distribution, for instance, *Neobursaridium gigas* and *Frontonia vesiculosa*, which reach 1 mm length and are restricted to South America and Africa; *Loxodes rex* reaches 1.2 mm and has been reliably reported only from tropical Africa; and an up to 800 µm long tetrahymenide ciliate was discovered recently in bromelian tanks from Central America. All these and several others are likely Gondwanan endemics. In contrast, *Bresslauides discoideus* is a Laurasian endemic, although the present population is from the Laurasian/Gondwanan transition zone, viz., from bromelian tanks of the Dominican Republic. *Bresslauides discoideus* is a massive, up to 600 µm large, predaceous colpodid ciliate, which forms resting cysts when environmental conditions become adverse. In spite of its large size, this ciliate has an r-selected life strategy because it reproduces, like typical colpodids, quickly in division cysts with up to eight offspring. *Condylostomides* sp., in contrast, is a k-selected, omnivorous ciliate which hardly grows at temperatures  $\leq 20^{\circ}\text{C}$ , divides in the ordinary way and slowly, and loses the capability to form resting cysts on prolonged laboratory cultivation. This heterotrich ciliate is a real flagship because it reaches a length of 400 µm and has a conspicuous greenish colour due to cortical pigment granules. The population shown represents a new species and was discovered in salt marsh soil from the north coast of Venezuela; later it was found in Brazil and in a mangrove swamp of the Dominican Republic. This suggests that it is a Gondwanan endemic. *Blepharisma americanum* is also a k-selected heterotrich ciliate and likely a cosmopolitan which mainly feeds on bacteria, grows over a wide range of temperatures, divides rather quickly in the ordinary way, and loses the capability to form resting cysts on prolonged laboratory cultivation. It reaches a length of 300 µm and is conspicuously pink due to cortical pigment granules.

(Supported by the Austrian Science Foundation, FWF project P-15017.)

## **Der Anheftmechanismus der ektobiontischen Bakterien an Flagellaten aus der Termitenart *Mastotermes darwiniensis***

**Karaman Gülcan, Hausmann Klaus & Radek Renate**

*Institut für Zoologie, FU Berlin*

Der Anheftmechanismus der ektobiontischen Bakterien wurde bei zwei Termitenflagellaten untersucht. Bei *Mixotricha paradoxa* haften Stäbchen und die Spirochäten in einem bestimmten Muster an den spezialisierten Anheftstellen. Es handelt sich dabei um Erhebungen mit komplexen Innenstrukturen. Bis auf die Ingestionszone ist die ganze Zelloberfläche mit Ektobionten besetzt, die ohne Zweifel die treibende Kraft für die Vorwärtsbewegung der Flagellaten sind. Die Zuckerszusammensetzung der Oberflächenstrukturen ist nicht vollständig geklärt. Sie scheint für die Bakterienanheftung nicht von Bedeutung zu sein. Bei der Adhäsion von Bakterien sind Protein-Protein-Wechselwirkungen beteiligt. Auch hydrophobe Wechselwirkungen ließen sich nachweisen. Nach einer Antibiotikumbehandlung kommt es zu einer Veränderung der Anheftstellen und inneren Strukturen, und die Bakterien lösen sich ab. Am Hinterende von *Deltotrichonympha operculata* sind nur Spirochäten angeheftet, die allerdings nicht für die Fortbewegung notwendig sind. Die Adhäsionsstrukturen der ektobiontischen Bakterien sind bei diesem Flagellaten nicht so kompliziert aufgebaut. Es sind keine spezifischen Anheftstrukturen vorhanden. Die Bakterien haften wahllos an der Zelloberfläche. Die Plasmamembran kann an den Anheftstellen der Spirochäten eingesenkt sein; dies ist jedoch nicht die Regel. Es wurden Zucker gefunden, die für die Anheftung der Spirochäten von Bedeutung sein könnten. Bei der Adhäsion von Bakterien spielen Protein-Protein-Wechselwirkungen eine Rolle. Ein interessantes Ergebnis ist die morphologische Veränderung der Spirochäten an beiden untersuchten Flagellatenarten nach einer Antibiotikumbehandlung der Termiten. Es konnte gezeigt werden, dass die Spirochäten sich in Cysten umwandeln. Diese morphologische Veränderung wird als eine Überlebensstrategie interpretiert, die von frei lebenden (meist pathogenen) Spirochäten – jedoch nicht von Ektobionten an Termitenflagellaten – bei Verschlechterung der Lebensbedingungen bereits bekannt ist.

## **Ein neuer Endoparasit in Wurzeln von Weinreben: *Sorosphaera viticola* nom. prof. (Plasmodiophoromycota)**

**Kirchmair Martin & Huber Lars \***

*Institut für Mikrobiologie, Leopold-Franzens Universität Innsbruck, Technikerstraße  
25, A-6020 Innsbruck, Österreich*

*\*Institut für Zoologie, Johannes-Gutenberg Universität Mainz, Müllerweg 6, D55099  
Mainz, Deutschland*

Im Rahmen des DFG-Forschungsprojekts EI 87/6-1 wurden in Reblaus-induzierten Wurzelgallen im Frischwurzelsystem von Reben (*Vitis berlandieri* x *V. riparia*) Dauersporen eines Plasmodiophoriden entdeckt. Bei der Durchsicht von Paraffinschnitten Reblaus-freier Feinwurzeln konnten auch hier kleine nekrotische Stellen mit großen Mengen von Dauersporen gefunden werden. Die Sporen aggregieren zu Hohlkugeln von 8µm–16µm Durchmesser. Die einzelnen Sporen sind schüsselförmig mit einem Durchmesser von 4µm–5µm und einer Dicke von 2,5µm–3µm. Die Aggregation der Dauersporen zu Hohlkugeln sog. Sporosori ist typisch für die Gattung *Sorosphaera*.

Unser Parasit unterscheidet sich morphologisch und durch die Wahl des Wirtes deutlich von anderen Arten der Gattung. Es handelt sich dabei um den weltweit ersten Beleg eines plasmodiophoralen Parasiten bei *Vitis*.

In ersten Ultrastrukturuntersuchungen konnte der Öffnungsmechanismus der dickwandigen Dauersporen beobachtet werden. Die innerste Schicht der mehrschichtigen Zellwand quillt bei Reife im Bereich der schüsselförmigen Vertiefung. Infolge wird in diesem Bereich die äußere, starre Wand wie ein Deckel abgesprengt. Neben den Dauersporen konnten auch andere Stadien des Lebenszyklus des Parasiten beobachtet werden: Mehrkernige Plasmodien lösen die Zellwände der Wurzelparenchymzellen auf und infizieren durch die entstandenen Poren die benachbarten Zellen.

Plasmodiophoride sind nicht nur als intrazelluläre Parasiten von Kulturpflanzen, sondern auch als Vektoren verschiedener Pflanzenviren gefürchtet. Alle dahingehend untersuchten Arten können Viren übertragen. Darüber hinaus sind die Übertragungswege und Vektoren einer Vielzahl von Weinviren bislang nicht oder nur sehr unzureichend untersucht. Somit könnte dem neu entdeckten Parasiten nicht nur eine ökologische sondern auch eine ökonomische Bedeutung zukommen. Ein DFG-Projekt zur Untersuchung dieser Fragestellungen wurde beantragt.

## Phagozytose und intrazelluläre Verdauung bei *Amoeba proteus*

**Klein H. P.**

*Institut für Didaktik der Biologie, Fachbereich Biologie und Informatik, Johann Wolfgang Goethe-Universität, Sophienstr. 1-3, 60487 Frankfurt*

Die eigentliche Form der Nahrungsaufnahme bei Amöben stellt die Phagozytose dar. Besonders geeignete Futterorganismen für die Amöben sind bewimperte Einzeller, insbesondere *Tetrahymena*. Kurz nach Zugabe der Beutetiere stellen die Amöben ihre gerichtete Fortbewegung ein und bilden breite Pseudopodien in alle Richtungen des Raumes aus. Eine Berührung mit den Ciliaten leitet die typischen Fangbewegungen ein, indem sich an der Kontaktstelle schnell ein oder mehrere Pseudopodien ausbilden, die den Beuteorganismus in Form einer regelrechten Falle schnell zu umfließen suchen. In der so entstandenen Höhle, die basal durch den Boden des Kulturgefäßes begrenzt ist, wird das Beutetier eingeschlossen. Anfangs sind die gebildeten Höhlen noch relativ groß, sodass sich die *Tetrahymena*-Ciliaten noch frei bewegen können. Die allmähliche Verkleinerung der Falle erfolgt aber immer auf die gleiche Art und Weise: die hyalinen Randbereiche der cytoplasmatischen Höhle verkleinern sich irisblendenartig und bewegen sich nach innen aufeinander zu. Ursache dieser Vakuolenbildung und der nachfolgenden Verkleinerung sind lokale Kontraktionen des Zellkortex, bestehend aus den kontraktilen Proteinen Actin und Myosin. Durch Verschmelzen der hyalinen Plasmabereiche ist schließlich ein Phagosom entstanden, das den noch lebenden Ciliaten beinhaltet. In vielen Fällen werden die gebildeten Phagosomen zum Hinterende der Tiere befördert und dort mittels cytoskelettärer Elemente fixiert, währenddessen die Amöbe durch Ausbildung weiterer Pseudopodien durchaus ihre Beutezüge fortsetzt. Raster-Elektronenmikroskopische Aufnahmen verdeutlichen den Bildungsmechanismus der Fallen: die ausgebildete Höhle wird von zwei seitlichen und je einem dorsalen und basalen Pseudopodium begrenzt, so dass bei auftretenden Berührungsreizen die Falle schnell geschlossen werden kann.

Betrachtet man die intrazelluläre Verarbeitung über einen längeren Zeitraum, so wird deutlich, dass die Phagosomen durch lokale Kontraktilität der hyalinen Plasmabereiche um die Vakuole herum weiter verkleinert werden. Die intrazelluläre Abtötung und Verdauung der aufgenommenen Beutetiere beginnt dabei immer mit einer Ansäuerung der gebildeten Phagosomen. Durch die zusätzliche pH-Wert Absenkung ist die Beweglichkeit der Beutetiere insgesamt nun stark eingeschränkt. Die Ansäuerung wird durch Konfluation von Acidosomen verursacht, die stark saure Kompartimente darstellen. Die weitere Verdauung der Organismen erfolgt durch in die Vakuolen sezernierte Lysosomen, die durch den Inhalt zahlreicher lytischer Verdauungsenzyme gekennzeichnet sind und dem Golgi-Apparat entstammen. Diese älteren Verdauungsvakuolen bezeichnet man auch als Phagolysosomen. Zudem verfügen die Amöben über einen großen Vorrat weiterer so genannter präexistenter Lysosomen, die bereits vor der Phagozytose im Cytoplasma vorhanden waren. Amöben können so bis zu 30 Beutetiere und mehr über einen kurzen Zeitraum aufnehmen. Ein begrenzender Faktor für weitere Phagozytosen stellt die abnehmende Außenmembranfläche dar. Bedingt durch die hohe Aktivität filamentöser Strukturen im Bereich der Nahrungsvakuolen sind die Amöben dann in der Regel kaum noch beweglich. Eine Analogie zum Essverhalten der Menschen lässt sich nicht unbedingt leugnen.

## **Wirkung von Protozoen auf Wurzelarchitektur von Reis**

**Kreuzer K., Kern Ch., Herdler S. & Bonkowski M.**

*FB Biologie, TU-Darmstadt, Schnittspahnstr. 3, D-64287 Darmstadt*

Sterile Reiskeimlinge wurden in Petrischalen auf Agar mit einem Inokulum diverser Rhizospärenbakterien in Behandlung ohne und mit Acanthamöben (*Acanthamoeba castellanii*) angezogen. Die Reispflanzen in Behandlungen ohne und mit Amöben entwickelten stark unterschiedliche Wurzelarchitekturen. Protozoen förderten besonders die Entwicklung primärer lateraler Feinstwurzeln, und durch die vergrößerte Wurzeloberfläche waren die Pflanzen in der Lage mehr Nährstoffe aufzunehmen. Wir nehmen an, dass Veränderungen der Wurzelarchitektur der Pflanze entscheidend zur Wachstumsfördernden Wirkung von Protozoen beitragen

## **Räumliche und zeitliche Dynamik der benthischen Ciliaten in der Mittleren Elbe**

**Kröwer Sandra<sup>1</sup> & Zimmermann-Timm Heike<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>*Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Ökologie, AG-Limnologie, Carl-Zeiss-Promenade 10, D - 07745 Jena, Tel. 03641/642713, Fax 03641/643325, E-Mail: Sandra.Kroewer@uni-jena.de*

<sup>2</sup>*Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung e.V., Telegrafenberg, PF 601203, D - 14412 Potsdam, Tel. 0331/2882403, Fax 0331/2882648, E-Mail: Heike.Zimmermann-Timm@pik-potsdam.de*

Die Dynamik der Ciliatenzönosen im Benthos der Mittel- und Oberelbe wird durch viele Umweltfaktoren beeinflusst. Strömungsgeschwindigkeit und Turbulenz bewirken in den oberen Bereichen der Mittel- und Oberelbe ein Aussedimentieren schwerer Materialien, während die feinen Sedimente flussabwärts transportiert werden. Im Längsprofil der Mittel- und Oberelbe bildet sich somit ein Gradient heraus – von steinig/kiesigen, über kiesig/sandige bis hin zu sandig/muddigen Sedimenten. Diese Veränderung der Sedimentqualität (Korngrößen, Sortierungsgrad, Sauerstoffgehalt und Gehalt an organischen Stoffen) hat einen entscheidenden Einfluß auf die Verteilung der benthischen Organismen (ALTMANN 1999, FENCHEL 1969, PATTERSON *et al.* 1989, GIÈRE 1993) im Längsverlauf der Mittel- und Oberelbe.

Doch auch im Querprofil wird deutlich, dass sich Unterschiede in der Turbulenz bzw. der Wassertiefe auf die Zusammensetzung der Ciliatenzönose auswirken. Zum Teil treten in den strömungsberuhigten Bühnenfeldern völlig andere Ciliatenzönosen auf, denn die Korngrößen, Sauerstoffwerte und der Gehalt an organischen Stoffen unterscheidet sich in diesen Sedimentationsbereichen deutlich vom Hauptstrom.

Für die saisonale Verteilung der Ciliaten ist vor allem die Verfügbarkeit bestimmter Nahrungsorganismen von Bedeutung (heterotrophe Flagellaten und Algen). Diese Organismen unterliegen, wie die Ciliaten selbst, dem Einfluß von Temperatur und Licht (BARTON & LOCK 1979). Darüber hinaus spielt für die saisonale Verteilung der Ciliaten die Hochwasserdynamik eine wichtige Rolle. Während eines Hochwassers werden durch die erhöhte Turbulenz kleine und leichte Partikel aus dem Sediment ausgespült und mit der fließenden Welle abtransportiert, das gilt auch für die Ciliaten bzw. ihre Nahrungsorganismen. Eine hohe Turbulenz führt aber auch zum Eintrag von sauerstoffreichem Wasser in das Sediment und somit zu einer guten Durchlüftung der Stromsohle (BFG 1996).

Unsere Untersuchungen erfolgten innerhalb von zwei Taucherschachtkampagnen im Frühjahr und Herbst des Jahres 2001. Dabei wurden an drei verschiedenen Orten der Mittel- und Oberelbe Quertransekte gelegt und pro Quertransekt drei Stellen mit jeweils 3 - 5 Tiefenhorizonten sowie den entsprechenden Bühnenfeldern beprobt. Die Ergebnisse liefern „merk-würdige“ Ansätze über die Funktion der Gemeinschaft kleinster Organismen in einer „bedeutenden“ Umwelt.

## **Analysis of ciliate diversity in soils using 18S rDNA clone libraries and denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE)**

**Lara Enrique, Jousset Alexandre, Harms Hauke & Chatzinotas Antonis**

*Swiss Federal Institute of Technology Lausanne (EPFL), ENAC-ISTE, Laboratory of Soil Microbiology, 1015 Lausanne, Switzerland*

The aims of this project are to develop culture-independent molecular methods as a complement to conventional methods that require cultivation for the analysis of the protistan community in terrestrial systems. In particular we are interested in studying the impact of PAH pollution on the protistan community.

Two approaches were applied: Firstly, we created environmental 18S rDNA clone libraries using specific ciliate primers. DNA was isolated from a clay rich PAH-polluted and a pristine soil using a bead-beating method. Sequence analysis indicated that ciliate diversity was lower in PAH polluted soils, which contained mostly sequences from r-selected ciliates (e.g. *Colpodea*). In contrast to that, 18S rDNA clone libraries from pristine soil were characterized by a broad taxonomic range including *Haptorina*, *Cyrtophorida*, *Scuticociliata* and *Oligohymenophorea*.

Secondly, a specific fingerprinting protocol using denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) was also developed in order to assess the variability of ciliate 18S rDNA pools within a large number of samples. DGGE analysis indicated a high spatial variability of ciliate communities, which has to be taken into account for future studies using molecular screening tools.

## Identification of a “bacterial” gene in *Nyctotherus ovalis*

**Moon-van der Staay Seung Yeo, van der Staay Georg W.M., Donders Maarten & Hackstein Johannes H.P.**

*Department of Evolutionary Microbiology, Faculty of Science, Toernooiveld 1, NL6525ED Nijmegen, The Netherlands*

A gene encoding a protein with significant homology to bacterial Penicillin Binding Proteins (PBPs) was identified in the anaerobic ciliate *Nyctotherus ovalis* that thrives in the hindgut of the cockroach *Blaberus spec. var. Amsterdam*. In bacteria, PBP is involved in cell-wall biosynthesis, and there are no reports on the presence of such genes in Eukaryotes until now. Therefore, the PBP gene of *N. ovalis* might have been acquired by lateral gene transfer from bacteria.

The PBP gene is an integral part of the *N. ovalis* genome, because we were able to localise this gene on a macronuclear gene-sized chromosome. Analysis of the complete sequence of this chromosome reveals the presence of telomeres on both sides of the gene, identifying it unequivocally as a genuine macronuclear chromosome of *N. ovalis*. Moreover, the PBP gene is expressed properly as judged from the corresponding cDNA. However, the function of this PBP gene in *N. ovalis* remains unclear.

Supported by EU contract QLK3-2002-02151 “CIMES”

## **Diversity of rumen ciliates in a red deer assessed from molecule and morphology**

**Moon-van der Staay Seung Yeo, van der Staay Georg W.M., Michalowski Tadeusz\*, Jouany Jean-Pierre\*, Newbold Jamie\* & Hackstein Johannes H.P.**

*Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Sci., University of Nijmegen, Toernooiveld 1, NL6525ED Nijmegen, The Netherlands, and \*ERCULE.COM*

Here we assess the diversity of the rumen ciliates of a red deer (*Cervus elaphus*) using two independent approaches: (i) sequencing of 18S rDNA from the total rumen contents on the one hand, and manual isolation and identification based on morphology on the other hand.

A library of 18S rRNA genes was created from the rumen contents of a red deer, and 72 clones were sequenced partially. All sequences were from ciliates. With the aid of the sequences of validated representatives of rumen ciliates retrieved from the culture collection of the ERCULE project ([www.ercule.com](http://www.ercule.com)), we were able to identify the phylogenetic positions of the 51 different ciliate clones found in the rumen. Studying a formaldehyde-fixed aliquot of the same sample using light-microscopy, 22 ciliate species could be distinguished at the morphological level. Several clones clustered with the morphologically identified type species, but they were still significantly different at the 18S rDNA level. Moreover, morphologically very similar groups that have been assigned tentatively to the same genus were found to consist of many phylogenetically distinct lineages at the 18S rDNA level. Thus, ciliates in the rumen of the red deer are likely to be much more diverse than assumed previously on the basis of morphological studies.

This work was supported by the EU infrastructure grant QLRI-CT-2000-01455, ERCULE.

## **Gut ciliates from mammals are monophyletic**

**Moon-van der Staay Seung Yeo, van der Staay Georg W.M., Newbold Jamie\*,  
McEwan Neil R.\*, Michalowski Tadeusz\*, Javorský Peter\*, Jouany Jean-Pierre \*  
& Hackstein Johannes H.P.**

*Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Sci., University of Nijmegen, Toernooiveld 1,  
NL6525ED Nijmegen, The Netherlands, and \*ERCULE.COM*

The foreguts and hindguts of many herbivorous mammals host a community of very diverse microorganisms. The eukaryotes are predominantly represented by ciliates. The evolutionary history of these ciliates is still a matter of discussion. Although detailed knowledge about the diversity of the ciliates is the key to address this question, the conventional approach based on morphology has limitations when one tries to assess the ciliate diversity. The limited number of morphological characters, a general problem in the current protist taxonomy, and in particular, difficulties to isolate the ciliates from gut samples for a detailed characterization are the major problems for the classical analysis. Here, we have initiated a study on the diversity and the origin of gut ciliates using a molecular approach. The protozoa were investigated by sequencing of 18S rDNA libraries from total rumen contents of ruminants (sheep, goat and cow) and feces of hindgut fermenters (horse and elephant). Phylogenetic analysis revealed that there is an enormous diversity of the ciliates, and that all the gut ciliates of the mammals (plus marsupials) share a common ancestor.

This work was supported by the EU infrastructure grant QLRI-CT-2000-01455, ERCULE.

## **A web-based key to the sand-dwelling dinoflagellates**

**Murray Shauna\*, Hoppenrath Mona\*\* & Patterson David J\***

*\*Protsville, School of Biological Sciences, University of Sydney, NSW, 2006, Australia*

*\*\*Alfred Wegener Institute Foundation for Polar and Marine Research, Biologische Anstalt Helgoland, Kurpromenade, D-27498 Helgoland, Germany*

We have developed a web-based key to the sand-dwelling dinoflagellates, using Lucid software. Lucid software builds matrix keys and these are considerably easier to use than dichotomous keys. The key can also be used using platform-independent XID software. The species included have been compiled from descriptions in the literature of all recorded taxa from sediment/sand habitats. Images have been taken using LM and SEM of samples from several sites in Australia, the North Friesian Wadden Sea, North Sea, Germany, and La Réunion Island in the Indian Ocean. The key calls upon the resources within micro\*scope (<http://www.mbl.edu/microscope>), a co-operative internet net resource for microbiology managed by the Bay Paul Center, Marine Biological Laboratory, Woods Hole, USA. The web site uses a taxonomic structure to organize information, and is currently comprehensive for genera of algae, and each entry can be linked to images, web pages, and other web-based resources such as Genbank, the American Type Culture Collection, and literature databases. Each identifiable element in the key is able to call up these resources. The key can be accessed at [http://www.mbl.edu/baypaul/microscope/general/page\\_01b.htm](http://www.mbl.edu/baypaul/microscope/general/page_01b.htm)

## **Wimpertiere (Ciliaten) - Indikatoren der Gewässergüte**

[Film ca. 9 min.]

**Oberndorfer H. & Blatterer Hubert**

*Amt der Oö. Landesregierung, Gewässerschutz, Stockhofstraße 40, A-4021 Linz.*

Die Wimpertiere gehören zu den am höchsten entwickelten Einzellern. Ihre Formenvielfalt ist immens. In sehr sauberen Bächen leben nur wenige Ciliaten. Mit zunehmender Belastung werden sie zahlreicher und wir finden die meisten Arten. In stark verschmutzten Bächen leben aber nur mehr wenige Arten, welche oft große Dichten erreichen. Manche vermehren sich massenhaft und bilden Ciliaten-Rasen. Deshalb eignen sich diese Einzeller besonders gut für die Bestimmung der biologischen Gewässergüte. Im Film werden saubere Bäche und sehr auffällige Ciliaten-Rasen in einem stark belasteten Gewässer gezeigt. Der Fang von Ciliaten in verschiedenen Habitaten und die Vorbereitung zur Mikroskopie werden demonstriert, sowie eine kleine Auswahl an Ciliaten-Gattungen vorgestellt.

## **Degradative transformation of trichocysts to small granules during re-infection of algae-free *Paramecium bursaria* with *Chlorella***

**Omura Gen<sup>1</sup> & Suzaki Toshinobu<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>*Biological Institute, Stuttgart University, Germany*

<sup>2</sup>*Dept. Biol., Kobe University, Japan*

*Paramecium bursaria* harbors several hundreds of *Chlorella* sp. in the cytoplasm as symbiotic algae. Beneath the cell cortex of *Paramecium*, many extrusive organelles called trichocysts are present. We found that the density of trichocysts in normal (*Chlorella*-bearing) *P. bursaria* is significantly less than that in white (*Chlorella*-free) *P. bursaria*, indicating that symbiosis with *Chlorella* has a certain influence on trichocysts. Light and electron microscopic observations showed that trichocysts fused with small granules and became lost from the cell cortex after white *P. bursaria* were fed with *Chlorella* to induce experimental re-infection. The cell cortex, or the peripheral region of the cell, is the place to which both trichocysts and symbiotic *Chlorella* cells are usually docked, and is also known as the sole place for symbiotic *Chlorella* to be able to escape from digestion by the host paramecium. Therefore, exclusion of trichocysts after they fused with small granules seems to be an effective maneuver for symbiotic *Chlorella* cells to find their room at the cell cortex to establish themselves in the host paramecium.

## **Einfluss verschiedener Fixierungsmethoden auf die Autofluoreszenz von Ciliaten**

**Pavlekovic Marko, Fried Johannes, Ludwig Wolfgang & Schleifer Karl Heinz**

*Lehrstuhl für Mikrobiologie, Technische Universität München, Am Hochanger 4, D-85350 Freising, Germany*

In situ Hybridisierung mit fluoreszenz-markierten Oligonukleotidsonden (FISH) ist eine etablierte Methode für die Detektion von Prokaryonten und Protozoen, wie z.B. den Ciliaten

[1, 2]. Die Methode erlaubt eine taxonspezifische Identifizierung und Quantifizierung von fixierten Organismen auch in komplexen mikrobiellen Lebensgemeinschaften.

Eines der Probleme der FISH stellt die Autofluoreszenz der fixierten Zellen dar, welche mit dem detektierbaren Sondersignal interferiert.

In der vorliegenden Arbeit wurde die Autofluoreszenz in Abhängigkeit von verschiedenen Fixierungsmethoden untersucht und die Ergebnisse miteinander verglichen.

Zu diesem Zweck wurden *Tetrahymena* sp., *Glaucoma scintillans*, *Dexiostoma campylum* und *Colpoda steinii* verschiedenen Methoden der Fixierung unterzogen. Die Bildaufnahme der so fixierten Ciliaten geschah mit Hilfe der konfokalen Laser Scanning Mikroskopie. Die Messung der Intensität der Autofluoreszenz der Ciliaten wurde mit der DAIME Software [3] durchgeführt.

Diese Studie zeigt, in wie weit die verschiedenen Fixierungsmethoden die Autofluoreszenz von Ciliaten beeinflussen und welche Unterschiede es in der Intensität der Autofluoreszenz bei Verwendung verschiedener Wellenlängen zur Detektion gibt. Dadurch wird es möglich, eine optimale Kombination zwischen der Methode der Fixierung und des zur Sondenmarkierung verwendeten Fluoreszenzfarbstoffes zu ermitteln.

[1] Amann R. et al. (1995): Microbiol. Rev. 59: 143-169

[2] Fried J. et al. (2002): Syst. Appl. Microbiol. 25: 555-571

[3] Daims H. (in Vorbereitung): DAIME – Digital Image Analysis in Microbial Ecology

Förderung: Protozoen in biologischen Kläranlagen. Neue Wege zur Identifizierung und zur Untersuchung der funktionellen Bedeutung, Deutsche Forschungsgemeinschaft, LU 421/3

CIMES – Ciliates as monitors for environmental safety. Europäische Kommission Projekt QLK3-CT-2002-02151

## ***Paramecium* spp. als Biosensoren zur Risikobewertung von Oosporein**

**Pernfuss Barbara, Stemer Judith, Strasser Hermann & Pöder Reinhold**

*Institut für Mikrobiologie, Leopold-Franzens-Universität Innsbruck, Technikerstrasse  
25, 6020 Innsbruck, Österreich; Tel: +43 (0)512 507 6012, Fax: +43  
(0)512 507 2929, Email: [barbara.pernfuss@uibk.ac.at](mailto:barbara.pernfuss@uibk.ac.at)*

Mit dem Pilz *Beauveria brongniartii* (Ascomycota) werden seit vielen Jahren verschiedene Formulierungen biologischer Pflanzenschutzmittel zur Bekämpfung von Maikäferlarven und –imago produziert, verkauft und im Grünland sowie auf ausgesuchten Äckern ausgebracht (z.B. Melocont®-Pilzgerste). Der Pilz scheidet unter bestimmten Kulturbedingungen sowohl während der Produktion von Melocont®-Pilzgerste als auch während des Wachstums im Freiland unter anderem den tief rot gefärbten Sekundärmetaboliten Oosporein aus.

Im Rahmen des EU-Projektes „Risk assessment of biological control agents“ (Akronym: Rafbca) wird seit zwei Jahren untersucht ob *B. brongniartii* oder Oosporein sowie Metabolite weiterer Pilzarten ein Risiko für die Umwelt darstellen bzw. ob das Stoffwechselprodukt in der Nahrungskette angereichert wird und damit eine Gefahr für Mensch und Tier bedeuten könnte.

Eine zentrale Fragestellung dieser Studie besteht darin, sensitive Zelllinien für ausgewählte Metabolite oder Toxine zu identifizieren. Ein weiterer Themenschwerpunkt betrifft die Entwicklung und Validierung von analytischen Methoden zum Nachweis kleinster Spuren von Pilzmetaboliten in organischen Matrices.

Reinkulturen von *Paramecium caudatum* und *P. tetraurelia* wurden als Biosensoren in Objektträgerkulturen eingesetzt. Ermittelt wurde die Lethal Zeit (LT) nach Oosporeingabe sowie die Effektive Dosis (ED) von Oosporein. Verschiedene Oosporeinqualitäten wie reines Oosporein, Kulturfiltrat von *B. brongniartii* sowie ein Rohextrakt aus diesem Filtrat wurden in Konzentrationsreihen getestet. Die Ergebnisse wurden zur statistischen Ermittlung (Probit und PriProbit) von LT- und ED-Kurven verwendet.

Unsere Ergebnisse belegen, dass Paramecien sich für Toxizitätsstudien eignen, im Vergleich zu Bakterien, Zellkulturen, Arthemien (Kleinkrebsen) aber auch Kleinsäugetern sehr sensibel reagieren und, dass *B. brongniartii* als biologisches Pflanzenschutzmittel in der Formulierung Melocont®-Pilzgerste sowie dessen Metabolit Oosporein kein erkennbares Risiko für Mensch und Tier bedeuten.

Supported by the European Commission, Quality of Life and Management of Living Resources Programme (QoL) Key Action 1 on Food, Nutrition and Health (Contract n°QLK1-CT-2001-01391)".



## **Stop codon usage in *Euplotidium itoi* and new insight into genetic code evolution within Spirotrichea**

**Petroni Giulio, Hartmann Manuela, Ludwig Wolfgang & Schleifer Karl-Heinz**

*Lehrstuhl fuer Mikrobiologie, TU-Muenchen, Am Hochanger 4, D-85354 Freising, Germany*

*Dipartimento di Etologia, Ecologia, Evoluzione, Universita' di Pisa, via A. Volta n°4/6, 56126 Pisa, Italy*

Most of the ciliates independently evolved different non-canonical genetic codes. Differences to the standard code consist in the reassignment of one or two of the three standard stop codons to encode a particular amino acid. Class Spirotrichea represents an amazing case comprising two group of organisms that do not share any stop codon. In oxytrichids UAR is translated as glutamine and UGA is the single stop codon; on the contrary, in *Euplotes*, UAR encodes a stop signal and UGA is translated as cysteine. We analyzed stop codon usage in *Euplotidium*, a genus closely related to *Euplotes*. Fourteen complete genes were characterized; in all cases UAA was the single triplet used to code a stop; UGA was never observed in frame; UAG was seldom found in frame. UAG was observed in the peculiar type 3 beta-tubulin gene isoform, in two dynein partial sequences and in some other putative genes. In frame UAG occurred in poorly conserved position and never in highly conserved genes like alpha-, beta-, and gamma-tubulin. Genetic code evolution in Spirotrichea will be discussed on the basis of 18S rRNA and tubulin phylogeny.

## Größenselektives Fraßverhalten von *Cyclidium glaucoma*

**Pfandl Karin<sup>1</sup>, Boenigk Jens<sup>1</sup> & Posch Thomas<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Institut für Limnologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften,  
Mondseestr. 9, 5310 Mondsee

<sup>2</sup>Institut für Zoologie und Limnologie, Universität Innsbruck, Technikerstr. 25, 6020  
Innsbruck, Österreich, thomas.posch@uibk.ac.at

Das größenselektive Fraßverhalten von *Cyclidium glaucoma* und dessen grundlegende Mechanismen wurden mittels Epifluoreszenzmikroskopie und Lebendbeobachtungen untersucht. Fluoreszenz markierte Latex Beads dienten als künstliche Nahrungspartikel und wurden im für *C. glaucoma* relevanten Größenspektrum (0.2 – 1.0µm) in verschiedenen Konzentrationen ( $1 \cdot 10^6$  bis  $5 \cdot 10^7$  partikel ml<sup>-1</sup>) angeboten. Das größenselektive Verhaltensmuster wurde zusätzlich mit Änderungen bakterieller Zelldimensionen unter Fraßdruck dieses Scuticociliaten verglichen. Während bei geringen Futterkonzentrationen ( $< 5 \cdot 10^6$  partikel ml<sup>-1</sup>) keine Größenselektion festgestellt werden konnte, selektierte *C. glaucoma* bei höheren Konzentrationen für 0.4 µm Beads. Fraßdruck von *C. glaucoma* auf eine Bakteriengemeinschaft führte zu einer Vergrößerung des durchschnittlichen bakteriellen Zellvolumens, das im wesentlichen auf einer Verbreiterung der Zellen beruht. Lebendbeobachtungen ließen auf eine aktive Selektion verschieden großer Futterpartikel schließen. Die als Futterpartikel angebotenen Beads wurden am Filtrierapparat der Ciliaten abgefangen und zum Stoma transportiert, an dem sie ingestiert oder aktiv zurückgewiesen wurden. Das individuelle „particle handling“ könnte die beobachteten functional type-II Antworten von *C. glaucoma* erklären.

## **A Window to the Cell**

**Pfannkuchen Martin & Schweikert Michael**

*Biologisches Institut, Abteilung Zoologie, Universität Stuttgart*

*Pfaffenwaldring 57, D-70569 Stuttgart [www.uni-stuttgart.de/bio/zoologie](http://www.uni-stuttgart.de/bio/zoologie)*

It is for years now, that cells changed from black boxes to structured and compartmented systems. And it is not only biochemistry and molecular biology that gives us interesting hints. The sheer look at intracellular structures can produce intriguing new aspects and insights. Of course higher resolution will reveal new details, but methods are often time consuming. The new an improved scanning electron microscopic techniques meliorate the resolution. Combined with clever preparation methods almost instant access to the cells interior equipment is provided. Here we present a fast method to create a window to the cell.

## Molekulare Aspekte des Vesikelverkehrs in *Paramecium*

**Plattner Helmut & Kissmehl Roland**

*FB Biologie, Universität Konstanz, 78457 Konstanz, Deutschland*

In einer *Paramecium*-Zelle können zahlreiche verschiedene, jeweils distinkte Membrantypen mit einander mit hoher Spezifität in Wechselwirkung treten. Die Spezifität wird nur z. T. durch die Anbindung an Elemente des Cytoskelettes (Mikrotubuli) gewährleistet und setzt in jedem Falle molekulare "Signaturen", d.h. spezifische Proteinkomponenten voraus, um "Targeting", Andocken und ggf. Fusion der Membranen und/oder deren Trennung ("Fission") zu gewährleisten.

Wir haben eine Vielzahl entsprechender Gene teilweise oder ganz kloniert und darüber hinaus im Einzelfall ihr Kodierungsprodukt immunocytochemisch lokalisiert sowie mittels "gene silencing" die Funktion aufgeklärt (Froissard et al. 2002, Kissmehl et al. 2002, Plattner & Kissmehl 2003). Unter den Proteinen, die Membraninteraktionen steuern, konnte ein ähnliches Repertoire wie bei Säugetierzellen gefunden werden, inkl. monomere GTP-Bindeproteine ("G-Proteine"), NSF als SNARE-spezifisches Chaperon (NSF = N-ethylmaleimide sensitive factor, SNAREs = SNAP-Rezeptoren, SNAPs = soluble NSF-attachment proteins). Die Rolle von NSF konnte mit allen erwähnten Methoden genauer untersucht werden und ergab zusätzlich zu den erwarteten auch neue, von Säugetierzellen her nicht bekannte Aspekte. An weiteren Komponenten wurden Sequenzen von Adaptor-Proteinen für die Bildung von "coated pits" und von Clathrin gefunden werden, ebenso wie Regulatoren von G-Proteinen (ARF-, GAP-, GEF-Proteine). Das häufige Vorliegen mehrerer Gene bzw. von daraus abgeleiteten Isoformen läßt eine jeweils präzise Lokalisierung bzw. Beteiligung bei distinkten Membraninteraktionen erwarten, deren Kartierung ansteht.

### Literatur:

M. Froissard, R. Kissmehl, J.-C. Dedieu, T. Gulik-Krzywicki, H. Plattner & H. Cohen 2002 *Genetics* 161 :643-650.

R. Kissmehl, M. Froissard, H. Plattner, M. Momayezi & J. Cohen 2002 *J. Cell Sci.* 115:3935-3946.

H. Plattner & R. Kissmehl 2003 *Int. Rev. Cytol.* 232:185-216 (vorläufig).

Danksagung: Finanzierung durch DFG (Projekte im Normalverf. u. Transregio-SFB 11), Kooperation mit CNRS (Gif-sur-Yvette) bzw. GDRE (Groupement de Recherche Européen).

## **Paramylon in den Euglenida– das Relikt einer Endocytobiose?**

**Preisfeld Gela & Brommund Ulrike**

Das lineare beta-1,3-Glucan Paramylon ist das Reservekohlenhydrat einer morphologisch sehr heterogenen Gruppe von Flagellaten, den Euglenida. Es wird sowohl von den phototrophen als auch von den meisten heterotrophen Spezies der Euglenida gebildet und ist in allen osmotrophen (sich ausschließlich über Pinocytose ernährenden) Euglenida zu finden, aber nur in wenigen phagotrophen Arten. Das Paramylon liegt in Form wasserunlöslicher Granula von einer Membran umgeben im Cytoplasma der Zellen vor. Über den Ursprung der Membran, bzw. die Herkunft der Fähigkeit zur Paramylon-Synthese ist bisher nichts eindeutiges bekannt.

Biochemische und molekularbiologische Analysen führten zur Identifizierung einer zum Paramylonsynthese-Komplex gehörenden substratbindenden Untereinheit „EgPaS“ (*Euglena gracilis*-Paramylonsynthase), die aktivierte Glucosemoleküle an das beta-1,3-Glucan bindet. Im Gegensatz zu anderen beta-Glucansynthasen, wie der Callosesynthase oder der Cellulosesynthase, weist die Paramylonsynthase eine vollkommen andere Domänenstruktur auf: Aus der abgeleiteten Aminosäuresequenz kann entnommen werden, dass das Protein einen cytoplasmatischen N-Terminus, eine einzige Transmembrandomäne und einen großen globulären C-Terminus besitzt. In letzterem liegt ein Glycosyltransferasen-typisches Motiv für die Bindung von divalenten Metallionen vor. Diese Sekundärstruktur ist typisch für Glycosyltransferasen des Endomembransystems, nicht aber für beta-Glucansynthasen. Interessanterweise ist die Ähnlichkeit von EgPaS zu Glycosyltransferasen von Prokaryoten höher als zu solchen aus Eukaryoten. Die mögliche Herkunft des Paramylons über einen vorübergehenden Endosymbionten wird in Zusammenhang mit der Evolution der Euglenida diskutiert.

## **Alpine Limnologie. Extremökosysteme unter dem Druck globaler Veränderungen.**

**Psenner R.**

*Institut für Zoologie und Limnologie, Universität Innsbruck, Technikerstraße 25,  
6020 Innsbruck, Österreich*

*E-Mail: roland.psenner@uibk.ac.at*

Wer alpine Gewässer studiert, sucht manchmal nach einer Rechtfertigung für seine Beschäftigung mit Ökosystemen, die auf den ersten Blick ein Minderheitenprogramm zu sein scheinen. Dass 15% der Erde von Bergen bedeckt sind, in denen 10% der Menschheit lebt, und dass die alpinen Gewässer für sehr viele Menschen wichtige Ressourcen zur Verfügung stellen, ist die sozioökonomische Antwort an die Skeptiker. Dass wir in extremen, d.h. einfachen (artenarmen und wenig strukturierten) Systemen Zusammenhänge, Prozesse und Kreisläufe leichter verstehen als in komplexeren Lebensräumen, wäre eine wissenschaftliche Rechtfertigung. Neben der schlichten Tatsache, dass wir alpine Seen und Fließgewässer untersuchen, „weil sie da sind“, sind alpine Seen auch deshalb interessant, da wir diesen Gewässertypus auf der ganzen Welt finden, vom Äquator bis zu den Polen, zwischen 5000 und 0 m Meereshöhe. Alpine Seen, d.h. Gewässer oberhalb der Baumgrenze, haben weltweit ähnliche Charakteristika: sie sind zahlreich, klein, arm an organischer Substanz, wenig produktiv, kalt und oft extremen Umweltbedingungen ausgesetzt, wie z.B. hoher UV-Strahlung im Sommer und fast vollständiger Dunkelheit im Winter (der über 6 Monate dauern kann). Alpine Seen sind in der Regel fischleer, die Spitzenräuber sind oft Cladoceren oder Insektenlarven, dominiert werden die Stoffkreisläufe von Einzellern. Ihre Ähnlichkeit über enorme Distanzen hinweg und ihre Empfindlichkeit gegenüber den treibenden Kräften macht Hochgebirgsseen zu idealen Indikatoren globaler Veränderungen. Langfristige Entwicklungen des Klimas und atmosphärischer Depositionen haben alpine Seen und Flüsse nachhaltig verändert: wir beobachten die unausgesetzte Entstehung neuer Seen am Rande abschmelzender Gletscher – also eine „Alpinisierung“ von Gewässern – ebenso wie eine „Dealpinisierung“ bestehender Bäche und Seen, die durch Veränderung hydrologischer Verhältnisse und die in die Höhe wandernde Vegetation ihren alpinen Charakter zunehmend verlieren. Da die Alpen durch einen extremen Klimawandel gekennzeichnet sind – mit einer Temperaturzunahme von 1,5°C während der letzten 30 Jahre – eignen sich Gebirgsseen und -bäche hervorragend als Indikatoren jener Veränderungen, die wir weltweit in den nächsten Jahrzehnten erwarten. Trotz dieser globalen Veränderungen gehören Hochgebirgsseen und -flüsse zu den letzten naturnahen Lebensräumen in einer vom Menschen gestalteten Welt: sie sind damit nicht nur Referenzsysteme für die Forschung, sondern auch Erholungsräume für den Menschen.

**Bitte zu Tisch:  
Nahrungsbeziehungen in der chemoautotrophen  
Zoothamnium niveum Symbiose**

**Rinke C., Ott J. A. & Bright M.**

*Abteilung Meeresbiologie, Institut für Ökologie und Naturschutz, Universität Wien,  
Althanstr. 14, 1090 Wien, Austria*

*E-Mail: rinke@gmx.at*

Die bis zu 15 mm großen Kolonien des festsitzenden, peritrichen Ziliaten *Zoothamnium niveum* (Ciliophora, Oligohymenophora) besiedeln Mangroventorf am Barriere Riff vor Belize. Der Ziliat ist obligatorisch von einem einschichtigen Überzug autotropher Bakterien bedeckt, die in zwei Morphotypen (Kokken und Stäbchen) auftreten. Die Fähigkeit der Bakterien, Kohlenstoff zu inkorporieren, sowie der Transfer fixierten Kohlenstoffes vom Symbioten zum Wirt wurde mittels Gewebsautoradiographie von Inkubationen mit  $^{14}\text{C}$ -Bikarbonat unter unterschiedlichen chemischen Bedingungen bei Variation der Inkubationsdauer untersucht.

Die Inkubationen zeigten, dass die Symbionten sowohl in normal sauerstoffhaltigem Seewasser, als auch bei Zugabe von Sulfid oder Thiosulfat, Kohlenstoff inkorporieren. Ohne Zugabe reduzierter Schwefelverbindungen scheinen die Symbionten organischen Kohlenstoff über einige Stunden ohne externe Energiequelle, nur unter Verwendung des in Vakuolen gespeicherten elementaren Schwefels, inkorporieren zu können.

Die beiden Morphotypen zeigten einen signifikanten Unterschied der Inkorporationsrate, die durch die unterschiedliche Versorgung mit Sulfid und Sauerstoff bedingt durch Verhalten und Morphologie des Wirtes erklärt werden kann. Die Variationen der Inkubationsdauer lassen darauf schließen, dass die Ernährung des Wirtes auf zwei Wegen erfolgt: 1) über die Freisetzung niedermolekularer Stoffe der Bakterien und deren Aufnahme durch den Wirt, sowie 2) durch Verdauung von Symbionten durch die trophischen Zellen (Mikrozooiden) des Wirtes. Auch jene Teile der Kolonie, die Nahrung nicht aktiv aufnehmen können, zeigten ein Gewebsautoradiographie-Signal, was auf eine Verlagerung von Nährstoffen von den Mikrozooiden zu den nicht trophischen Teilen der Kolonie wie Stiel, Äste und Makrozooiden schließen lässt.

Unsere Experimente zeigen deutlich eine enge Nahrungsbeziehung zwischen chemoautotrophen Schwefel oxidierenden (thiotrophen) Ektosymbionten und *Zoothamnium niveum*. Der quantitative Anteil der Ektosymbionten am Speiseplan des Wirtes bleibt noch zu untersuchen.

**Es gibt nicht nur eine Antwort:  
Sukzession bakterieller Fraßschutzmechanismen,  
ausgelöst durch unterschiedliche Protistenarten!**

**Salcher Michaela<sup>1\*</sup>, Psenner Roland<sup>1</sup>, Pernthaler Jakob<sup>2</sup> & Posch Thomas<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> *Institut für Zoologie und Limnologie, Universität Innsbruck, Technikerstraße 25, 6020 Innsbruck, Österreich, <sup>2</sup>Max Planck Institut für Marine Mikrobiologie, Celsiusstraße 1, 28359 Bremen, Deutschland*

*\*e-mail: csab8457@uibk.ac.at*

Bakterivore Protisten verändern natürliche Bakteriengemeinschaften in vielerlei Hinsicht. In stehenden Gewässern erleben Bakterien einen steten Räuberdruck, der sich jedoch saisonal ändert, hervorgerufen sowohl durch die dominierenden Protistenarten, als auch durch andere biotische und abiotische Faktoren (Nährstoffe, Metazooplankton als Protistenräuber, Viren, etc.). Protisten üben einen artspezifischen Fraßdruck auf das Bakterioplankton aus, da sie größenselektiv fressen und unterschiedliche Gesamtfraßraten haben. Um Auswirkungen von Räuberdruck möglichst naturnah im Labor zu studieren, eignen sich Chemostatversuche sehr gut, da wichtige Parameter kontrolliert und die Auswirkungen einzelner Protistenarten auf ihre Beute sehr genau untersucht werden können. Im vorgestellten Laborversuch verwendeten wir ein zweistufiges Chemostatsystem. In der ersten Stufe wurde eine Algen-Bakteriengemeinschaft gezüchtet, die wir in der zweiten Stufe mit dem mixotrophen Flagellaten *Ochromonas* sp. bzw. dem heterotrophen Ciliaten *Cyclidium glaucoma* versetzten. Dabei wurde besonders auf die räuberinduzierte Sukzession von taxonomischen Bakteriengruppen geachtet, die durch Hybridisierungstechniken (FISH und CARD-FISH) identifiziert wurden. Die Versuche liefen über drei Monate, d.h. wir konnten etwa 40 Generationen beobachten. Mittels Bildanalyse erfolgte eine Verknüpfung von phäno- und genotypischen Merkmalen. Dabei konnte nachgewiesen werden, dass nicht nur die taxonomische Struktur der Bakteriengemeinschaft grundlegend verändert wurde, sondern dass auch einzelne Bakterienstämme und -gruppen durch den Fraßdruck der beiden Protistenarten unterschiedliche Morphologien ausbilden. So verursachte *Ochromonas* sp. vorwiegend Aggregat-, Filament- und Koloniebildungen bei verschiedenen Bakteriengruppen, was vor allem durch den sehr hohen Fraßdruck und das breite Größenspektrum der gefressenen Partikel zu erklären ist. *C. glaucoma* übte einen geringeren Räuberdruck auf die bakterielle Gemeinschaft aus, es kam aber auch hier zur Ausbildung von fraßresistenten Mikrokolonien. Dieser Versuch weist darauf hin, wie variabel eine natürliche Bakteriengemeinschaft auf unterschiedliche Protisten reagieren kann.

*(Diese Arbeit wurde durch das FWF-Projekt P14637-Bio ermöglicht).*

## **Molekularbiologische Untersuchungen zur Biodiversität heterotropher Nanoflagellaten**

**Scheckenbach Frank, Wylezich Claudia & Arndt Hartmut**

*Universität zu Köln, Zoologisches Institut, Allgemeine Ökologie und Limnologie,  
Weyertal 119, 50923 Köln*

Studien, die sich mit dem Phänotyp heterotropher Flagellaten befassen, kommen oftmals zu dem Schluss, dass diese Gruppe von Protisten eine verhältnismäßig kleine Anzahl von Arten mit globaler Verbreitung aufweist. Autökologische Befunde, welche die Druck- und Salinitätstoleranz einzelner Individuen untersuchen, scheinen dies zu untermauern in Anbetracht der außerordentlichen ökologischen Plastizität einiger Arten. Zieht man nun allerdings molekulare Marker hinzu ergibt sich oft ein vollkommen anderes Bild, das von einer Diskrepanz zwischen Morpho-, bzw. Ökotyp, und Genotyp zeugt.

Von vier Morphospezies haben wir Haplotypen aus marinen Ökosystemen, die in ihrer Populationsstruktur als homogen angesehen werden, solche aus kleinen, strukturierten Süßwasserpöpopulationen gegenübergestellt, und dabei an Hand der SSU rDNA z.T. eine außerordentliche genetische Diversität festgestellt. Die einzelnen Haplotypen konnten allerdings nicht mit allgemeinen Habitaten oder Isolationsorten in Verbindung gebracht werden. Nach ersten Ergebnissen scheinen kryptische Arten auch bei heterotrophen Flagellaten ein häufig zu beobachtendes Phänomen zu sein, mit weitreichenden Folgen für die Biodiversität dieser Gruppe.

## **Phylogenetische Analyse der Spirotrichea (Ciliophora) mittels Gensequenzen der small subunit (ssu) rDNA**

**Schmidt Stephanie L., Bernhard Detlef & Schlegel Martin**

*Universität Leipzig, Institut für Zoologie, Molekulare Evolution und Systematik der  
Tiere, Liebigstraße 18, 04103 Leipzig*

Die Klasse der Spirotrichea stellt eine der artenreichsten und vielfältigsten Klassen der Ciliophora dar. Das Ziel der vorliegenden Studie besteht in der weiteren Aufklärung der phylogenetischen Beziehungen innerhalb der Spirotrichea, insbesondere der Verwandtschaftsbeziehungen der Oxytrichidae und der Urostylidae. Dazu wurde die ssu rDNA von 18 Arten amplifiziert und sequenziert. Die untersuchten Arten gehören 3 Ordnungen und insgesamt 6 Familien der Unterklasse Stichotrichia an. Frühere Untersuchungen zur Phylogenie der Oxytrichidae deuteten auf eine Aufspaltung in die Oxytrichinae und die Stylonychinae hin. Die Analyse des umfangreichen Datensatzes bestätigt diese Trennung, wobei aber nur die Stylonychinae eine monophyletische Gruppe bilden, die Oxytrichinae hingegen sind paraphyletisch.

Diese Ergebnisse unterstützen die auf morphologischen und ontogenetischen Daten basierende Hypothese, dass das für Vertreter der Oxytrichidae typische 18 fronto-ventral-transversale Cirrenmuster mehrfach unabhängig voneinander evolvierte.

Die Sequenzanalyse weiterer Arten der Urostylidae zeigt, dass auch diese Familie nicht monophyletisch ist. Dabei bildet ein Teil der Urostylidae die Schwestergruppe zu allen übrigen Vertretern der Unterklasse Stichotrichia, während der andere Teil innerhalb dieser Unterklasse gruppiert.

## **The effects of Protozoa on microbial communities and processes in an anoxic rice field soil**

**Schwarz M.V. Julian & Frenzel Peter**

*Max-Planck-Institute for Terrestrial Microbiology; Biogeochemistry; Karl-von-Frisch-Straße, 35043 Marburg, Germany*

Anoxic soil microcosms were incubated for half a year. Methane production was followed with time, and population dynamics and biomass of ciliates were analysed. Bacterial cells were counted regularly, and bacterial cell volumes were determined. The Ciliates were dominated by bacteriovorous taxa. A negative correlation between bacterial and ciliates' cell numbers indicated that grazing affected the microbial community during the first week. Afterwards, no grazing effect could be detected. The size distribution of bacterial cells in the first week was similar to that known from experimental microbial populations under grazing pressure, as indicated by very small and very large cell volumes. After eighty days only medium-sized cells were found. With FISH mainly bacteria were identified inside the food vacuoles, but occasionally some archaea were detected, too. In a second experiment the effect of Protozoa was followed in detail, comparing inhibited (colchicine & cycloheximide) to control microcosms. No effect on overall mineralization was found (measured as CO<sub>2</sub>-production), but methanogenesis was reduced by 20%. This is in accordance with model calculations of symbiotic methane production from ciliates. In summary, grazing had a moderate overall effect, but affected specifically methane production.

## **Ca<sup>2+</sup> oscillations mediated by exogenous GTP in *Paramecium* cells: assessment of possible Ca<sup>2+</sup> sources**

**Sehring Ivonne M., Kasielke Nicole & Plattner Helmut**

*Department of Biology, University of Konstanz, P.O.Box 5560, 78457 Konstanz, Germany*

We applied exogenous guanosine triphosphate, GTP, to *P. tetraurelia* cells injected with Fura Red for analysing changes of free intracellular Ca<sup>2+</sup> concentrations, [Ca<sup>2+</sup>]<sub>i</sub>, during periodic back-/forward swimming thus induced. Strain *ginA* (non-responsive to GTP) shows no Ca<sup>2+</sup> signal upon GTP application. In strain *nd6* (normal Ca<sup>2+</sup> signalling) an oscillating [Ca<sup>2+</sup>]<sub>i</sub> response with a prominent first peak occurs upon GTP stimulation, but none after mock-stimulation or after 15 min adaptation to GTP. Strains, type *pawn*, display periodic Ca<sup>2+</sup> signals, though devoid of ciliary Ca<sup>2+</sup> channels. While this is in agreement with previous electrophysiological analyses, we now try to identify more clearly the source(s) and spreading of Ca<sup>2+</sup>. Stimulation of *nd6* cells, after depletion of Ca<sup>2+</sup> from their cortical stores (alveolar sacs), shows the same Ca<sup>2+</sup> oscillation pattern but with reduced amplitudes, and a normal behavioural response is observed. Stimulation with GTP + BAPTA results in loss of the first prominent Ca<sup>2+</sup> peak, in reduction of the following Ca<sup>2+</sup> amplitudes, and in no behavioural response. Both these observations strongly suggest that for the initiation of GTP-mediated back-/forward swimming Ca<sup>2+</sup> from the extracellular medium is needed while for the maintenance of the Ca<sup>2+</sup> oscillations a considerable fraction must come from internal stores, probably other than alveolar sacs, rather likely from the Endoplasmic Reticulum.

## **Pyruvate: ferredoxin oxidoreductase (PFO) genes from the rumen: protozoal or bacterial origins?**

**Severing Edouard<sup>1</sup>, Antoine Ederveen<sup>1</sup>, Georg W.M. van der Staay<sup>1</sup>, Seung Yeo Moon-van der Staay<sup>1</sup>, Rob M. de Graaf<sup>1</sup>, Theo A. van Alen<sup>1</sup>, Neil McEwan\*, Jamie Newbold\*, Jean-Pierre Jouany#, Tadeusz Michalowski\*, Peter Pristas\*, Johannes Fried\* & Johannes H.P. Hackstein<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>*Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Sci., University of Nijmegen, Toernooiveld 1, NL6525ED Nijmegen, The Netherlands, and*

# *\*from the EU projects #ERCULE and \*CIMES*

Phylogenetic analysis of eubacterial and eukaryotic PFO genes suggest a complex history for PFO<sup>1</sup>. Here we describe the recovery of novel DNA sequences encoding PFO genes, which were retrieved from a total rumen ciliate population using a metagenomic approach. The rumen ciliates were isolated from the rumen fluid of a grass-fed Holstein-Friesian cow by electromigration<sup>2</sup>. DNA from the total rumen ciliate population was purified and used as template to amplify 2 kb fragments of potential PFO genes by PCR with degenerated primers. For the identification of the corresponding ciliate species, PCR was performed on “type”- ciliates. Phylogenetic analysis revealed the presence of several clusters of PFO genes. It remains to be analysed as to whether the recovered PFO sequences are derived from eukaryotes or prokaryotes, since the isolated DNA is contaminated with DNA from rumen bacteria. Moreover, many of the ciliates may host endosymbiotic bacteria that potentially can be the source of the recovered PFO genes. Codon usage analysis will be used to characterise the sequences in more detail.

<sup>1</sup>Horner, D.S. et al. (1999) *Mol. Biol. Evol.* Sep;16(9):1280-91.

<sup>2</sup>van Hoek et al. (1999) *J. Euk. Microbiol.* 46,427-433

Supported by the EU Contract QLRI-CT-2000-01455 “ERCULE” and Contract QLK3-2002-02151 “CIMES”

## Fe-Hydrogenases from bovine rumen: a metagenomic approach

Severing Edouard<sup>1</sup>, Antoine Ederveen<sup>1</sup>, Georg W.M. van der Staay<sup>1</sup>, Seung Yeo Moon-van der Staay<sup>1</sup>, Rob M. de Graaf<sup>1</sup>, Theo A. van Alen<sup>1</sup>, Neil McEwan\*, Jamie Newbold\*, Jean-Pierre Jouany<sup>#</sup>, Tadeusz Michalowski\*, Peter Pristas\*, Johannes Fried\*, Guenola Ricard\*, Martijn Huynen\* ,and Johannes H.P. Hackstein<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Sci., University of Nijmegen, Toernooiveld 1, NL6525ED Nijmegen, The Netherlands*

<sup>#</sup>,\**from the EU projects # ERCULE/\*CIMES*

The evolution of eukaryotic Fe-hydrogenases is still poorly understood<sup>1,2,3</sup>. It remained unclear until now as to whether these hydrogenases represent an old eukaryotic heritage or whether they were acquired by bacterial-to-eukaryote gene transfer<sup>4,5</sup>. Here we describe the recovery of a set of DNA sequences encoding the H-cluster of Fe-hydrogenases from rumen ciliates, using a metagenomic approach. The rumen ciliates were isolated from the rumen fluid of a grass-fed Holstein-Friesian cow by electromigration<sup>6</sup>. The DNA of the total rumen ciliate population was purified and used to amplify the H-clusters of Fe-hydrogenases by PCR with degenerated primers. For the identification of the corresponding ciliates, PCR was performed on DNA from type-strain ciliates. Bioinformatic and phylogenetic studies revealed the presence of a monophyletic group of eukaryotic Fe-hydrogenases in the bovine rumen.

<sup>1</sup>Akhmanova, A. et al. (1998) *Nature* 396, 527-528

<sup>2</sup>Horner, D. et al. (2000) *Mol. Biol. Evol.* 17, 1695-1709

<sup>3</sup>Vignais, P. et al. (2001) *FEMS Microbiology reviews* 25, 455-301

<sup>4</sup>Horner, D. et al. (2002) *Trends Biochem Sci.* 27, 148-153

<sup>5</sup>Voncken, F. et al. (2002) *Gene* 284, 103-112

<sup>6</sup>van Hoek et al., A. (1999) *J. Euk. Microbiol.* 46, 427-433

Supported by the EU Contract QLRI-CT-2000-01455 “ERCULE” and Contract QLK3-2002-02151 “CIMES”

## **Gene-Silencing bei *Paramecium*, eine „ruhige“ Methode um Oberflächenproteine zu wechseln**

**Simon Martin, Breiner Hans-Werner, Weber Beatrix & Schmidt Helmut J.**

*Technische Universität Kaiserslautern, Fachbereich Biologie, Abteilung Ökologie, Gottlieb-Daimler-Straße, 67663 Kaiserslautern*

Paramecien des *aurelia*-Komplexes tragen auf Cilien und Cortex eine 30 nm dicke Glycoproteinschicht. Diese Proteinschicht wird durch einen Proteintyp von ca. 300kDa gebildet. Dieses so genannte Oberflächenprotein (oder auch iAg) kann, je nach Umweltbedingung, durch ein anderes ersetzt werden. Bis auf einige Ausnahmen wird bei *Paramecium* immer nur ein iAg zu einer bestimmten Zeit exprimiert. Änderungen der Temperatur, des pH-Wertes, der Salinität oder des Futterangebotes können einen Oberflächenproteinwechsel induzieren.

Bei Paramecien des *tetraurelia*-Komplexes wurden durch hochenergetische Strahlung Mutanten erzeugt, die bestimmte iAgs nicht mehr ausprägen können. Diese Mutanten sind für Untersuchungen der Genregulation interessant.

Mit der Methode des Gene-Silencing gibt es nun eine neue Variante, um Gene ganz gezielt auszuschalten. Der Vorteil dieser Anwendung, im Vergleich zur Bestrahlung der Paramecien, ist, dass die Gene nur vorübergehend „stumm“ sind. Gene-Silencing ist reversibel. Wird das Silencing eines Genes durch Verfütterung induziert, wird das „gesilencete“ Gen nach dem Absetzen des entsprechenden Futters wieder „angeschaltet“. Auch bei Gene-Silencing durch Mikroinjektion kann nach einer gewissen Anzahl von Zellteilungen das gesilencete Gen wieder exprimiert werden.

*Paramecium primaurelia* prägt unter Laborbedingungen nur drei stabile Oberflächenproteine aus, die durch Temperaturänderung oder eine Reduktion des Futters relativ leicht zu induzieren sind. Deshalb wurde *P. primaurelia* als Organismus der Wahl herangezogen, um die Frage, welches iAg nach einem Silencing des vorhanden Oberflächenproteins exprimiert wird, zu klären. Wird das vorhandene Protein durch ein bekanntes ersetzt, wird ein neues evtl. noch unbekanntes Protein auf der Oberfläche gebildet oder ist die Zelle sogar „nackt“?

Erste Ergebnisse, sowohl bei *P. primaurelia*, als auch bei *P. tetraurelia*, ergaben interessante Erkenntnisse.

## **Varianz von Oberflächenantigenen bei *Paramecium primaurelia***

**Simon Martin & Schmidt Helmut J.**

*Technische Universität Kaiserslautern, Fachbereich Biologie, Abteilung Ökologie, Gebäude 14, Gottlieb-Daimler-Straße, 67663 Kaiserslautern*

Die äußere Plasmamembran von *Paramecium*, welche sowohl Cilien als auch Cortex bedeckt, ist mit einer ca. 30nm dicken Glykoproteinschicht überzogen. Die genetische Grundlage dieser Proteine ist eine Multigenfamilie, wobei die exclusive Expression der einzelnen Gene ein charakteristisches Merkmal der Oberflächenproteinsysteme nicht nur von Protisten ist. Durch diese genetische Expressionsselektion wird auf Proteinebene der Begriff des Serotyps definiert, der folglich die Existenz nur jeweils einer Proteinspecies auf der Zelloberfläche meint. Gestützt auf die immunologische Charakterisierung von Serotypen werden Proteine dieser Genfamilie auch als Oberflächenantigene bezeichnet.

Beschrieben wird ein neuer Ansatz zur Identifizierung von Mitgliedern der Genfamilie im Ciliaten-Genom. So konnte auch das bisher unbekannte Gen für das Protein 156S identifiziert und anschließend sequenziert werden.

Mit den jetzt erhaltenen Daten zum Serotyp S wird die Information zu den bekannten Proteinen D und G somit nicht nur ergänzt, sondern das Serotypsystem komplettiert. Für *P. primaurelia* sind aufgrund aller bisher bekannten Forschungen nur drei Serotypen bekannt, die unter stabilen Kultivierungsbedingungen exprimiert werden, im Gegensatz zu *P. tetraurelia*, das mit 11 Oberflächenantigenen eine deutlich höhere Varianz zeigt. Trotz dieses großen Unterschiedes zeigen Sequenzvergleiche sehr interessante Gemeinsamkeiten der beiden Systeme. Insbesondere können charakteristische Tandem-Wiederholungen in DNA- und Aminosäuresequenzen möglicherweise für die immunologisch determinierte Antigen-wirkung der Proteine verantwortlich gemacht werden.

## **Räuber-Beute-Interaktionen zwischen Ultramikrobakterien und *Spumella* spp.**

**Stadler Peter, Hahn Martin W., Wiedlroither Anneliese & Boenigk Jens**

*Institut für Limnologie, Österreichische Akademie der Wissenschaften, Mondseestr. 9,  
A-5310 Mondsee, Austria*

Eines der meistverbreitetsten Räuber-Beute Systeme, wie das von heterotrophen Nanoflagellaten des *Spumella* -Typs und Ultramikrobakterien des *Polynucleobacter necessarius* Cluster ist bislang kaum erforscht. Beide Organismengruppen sind weit verbreitet und können Dichten zwischen 10 und 30 % der Bakterien- bzw. Flagellatengesamtpopulationen erreichen. Erfolg beim Isolieren und Kultivieren dieser Ultramikrobakterien ( $0.05 - 0.08 \mu\text{m}^3$ ) und von verschiedenen "*Spumella*-ähnlichen" Flagellaten (axenisch;  $23 - 60 \mu\text{m}^3$ ), erlaubten uns spezifische Fraßexperimente mit diesem weitverbreiteten Räuber-Beute-System durchzuführen.

Wir testeten die Hypothese, dass Ultramikrobakterien keinem Fraßdruck durch heterotrophe Nanoflagellaten ausgesetzt sind sowie dass Räuber- und Beutegröße wichtige Faktoren für die Analyse der Fraßmortalität von Ultramikrobakterien sind. Unsere Ergebnisse zeigen, dass Ultramikrobakterien durch Flagellaten des „*Spumella*-Typs“ gefressen werden und die Flagellaten auf diesen Bakterien wachsen können. Die Ergebnisse deuten an, dass die getesteten Ultramikrobakterien am unteren Limit der für Flagellaten gerade noch freißbaren Beutegröße liegen. Selbst kleine Unterschiede in der Größe der Stämme resultieren in einer unterschiedlichen Fraßökologie und führen zu einer Nischendifferenzierung selbst zwischen nahe verwandten Organismen.

## **Protistendiversität: von der rRNA zu REM Bildern**

**Stoeck Thorsten<sup>1,3</sup>, Fowle William H.<sup>2</sup> & Epstein Slava S.<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup>*Northeastern University, Marine Science Center, East Point, Nahant MA, 01908, USA*

<sup>2</sup>*Northeastern University, Department of Biology, Boston MA, 02115, USA*

<sup>3</sup>*Technische Universität Kaiserslautern, FB Biologie, D-67663 Kaiserslautern, Deutschland*

Jedes Jahr werden tausende neuer Protisten-18S rRNA-Sequenzen in Umweltproben entdeckt. Zahlreiche dieser Sequenzen sind molekulare Signaturen neuer Protisten Arten, Klassen oder sogar Ordnungen, die man bislang noch nicht zu Gesicht bekommen hat. Wir stellen eine Methode vor, mit deren Hilfe diese Organismen, die sich hinter neuen molekularen Signaturen verbergen, ultrastrukturell sichtbar gemacht werden können. Diese Ziel wird durch eine Kombination modifizierter Standardprotokolle zur Zellfixierung, Fluoreszenz in situ Hybridisierung (FISH) und Rasterelektronenmikroskopie (REM) erreicht. Das Ergebnis dieser Methode ist, dass identische individuelle Zelle zuerst durch fluoreszenzmarkierte 18S rRNA spezifische Sonden in einer Umweltprobe detektiert werden kann und anschliessend via REM diagnostisch-morphologische Charakteristika untersucht werden können. Die Methode wurde bislang erfolgreich an einer Reihe von Modellorganismen (Alveolaten, Stramenopilen, Kinetoplastiden, Kryptomonaden) sowie an einer schwer zuzuordnenden Sequenzgruppe innerhalb der Ciliaten getestet. Diese neue Methode eröffnet einen neuen Weg zur Untersuchung von Organismen, die bislang nur durch ihre 18S rRNA Sequenz bekannt waren.

## **Does symbiosis between algae and ciliates additionally represent a strategy to minimize damage by solar UV radiation?**

**Sommaruga Ruben, Summerer Monika & Sonntag Bettina**

*University of Innsbruck, Institute of Zoology and Limnology, Group on Aquatic Photobiology and Plankton Ecology. Technikerstr. 25, A-6020 Innsbruck, AUSTRIA*

In oligotrophic marine regions and freshwater ecosystems, inorganic nutrients needed by photoautotrophs are scarce as are prey for heterotrophs. Symbiosis between these trophic groups provides a close coupling with inorganic nutrients, passing from heterotrophs to algae and photosynthate passing from algae to heterotrophs. Thus, for example mixotrophy in ciliates, is considered mainly as an adaptation allowing exploitation of oligotrophic environments. Those environments, however, are generally highly transparent to solar UV radiation (UVR) and many mixotrophic species of ciliates thrive close to the surface. Recently, we have started to test the hypothesis that algal-ciliate symbiosis may also represent a strategy to obtain resistance against the damaging effects of UVR. This resistance may be obtained through protection of important ciliate cell targets by internal self-shading of endosymbiotic algae, and additionally, by accumulation of algal-derived UV-absorbing compounds known as mycosporine-like amino acids or MAAs. HPLC measurements of aqueous methanolic extracts of the giant marine ciliate *Maristentor dinoferus* (*in toto*) inhabiting coral reefs of Guam and of *Askenasia chlorelligera* (*in hospite* 'zoochlorella') isolated from one transparent alpine lake in Austria indicated the presence of several MAAs. In addition, preliminary experiments with one white and green clone of *Paramecium bursaria* (lacking MAAs) suggested that endosymbiotic 'zoochlorella' confers protection against UV damage. Overall, our findings suggest that minimizing UV damage may have been a crucial evolutionary trait in algal-ciliate symbiosis. Finally, the protection hypothesis could also offer an explanation to the dominance of mixotrophic ciliates in high-nutrient sunlit freshwater environments.

## Genetische Analyse der Biogenese von Phagosomen bei *Tetrahymena thermophila*

**Tiedtke A. & Scheidgen-Kleyboldt G.**

*Institut für Allgemeine Zoologie & Genetik, Universität Münster, D-48149 Münster*

Wenn Ciliaten ein Phagosom abschnüren, haben schon eine Vielzahl von molekularen Ereignissen, wie Rezeptor–Ligand Interaktionen, Signalverarbeitungsprozesse und Membranfusionen stattgefunden.

Um diese Prozesse besser charakterisieren zu können, zerlegen wir den Biogeneseweg von Phagosomen genetisch, indem wir Mutanten erzeugen, die unterschiedliche Schritte des Wegs blockieren. Wir finden Mutanten, die keine Phagosomen bilden oder abschnüren können, die wir folgenden Gruppen zuordnen:

1. Mutanten, die Defekte im Aufbau und der Funktion des Oralapparates (OA) aufweisen, und deswegen nicht oder nicht effizient genug Partikel in den Cytopharynx verfrachten.
2. Mutanten mit normal organisierten und funktionierenden OA's, die aber dennoch kein Phagosom bilden.
3. Mutanten, die ein Phagosom ausbilden, es aber nicht ins Cytoplasma entlassen.

Die Untersuchung dieser Mutantenklassen hat eine Reihe von wichtigen Einsichten erbracht; sie gestattete es aber nicht, die zugrunde liegenden Gene zu charakterisieren. Wir verwenden für dieses Vorhaben nun eine Antisense-Ribosomen-Bibliothek (\*), in der der Antisense Vektor Fragmente aus den 5'-nichttranslatierten Regionen von Genen enthält, die einer vollständigen cDNA Bank entstammen, die ihrerseits aus normierten mRNA's logarithmisch wachsender Zellen hergestellt wurde. Werden damit konjugierende *T. thermophila* transformiert, so entstehen Null- oder hypomorphe Phänotypen, in unserem Falle solche mit blockierter Phagosomenbildung. Wir haben das Gen eines Klons, der zur Klasse 1 gehört, charakterisiert: Es handelt sich um ein Gen für ein sezerniertes Protein mit Sequenzhomologie zur Phospholipase A1 (PLA1). Inzwischen liegen weitere Transformanden vor, die u. a. Defekte wie die Mutanten der Klasse 2 zeigen. Über ihre Charakterisierung werden wir auf der Tagung berichten.

\* Chilcoat, N. D. et al. : An antisense approach to phenotype-based gene cloning in *Tetrahymena*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, **98**, 8709-8713, 2001.

## A mitochondrial genome in the hydrogenosomes of the ciliate *Nyctotherus ovalis*

van der Staay Georg W.M.\*, Rob M. de Graaf\*, Theo A. van Alen, Seung Yeo Moon-van der Staay, Brigitte Boxma, Angela H.A.M. van Hoek<sup>†</sup>, Toni Gabaldon<sup>‡</sup>, Martijn A. Huynen<sup>‡</sup> & Johannes H.P. Hackstein<sup>1</sup>

<sup>†</sup>Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Sci., and <sup>‡</sup>Nijmegen Centre of Molecular Life Sciences (NCMLS) and CMBI, University of Nijmegen, Toernooiveld 1, NL-6525ED Nijmegen, The Netherlands

<sup>†</sup>Present address: RIKILT Institute of Food Safety, Bornsesteeg 45, NL-6708PD, Wageningen, The Netherlands.

The hydrogenosomes of the anaerobic ciliate *Nyctotherus ovalis* from the gut of cockroaches contain DNA that carries a sequence homologous to SSU rRNA<sup>1,2,3</sup>. Here we show how we succeeded in cloning and sequencing a 14 kb fragment of the organelle genome. Bioinformatic analysis of the ORF's that could be identified on this fragment unequivocally revealed the presence of genes encoding several components of a mitochondrial complex I (NAD 2, NAD 4L, NAD 5, NAD 7), genes encoding mitochondrial ribosomal proteins (RPL2, RPL14), and the organelle SSU rRNA gene described earlier. These genes are transcribed and argue that the hydrogenosome of *Nyctotherus ovalis* is an active, genome carrying, and hydrogen producing anaerobic mitochondrion (c.f. 4, 5)..

<sup>1</sup>A.S. Akhmanova, F.G.J. Voncken, T.A. van Alen, A.H.A.M. van Hoek, B. Boxma, G.D. Vogels, M. Veenhuis and J.H.P. Hackstein (1998): A hydrogenosome with a genome. *Nature* 396, 527-528

<sup>2</sup>A.H.A.M. van Hoek, A.S. Akhmanova, M.A. Huynen and J.H.P. Hackstein (2000): A mitochondrial ancestry of the hydrogenosomes of *Nyctotherus ovalis*. *Mol. Biol. Evol.* 17, 202-206

<sup>3</sup>J.H.P. Hackstein, A. Akhmanova, F. Voncken, A. van Hoek, T. van Alen, B. Boxma, S.Y. Moon-van der Staay, G. van der Staay, J. Leunissen, M. Huynen, J. Rosenberg, and M. Veenhuis. (2001): Hydrogenosomes: convergent adaptations of mitochondria to anaerobic environments. *Zoology* 104, 290-302

<sup>4</sup>A.G.M. Tielens, C. Rotte, J.J. van Hellemond and W. Martin, (2002) : Mitochondria as we don't know them, *Trends Biochem. Sciences*, 27, 564-572

<sup>5</sup>Gabaldon, T., and Huynen. M.A. (2003) Reconstruction of the proto-mitochondrial metabolism. *Science* 301, 609

\*these authors contributed equally to the paper

## Contribution by the methanogenic endosymbionts of anaerobic ciliates to methane production in Dutch freshwater sediments

van Hoek Angela H.A.M. \*, van Alen Theo A., Vogels Godfried D. & Hackstein Johannes H.P.

*Department of Evolutionary Microbiology, Faculty of Science, University of Nijmegen, Toernooiveld 1, NL-6525ED Nijmegen, The Netherlands.*

*\*Present address: RIKILT Institute of Food Safety, Bornsesteeg 45, NL-6708PD, Wageningen, The Netherlands*

Biogenic methane contributes substantially to the atmospheric methane concentration and thus to global warming<sup>1</sup>. This trace gas is produced by strictly anaerobic methanogenic archaea (“methane bacteria”), which thrive in the most divergent ecological niches, e. g. paddy fields, sediments, landfills, and the digestive tract of various animals<sup>2</sup>. Methanogenic archaea also live as endosymbionts in the cytoplasm of anaerobic protozoa<sup>3</sup>. In marine sediments these endosymbionts can contribute up to 90% to the overall rate of methanogenesis<sup>4</sup>, whereas their role in freshwater sediments is largely unknown. Here we describe the results of a one year’s survey of the methanogenesis by endosymbiotic methanogens in four different Dutch freshwater sediments. The abundance of anaerobic protozoa, in particular ciliates, the methane production rates by the ecosystem and by the protists, and a number of abiotic parameters were measured. A novel method (heat-shock for 5 minutes) for estimating the contribution by endosymbiotic methanogens was established. Our results reveal large fluctuations of ciliate abundance throughout the year, but on average, only minor contributions by methanogenic endosymbionts to the total methanogenesis in these environments.

Supported by NWO

- 1) Ferry JG (1997) Methane: small molecule, big impact. *Science*, **278**, 1413–1414.
- 2) Fenchel T, Finlay BJ (1995) *Ecology and evolution in anoxic worlds*. Oxford University Press, Oxford, New York, Tokyo, 276 pp.
- 3) Van Bruggen JJA, Stumm CK, Vogels GD (1983) Symbiosis of methanogenic bacteria and sapropelic protozoa. *Archives of Microbiology*, **136**, 89–95.
- 4) Fenchel T (1993) Methanogenesis in marine shallow water sediments: the quantitative role of anaerobic protozoa with endosymbiotic methanogenic bacteria. *Ophelia*, **37**, 67–82.

## **An endocytobiont harbouring *Naegleria* strain identified as *N. clarki***

**Walochnik J<sup>1</sup>, Hauröder B<sup>2</sup>, Müller KD<sup>3</sup>, Aspöck H<sup>1</sup>, Zöller L<sup>2</sup> & Michel R<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>*Dept. of Med. Parasitology, Clin. Inst. of Hygiene and Med. Microbiology, Med. University of Vienna, Austria*

<sup>2</sup>*Central Inst. of the Armed Forces Med. Serv., Koblenz, Germany*

<sup>3</sup>*Inst. of Med. Microbiology, University Essen, Germany*

A *Naegleria* strain isolated from a garden pond and harbouring two different populations of bacterial endocytobionts, one replicating within the cytoplasm, the other growing within the nucleus of the amoeba – together inhibiting the encystation of their host (Michel et al. 1999), was identified as *Naegleria clarki* De Jonckheere, 1994.

The trophozoite and the flagellate stage were investigated by light and electron microscopy and the temperature tolerance, under-agarose migration and tissue culture pathogenicity of the strain were assessed. Moreover, the entire gene of the SSU rDNA was sequenced and compared to published sequences of different *Naegleria* species and a cluster analysis was performed in order to reveal the phylogenetic position of this endocytobiont harbouring *Naegleria* strain.

The amoeba was shown to grow well at 37°C, to migrate under-agarose and to lyse human cells. The SSU rDNA contains a group I intron and shows high sequence identity to other *N. clarki* strains. The *N. clarki* strains altogether formed a cluster with *N. australiensis*, *N. italica* and certain strains of *N. gruberi*.

In summary, it was shown that *N. clarki* can harbour living bacteria, and thus can act as vehicle for bacteria. Moreover, the results of our study corroborate the close relationship between *N. clarki* and the potentially pathogenic *N. italica* and *N. australiensis* and demonstrate that also *N. clarki* shows physiological properties related to pathogenicity.

## **Unterliegen terrestrische Thekamöbengemeinschaften einer Sukzession?**

**Wanner Manfred & Xylander Willi E.R.**

*Staatliches Museum für Naturkunde Görlitz, POB 300154, D-02806 Görlitz*

„Sukzession“ ist durch ein Austausch von Arten im zeitlichen Verlauf der Entwicklung von Biodiversität charakterisiert. Die entsprechenden Konzepte stammen überwiegend aus vegetationsökologischen Beobachtungen. Die frühesten Phasen der Sukzession werden jedoch von heterotrophen Einzellern initiiert, die entscheidend zur weiteren Entwicklung der Organismengemeinschaft beitragen. Die vorliegenden Untersuchungen beleuchten die initiale Sukzessionsphase terrestrischer Systeme an Hand einer der ökologisch wichtigsten Protistengruppen, den beschalteten Amöben. Unklar ist, ob terrestrische Thekamöben, die zur Sukzession der Organismengemeinschaft eines Standortes beitragen, selbst überhaupt einer Sukzession unterliegen. Unsere Untersuchungen deuten eher auf eine „additive Kolonisation“ hin, d.h. einer stetigen Zunahme des Artenpools ohne Artenwechsel. Eng damit verknüpft ist die Frage, welche Faktoren an einer zeitlichen Veränderung der Thekamöbenzönose beteiligt sind und wie diese gesteuert wird. Die Zusammensetzung des Quellartenpools wie auch die Beschaffenheit des Zielsubstrats spielen hier eine bedeutsame Rolle für die weitere zeitliche Entwicklung der Biodiversität, die im Kontext des „community assembly“ dargestellt wird.

## **Identifizierung von Pansen-Ciliaten mittels Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung (FISH)**

**Weber Silvia<sup>1</sup>, Fried Johannes<sup>1</sup>, Michalowski Tadeusz<sup>2</sup>, McEwan Neil<sup>3</sup>, Ludwig Wolfgang<sup>1</sup> & Schleifer Karl Heinz<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> *Lehrstuhl für Mikrobiologie, Technische Universität München, Am Hochanger 4, D-85350 Freising, Germany*

<sup>2</sup> *Kielanowski Institute of Animal Physiology and Nutrition, Polish Academy of Sciences, Instytutcka 3, PL-05-110 Jablonna, Poland*

<sup>3</sup> *Division of Microbiology and Immunology, Rowett Research Institute, Greenburn Road, Bucksburn, AB21 9SB Aberdeen, Scotland, U.K.*

Ciliaten der Ordnungen Entodiniomorpha und Vestibuliferida (Klasse Litostomatea) leben in großer Zahl ( $\times 10^6/\text{ml}$ ) im Pansen von Wiederkäuern und beeinflussen deren Stoffwechsel. Sie sind morphologisch sehr komplex und äußerst variabel, und daher nur schwer zu identifizieren. [1,2]. Die für die Ciliaten adaptierte Technik der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung (FISH) mit rRNS-gerichteten Nukleotidsonden [3] verspricht eine gute Methode der Identifizierung von Pansen-Ciliaten zu sein, was in der vorliegenden Studie getestet wurde. Diese ist Teil des EU-Projektes CIMES, in dem Pansenciliaten derzeit intensiv untersucht werden [4].

Es wurden mehrere neue 18S-rRNS-gerichtete Oligonukleotidsonden unter Verwendung der ARB-Software und der ARB-Datenbanken [5] entwickelt, fluoreszenzmarkiert und an in Kultur gezüchteten Organismen getestet, um mittels Ciliaten-FISH [3] mehrere Taxa aus der Gruppe der Entodiniomorpha zu identifizieren und voneinander zu unterscheiden. Zur Optimierung von FISH wurden verschiedene Fixierungsverfahren getestet.

In einem zweiten Ansatz wurden fluoreszenzmarkierte 18S-rDNS-gerichtete Polynukleotidsonden konstruiert, um zu prüfen, ob Ring-FISH [6] zum Nachweis von Einzelgenen in Macronuclei der untersuchten Ciliaten verwendet werden kann.

Es wird gezeigt, in wie weit eine neue FISH-Technik, die kombinierte Anwendung von Poly- und Oligonukleotid-Sonden, zum Nachweis von Einzelgenen in Pansen-Ciliaten anwendbar ist.

[1] Dogiel (1927): Arch. Protistenkd. 59(1): 1-288

[2] Williams, Coleman (1992): Springer Verlag, Berlin

[3] Fried et al. (2002): Syst. Appl. Microbiol. 25: 555-571

[4] CIMES – Ciliates as monitors for environmental safety. Europäische Kommission, Projekt QLK3-CT-2002-02151

[5] Ludwig et al.: <http://www.arb-home.de>

[6] Zwirgmaier et al. (2004): Mol. Microbiol. 51(1): 89-96

## Das 'Meseres-Projekt' Konzept und erste Ergebnisse

Weisse, T.<sup>1</sup>, Foissner, W.<sup>2</sup>, Gächter, E.<sup>1</sup>, Müller, H.<sup>1,3</sup> & Strüder-Kypke, M.C.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Institut für Limnologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften,

Mondseestr. 9, 5310 Mondsee, [thomas.weisse@oeaw.ac.at](mailto:thomas.weisse@oeaw.ac.at)

<sup>2</sup>Institut für Zoologie der Universität Salzburg, Hellbrunnerstrasse 34, 5020 Salzburg

<sup>3</sup>Jacob-Burckhardt-Str. 18, D-78464 Konstanz

<sup>4</sup>Department of Zoology, University of Guelph, Guelph, ON, CANADA N1G 2W1

Das Ziel dieses vom Fonds zur Förderung der wissenschaftlichen Forschung (FWF) geförderten, internationalen Forschungsprojektes ist es, das Ausmaß und die ökologische Bedeutung der genotypischen und phänotypischen Variabilität innerhalb der Süßwasser-Ciliaten am Beispiel von *Meseres corlissi* zu untersuchen. Die Art gehört zur Familie der Halteriiden und weist in vivo eine Zellgröße von ca. 70-90 x 60 µm auf; morphologisch ähnelt die Art *Halteria/Pelagohalteria*. *M. corlissi* bildet Dauerstadien (Zysten), die mit auffälligen, facettierten Schuppen bedeckt sind und für die Untersuchung innerartlicher Variabilität hervorragend geeignet erscheinen. Die Schuppen werden innerhalb der sich enzystierenden Zelle produziert und trotz ihrer Größe bis zu 10 µm durch den Cortex transportiert. Die Ökologie von *M. corlissi* ist noch unbekannt. Unsere ersten Laboruntersuchungen zeigen jedoch, dass die maximalen Wachstums- und Fressraten von *Meseres* sehr hoch sind und sich zwischen Populationen aus unterschiedlichen Habitaten signifikant unterscheiden können. Das Forschungsprojekt wird ökophysiologische, morphologische und molekulargenetische Untersuchungsmethoden kombinieren um das Ausmaß der phänotypischen und genotypischen Variabilität innerhalb verschiedener Isolate von *M. corlissi* zu untersuchen. Die Isolate stammen aus geographisch weit entfernten und sehr unterschiedlichen Standorten. Im Einzelnen soll die

- ökophysiologische und genetische Variabilität innerhalb eines Standortes (klonale Variabilität)
- mit der
- Variabilität zwischen entfernten Standorten (lokale Adaptation) verglichen werden.

Dabei soll die (Null-)Hypothese überprüft werden, dass weit verbreitete Ciliaten sich genetisch und ökologisch nicht unterscheiden, d.h. lokale Adaptationen zu vernachlässigen sind.

## **Kontrolle bakterieller Biofilme durch Protozoen: Komplexe Wechselwirkungen zwischen Fraßtypen und Bakterieneigenschaften**

**Weitere Markus, Matz Carsten, Bergfeld Tanja, Rice Scott A. & Kjelleberg Staffan**

*Centre of Marine Biofouling and Bio-Innovation, School of Biotechnology and Biomolecular Sciences, University of New South Wales, Sydney NSW 2052, Australia, Email: mweitere@arcor.de*

Bakterielle Biofilme sind allgegenwärtig auf aquatischen Oberflächen. Sie können eine bedeutende Rolle im Stoffumsatzgeschehen sowohl von natürlichen Gewässern als auch von Kläranlagen spielen. In vielen industriellen Bereichen können Biofilme aufgrund unerwünschter Biomasseentwicklung und der Beherbergung pathogener Bakterien ein Problem darstellen. Die Bedeutung von Protozoen als natürliche Antagonisten von Bakterien in der Kontrolle von Biofilmen ist bis heute nur spärlich untersucht, auch wenn sie Biofilme in hohen Dichten besiedeln können.

In der vorliegenden Studie haben wir den Grazingeeinfluss unterschiedlicher Protozoen auf differenzierte Biofilme des opportunistisch pathogenen Bakteriums *Pseudomonas aeruginosa* untersucht. Es wurden unterschiedliche Stämme verwendet, die sich durch die Abwesenheit bzw. Überproduktion von in der Biofilmentwicklung wichtigen Strukturen (Flagellen, Pili, Alginate) und Signalsubstanzen (*quorum sensing*) unterschieden. Ein Fraßschutz der Biofilme wurde zum einen durch eine *quorum sensing* regulierte Toxinproduktion festgestellt. Dieser Effekt trat besonders stark bei verschiedenen Flagellaten auf, jedoch deutlich schwächer bei der Amöbe *Acantamoeba* sp. und bei dem Ciliaten *Tetrahymena* sp. Ein nicht-toxischer Fraßschutz gegenüber Flagellaten trat z.B. durch die Überproduktion von Alginaten auf. Jedoch wurde gerade der Alginat-überproduzierende Stamm besonders effektiv von *Acantamoeba* sp. konsumiert. Die Ergebnisse zeigen, dass sich Erkenntnisse für bestimmte Protozoen (z.B. Resistenz gegenüber Flagellatenfraß durch Alginate) nicht pauschal auf andere Gruppen übertragen lassen können. Vielmehr treten spezialisierte Formen auf, die besonders effizient auf unterschiedliche Stadien der Biofilmentwicklung grazieren.

## **Ciliaten-Zooplankton Interaktionen in einem antarktischen Nahrungsnetz**

**Wickham Stephen & Berninger Ulrike-G.**

*Institut für Zoologie, Universität Salzburg*

Experimente wurden durchgeführt, um den direkten und indirekten Einfluss des cyclopoiden Copepoden, *Oithona similis* und des Furcilien-Stadiums des antarktischen Krills *Euphausia superba* auf Ciliaten und das mikrobielle Nahrungsgewebe zu messen. Die Experimente wurden im Bellinghausenmeer im antarktischen Herbst durchgeführt, in einer Zeit, zu der die Primärproduktivität abnimmt und heterotrophe Prozesse wichtiger sein sollten. Der Fraßdruck *Oithonas* auf Ciliaten war schwach, aber fraßempfindliche und fraßresistente Ciliaten konnten unterschieden werden. Furcilien aber übten hohen Fraßdruck auf Ciliaten, Copepoden und Algen aus, mit einer deutlichen Präferenz für Ciliaten über Algen. Ciliaten können deshalb ein wichtiger Teil des Futters der Furcilien sein, direkt bevor diese überwintern müssen. Obwohl durch den Fraß des Krill die Abundanzen der Ciliaten um 90% reduziert wurden, gab es keine Wirkung des Krills auf heterotrophe Flagellaten oder Bakterien. Trotz dieser starken Verbindung zwischen Ciliaten und Zooplankton war also keine trophische Kaskade bis zu den Bakterien zu erkennen.

## **Erste Untersuchungen der Flagellatengemeinschaft im Biofilm der Ilm – einem Fluss 3. Ordnung im Thüringer Wald**

### **Willkomm Marlene**

*Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Ökologie, AG Limnologie, Carl-Zeiss-Promenade 10, 07745 Jena, Tel. 03641/642971, FAX: 03641/643325,*

*E-Mail: [marlene.willkomm@uni-jena.de](mailto:marlene.willkomm@uni-jena.de)*

Abiotische Parameter beeinflussen Organismen im Hinblick auf ihre Abundanz, Diversität und Interaktionen untereinander. Der Parameter Fließgeschwindigkeit spielt in Flüssen eine große Rolle, schon in natürlichen Bereichen treten unterschiedliche Fließgeschwindigkeiten auf. Dieser Effekt kann durch anthropogene Eingriffe noch verstärkt werden. Beispielsweise kann die Fließgeschwindigkeit oberhalb eines Wehres bis auf null  $\text{m s}^{-1}$  sinken, während sie unterhalb von Wehren wieder stark ansteigt. Die ständig wechselnden Fließgeschwindigkeiten beeinflussen nicht nur die Organismen, sondern auch andere abiotische Parameter.

Im Verlauf der Ilm, einem Fluss 3. Ordnung im Thüringer Wald, finden wir auf 130 Flusskilometern 57 Wehre. Diese Vielzahl an Querverbauungen beeinflusst das gesamte Fließregime der Ilm. Der Schwerpunkt der Untersuchung liegt auf der Flagellaten-gemeinschaft im Biofilm. Als Untersuchungsabschnitte dienen eine naturnahe Stelle bei Manebach (Fluss-km 127) und drei Wehrbereiche bei Griesheim (Fluss-km 103).

Der Biofilm wuchs auf Objektträgern, die von März bis Dezember 2003 entweder für 14 Tage horizontal auf dem Flussbett exponiert wurden bzw. die bei Sukzessionsversuchen im Abstand von einigen Tagen (Tag 1, 3, 5, 7 und 14) untersucht wurden. Die Bestimmung der Abundanz der Flagellaten und der Artenzusammensetzung erfolgte durch Lebendzählung mit Hilfe eines Zeiss-Invers-Mikroskops (Axiovert 25) und gleichzeitig durchgeführten Videoaufnahmen.

Erste Ergebnisse zeigen, dass die Abundanz der Flagellaten an der unbeeinflussten Stelle bei Manebach am höchsten ist ( $\sim 1816 \text{ Ind. cm}^{-2}$ ), während die Abundanz in den Wehrbereichen insgesamt geringer ist. Es wurde aber festgestellt, dass die Besiedlungsdichte der Flagellaten im Unterwasser der Wehre höher ist als im Oberwasser (z.B. Wehr: Oberwasser  $\sim 427 \text{ Ind. cm}^{-2}$ ; Unterwasser  $\sim 880 \text{ Ind. cm}^{-2}$ ).

## Molekularbiologische Charakterisierung von *Nephridiophaga blattellae*

Wylezich Claudia<sup>1,2</sup>, Radek Renate<sup>3</sup>, Schier Warun<sup>2</sup> & Schlegel Martin<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Universität zu Köln, Allgemeine Ökologie und Limnologie, Weyertal 119, 50923 Köln

<sup>2</sup> Universität Leipzig, Molekulare Evolution und Systematik der Tiere, Talstr. 33, 04103 Leipzig

<sup>3</sup> Freie Universität Berlin, AG Protozoologie, Königin-Luise-Str. 1-3, 14195 Berlin

Die taxonomische Zuordnung der Sporen formenden, einzelligen Nephridiophagiden, die in den Malpighischen Gefäßen von Insekten leben, ist bislang völlig ungewiss und anhand morphologischer und ultrastruktureller Merkmale nicht aufzuklären. So zeigen ihre Sporen nicht die typischen Charakteristika anderer Sporen bildender Einzeller (Microsporidia: Polfaden, posteriore Vakuole; Apicomplexa: Apikalkomplex; Myxozoa: Polkapseln, mehrzellige Sporen). Einige Autoren (z.B. Purrini & Weiser 1990 Zool. Beitr. 33:209) stellen sie zu den Haplosporidien (Alveolata), obwohl auch hierfür keine überzeugenden Hinweise zu finden sind. Zudem fehlen den Nephridiophagiden die bezeichnenden Haplosporosomen der Haplosporidier.

Um die stammesgeschichtliche Herkunft dieses Taxons zu rekonstruieren, wurde die 18S rRNA von *Nephridiophaga blattellae* (aus der Deutschen Schabe *Blattella germanica*) amplifiziert und sequenziert. Nach dieser ersten molekularbiologischen Untersuchung ist auszuschließen, dass die Nephridiophagiden näher mit den Haplosporidieren verwandt sind. Viel mehr deuten die Daten darauf hin, dass sie ihren evolutiven Ursprung innerhalb der Pilze haben. Dies wird auch durch morphologische Befunde gestützt: in der Sporenwand ist das Vorkommen von Chitin nachgewiesen (Radek, Klein & Storch 2002 Acta Protozool. 41:169). Die genaue Position des Taxons ist nach den bisherigen Analysen – ähnlich den Microsporidia (Keeling 2003 Fungal Gen. Biol. 38:298) – vermutlich in der Nähe der Zygomycota zu erwarten.

## **Morphology, Encystment, and Ontogenesis of *Arcuospathidium cultriforme* (Ciliophora, Haptoria)**

**Xu Kuidong & Foissner Wilhelm**

*Universität Salzburg, Institut für Zoologie, A-5020 Salzburg, Austria*

We studied the morphology, encystment, and ontogenesis of two closely related spathidiids, viz., *Arcuospathidium cultriforme* (Penard, 1922) and *A. scalpriforme* (Kahl, 1930), using live observation, protargol impregnation, and scanning electron microscopy. Both species are large, that is, have a length between 200  $\mu\text{m}$  and 300  $\mu\text{m}$  and possess a long, steep oral bulge. The data show that they are highly similar, differing only in the length of the oral bulge and the arrangement of the extrusomes. Thus, we classify them as subspecies. During encystment, the macronucleus is strongly shortened and the somatic and oral infraciliature resorbed. The resting cyst is unique in having a distinctly faceted wall not found in twenty other *Arcuospathidium* and *Spathidium* species. Ontogenesis is holotelokinetal and similar to that of other spathidiids, but shows some, likely genus-specific features. Our observations suggest a simple model how the spathidiid oral bulge and ciliary patterns are generated, viz., by faster growth of the dorsal than ventral oral area, making the oral bulge more or less distinctly oblique. An *Arcuospathidium* ciliary pattern is produced if the ciliary rows detach from the oral kinetofragments, while a *Spathidium* pattern is generated if the ciliary rows remain attached to the oral kinetofragments. (Supported by the Austrian Science Foundation, FWF project P-15017.)



### **Teilnehmerliste DGP 2004**

Frau **Dr. Erna Aescht**, Biologiezentrum der O.Ö. Landesmuseum, J.-W.-Klein-Str. 73, A-4040 Linz

Frau **Dr. Sabine Agatha**, Universität Salzburg, Institut für Zoologie, Hellbrunnerstraße 34, A-5020 Salzburg

Herr **Selim Akarsu**, Seegefelder Str. 26 B, D-13583 Berlin

Herr **Prof. Dr. Hartmut Arndt**, Zoologisches Institut, Universität zu Köln, Allgemeine Ökologie und Limnologie, Weyertal 119, D-50923 Köln

Herr **Univ. Prof. Dr. Horst Aspöck**, Klinisches Institut für Hygiene der Universität Wien, Abt. Medizinische Parasitologie, Kinderspitalgasse 15, A-1095 Wien

Frau **Dr. Brigitte Auer**, VTA Engineering und Umwelttechnik GmbH, Hauptstr. 2, A-4675 Weibern

Herr **Dr. Hannes Augustin**, Karschweg 12, A-5026 Salzburg

Herr **Prof. Dr. Christian F. Bardele**, Zoologisches Institut der Universität Tübingen, Auf der Morgenstelle 28, D-72076 Tübingen

Frau **Doreen Baumberg**, Thomastr. 51, D-12053 Berlin

Frau **Dr. Manuela Baumgartner**, Dalhousie University, Dept. of Biochemistry and Molecular Biology Rm 8B1, Sir Charles Tupper Medical Building, 5850 College Street, Halifax, Nova Scotia, B3H 1X5

Frau **Dr. Christine Beardsley**, Universität Kaiserslautern, FB Biologie, Abt. Ökologie, Erwin-Schrödinger Str. Geb. 14, D-67663 Kaiserslautern

Herr **Lutz Becks**, Zoologisches Institut, Universität zu Köln, Allgemeine Ökologie und Limnologie, Weyertal 119, D-50923 Köln

Frau **Anke Behnke**, Universität Kaiserslautern, FB Biologie, Abt. Ökologie, Erwin-Schrödinger Str. Geb. 14, D-67663 Kaiserslautern

Herr **Dr. Helmut Berger**, Technisches Büro für Ökologie, Radetzkystr. 10, A-5020 Salzburg

Herr **Dr. Detlef Bernhard**, Universität Leipzig, Institut für Zoologie, Liebigstr. 18, D-04103 Leipzig

Frau **PD Dr. Ulrike-G. Berninger**, Universität Salzburg, Institut für Zoologie, Hellbrunnerstraße 34, A-5020 Salzburg

Herr **Mag. Hubert Blatterer**, Amt der OÖ Landesregierung, Unterabteilung Gewässerschutz, Stockhofstr. 40, A-4021 Linz

Frau **Iola Gonçalves Boechat**, Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei, Müggelseedamm 301, D-12587 Berlin

Herr **Dr. Jens Boenigk**, Institut für Limnologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften, Mondseestr. 9, A-5310 Mondsee

Herr **Michael Bonkowski**, Institut für Zoologie, TU-Darmstadt FB 10, Biologie Schnittspahnstr. 3, D-64287 Darmstadt

Herr **Hans-Werner Breiner**, Universität Kaiserslautern, Gottlieb-Daimler-Str. 47, D-67663 Kaiserslautern

Herr **Thomas Buchholz**, Universität Wien, Institut für Ökologie und Naturschutz, Abt. Meeresbiologie, Althanstr. 14, A-1090 Wien

Frau **Heidrun Budde**, Zoologisches Institut, Universität zu Köln, Allgemeine Ökologie und Limnologie, Weyertal 119, D-50923 Köln

Frau **Sirma Çapar**, Hacettepe University, Science Fac., Biology Dept., 06532 Beytepe-Ankara-Türkei

Herr **Antonis Chatzinotas**, Swiss Federal Institute of Technology Lausanne (EPFL), ENAC ISTE, Laboratory of Soil Microbiology, CH-1015 Lausanne, Switzerland

Frau **Claeßens-Kenning Monika**, Münstereifeler Straße 6, D-53919 Weilerswist

Herr **Császár Nikolaus**, Universität Wien, Institut für Ökologie und Naturschutz, Abt. Meeresbiologie, Althanstr. 14, A-1090 Wien

Frau **Dr. Désirée Dietrich**, Freie Universität Berlin, Institut für Biologie/Zoologie, Königin-Luise-Straße 1-3 D-14195 Berlin

Herr **Rob de Graaf**, Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Science, Catholic University of Nijmegen Room: NS 080 Toernooiveld 1, NL-6525 ED Nijmegen

Herr **Marten Donders**, Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Science, Catholic University of Nijmegen Room: NS 080 Toernooiveld 1, NL-6525 ED Nijmegen

Herr **Dr. Klaus Eisler**, Universität Tübingen, Zoologisches Institut, Spezielle Zoologie, Auf der Morgenstelle 28, D-72076 Tübingen

Frau **Eveline Engels**, Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Science, Catholic University of Nijmegen Room: NS 080 Toernooiveld 1, NL-6525 ED Nijmegen

Herr **Markus Esser**, Zoologisches Institut, Universität zu Köln, Allgemeine Ökologie und Limnologie, Weyertal 119, D-50923 Köln

Frau **Dr. Marina Ettl**, VTA Engineering und Umwelttechnik GmbH, Hauptstr. 2, A-4675 Weibern

Herr **Prof. Dr. Wilhelm Foissner**, Universität Salzburg, Institut für Zoologie, Hellbrunnerstraße 34, A-5020 Salzburg

Herr **Dr. Sergei Fokin**, Zoological Institute of RAS, and Biological Research, Institute of St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

Herr **Dr. Johannes Fried**, TU München, Lehrstuhl für Mikrobiologie, Am Hochanger 4, D-85350 Freising

Herr **Prof. Dr. Karl Theodor Friedhoff**, Tierärztliche Hochschule Hannover, PIZ (Raum 719), Bünteweg 2, D-30559 Hannover

Frau **H. Friedhoff**, Anecampstr. 12 C, D-30539 Hannover

Frau **Mag. Elke Gächter**, Institut für Limnologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften, Mondseestr. 9, A-5310 Mondsee

Herr **Dr. Bruno Ganner**, Technisches Büro für Ökologie, Quellenweg 4/1, A-5020 Salzburg

Herr **Dr. Tobias Garstecki**, British Antarctic Survey, High Cross, Madingley Road, Cambridge CB 30 ET, Great Britain

Herr **Prof. Dr. Hans-Dieter Görtz**, Universität Stuttgart, Biologisches Institut, Abt. Zoologie Pfaffenwaldring 57, D-70569 Stuttgart

Herr **Dr. habil. Norbert Grotjohann**, Institut für Didaktik der Biologie, Sophienstr. 1-3, D-60487 Frankfurt am Main

Herr **Dr. Johannes H.P. Hackstein**, Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Science, Catholic University of Nijmegen, Room: NS 080 Toernooiveld 1, NL-6525 ED Nijmegen

Frau **Kristina Hamilton**, 1A Station Road, Twickenham, TW1 4LL, Great Britain

Frau **Astrid Hammer**, University of York, PO Box 373, York YO10 5YW, Great Britain

Frau **Manuela Hartmann**, TU München, Lehrstuhl für Mikrobiologie, Am Hochanger 4, D-85350 Freising

Herr **Prof. Dr. Klaus Hausmann**, Freie Universität Berlin, Institut für Biologie/Zoologie, Königin-Luise-Straße 1-3, D-14195 Berlin

Frau **Katrin Heckmann**, Nordhornstr. 12, D-48161 Münster

Herr **Prof. Dr. Klaus Heckmann**, Nordhornstr. 12, D-48161 Münster

Herr **Niels Heindl**, Universität Wien, Institut für Ökologie und Naturschutz, Abt. Meeresbiologie, Althanstr. 14, A-1090 Wien

Herr **Gunnar Henkes**, Institut für Zoologie, TU-Darmstadt FB 10, Biologie Schnittspahnstr. 3, D-64287 Darmstadt

Herr **Paul Hörtnagl**, Institut für Zoologie und Limnologie, Universität Innsbruck, Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck

Frau **Mag. Julia Hofer**, Institut für Zoologie und Limnologie, Universität Innsbruck, Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck

Frau **Dr. Mona Hoppenrath**, Biologische Anstalt Helgoland, AWI, Kurpromenade, D-27498 Helgoland

Herr **Dr. Matthias Horn**, Universität Wien, Institut für Ökologie und Naturschutz, Abteilung Mikrobielle Ökologie, Althanstr. 14, A-1090 Wien

Herr **Dr. Norbert Hülsmann**, Freie Universität Berlin, Institut für Zoologie, AG Protozoologie, Königin-Luise-Straße 1-3, D-14195 Berlin

Herr **Dr. Klaus Jürgens**, Institut für Ostseeforschung Warnemünde, Seestraße 15, D-18119 Rostock

Frau **Christina Kage**, Institut für wissenschaftliche Fotografie, Schloß Weißenstein, D-73111 Lauterstein

Herr **Manfred Kage**, Institut für wissenschaftliche Fotografie, Schloß Weißenstein, D-73111 Lauterstein

Frau **Gülcan Karaman**, Kaiserkorso 5, D-12101 Berlin

Frau **Nicole Kasielke**, Universität Konstanz, Fakultät für Biologie, Postfach 5560, D-78457 Konstanz

Frau **Christiane Kern**, Institut für Zoologie, TU-Darmstadt FB 10, Biologie Schnittspahnstr. 3, D-64287 Darmstadt

Herr **Martin Kirchmair**, Institut für Mikrobiologie, Universität Innsbruck, Technikerstr. 25, A-6020 Innsbruck

Herr **Prof. Dr. Hans Peter Klein**, Institut für Didaktik der Biologie, Sophienstr. 1-3, D-60487 Frankfurt am Main

Frau **Silvia Knab**, Institut für Zoologie und Limnologie, Universität Innsbruck, Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck

Frau **Sandra Kröwer**, Friedrich-Schiller-Universität, Institut für Ökologie, AG Limnologie, Carl-Zeiss-Promenade 10, D-07745 Jena

Herr **Enrique Lara**, Swiss Federal Institute of Technology Lausanne (EPFL), ENAC ISTE, Laboratory of Soil Microbiology, CH-1015 Lausanne, Switzerland

- Herr **Dr. Ralf Meisterfeld**, RWTH Aachen, Institut für Biologie II (Zoologie),  
Kopernikusstraße 16, D-52056 Aachen
- Frau **Dr. Helga Müller**, Jacob-Burckhardt-Str. 18, D-78464 Konstanz
- Herr **Prof. Dr. Miklós Müller**, The Rockefeller University, 1230 York Avenue, New  
York, NY 10021, USA
- Herr **Jun Murase**, Max-Planck-Institut für terrestrische Mikrobiologie, Karl-von-  
Frisch Straße, D-35043 Marburg
- Herr **Gen Omura**, Universität Stuttgart, Biologisches Institut, Abt. Zoologie,  
Pfaffenwaldring 57, D-70569 Stuttgart
- Herr **Marko Pavlekovic**, TU München, Lehrstuhl für Mikrobiologie, Am Hochanger  
4, D-85350 Freising
- Frau **Dr. Barbara Pernfuß**, Institut für Mikrobiologie, Universität Innsbruck,  
Technikerstr. 25, A-6020 Innsbruck
- Herr **Karl-Heinz Petermann**, Biologische Anstalt Helgoland, AWI, Kurpromenade,  
D-27498 Helgoland
- Herr **Dr. Giulio Petroni**, TU München, Lehrstuhl für Mikrobiologie, Am Hochanger  
4, D-85350 Freising
- Frau **Mag. Karin Pfandl**, Institut für Limnologie der Österreichischen Akademie der  
Wissenschaften, Mondseestr. 9, A-5310 Mondsee
- Herr **Martin Pfannkuchen**, Universität Stuttgart, Biologisches Institut, Abt.  
Zoologie, Pfaffenwaldring 57, D-70569 Stuttgart
- Herr **Prof. Dr. Helmut Plattner**, Universität Konstanz, FB Biologie, Postfach 5560,  
D-78457 Konstanz
- Herr **Dr. Thomas Posch**, Institut für Zoologie und Limnologie, Universität  
Innsbruck, Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck
- Herr **Mario Prast**, Zoologisches Institut, Universität zu Köln, Allgemeine Ökologie  
und Limnologie, Weyertal 119, D-50923 Köln
- Frau **Dr. Gela Preisfeld**, Fakultät Biologie, Universität Bielefeld, Postfach 100 131,  
D-33501 Bielefeld
- Herr **Prof. Dr. Roland Psenner**, Institut für Zoologie und Limnologie, Universität  
Innsbruck, Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck
- Frau **Dr. Renate Radek**, Freie Universität Berlin, Institut für Biologie/Zoologie, AG  
Protozoologie, Königin-Luise-Straße 1-3, D-14195 Berlin
- Herr **Prof. Dr. Reinhard Rieger**, Institut für Zoologie und Limnologie, Universität  
Innsbruck, Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck
- Herr **Christian Rinke**, Universität Wien, Institut für Ökologie und Naturschutz, Abt.  
Meeresbiologie, Althanstr. 14, A-1090 Wien
- Frau **Michaela Salcher**, Institut für Zoologie und Limnologie, Universität Innsbruck,  
Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck
- Frau **Dr. Birgit Sattler**, Institut für Zoologie und Limnologie, Universität Innsbruck,  
Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck
- Herr **Dipl.-Biol. Frank Scheckenbach**, Universität zu Köln, Ökologie, Weyertal 119,  
D-50923 Köln
- Frau **Dipl.-Biol. Ulrike Scheffel**, Institut für Limnologie der Österreichischen  
Akademie der Wissenschaften, Mondseestr. 9, A-5310 Mondsee

Frau **Dr. Anja Scherwaß**, Zoologisches Institut, Universität zu Köln, Allgemeine Ökologie und Limnologie, Weyertal 119, D-50923 Köln

Herr **Prof Dr. Helmut J. Schmidt**, Universität Kaiserslautern, FB Biologie/Abt. Ökologie, Postfach 3049, Gebäude 14/1-2, D-67653 Kaiserslautern

Frau **Stephanie Schmidt**, Universität Leipzig, Institut für Zoologie, Liebigstr. 18, D-04103 Leipzig

Herr **M. V. Julian Schwarz**, Max-Planck-Institut für terrestrische Mikrobiologie, Karl-von-Frisch Straße, D-35043 Marburg

Herr **Dr. Michael Schweikert**, TU Stuttgart, Biologisches Institut, Abteilung Zoologie, Pfaffenwaldring 57, D-70550 Stuttgart

Frau **Ivonne Sehring**, Universität Konstanz, Fakultät für Biologie, Postfach 5560, D-78457 Konstanz

Frau **Petra Selchow**, Rethelstr. 7, D-12435 Berlin

Herr **Edouard Severing**, Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Science, Catholic University of Nijmegen Room: NS 080 Toernooiveld 1, NL-6525 ED Nijmegen

Herr **Martin Simon**, Universität Kaiserslautern, FB Biologie/Abt. Ökologie, Erwin-Schrödinger-Straße, D-67653 Kaiserslautern

Frau **Dr. Bettina Sonntag**, Universität Innsbruck, Institut für Zoologie und Limnologie, Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck

Herr **Peter Stadler**, Institut für Limnologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften, Mondseestr. 9, A-5310 Mondsee

Herr **Dr. Thorsten Stoeck**, Universität Kaiserslautern, FB Biologie/Abt. Ökologie, Erwin-Schrödinger-Straße 14, D-67653 Kaiserslautern

Frau **Dr. Bertha Stumm-Tegethoff**, Pastoor Schelstraeteweg 29, NL-6525 SZ Nijmegen

Herr **Dr. Claudius K. Stumm**, Pastoor Schelstraeteweg 29, NL-6525 SZ Nijmegen

Frau **Mag. Monika Summerer**, Universität Innsbruck, Institut für Zoologie und Limnologie, Technikerstraße 25, A-6020 Innsbruck

Herr **Prof. Dr. Arno Tiedtke**, Universität Münster, Institut für Allgemeine Zoologie und Genetik, Schloßplatz 5, D-48149 Münster

Frau **Juliane Tröger**, Schaffhauser Str. 141, CH-8057 Zürich

Herr **Theo van Alen**, Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Science, Catholic University of Nijmegen Room: NS 080 Toernooiveld 1, NL-6525 ED Nijmegen

Herr **Georg van der Staay**, Dept. Evolutionary Microbiology, Fac. Science, Catholic University of Nijmegen Room: NS 080 Toernooiveld 1, NL-6525 ED Nijmegen

Herr **Dr. Hans-Jürgen Voß**, Am Dornbusch 42, D-46244 Bottrop-Kirchhellen

Frau **Julia Walochnik**, Klinisches Institut für Hygiene der Universität Wien, Kinderspitalgasse 15, A-1095 Wien

Herr **PD Dr. Manfred Wanner**, Staatliches Museum für Naturkunde Görlitz, POB 300154 D-02806 Görlitz

Frau **Beatrix Weber**, Universität Kaiserslautern, FB Biologie/Abt. Ökologie, Erwin-Schrödinger-Straße, D-67653 Kaiserslautern

Frau **Silvia Weber**, TU München, Lehrstuhl für Mikrobiologie, Am Hochanger 4, D-85350 Freising

Herr **Prof. Dr. Thomas Weisse**, Institut für Limnologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften, Mondseestr. 9, A-5310 Mondsee

Herr **Dr. Markus Weitere**, Zoologisches Institut, Universität zu Köln, Allgemeine Ökologie und Limnologie, Weyertal 119, D-50923 Köln

Herr **PD Dr. Stephen Wickham**, Universität Salzburg, Institut für Zoologie, Hellbrunnerstraße 34, A-5020 Salzburg

Herr **Ing. Franz Wieser**, Panzlweg 6, A-5400 Hallein

Frau **Dipl.-Biol. Marlene Willkomm** Friedrich-Schiller-Universität, Institut für Ökologie, AG Limnologie, Carl-Zeiss-Promenade 10, D-07745 Jena

Frau **Katharina Wulff**, TU München, Lehrstuhl für Mikrobiologie, Am Hochanger 4, D-85350 Freising

Frau **Dr. Claudia Wylezich**, Zoologisches Institut, Universität zu Köln, Allgemeine Ökologie und Limnologie, Weyertal 119, D-50923 Köln

Herr **Kuidong Xu**, Universität Salzburg, Institut für Zoologie, Hellbrunnerstraße 34, A-5020 Salzburg