

**Carl von Ossietzky
Universität Oldenburg**

**Phylogenetische Untersuchung an historischen
Herbarien als Methodik zu einer Neufassung
(Revision) der Taxonomie von Cyanobakterien.**

**Von der Fakultät V - Mathematik und Naturwissenschaften
der Carl von Ossietzky Universität Oldenburg**

angenommene Dissertation

**zur Erlangung des Grades
Doktor der Naturwissenschaften
(Dr. rer. nat.)**

von

Kamal Hariri

**Oldenburg
2012**

Erstgutachter: Frau PD Dr. Katarzyna A. Palinska

Zweitgutachter: Herr PD Dr. Erhard Rhiel

Drittgutachter: Herr Prof. Dr. Ralf Rabus

Tag der Disputation: 25.09.2012

Inhaltsübersicht

Inhaltsübersicht.....	1
Inhalt.....	2
1. Einleitung.....	5
2. Material und Methoden.....	15
3. Ergebnisse und Diskussion	28
4. Zusammenfassung und Ausblick.....	76
Abstract and perspective.....	78
5. Literaturverzeichnis.....	80
6. Anhang.....	89
Publications.....	128
Danksagung.....	129
wissenschaftlicher Werdegang.....	130
Erklärung.....	131

Inhalt

1. Einleitung	5
1.1 Definition einer Bakterienspezies.....	5
1.2 Eigenschaften von Cyanobakterien.....	6
1.3 Taxonomie der Cyanobakterien.....	7
1.4 Der botanische Code in der Taxonomie der Cyanobakterien.....	8
1.5 Der bakteriologische Code in der Taxonomie der Cyanobakterien.....	9
1.6 Einführung phylogenetischer Untersuchungen an Umweltproben.....	10
1.7 Taxonomische Gruppen von Cyanobakterien.....	11
1.8 Zielsetzung.....	13
 2. Material und Methoden.....	15
2.1 Verwendete Chemikalien und Geräte.....	15
2.2 Untersuchungsobjekte.....	16
2.2.1 Exsiccatum eines Vertreters der Gattung <i>Gloeocapsa</i>	17
2.2.2 Exsiccata von Vertretern der Gattung <i>Hydrocoleum</i>	18
2.2.3 Exsiccata von Vertretern der Gattung <i>Nostoc</i>	19
2.2.4 Exsiccata von Vertretern der Gattung <i>Rivularia</i>	20
2.2.5 Exsiccata von Vertretern der Gattung <i>Scytonema</i>	21
2.3 Untersuchungen an den Exsiccata der Cyanobakterien.....	22
2.3.1 Morphologische Untersuchung.....	22
2.3.2 Molekularbiologische Untersuchung.....	23
2.3.2.a Isolierung der DNA aus den Exsiccata der Cyanobakterien.....	23
2.3.2.b Amplifikation eines cyanobakteriellen 16 rDNA-Fragments.....	25
2.3.2.c PCR-Programm.....	26
2.3.2.d Gelelektrophorese.....	26
2.3.2.e Phylogenetische Analyse.....	26

3 Ergebnisse und Diskussion.....	28
3.1 Reproduzierbarkeit historischer Identifizierungen von Cyanobakterien.....	32
3.1.1 Morphologische Untersuchung des Exsiccatus <i>Gloeocapsa rupestris</i>	32
3.1.2 Molekularbiologische Untersuchung des Exsiccatus <i>Gloeocapsa rupestris</i>	34
3.2 Bedeutung der Korrelation morphologischer und molekularbiologischer Daten bei taxonomischen Untersuchungen von Cyanobakterien.....	37
3.2.1 Morphologische Untersuchungen an Vertretern der Gattung <i>Rivularia</i>	37
3.2.2 Genetische Untersuchung an Vertretern der Gattung <i>Rivularia</i>	39
3.3 Test des Zusammenhangs zwischen Lebensform und genetischer Information von Cyanobakterien.....	43
3.3.1 Morphologische Untersuchungen an einem symbiotischen und einem frei-lebenden Vertreter der Gattung <i>Nostoc</i>	43
3.3.2 Genetische Untersuchung an einem symbiotischen und einem frei-lebenden Vertreter der Gattung <i>Nostoc</i>	46
3.4 Taxonomischer Ursprung benthischer und planktonischer Cyanobakterien.....	49
3.4.1 Morphologische Untersuchungen an Vertretern der Gattung <i>Hydrocoleum</i>	49
3.4.2 Genetische Untersuchung an Vertretern der Gattung <i>Hydrocoleum</i>	53
3.5 Bedeutung Ökologischer Verhältnisse bei der Definition einer Bakterienspezies.....	56
3.5.1 Phylogenetische Untersuchung an Exsiccata von Vertretern der Gattung <i>Scytonema</i>	57
3.5.1.a Morphologische Untersuchungen.....	57
3.5.1.b Genetische Untersuchungen.....	60
3.5.2 Phylogenetische Verhältnisse zwischen Vertretern der Gattung <i>Rivularia</i> aus Meer- und Süßwasser.....	63
3.6 Genetische Diversität einer bakteriellen Spezies.....	67
3.7 Aussagekraft der kleinen cyanobakteriellen 16S rDNA-Sequenzen.....	71
4. Zusammenfassung.....	76
Abstract.....	78

5. Literaturverzeichnis.....	80
6. Anhang.....	89
Publications.....	128
Danksagung.....	129
Wissenschaftlicher Werdegang.....	130
Erklärung.....	131

1. Einleitung

1.1 Definition einer Bakterienspezies

Die Gesamtbiomasse der Mikroorganismen auf der Erde gleicht etwa der Biomasse der gesamten terrestrischen und marinen Pflanzen (Whitman et al., 1998) und präsentiert somit den größten, nicht-erforschten Teil der biologischen Vielfalt auf der Erde. Bisher bleiben einige wichtige Aspekte der Biologie dieser Organismen, wie die Definition der bakteriellen Spezies, wenig erforscht. Bei den Eukaryonten wurden öfter bei der Definition einer Spezies nur morphologische Charaktere verwendet. Jedoch zeigen Bakterien nur wenige morphologische Unterscheidungsmerkmale und aus diesem Grund ist es nötig, in der Definition einer Bakterienspezies andere Unterscheidungskriterien heranzuziehen (z.B. Wayne et al., 1987). 1957 entwickelten Robert Sokal und Peter Sneath eine numerische Systematik für die Untersuchung der Bakterien und beschrieben ihr Konzept in dem Buch *Principles of Numerical Taxonomy*. Diese Methodik besteht darin, dass alle erfassbaren Merkmale der Organismen eine gleiche Wichtigkeit haben. Die Anwesenheit oder das Fehlen jedes Merkmals wird am Computer kodiert, anschließend werden Merkmalskombinationen ausgewertet. Diese Systematik konnte sich nicht in der Praxis durchsetzen, denn die Mehrheit der Taxonomen war der Ansicht, dass die Taxonomie nach phylogenetischen Kriterien auszurichten sei. In der phylogenetischen Systematik (Hennig, 1972) werden morphologische und genetische Charaktere von Organismen kombiniert (Woese, 1987). In einer Definition von Wayne et al. (1987) umfasst eine Spezies Stämme, die durch mindestens ein gemeinsames, phänotypisches Merkmal gekennzeichnet werden und deren DNA-DNA-Hybridisierung mindestens 70% Übereinstimmung zeigt. Obwohl der Wert 70% in der DNA-DNA-Hybridisierung bei Bakterien praktisch scheint (Stackebrandt und Goebel 1994), wird dieses Kriterium trotzdem in anderen Arbeiten kritisiert, denn es kann nicht bei der Untersuchung von Umweltproben verwendet werden (Cohan 2002; Gevers et al. 2005). Um solche Beschränkungen in der Definition einer bakteriellen Spezies zu überwinden, muss eine andere Definition geliefert werden. Dies erfordert, genetische Unterschiede zwischen nahen verwandten Bakterien zu begreifen (Konstantinidis und Tiedje,

2005). In der vorliegenden Arbeit werden phylogenetische Untersuchungen an Exsiccata von Cyanobakterien durchgeführt. Bei diesen prokaryotischen Organismen ist die Taxonomie immer noch Thema einer großen Debatte zwischen Botanikern und Bakteriologen. In der vorliegenden Studie wird die nahe phylogenetische Verwandtschaft zwischen untersuchten Exsiccata und Organismen von gleichen Gattungen getestet. Darüber hinaus wird anhand von morphologischen und genetischen Daten, die hier gewonnen wurden, sowie von ökologischen Daten der untersuchten Proben der Begriff Spezies diskutiert. Es wird die Bedeutung einer Korrelation von phänotypischen, genotypischen und ökologischen Eigenschaften bei der Definition einer bakteriellen Spezies aufgeklärt.

1.2 Eigenschaften von Cyanobakterien

Cyanobakterien sind Organismen mit sehr unterschiedlichen morphologischen und biochemischen Eigenschaften.

Wegen ihrer Fähigkeit zur oxygenen Photosynthese zählte man sie zu den Pflanzen, bezeichnete sie als Blaualgen und identifizierte sie nach dem botanischen Code (Compère, 2005). Seit 1937 nach den Arbeiten von Edouard Chatton konnte man Prokaryonten und Eukaryonten klar voneinander unterscheiden. Da die Cyanobakterien auch keinen Zellkern besitzen, wurden sie zu den Bakterien gezählt und den Gram-negativen zugeordnet (Castenholz, 2001). Die Cyanobakterien zeichnen sich vor den anderen Bakterien durch ihre Fähigkeit zur oxygenen Photosynthese aus (Olson, 1970). Sie nutzen für ihre Photosynthese nicht nur Chlorophyll *a*, das auch die grünen Pflanzen verwenden, sondern besitzen zusätzliche Pigmente wie Karotinoide und Phycobiline (z.B. Sanmartín et al., 2010). Da das Verhältnis der einzelnen Pigmente zueinander stark schwanken kann, erscheinen Cyanobakterien mitunter auch grün oder rot gefärbt (Sanmartín et al., 2010).

Die Cyanobakterien haben ein sehr großes Anpassungspotential an verschiedenen Umweltbedingungen. Sie kolonisieren die meisten aquatischen und terrestrischen Ökosysteme und sind auch fähig, extreme Standorte zu besiedeln (Hughes und Lawley, 2003). Sie können einzellig oder vielzellig sein; im letzten Fall können sie ihre Zellen in Fäden anordnen (Rippka et al., 1979).

Viele Organismen der Cyanobakterien können atmosphärischen Stickstoff (N₂) fixieren und ihn in Ammonium (NH₄⁺) umwandeln (Stewart et al., 1969).

Viele Cyanobakterien sind auch fähig, Toxine zu produzieren. Diese Fähigkeit wurde bei vielen Stämmen festgestellt, so z.B. die Bildung von Neurotoxinen bei *Lyngbya majuscula* (Li et al., 2001) oder die Produktion von Hepatotoxinen bei *Cylindrospermopsis raciborskii* (Norris et al., 2001). Einige Toxine der Cyanobakterien können in der Medizin als Arzneimittel verwendet werden (Vasas et al., 2010). Ein therapeutisches Potenzial von CyP (Lipopolysaccharid von *Planktothrix* FP1) wurde bei der Behandlung der menschlichen polymorphkernigen Leukozyten bestätigt. CyP reagiert dabei als ein potenter kompetitiver Inhibitor der bakteriellen Lipopolysaccharide (Maio et al., 2011).

1.3 Taxonomie der Cyanobakterien

Die aktuelle Ausgabe von Bergeys Handbuch der systematischen Bakteriologie umfasst Informationen von bakteriologischen und botanischen Quellen (Castenholz, 2001). Die Cyanobakterien werden derzeit nach zwei systematischen Codes (einem botanischen und einem bakteriologischen Code) beschrieben, die sich historisch in Grundlagen und Methoden sehr unterscheiden. Die Anwendung von botanischen und bakteriologischen Kriterien in der Taxonomie von Cyanobakterien ergab Debatten bezüglich der Identifizierung einer Spezies (Garcia-Pichel et al., 1998).

1981 während des dreizehnten Internationalen Botanischen Kongresses, in Sydney, wurde ein taxonomisches Konzept für Cyanobakterien gegründet: Blaualgen (Cyanobakterien) können entweder nach dem botanischen oder dem bakteriologischen Code beschrieben werden. Je nach dem angesetzten Code werden die entsprechenden Regeln betrachtet ohne das botanische oder das bakteriologische Konzept zu ändern (Friedmann und Borowitzka, 1982).

1.4 Der botanische Code in der Taxonomie der Cyanobakterien

Die Vielfalt der Cyanobakterien wird durch ihre morphologischen, biochemischen und physiologischen Eigenschaften ausgedrückt. Diese Eigenschaften ermöglichen den Cyanobakterien, extrem verschiedene Lebensräume zu kolonisieren. Die Verschiedenheit in der Morphologie von Cyanobakterien forderte, ihre Taxonomie aufgrund ihrer phänotypischen Eigenschaften zu untersuchen. Aufgrund der Fähigkeit von Cyanobakterien, oxygene Photosynthese zu betreiben, sowie ökologische Lebensräume von Eukaryonten wie Algen zu besiedeln, wurden die Cyanobakterien als Blaualgen betrachtet und nach dem botanischen Code taxonomisch untersucht. Deshalb wurden die Organismen dieser Gruppe auch nach dem Internationalen Code der Botanischen Nomenklatur (ICBN) benannt (Compère, 2005).

Die Taxonomie der Cyanobakterien wurde in der botanischen Tradition aufgrund von phänotypischen Eigenschaften, einschließlich der Kolonienbildung und der Morphologie von Zellen untersucht. Nach den Regeln des botanischen Codes wird die Identifizierung und die Beschreibung einer neuen Spezies dokumentiert, indem ein getrocknetes Exemplar dieser identifizierten Probe bei Sammlungen von Herbarien aufbewahrt wird (Palinska et al., 2006). Dieses Exemplar (Exsiccatum) dient als taxonomische Referenz für spätere Vergleiche (Palinska et al., 2006).

Die Klassifikation der Cyanobakterien nach dem botanischen Code präsentiert ein Ergebnis von mehreren Arbeiten und Revisionen. Gomont (1892) leitete die Klassifikation der Blaualgen ein und schrieb eine Referenz für die Identifizierung der Cyanobakterien. 1932 verfasste Geitler eine umfassende aktualisierte taxonomische Klassifikation der Blaualgen (Geitler, 1932). Sein Handbuch definiert 1300 Spezies, die in 145 Gattungen und 20 Familien klassifiziert. Die Arbeit von Geitler (1932) gründete eine neue Systematik der Cyanobakterien, die sowohl von Phykologen als auch von Bakteriologen anerkannt wurde. Elenkin (1938) revidierte die cyanobakteriellen Arten und lieferte ein gründlich ausgebautes System für die taxonomischen Untersuchungen der Cyanobakterien. Eine neue Aktualisierung und Revision läuft zurzeit durch die Arbeit von Komarek und Anagnostidis (1999, 2005). Eine weitere aktuelle Ausgabe der botanischen Taxonomie der Cyanobakterien (Greuter et al., 2000) zitiert Blaualgen (Cyanobakterien) unter den "Organismen,

die traditionell als Pflanzen betrachtet und an denen die Vorschriften und Regeln des botanischen Codes angesetzt werden“.

Nach der Anerkennung der prokaryotischen Eigenschaften der Blaualgen wurde ihre Nomenklatur weiterhin vom ICBN geregelt (Compère, 2005). Daher ist ein Großteil der wissenschaftlichen Namen der Cyanobakterien unter dem botanischen Code veröffentlicht (Compère, 2005). Die Taxonomie der Cyanobakterien nach dem botanischen Code ergibt heute viele Schwierigkeiten. Nach dem botanischen Konzept kann ein Speziesname in jeder Zeitschrift veröffentlicht werden (Oren, 2004). Als Folge davon sind die vorhandenen botanischen Informationen weit verstreut (Oren, 2004). Derzeit, zur Ermittlung einer "neuen" Spezies von Cyanobakterien, soll die Literatur von über mehr als einhundert Jahren überprüft werden. Viele Arten sind unter zwei oder mehreren Namen bekannt (Oren, 2004).

Außerdem wurden die Daten der klassischen Taxonomie meistens aufgrund morphologischer Untersuchungen definiert. Die Einführung genetischer Untersuchungen an Cyanobakterien, die ähnliche Morphologie besitzen, zeigte jedoch eine grosse Vielfalt bei diesen Organismen (z.B. Berrendero et al., 2008)

1.5 Der bakteriologische Code in der Taxonomie der Cyanobakterien

Da die Cyanobakterien Prokaryonten sind, schlugen Waterbury und Stanier (1977) sowie Rippka et al. (1979) vor, dass die systematische Untersuchung dieser Gruppe auf bakteriologischen Kriterien basieren sollte. Die Grundeinheit in der bakteriologischen Taxonomie ist ein axenisch kultivierter Stamm. Der biologische Begriff "Spezies" ist aber eine Konstruktion, die sich auf Vergleich einiger ähnlichen Stämme beruft (z.B. Cohan, 2002). Die bakteriologische Methodik reduziert die Vielfalt der Cyanobakterien in der Natur, indem sie eine Spezies als eine reine Kultur präsentiert (Lapage et al., 1992).

Außerdem schließen die Identifizierungen von Organismen nach dem bakteriologischen Code meistens keine Überprüfung in den alten botanischen Ergebnissen ein, bevor sie publiziert werden. Das Journal "*International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (IJSEM)/International Journal of Systematic Bacteriology (IJSB)*", die einzige Plattform für die Veröffentlichung der zulässigen bakteriellen Namen (Skerman et al., 1980), überprüft nicht die alte

botanische Literatur, bevor sie Namen für "neue" Bakterienspezies zulässt (Oren, 2004).

Die bakteriologische Methodik, die sich auf Untersuchungen von isolierten Organismen in reinen Kulturen beruft (Stanier et al, 1971), wurde von Rippka et al. an Cyanobakterien angesetzt (Rippka et al., 1979). Doch bislang wurden nur 13 cyanobakteriellen Spezies in dem "IJSEM / IJSB" vorgeschlagen, und von denen konnten nur fünf Spezies, nach den Regeln des bakteriologischen Codes, als gültig veröffentlicht werden (Oren, 2004).

Bei der Identifizierung einer cyanobakteriellen Spezies, nach dem bakteriologischen Code, werden öfter morphologische Eigenschaften, wie zum Beispiel Form der Zellteilung, nicht beschrieben. Außerdem wird häufig kultivierten Cyanobakterien nur der Name der Gattung und ein Stammcode zugewiesen.

1.6 Entwicklung phylogenetischer Untersuchungen bei Studien von Cyanobakterien

Fortschritte in der molekularen Phylogenie (Woese 1987) zeigten die Cyanobakterien als monophyletischer Ursprung der oxygene Photosynthese. Die erste phylogenetische Studie der Cyanobakterien (Giovannoni et al. 1888) basierte auf der Untersuchung der 16S rDNA von Organismen axenischer Kulturen. Sie lieferte einen ersten Einblick in die Diversifikation der Cyanobakterien und ermöglichte es, die polyphyletische Natur dieser Gruppe zu zeigen (Wilmotte und Golubic, 1991; Wilmotte, 1994). Seitdem wurde die Genbank mit zahlreichen kompletten und partiellen 16S rDNA-Sequenzen angereichert. Diese wertvollen Daten ermöglichten es, viele phylogenetische Verwandtschaften zwischen verschiedenen Organismen nachzuvollziehen (Rudi et al. 1997; Wilmotte und Herdman, 2001).

Mit der Verwendung von Cyanobakterien-spezifischen Primern (Nübel et al., 1997) wurden phylogenetische Untersuchungen an natürlichen Populationen von Cyanobakterien ermöglicht. Diese Methode zeigte eine große biologische Vielfalt von Cyanobakterien und erläuterte die Bedeutung von Untersuchungen an unkultivierten Proben in den taxonomischen Studien der Cyanobakterien (Laloui et al., 2002).

1.7 Taxonomische Gruppen von Cyanobakterien

Wegen des großen Polymorphismus von Cyanobakterien wurden in den botanischen Klassifizierungen zahlreiche Gattungen beschrieben. Da die genetischen Daten von Cyanobakterien noch ungenügend vorliegen, erfolgt die Klassifizierung von Cyanobakterien in den aktuellen Arbeiten noch eher nach ihren morphologischen Eigenschaften. Die Cyanobakterien wurden von Rippka et al. (1979) aufgrund morphologischer Kriterien und Art der Zellteilung von Kulturen in fünf Gruppen (Sektionen) eingeteilt (Tabelle 1).

CYANOBAKTERIEN

CYANOBAKTERIEN				
Kokkoide		Filamentöse		
Chroococcales	Pleurocapsales	Oscillatoriales	Nostocales	Stigonematales
- Die Zellen können durch eine äußere Membran oder gelähnliche Matrix zusammengehalten werden. - Reproduktion erfolgt durch symmetrische oder asymmetrische Zweiteilung der Zellen in einer, zwei oder drei Ebenen.	- Die Zellen können durch eine äußere Membran oder gelähnliche Matrix zusammengehalten werden. - Reproduktion erfolgt durch vielfache Zellteilungen in einer gemeinsamen Umhüllung.	- Reproduktion erfolgt durch Zweiteilung der Zellen in einer Ebene. - Keine Bildung von Heterocysten oder Akineten.	- Reproduktion erfolgt durch Zweiteilung der Zellen in einer Ebene. - Zellen können sich in Heterocysten oder Akineten differenzieren.	- Reproduktion erfolgt durch Zweiteilungen in mehr als einer Ebene. - Zellen können sich in Heterocysten oder Akineten differenzieren.

Tabelle 1 : Klassifikation von Cyanobakterien aufgrund morphologischer Kriterien und Art der Reproduktion nach Rippka et al. (1979)

1.8 Zielsetzung

Fortschritte in der Sequenzierung der DNA ermöglichten es, phylogenetische Untersuchungen an allen Organismen durchzuführen. Es wurde dennoch für die Bakterien allgemein und die Cyanobakterien spezifisch eine einheitliche taxonomische Methodik benötigt. Eine Korrelation zwischen genotypischen und phänotypischen Eigenschaften von Cyanobakterien sowie das Begreifen ihrer echten Vielfalt wurde noch begrenzt untersucht.

Heute gibt es noch verschiedene Spezies-Konzepte, besonders bei den Prokaryonten. Es gibt verschiedene Codes der Nomenklatur, die die Verwandtschaften zwischen Taxa leiten. Keine dieser Regeln erfordert es, eine Dokumentation der phylogenetischen Zusammenhänge zwischen Taxa zu erstellen.

Außerdem repräsentieren derzeit viele DNA-Sequenzen in Genbanken falsch bzw. unidentifizierte Organismen. Die Neuheit dieser vorliegenden Arbeit ist, dass hier historische Exsiccata von Cyanobakterien nicht nur morphologisch sondern auch genetisch erforscht werden. Dies ermöglicht eine Verknüpfung der gewonnenen Sequenzen mit Organismen, die bereits von Botanikern definiert wurden.

Die morphologische Untersuchung dieser Exsiccata ermöglicht es, zuerst die Reproduzierbarkeit der historischen Daten zu testen. Außerdem wird durch ihre Verknüpfung mit modernen genetischen Bewertungen der biologischen Vielfalt zum ersten Mal geprüft, ob Cyanobakterien, die aufgrund phänotypischer Eigenschaften als stark verwandt definiert wurden, auch ähnliche Genotypen tragen.

In der vorliegenden Arbeit wurden weitere phylogenetische Untersuchungen durchgeführt, um andere Fragen der Taxonomie der Cyanobakterien zu klären.

Die Vertreter der Gattung *Notoc* leben in zwei Formen. Einige sind Cyanobioten und bilden eine Symbiose mit eukaryotischen Organismen. Andere brauchen aber für ihre Existenz keine Symbiose. Es wird in der vorliegenden Studie getestet, ob die Lebensform der Cyanobakterien ihre taxonomische Verhältnisse prägt.

Cyanobakterien gehören zu den ältesten Organismen auf der Erde. Sie veränderten durch ihre Photosynthesefähigkeit entscheidend die Lebensbedingungen auf der Erde, indem sie für die Produktion der planetarischen Atmosphäre verantwortlich waren (Holland, 1994). Viele Forschungen untersuchten die Geschichte der taxonomischen Entwicklung dieser Gruppe (z.B. Knoll und Butterfield, 1989). In der vorliegenden Arbeit wird anhand phylogenetischer

Untersuchungen an historischen Exsiccata von bentischen und planktonischen Cyanobakterien versucht, einen Rückschluss auf die taxonomische Geschichte der Cyanobakterien zu ziehen. Es wird untersucht, ob diese Organismen aus einem gemeinsamen taxonomischen Ursprung abstammen.

Viele genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass die DNA-Sequenz Informationen über ökologische und physiologische Eigenschaften trägt (z.B. Hess, 2011). Die vorliegende Arbeit beabsichtigt, aktuelle ökologische Forschungen zu unterstützen und den Einfluss der Umwelt auf die genetische Vielfalt der Cyanobakteriellen zu prüfen. Genetische Unterschiede zwischen Cyanobakterien aus verschiedenen Biotopen werden zu diesem Zweck untersucht.

2. Material und Methoden

2.1 Verwendete Chemikalien und Geräte

Chemikalien	Hersteller
UltraClean Microbial DNA Isolation Kit	MO BIO Laboratories, Inc.
Proteinase K	AppliChem GmbH
PCR-Polymerase	Sigma-Aldrich GmbH
Desoxyribonukleosidtriphosphate (dNTP)	PEQLAB Biotechnologie GMBH
Primer	Eurogentec Deutschland GmbH
Bovine serum albumin (BSA)	Sigma-Aldrich GmbH
Magnesiumchlorid (MgCl ₂)	Sigma-Aldrich GmbH
Agarose	SERVA Electrophoresis GmbH
GelPilot 100 bp Plus Ladder	QIAGEN GmbH
Natriumlaurylsulfat (Sodium Dodecylsulfat, SDS)	CARL ROTH GMBH + CO. KG
Tris(hydroxymethyl)-aminomethan (Tris)	CARL ROTH GMBH + CO. KG
Ethylendiamintetraessigsäure (EDTA)	CARL ROTH GMBH + CO. KG
Geräte	Hersteller
Thermocycler (PCR-Gerät), Primus 25	PEQLAB Biotechnologie GMBH
Heizblock, DRI-Block DB-2 A	Techne AG
Geldokumentationsanlage, Alpha innotech	Biozym Scientific GmbH
Zentrifuge, "centrifuge 5424"	Eppendorf AG
Elektrophorese-Netzgerät	Consort nv
Lichtmikroskop, Axioskop 50	Carl Zeiss, Inc.
digitale Kamera (am Lichtmikroskop)	Nikon Instruments Inc.

2.2 Untersuchungsobjekte

Tabelle 2 : Quellen, Ursprünge und Referenznummern der untersuchten Exsiccata.

BIUW, Botanisches Institut der Universität Wien; **SH**, "Swedish Museum of Natural History"; **HUC**, Herbarium der Universität California; **NHN**, "National Herbarium der Niederlande" – Leiden

Herbarium	Herbarium-Nummer	Sammlung	Ursprung des Herbariums	Jahr / Kollektor
<i>Gloeocapsa rupestris</i>	L0055186	NHN	feuchte Granitfelsen, Frankreich	1948 / Drouet und Daily
<i>Hydrocoleum cantharidosum</i>	L0571035	NHN	Gewässer von Sikka, Indonesien	1900 / Weber-van Bosse
<i>Hydrocoleum glutinosum</i>	688061	HUC	am Boden bei Flut auf Grassy Insel, Massachusetts, USA	1938 / Drouet
<i>Hydrocoleum lyngbyaceum</i>	795080	HUC	Meerwasser in der Nähe von Calayan-Insel, USA	1903 / Richard C. Gregor
<i>Nostoc lacerum</i>	Acq.J. 423	BIUW	auf Pflanzenblättern, Nähe von Thierburg, Österreich	1864 / Rabenhorst
<i>Nostoc rupestre</i>	Acq.J. 670	BIUW	Felsen von Isola Bella im Lago Maggiore, Italien	1870 / Gibelli, Picone
<i>Rivularia atra</i>	A6422	SH	im Meer, Blekinge Kärön, Schweden	1882 / Flahault
<i>Rivularia atra</i>	A6426	SH	am Strand, im niedrigen Wasser. In Skåne, Mölle, Schweden.	1934 / Rolf Santesson
<i>Scytonema hofmanni</i>	1597 [1]	BIUW	Species Algarum, Böhmen, Tschechien	1859 / Hansgirg
<i>Scytonema myochrous</i>	Acq.J. 1896	BIUW	Gewässer, Neuhaus bei Cilli, Slowenien	1871 / Reichardt
<i>Scytonema thermale</i>	Acq.J. 2298	BIUW	Gewässer von Abano, Italien	1854 / „Herbarium kerner“

Elf Proben aus historischen Sammlungen von Exsiccata wurden für diese Studie untersucht (Tabelle 2). Die untersuchten Organismen gehören zu unterschiedlichen taxonomischen Gruppen der Cyanobakterien.

2.2.1 Exsiccatum eines Vertreters der Gattung *Gloeocapsa*

Vertreter der Gattung *Gloeocapsa* sind, nach der Klassifizierung von Rippka et al. (1979), in der Sektion I eingeordnet. Nach der Beschreibung von Komarek (1992) bildet *Gloeocapsa* Kolonien, die von mikroskopisch bis zu makroskopisch unterschiedlich groß sind. Die Kolonien bestehen aus Gruppen von Zellen, die von geschlossenen, schleimigen Hüllen umgeben sind. Sie (Zellen) sind in den Kolonien mehr oder weniger weit voneinander entfernt. Die Farbe der umgebenden Hüllen kann durch den Einfluss der Außenbedingungen variieren. Dies könnte eine Reaktion des in den Hüllen enthaltenen Farbstoffes auf saures und alkalisches Substrat darstellen (Jaag, 1940). Die Einzelzellen bilden gleich nach der Teilung ihre eigene Hülle (Abbildung 1). Die Zellen sind kugelförmig, blass, blau-grün oder olivgrün gefärbt. Während der Vegetationszyklen entwickelt die *Gloeocapsa* morphologisch verschiedene Phasen, die durch ökologische Einflüsse bedingt sind (Komarek, 1992).

Für die vorliegende Studie stammt das untersuchte Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* aus der Sammlung von "National Herbarium der Niederlande – Leiden" (NHN) und wurde 1948 von Drouet und Daily aus feuchten Granitfelsen in Frankreich gesammelt.

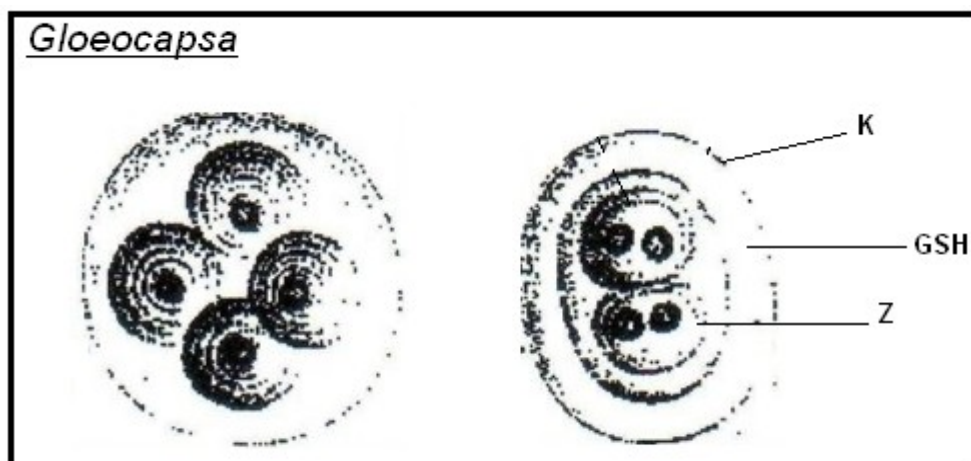


Abbildung 1 : Morphologische Eigenschaften der Gattung *Gloeocapsa* (Komarek, 1992)

K: Kolonie; Z: Kugelförmige Zelle; GSH: Geschlossene schleimige Hülle.

2.2.2 Exsiccata von Vertretern der Gattung *Hydrocoleum*

Vertreter der Gattung *Hydrocoleum* sind, nach der Klassifizierung von Rippka et al. (1979), in der Sektion III eingeordnet. Laut der Beschreibung von Komarek (1992)

sind *Hydrocoleum* filamentöse Cyanobakterien, die oft flache Matten oder kleine kompakte Schichten bilden. Ihre Filamente sind selten einzeln. Sie sind meistens in Scheiden enthalten. Eine Scheide besteht aus kompakten, farblosen oder gelbbraunen, gelatinösen Schichten und enthält mehrere parallele zylindrische Trichome. Die Trichome sind in der Scheide nicht verengt. Die Zellen sind mehr oder weniger isodiametrisch (etwas kürzer oder länger als breit). Die Endzellen sind zylindrisch oder konisch mit einer gerundeten Außenseite, manchmal mit verdickten äußeren Zellwänden. Die Trichome sind in den Scheiden meistens beweglich (Abbildung 2).

Für die vorliegende phylogenetische Studie stammt das untersuchte Exsiccatum *Hydrocoleum glutinosum* aus dem "Herbarium der Universität California" (HUC) und wurde 1938 von Richard C. Gregor aus Grassy Insel, Massachusetts in USA gesammelt. Die untersuchten Exsiccata *Hydrocoleum cantharidosum* und *Hydrocoleum homoeotrichum* stammen aus dem "National Herbarium der Niederlande – Leiden" (NHN). *Hydrocoleum cantharidosum* wurde im Jahr 1900 von Weber-van Bosse aus Gewässern von Sikka in Indonesien gesammelt. *Hydrocoleum lyngbyaceum* wurde 1903 von Richard C. Gregor aus Meerwasser in der Nähe von Calayan-Insel in USA gesammelt.

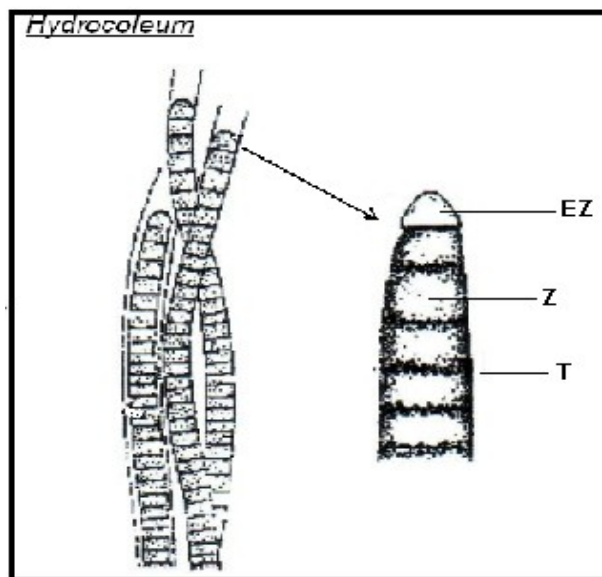


Abbildung 2 : Morphologische Eigenschaften der Gattung *Hydrocoleum* (Komarek, 1992)

Z: Zelle; T: Zylindrisches Trichom; EZ: abgerundete Endzelle mit Kalyptra.

2.2.3 Exsiccata von Vertretern der Gattung *Nostoc*

Vertreter der Gattung *Nostoc* wurden von Rippka et al. (1979) in der Sektion IV der Cyanobakterien eingeordnet. Nach der Beschreibung von Komarek (1992)

sind *Nostoc* filamentöse Organismen. Sie können flache, gallertartige makroskopische Kolonien bilden. Innerhalb der Kolonie liegen ihre Filamente locker oder dicht gepackt. Die Trichome sind von einer Hülle umgeben, die in der Regel nur in der Peripherie der Kolonie oder in kleinen Kolonien sichtbar ist. Die Trichome sind isopolar und haben die gleiche Breite entlang der gesamten Länge. Die apikalen Zellen unterscheiden sich nicht morphologisch von den anderen Zellen. Die Zellen sind zylindrisch, tonnen- oder fast kugelförmig. Die Heterocysten sind einzeln und ihre Häufigkeit oder Abwesenheit ist von Stickstoff-Stoffwechsel abhängig (Abbildung 3).

Die Exsiccata, die in dieser Arbeit untersucht wurden, stammen aus der Sammlung des Botanischen Instituts der Universität Wien. Das Exsiccatum *Nostoc lacerum* ist eine Probe von *Nostoc*-Organismen in einer symbiotischen Lebensform (Cyanobionten). In diesem Exsiccatum haften die Filamente der Cyanobionten an einem Pflanzenblatt. Diese Probe wurde 1864 von Rabenhorst in der Nähe von Thierburg in Österreich gesammelt. Das Exsiccatum *Nostoc rupestre* ist ein Exemplar von *Nostoc*-Organismen in einer freien Lebensform (keine Symbiose). Diese Probe wurde 1870 von Gibelli Picone auf Isola Bella im Lago Maggiore in Italien gesammelt.

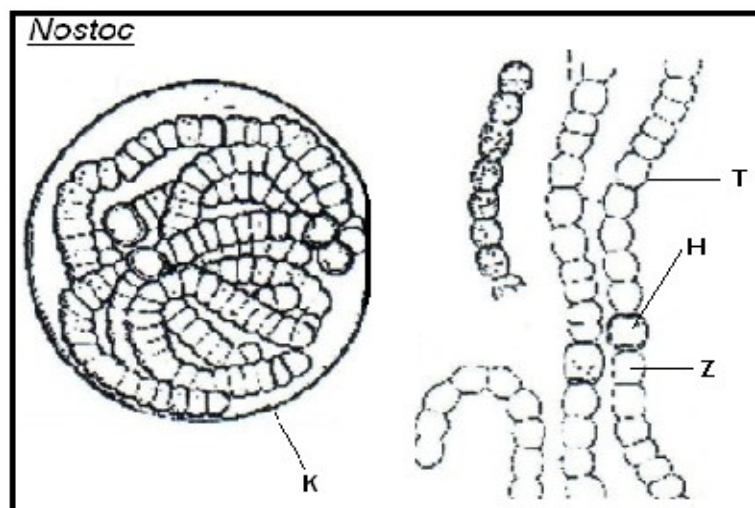


Abbildung 3 : Morphologische Eigenschaften der Gattung *Nostoc* (Komarek, 1992)

Z: Zylindrische, kugelförmige Zelle; T: Zylindrisches, isopolares Trichom; H: Heterocyste; K: Kolonie.

2.2.4 Exsiccata von Vertretern der Gattung *Rivularia*

Vertreter der Gattung *Rivularia* sind, nach der Klassifizierung von Rippka et al. (1979), in der Sektion IV eingeordnet. Nach der Beschreibung von Komarek (1992)

bildet *Rivularia* heteropolare Filamente mit einem breiteren, basalen und einem engeren, apikalen Teil. Diese Organismen bilden Kolonien, die sich in großen flachen unregelmässigen Schichten verbreiten. Diese Schichten können mehrere Zentimeter breit und mehrere Millimeter dick werden. Die Trichome sind auf ihrem basalen Teil breiter und enden auf dem apikalen Teil meistens in einer langen haarähnlichen Form. Die Heterocysten sind im allgemeinen basal. Die Scheiden von *Rivularia* sind gallertartig oder mit Calciumcarbonat inkrustiert. Die Zellen sind mehr oder weniger zylindrisch. Komarek und Hauer (2011) repräsentieren in der *online database of cyanobacterial genera* (cyanodb.cz) *Rivularia* als Synonym für *Calothrix* (Abbildung 4).

In dieser Arbeit wurden zwei Exsiccata von *Rivularia atra* aus dem Herbar des "Swedish Museum of Natural History" untersucht. Diese zwei Proben wurden von zwei verschiedenen Autoren, aus zwei unterschiedlichen Orten und in zwei verschiedenen Zeiten gesammelt. *Rivularia atra* A6422 stammt aus dem Meer von Blekinge Karön in Schweden und wurde 1882 von Flahault gesammelt. *Rivularia atra* A6426 stammt aus dem Strand von Skåne-Mölle in Schweden und wurde 1934 von Rolf Santesson gesammelt.

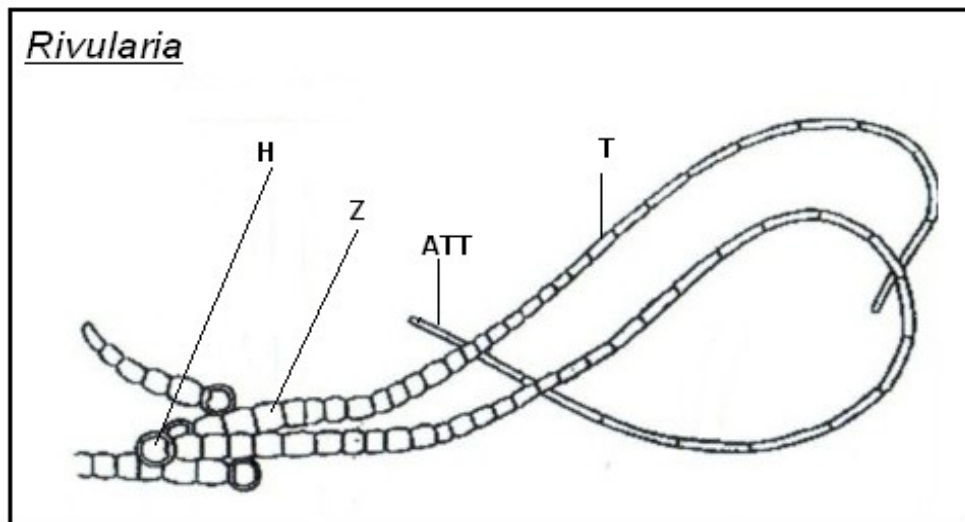


Abbildung 4 : Morphologische Eigenschaften der Gattung *Rivularia* (Komarek, 1992)

Z: kugelförmige Zelle; T: heteropolares Trichom; H: basale Heterocyste; ATT: haarähnliches apikales Teil des Trichoms.

2.2.5 Exsiccata von Vertretern der Gattung *Scytonema*

Vertreter der Gattung *Scytonema* wurden von Rippka et al. (1979) in der Sektion IV der Cyanobakterien eingeordnet. Wie von Komarek (1992) beschrieben, sind

Vertreter der Gattung *Scytonema* filamentöse Cyanobakterien. Ihre Fäden sind frei oder mit einer Hülle umschlossen. Diese Fäden zeigen falsche Verzweigungen, die nach dem Zerfall der Trichome beginnen und in der Regel nicht an den Heterocysten entstehen. Die Trichome sind isopolar, zylindrisch und haben in der Regel einzelne Heterocysten. Die Trichome sind meistens an der Scheide verengt. Die Endteile der Zweige sind zylindrisch oder leicht verbreitert. Die Endzellen sind abgerundet. Die mittleren Teile der Trichome bestehen manchmal aus länglichen, zylindrischen Zellen. Die Scheiden sind fest, begrenzt und meistens in einigen Teilen gelb-braun gefärbt. Die Zellen sind blass oder olivgrün, meistens mit körnigem Inhalt. Die Heterocysten interkalieren die Zellen der Filamente und sind zylindrisch oder tonnenförmig (Abbildung 5). Bei *Scytonema* wurden Akineten mehrmals erwähnt, aber nicht bewiesen und gut beschrieben. Die Vertreter der Gattung *Scytonema* wachsen in der Regel in felsigen Küsten von Seen, vor allem auf alkalischen Substraten, selten in sauren Gewässern, einige Arten sind marin (Komarek, 1992).

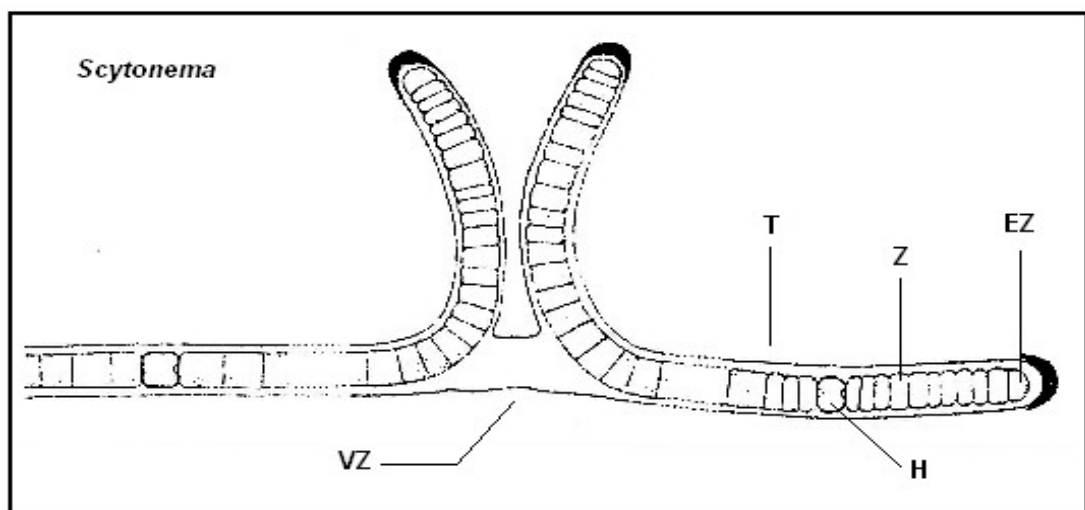


Abbildung 5 : Morphologische Eigenschaften der Gattung *Scytonema* (Komarek, 1992)

Z: Zelle; T: Zylindrisches, isopolares Trichom; EZ: Abgerundete Endzelle; VZ: falsche Verzweigung des Trichomes; H: Heterocyste.

Die in dieser Arbeit untersuchten Proben der Gattung *Scytonema* stammen aus der Sammlung des Botanischen Instituts der Universität Wien (BIUW). *Scytonema hofmanni* wurde 1859 von Hansgirg in Böhmen, Tschechien gesammelt. *Scytonema thermale* wurde 1854 als eine von Exsiccata des „Herbarium Kerner“ aus Gewässern von Abano in Italien gesammelt. *Scytonema myochrous* wurde 1871 von Reichardt aus Gewässern von Neuhaus bei Cilli in Slowenien gesammelt.

2.3 Untersuchungen an den Exsiccata der Cyanobakterien

Die Exsiccata der Cyanobakterien waren auf Papier luftgetrocknet und wurden in kleinen Papiertüten aufbewahrt. Da die Exsiccata mit Substrat vermischt waren, wurde bei jeder Probe unter dem Binokular eine kleine Menge von Zellmaterial (20 - 30 mg) sorgfältig isoliert und in zwei sterilen Eppendorf-Röhrchen geteilt. Jede Probe wurde in einem ersten Teil der vorliegenden Arbeit morphologisch untersucht und in einem zweiten Teil molekularbiologisch analysiert. Hier wurde ihre DNA extrahiert, anschließend ein Fragment von ihrer rDNA amplifiziert und sequenziert. Die gewonnene Sequenz wurde danach identifiziert und phylogenetisch untersucht.

2.3.1 Morphologische Untersuchung

In diesem Teil der vorliegenden Arbeit war es das Ziel, morphologische Merkmale der untersuchten Exsiccata zu erkennen und zu dokumentieren. Es wurde besonders die Form, die Größe, die Farbe und die Anordnung der Zellen anhand einem Lichtmikroskop untersucht. Diese morphologische Untersuchung konnte wegen Unreinheit der Proben nicht mit dem Rasterelektronenmikroskop durchgeführt werden. In den untersuchten Exsiccata der Cyanobakterien sind die Zellen von schleimigen Schichten, Mineralien und Resten aus der ursprünglichen Umgebung, wo die Proben gesammelt wurden, umgeben. Bei der Untersuchung und der Darstellung der Zellmorphologie kann mit einem Elektronenmikroskop zwar eine deutlich höhere Auflösung (bis etwa 0,1 nm; 1000-fach größer als beim Lichtmikroskop) erreicht werden, der Nachteil beim Elektronenmikroskop ist aber, dass nur die Oberfläche der untersuchten Probe mit den Elektronen gerastert wird, so dass die Details über die Morphologie der Zellen nicht erreicht werden. Das Lichtmikroskop hat im Gegenteil zu dem Elektronenmikroskop die Eigenschaft, dass die Probe durchleuchtet werden kann und Details über morphologische Merkmale gezeigt werden können. Aus diesem Grund wurde in der vorliegenden Arbeit die morphologische Untersuchung anhand eines Lichtmikroskops durchgeführt.

Aufgrund der wertvollen Natur der historischen Exsiccata wurde die morphologische Analyse mit einer minimalen Menge an Material durchgeführt. Für die Lichtmikroskopie (LM) wurde die Probe (das Exsiccatum) für zwei Stunden durch Zugabe von 1% SDS-Lösung befeuchtet, mit Wasser gewaschen und dann mit Glycerin fixiert. Um das schnelle Trocknen der Probe zu vermeiden, wurde das Deckglas mit handelsüblichem Nagellack umrahmt.

Unter einem Lichtmikroskop, das mit Durchlicht, Phasenkontrast und Beleuchtung ausgestattet war, wurde die Morphologie der Proben untersucht. Anhand einer an dem System angeschlossenen digitalen Kamera (Modell DXM 1200) und der Software Lucia G. Version 4.81 (Laboratory Imaging) wurden Mikrophotographien von den Proben aufgenommen. Um die Zellgröße der untersuchten Exsiccata zu ermitteln, wurden bei jeder Probe 50 Zellen ausgemessen.

2.3.2 Molekularbiologische Untersuchung

2.3.2.a Isolierung der DNA aus den Exsiccata der Cyanobakterien

Zur Extraktion der genomischen DNA aus den Exsiccata der Cyanobakterien wurden Proteinase K und "UltraClean Microbial DNA Isolation Kit" der Firma "Mo Bio Laboratories, Inc" eingesetzt.

Das Exsiccatum wurde zuerst mit einem kleinen Mörser pulverisiert. Dieses Verfahren sollte möglichst sorgfältig gemacht werden, um eine eventuelle Zerstörung der Cyanobakteriellen DNA zu vermeiden. Die Probe wurde danach mit 300µl MicroBead Solution aus dem "UltraClean Microbial DNA Isolation Kit" in einem 2ml Eppendorf-Reaktionsgefäß homogenisiert. Zu den Proben von *Gloeocapsa* und *Rivularia*, deren Zellen eine harte Zellwand besitzen, wurden nach der Homogenisierung Perlen von dem "UltraClean Microbial DNA Isolation Kit" zugesetzt und bei 5000U/min für eine Minute geschüttelt. Die Mischung wurde fünf Gefrier-Auftau-Zyklen, durch Eintauchen in flüssigen Stickstoff und Erhitzen auf 60°C im Wasserbad, ausgesetzt. Anschließend wurde jede Probe mit 50µl MD1-Lösung aus dem "UltraClean Microbial DNA Isolation Kit" und 30µl (20mg/ml) Proteinase K versetzt und über Nacht bei 50°C inkubiert. Am nächsten Tag wurden die Proben für eine Minute bei 10000rpm zentrifugiert und der Überstand in ein neues steriles Eppendorf-Reaktionsgefäß transferiert. 100µl MD2-Lösung wurde zugefügt. Die Lösung wurde durch Vortexen für 5 Sekunden gut gemischt und für 5 Minuten bei 4°C inkubiert. Anschließend wurden das Reaktionsgefäß bei 10 000 rpm für zwei Minuten zentrifugiert, den Überstand wieder in ein neues steriles Eppendorf-Reaktionsgefäß übertragen und mit 900µl MD3-Lösung aus dem "UltraClean Microbial DNA Isolation Kit" versetzt. Die Lösung wurde durch Vortexen für 5 Sekunden gut gemischt, in die Säule aus dem Kit übertragen und für eine Minute zentrifugiert. Der Durchfluss wurde verworfen. Zum Waschen der Säule wurde 300µl MD4-Lösung in die Säule pipettiert und für eine Minute zentrifugiert. Der Durchfluss wurde wieder verworfen. Da die MD4-Lösung Ethanol enthält, wurde

die Säule noch einmal für 2 Minuten zentrifugiert, um die Reste des Ethanols komplett zu entfernen. Die DNA wurde aus der Säule mit 50µl Bidest-Wasser eluiert (Abbildung 6).

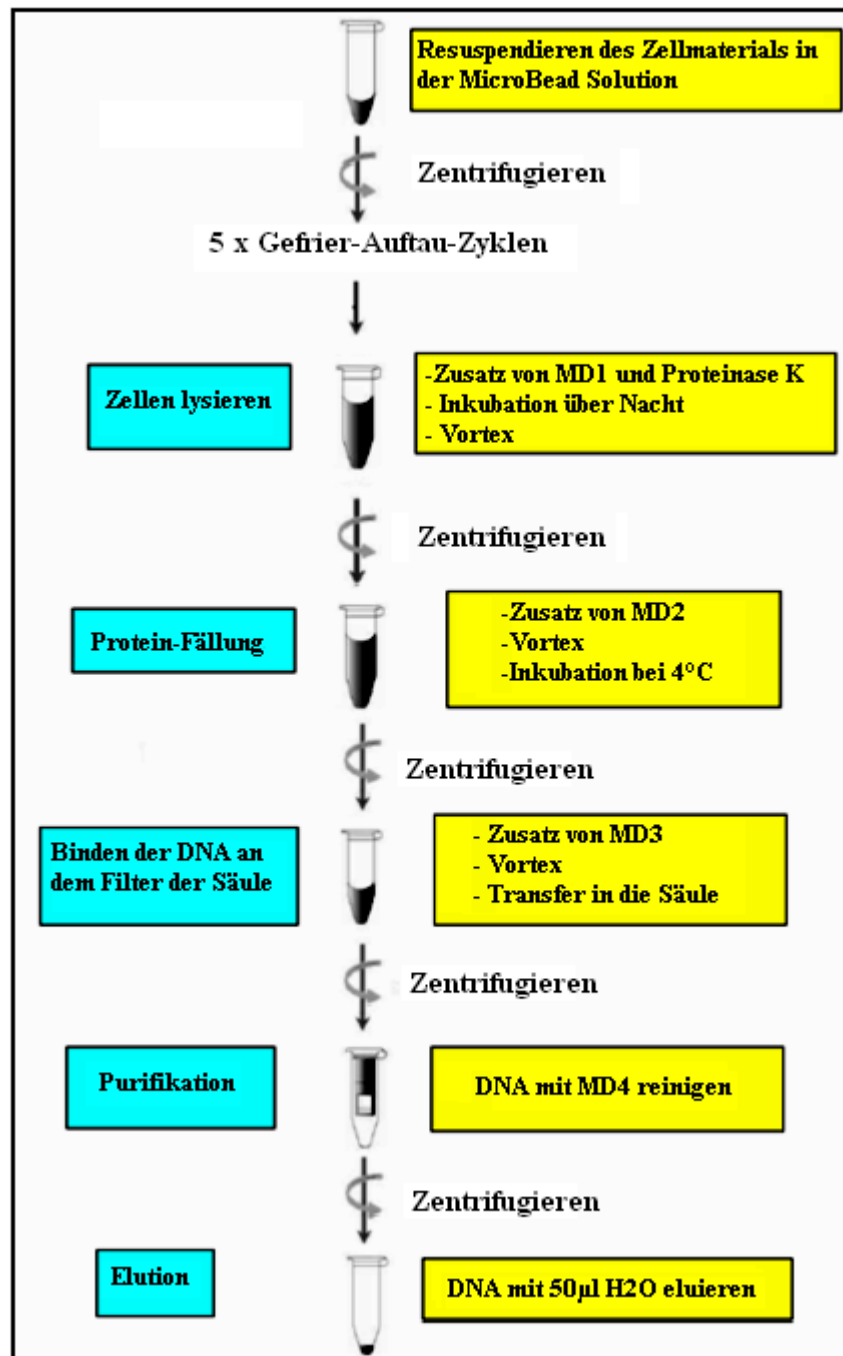


Abbildung 6 : Extraktion der genomischen DNA aus cyanobakteriellen Exsiccata mit Hilfe einer Behandlung mit der Proteinase K und dem "UltraClean Microbial DNA Isoaltion Kit".

Die Darstellung stammt teilweise aus dem Protokoll von MO BIO Laboratories, Inc.

2.3.2.b Amplifikation eines cyanobakteriellen 16S rDNA-Fragments

Da in dieser Arbeit DNA aus Exsiccata extrahiert wurde (keine Kulturen), enthielt diese DNA noch DNA von anderen Organismen. Für die Isolierung der cyanobakteriellen 16S rDNA (konservative DNA-Sequenz) wurden bei der Polymerase-Kettenreaktion spezifische Primer verwendet. Zwei Paare von Cyanobakterien-spezifischen Primern wurden getestet. Um ein 16S rDNA-Fragment von ca. 700 bp zu amplifizieren, wurden die Primer CYA 106F und CYA 781R (a) (Nübel et al., 1997) eingesetzt (Tabelle 3). Für die Amplifizierung eines 16S rDNA-Fragments von ca. 1400 bp wurden die Primer 27F und 1494R (Neilan et al., 1997) verwendet (Tabelle 3).

Das PCR-Reaktionsvolumen betrug 25µl und enthielt 2,5µl 10xREDTaq PCR-Puffer, 200 µM Desoxynukleotidtriphosphate, 50 µg Bovine Serum Albumin (BSA), 125 ng von jedem Oligonukleotid-Primer, 1,5mM Magnesiumchlorid (MgCl₂), 2,5 U REDTaq DNA-Polymerase (ohne Magnesiumchlorid) und genomische DNA. Zur Optimierung der verwendeten DNA-Konzentration wurde die PCR-Reaktion mit der DNA-Stammlösung sowie mit drei weiteren verdünnten DNA-Lösungen im Verhältnis von 1:5, 1:10 und 1:100 getestet. Die DNA wurde mit Bidest Wasser verdünnt. Die PCR-Chemikalien wurden auch in Bidest Wasser gelöst.

Nach der Optimierung wurde die PCR-Reaktion mit einem größeren PCR-Reaktionsvolumen wiederholt, um eine ausreichende Menge an DNA für die nachfolgende Sequenzierung vorzubereiten.

Tabelle 3 : Sequenzen von Cyanobakterien-spezifischen Primern für die Amplifikation eines Fragments aus 16S rDNA (Nübel et al., 1997 und Neilan et al., 1997)

Primer	Sequenz 5' - 3'	Autor
CYA106F	CGGACGGGTGAGTAACGCGTGA	Nübel et al., 1997
CYA781R(a)	GACTACTGGGGTATCTAATCCCATT	Nübel et al., 1997
1494R	TACGGCTACCTTGTTACGAC	Neilan et al., 1997
27F	AGAGTTTGATCCTGGCTCAG	Neilan et al., 1997

Erfolgreiche Amplifizierungen von PCR-Produkten wurden durch Agarosegelelektrophorese und Ethidiumbromid-Färbung nachgewiesen. Das PCR-Produkt wurde mit Hilfe des "QIAquick PCR Purification Kit" (Qiagen) gereinigt und anschließend mit den selben Primern der DNA-Amplifikation kommerziell in beide Richtungen sequenziert.

2.3.2.c PCR-Programm

Die Polymerase-Kettenreaktion wurde in einem Thermocycler "Primus 25" nach dem Protokoll von Nübel et al. (1997) durchgeführt. Das PCR-Programm begann mit einer Denaturierungsphase bei 94°C für 5 Minuten. Danach liefen 30 Zyklen, die aus Denaturierung bei 94°C für eine Minute, Primer Annealing bei 58°C für eine Minute und DNA-Verlängerung bei 72°C für eine Minute bestanden. Bis zum Gebrauch wurden die PCR-Reaktionsprodukte bei -20°C gelagert.

2.3.2.d Gelelektrophorese

Ein 2%iges Agarosegel wurde mit 1 x TAE-Puffer (200mM Tris, 74,5mM konzentrierte Essigsäure und 5mM EDTA, pH8) vorbereitet. Der Elektrophoresekammer wurde mit dem gleichen Puffer (1 x TAE-Puffer), bis die Oberfläche des Gels bedeckt wurde, gefüllt. 3µl von PCR-Produkt wurde mit 1µl Ladepuffer (Qiagen) versetzt und in die Agarosegeltaschen einpipettiert. Zur Schätzung der Fragmentgrösse des PCR-Produkts wurde 3µl von dem Marker "GelPilot 100 bp Plus Ladder" (Qiagen) in eine Agarosegeltasche einpipettiert. Die Kammer wurde für 90 Minuten an 80-Volt-Spannung angeschlossen. Danach wurde das Agarosegel in eine 1%ige Ethidiumbromid-Lösung für 30 Minuten inkubiert (das Ethidiumbromid wurde in destilliertem Wasser gelöst). Das DNA-Produkt wurde durch UV-Transillumination erfasst.

2.3.2.e Phylogenetische Analyse

Zu den erhaltenen 16S rDNA-Sequenzen der untersuchten Exsiccata wurden ähnliche Sequenzen aus der GenBank, unter der Standardkonfiguration "Nucleotide collection" der Plattform BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) identifiziert und relevante phylogenetische Verwandtschaften dargestellt.

Die Sequenzähnlichkeiten zwischen den in dieser vorliegenden Arbeit gewonnenen 16S rDNA-Sequenzen und anderen relevanten cyanobakteriellen Sequenzen aus der GenBank wurden mit Hilfe der Version 2.2.24+ des NCBI-BLASTN Programms berechnet. Dieses Programm etabliert paarweise ein Alignment zwischen den untersuchten Sequenzen. Da das Ziel der vorliegenden Arbeit darin besteht, die untersuchten Exsiccata anhand der Sequenzen ihrer 16S rDNA-Fragmente zu identifizieren und ihre phylogenetische Verhältnisse zu anderen Organismen

darzustellen, ist dieses Programm (NCBI-BLASTN) eine geeignete Software für die vorliegende Untersuchung.

NCBI-BLASTN wurde auch bei der Rekonstruktion von phylogenetischen Stammbäumen mit der "Neighbor Joining"-Methode (Saitou und Nei, 1987) ausgeführt. Bei dieser Methode werden die Nachbarclades schrittweise durch Rechnung der Distanzwerte definiert. Die Länge eines Stammbaumastes repräsentiert die Distanz zwischen zwei Nachbarorganismen in dem Stammbaum. Bei der neighbor-joining-Methode können sich bei der Bestimmung der Distanzwerte verschiedene Stammbäume ergeben. Der Optimale Stammbaum ist, der die kleinste Astlängensumme repräsentiert (Saitou und Nei, 1987). Der Nachteil der neighbor-joining-Methode besteht darin, dass die Sequenz-Änderungen, die zum Beispiel durch Substitutionen von Basen entstehen, mit einem festen Distanzwert gerechnet werden. Es können also verschiedene Sequenzen gleiche Distanzwerte haben.

Bei der Darstellung eines Stammbaums gibt das Programm NCBI-BLASTN keinen Wert über das Bootstrapping. Dieses Programm stellt aber einen umfassenden Überblick über die phylogenetischen Verhältnisse zwischen den untersuchten Organismen. Relevante Sequenzähnlichkeiten wurden in der vorliegenden Arbeit in Tabellen dargestellt.

3. Ergebnisse und Diskussion

Nach sorgfältiger Befeuchtung waren die morphologischen Eigenschaften der untersuchten Exsiccata unter dem Lichtmikroskop gut sichtbar. Morphologische Eigenschaften der untersuchten Cyanobakterien wurden mikroskopisch erkannt und dokumentiert.

Merkmale wie Größe und Farbe der Zellen sowie Vorkommen von Heterocysten wurden bei den cyanobakteriellen Exsiccata unter Lichtmikroskop untersucht. Geitler (1932) hat in seinem Buch "Bestimmungsschlüssel der Arten" die Zellgröße als ein relevantes Kriterium in den taxonomischen Untersuchungen der Cyanobakterien berücksichtigt, daher wurde hier der Vergleich zwischen Ergebnissen dieser vorliegenden Arbeit und Daten von Geitler (1932) aufgrund der Zellgröße dargestellt.

Die verwendete DNA-Extraktionsmethode ermöglichte, genomische DNA aus den untersuchten Proben zu extrahieren. Nach PCR-Untersuchungen konnte man feststellen, dass die extrahierte DNA von diesen sehr alten Proben etwas degradiert war. Bei den PCR-Reaktionen mit den Primern CYA 106F und CYA 781R (a) wurde ein PCR-Produkt amplifiziert. Das PCR-Produkt war ca. 700 bp groß. Die PCR-Reaktionen mit den Primern 27F und 1494R lieferten keine PCR-Produkte.

Diese Studie ist eine von den ersten molekularbiologischen Untersuchungen an Exsiccata von historischen Herbarien. Bei der vorliegenden Untersuchung waren Besonderheiten des untersuchten Zellmaterials zu beachten. Die Exsiccata sind sehr wertvolle Proben und stellen somit für die Optimierung der Untersuchungsmethoden eine sehr begrenzte Menge an Zellmaterial. Außerdem waren die untersuchten Proben sehr alt. Die meisten wurden vor über 100 Jahren gesammelt (einige untersuchten Proben waren ca. 160 Jahre alt). Die Lufttrocknung, die zum Bewahren der Proben eingesetzt wurde, sowie die Temperatur- und Feuchtigkeitsschwankungen, denen die Proben über Jahre hindurch ausgesetzt wurden, sind Ereignisse, die zu DNA-Schädigungen führen könnten. Ferner, da die untersuchten Exsiccata Umweltproben waren (keine reine Kulturen), enthielten sie häufig neben den Cyanobakterien andere Organismen (u.a. andere Bakterien und Algen). Die Isolierung und die Sequenzierung eines reinen, cyanobakteriellen rDNA-Fragments aus den untersuchten Exsiccata wurden anhand der Verwendung Cyanobakterien-spezifischer Primer erfolgreich durchgeführt. Die Abbildung 7 repräsentiert das Chromatogramm der

Sequenzierung von einem 16S rDNA-Fragment des Exsiccatus *Scytonema thermale* (Acq.J. 2298) anhand des Primers CYA 781R (a).

Die gewonnen Sequenzen wurden mit Sequenzen aus der Genbank aligniert. Anhand Werte von Sequenzähnlichkeiten wurden die Organismen der untersuchten Exsiccata identifiziert und ihre phylogenetische Verhältnisse zu anderen Organismen untersucht.

Bei der Optimierung des PCR-Protokolls war 5µl unverdünnter, genomischer DNA in einem 25µl PCR-Reaktionsvolumen die optimale DNA-Menge für die Amplifikation der rDNA aus den untersuchten Exsiccata. Dies deutet an, dass bei der DNA-Extraktion wenig DNA (bzw. wenig intakte DNA) isoliert wurde. Die Abbildung 8 zeigt ein Elektrophoresegel mit einem 16S rDNA-Amplifikat aus dem Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* L0055186. Für die Amplifikation wurden die Primer CYA-106F und CYA-781R verwendet.

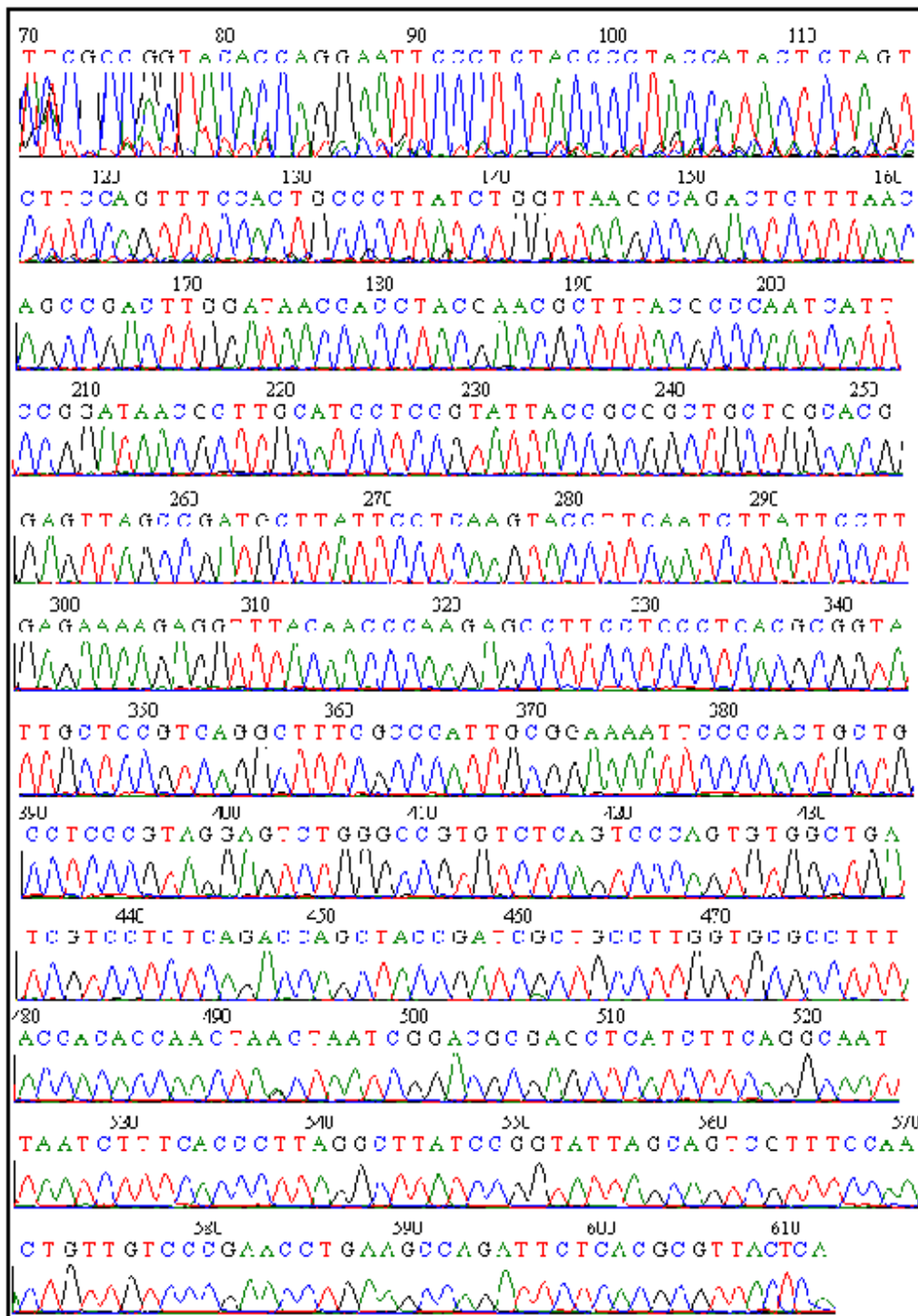


Abbildung 7 : Chromatogramm der Sequenzierung eines 16S rDNA-Fragments des Exsiccatums *Scytonema thermale* (Acq.J. 2298) anhand des Primers CYA 781R (a).

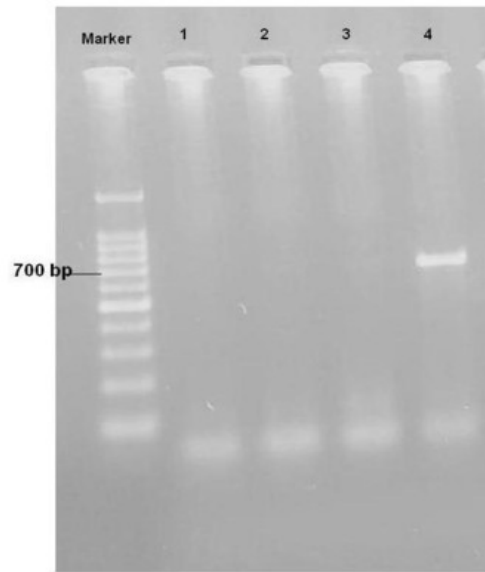


Abbildung 8 : Elektrophoresegel mit einem 16S rDNA-Amplifikat aus dem Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* L0055186. Für die Amplifikation wurden die Primer CYA-106F und CYA-781R verwendet.

Die vier Gelspuren repräsentieren vier PCR-Reaktionen mit vier verschiedenen DNA-Konzentrationen.

- 1- 5µl von einer 1:100 verdünnten genomischen DNA-Lösung
- 2- 5µl von einer 1:10 verdünnten genomischen DNA-Lösung
- 3- 1µl von der unverdünnten extrahierten genomischen DNA-Lösung
- 4- 5µl von der unverdünnten extrahierten genomischen DNA-Lösung

Die Ergebnisse der phylogenetischen Analyse wurden mit Daten alter botanischen Untersuchungen sowie mit anderen aktuellen Arbeiten verglichen.

Die Auswertung der Ergebnisse ermöglichte viele kritische Fragen in der Taxonomie der Cyanobakterien zu beantworten. Es wurde hier die Reproduzierbarkeit der botanischen Identifizierungen untersucht. Es wurde auch die Wichtigkeit einer Korrelation von morphologischen Daten mit genetischen Informationen bei taxonomischen Untersuchungen von Cyanobakterien bewiesen. Die vorliegende Arbeit unterstützt außerdem andere ökologische Studien. Sie bietet einen Einblick in die Wichtigkeit von ökologischen Daten bei der Definition einer bakteriellen Spezies.

3.1 Reproduzierbarkeit historischer Identifizierungen von Cyanobakterien

3.1.1 Morphologische Untersuchung des Exsiccatus *Gloeocapsa rupestris*

Das Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* L0055186 bestand aus einer dünnen getrockneten Kolonie, die über Papier verteilt und in einem kleinen Umschlag eingeschlossen war (Abbildung 9).

Unter dem Lichtmikroskop wurden bei der untersuchten Probe von *Gloeocapsa* spezifische Merkmale erkannt. Wie bei den meisten Chroococcales zeigte diese Probe gelblich gefärbte Kolonien mit 3 bis 4 kugelförmigen, olivgrünen Zellen, die durch Zweiteilung einer ursprünglichen Zelle entstanden waren. Diese Zellen waren in der Kolonie mehr oder weniger voneinander entfernt und von einer geschlossenen schleimigen Hülle umgeben (Abbildung 10). Die Zellen waren 7,5 – 9,5 µm im Durchmesser groß. Dieses Ergebnis der Zellgröße bestätigt die Daten von Geitler (1932) über die Zellgröße von *Gloeocapsa rupestris* (6 – 11µm groß).

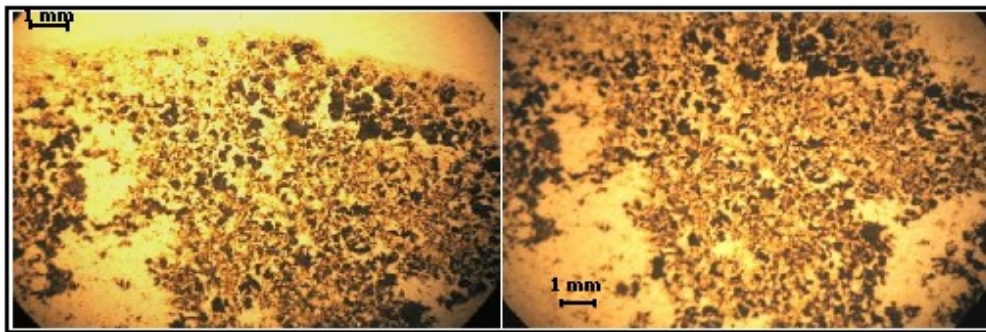


Abbildung 9 : Das Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* L0055186 unter dem Binokular.

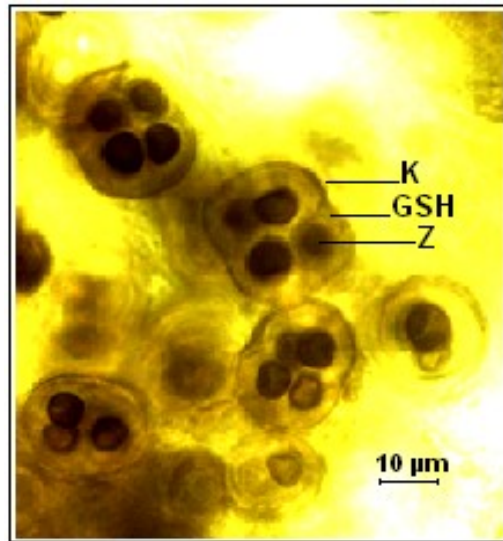


Abbildung 10 : Probe aus dem Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* L0055186 unter dem Lichtmikroskop.

K: Gelblich gefärbte Kolonie; Z: Kugelförmige olivgrüne Zelle (Zelldurchmesser: 7,5 – 9,5 µm); GSH: Geschlossene schleimige Hülle.

Diese morphologischen Eigenschaften des untersuchten Exsiccats *Gloeocapsa rupestris* L0055186 zeigten eine große Ähnlichkeit mit morphologischen Merkmalen von Vertretern der Gattung *Chroococcus*. Die Abbildung 11 stellt spezifische, morphologische Eigenschaften von Organismen der Gattung *Chroococcus* dar (Komarek, 1992).

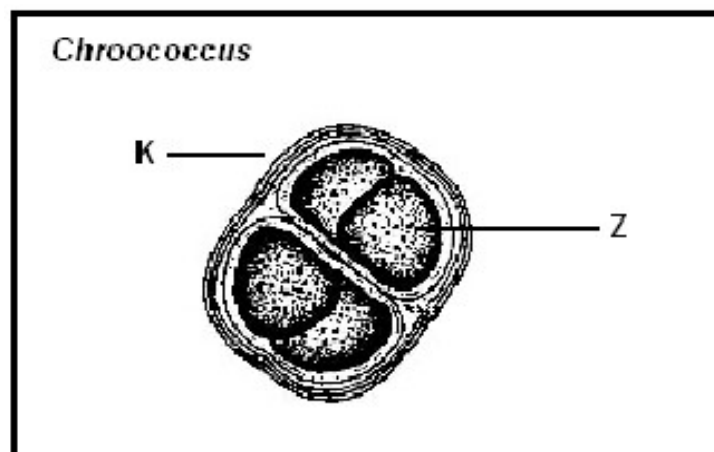


Abbildung 11 : Beschreibung der Gattung *Chroococcus* (Komarek, 1992)

K: Kolonie; Z: Kugelförmige Zelle.

3.1.2 Genetische Untersuchung des Exsiccatums *Gloeocapsa rupestris*

In der traditionellen botanischen Literatur wurden *Gloeocapsa* und *Chroococcus* als zwei getrennten Gattungen definiert (Geitler, 1932).

Die Ordnung der Chroococcales bereitet den Systematikern immer noch besonders große Schwierigkeiten, denn diese einfach strukturierten Cyanobakterien besitzen zur Abgrenzung der einzelnen Taxa nur eine geringe Anzahl morphologischer Merkmale (Starmach, 1967). Die Gattungen dieser Ordnung wurden bisher noch kaum monographisch bearbeitet, so dass bezüglich ihrer Einordnung Unklarheiten bestehen (Starmach, 1967). Für eine dringend notwendige Gattungsrevision dieser Ordnung schlug Starmach (1967) vor, die Systeme von Geitler und von Elenkin miteinander zu kombinieren und zugleich einige Gattungen zusammenzuziehen und andere zu streichen.

Waterbury und Rippka (1989) nutzten den Begriff "*Gloeocapsa* Gruppe", der die Organismen von *Gloeocapsa* und *Chroococcus* umfasst.

In der vorliegenden Arbeit wurde das Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* L0055186 (Vertreter der Ordnung Chroococcales) phylogenetisch untersucht. Anhand seiner gewonnenen 16S rDNA-Sequenz wurde seine phylogenetische Verwandtschaft zu anderen Vertretern der Ordnung Chroococcales analysiert.

In einem rekonstruierten Stammbaum zeigte *Gloeocapsa rupestris* L0055186 eine nahe phylogenetische Verwandtschaft zu den Stämmen *Chroococcus* sp. BDU 20231 und *Chroococcus minor* BDU 91342 mit einer Sequenzähnlichkeit von 94% (Abbildung 12 und Tabelle 4).

Die vorliegende Untersuchung an dem Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* L0055186 beweist eine enge genetische Ähnlichkeit zwischen *Chroococcus* und *Gloeocapsa* und verstärkt wieder die Verwendung von dem Begriff "*Gloeocapsa* Gruppe" bei Waterbury und Rippka (1989). Dieses Ergebnis bestätigt außerdem eine Reproduzierbarkeit historischer Identifizierungen von Cyanobakterien.

3. Ergebnisse und Diskussion

Tabelle 4 : Sequenzähnlichkeit eines 16S rDNA-Fragments (213bp) von dem untersuchten Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* (L0055186) zu anderen cyanobakteriellen Sequenzen aus der GenBank. Die Sequenzähnlichkeit wurde mit dem NCBI-BLASTN Programm, Version 2.2.24+, berechnet.

	<i>Gloeocapsa rupestris</i> (L0055186)
<i>Chroococcus</i> sp. BDU 20231 (GU186890.1)	94,00%
<i>Chroococcus minor</i> BDU 91342 (GU186889.1)	94,00%
<i>Chroococcidiopsis</i> sp. M3 (GU594024.1)	92,00%
<i>Chroococcidiopsis</i> sp. PCC 7431 (AB074506.1)	92,00%
<i>Chroococcidiopsis cubana</i> partial (AJ344558.1)	92,00%
<i>Chroococcidiopsis thermalis</i> (Z82789.1)	92,00%
<i>Chroococcidiopsis cubana</i> CCALA 041 (HM630151.1)	92,00%
<i>Gloeocapsa</i> sp. AECC1310 (EU729096.1)	90,00%
<i>Gloeocapsa</i> sp. AECC1309 (EU729095.1)	90,00%
<i>Gloeocapsa</i> sp. AECC1307 (EU729094.1)	90,00%
<i>Gloeocapsa</i> sp. CR_L36 (EF545647.1)	91,00%
<i>Gloeocapsa</i> sp. CR_L24 (EF545637.1)	90,00%
<i>Gloeocapsa</i> sp. CR_L16 (EF545632.1)	90,00%
<i>Gloeocapsa</i> sp. HSC31 (EF150793.1)	90,00%

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

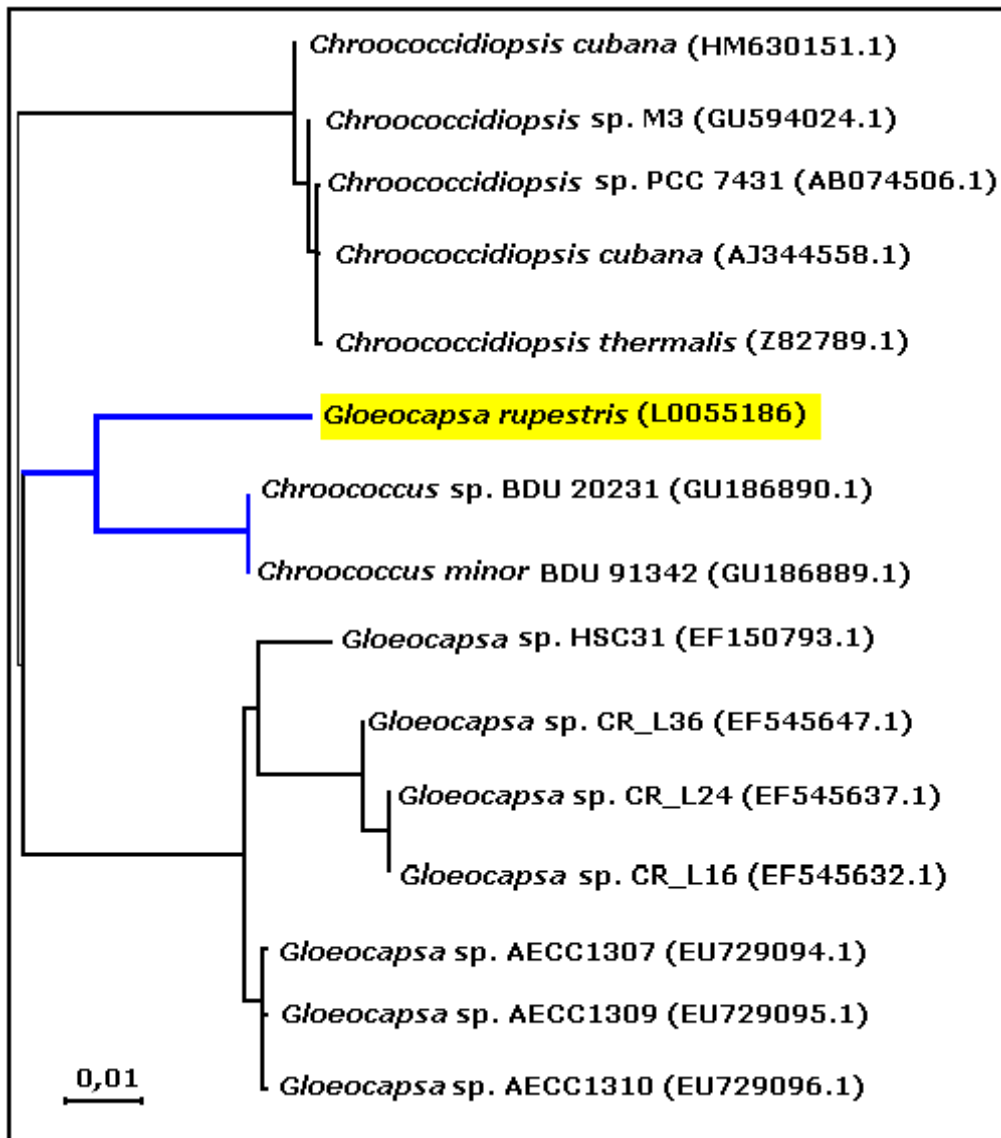


Abbildung 12 : Rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum von dem untersuchten Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* L0055186 und anderen Vertretern der Gattung *Gloeocapsa* aus der Genbank aufgrund eines 16S rDNA-Fragment und anhand des NCBI-BLASTN Programms, Version 2.2.24+, mit der "Neighbor Joining"-Methode.

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

3.2 Bedeutung der Korrelation morphologischer und genetischer Daten bei taxonomischen Untersuchungen von Cyanobakterien

3.2.1 Morphologische Untersuchungen an Vertretern der Gattung *Rivularia*

Das Exsiccatum *Rivularia atra* (A6422) bestand aus kleinen Massen von schwarzen, geschrumpften, harten Kolonien, die unterschiedliche Größen hatten (Abbildung 13). Das Exsiccatum von *Rivularia atra* (A6426) bestand aus kleinen, dunkelgrünen Kolonien, die an einem Stein hafteten (Abbildung 14).

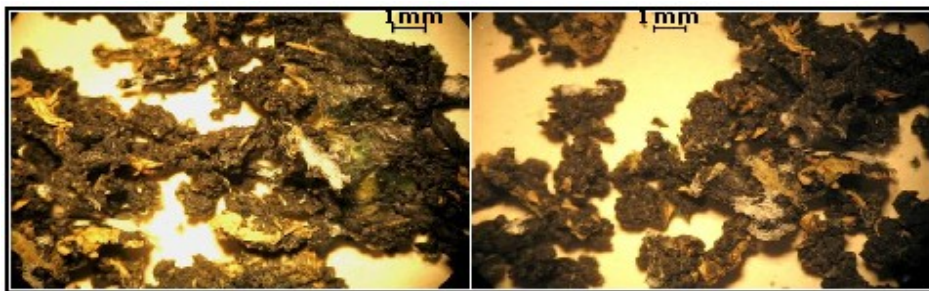


Abbildung 13 : Das Exsiccatum *Rivularia atra* A6422 unter dem Binokular.

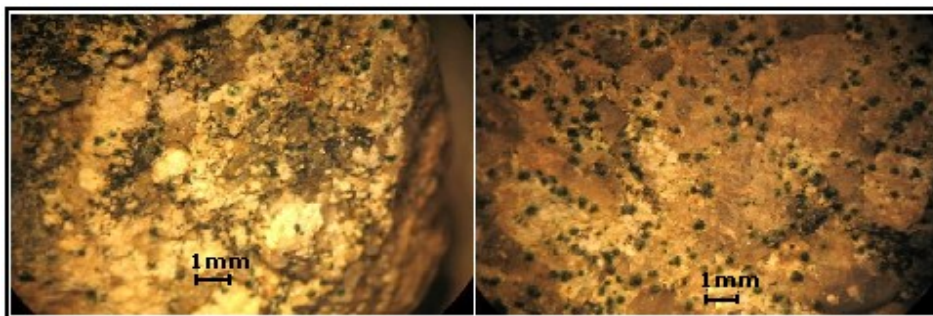


Abbildung 14 : Das Exsiccatum *Rivularia atra* A6426 unter dem Binokular.

Wegen des robusten Zellmaterials von den *Rivularia*-Exsiccata waren die spezifischen, morphologischen Merkmale von den untersuchten Proben sehr gut bewahrt, und unter dem Lichtmikroskop leicht erkennbar. Bei den morphologischen Analysen (unter dem Lichtmikroskop) zeigten diese zwei Exsiccata kugelförmige Zellen, die heteropolare Trichome bildeten. Die Trichome zeigten einen breiteren, basalen und einen engeren, apikalen Teil.

Die Zellen dieser zwei Exsiccata zeigten Unterschiede sowohl hinsichtlich der Farbe als auch der Größe. *Rivularia atra* A6422 hatte größere, dunkelbraune Zellen (4,6 - 7,0 μm Durchmesser), jedoch waren die Zellen von *Rivularia atra* A6426 kleiner (2,0 - 3,8 μm Durchmesser) und olivgrün gefärbt. Da diese untersuchten Proben in unterschiedlichen Zeiten und an verschiedenen

geographischen Orten gesammelt worden waren, unterstützen diese Ergebnisse die Befunde von Zapomelová et al. (2008). Die Variation von phänotypischen Merkmalen bei Cyanobakterien entspricht eine Variation der Temperatur, des Lichts, der Stickstoff-Konzentration und der Nährstoffzusammensetzung des Wachstumsorts (Zapomelová et al., 2008).

Geitler (1932) definierte die Zellen von *Rivularia atra* mit einem Durchmesser von 2,5 – 5 µm. In der vorliegenden Arbeit zeigte das Exsiccatum *Rivularia atra* A6426 eine ähnliche Zellgröße (2,0 - 3,8 µm Durchmesser).

Die konische Trichome der beiden untersuchten Exsiccata von *Rivularia atra* zeigten Basen mit Heterocysten auf der unteren Seite der Kolonie und haarähnliche, apikale Teile an der Kolonieoberfläche (Abbildungen 15 und 16).

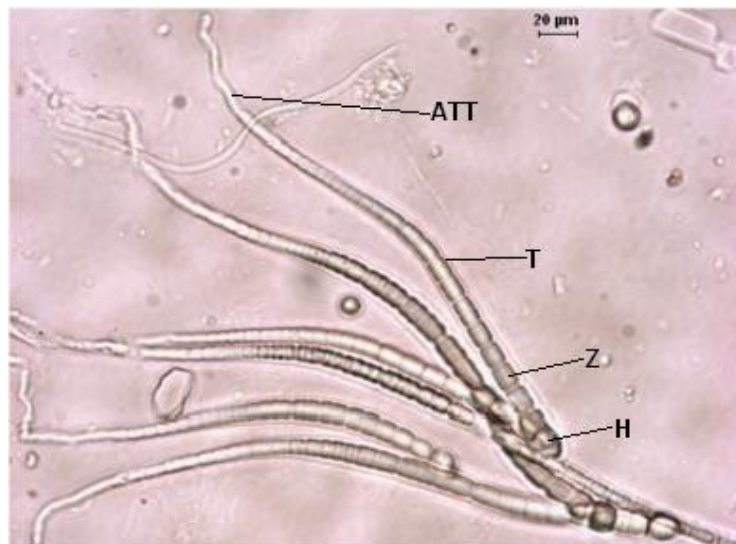


Abbildung 15 : Probe aus dem Exsiccatum *Rivularia atra* A6422 unter dem Lichtmikroskop.

Z: kugelförmige dunkelbraune Zelle (Zelldurchmesser: 4,6 - 7,0 µm); T: heteropolares Trichom; H: basale Heterocyste; ATT: haarähnliches apikales Teil des Trichoms.

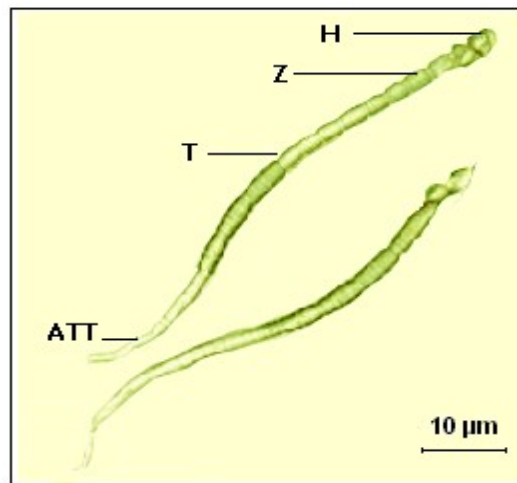


Abbildung 16 : Probe aus dem Exsiccatum *Rivularia atra* A6426 unter dem Lichtmikroskop.

Z: kugelförmige olivgrüne Zelle (Zelldurchmesser: 2,0 - 3,8 µm); T: heteropolares Trichom; H: basale Heterocyste; ATT: haarähnliches apikales Teil des Trichoms.

3.2.2 Genetische Untersuchung an Vertretern der Gattung *Rivularia*

Wie von Komarek (1992) beschrieben wurde, haben die Stämme der Gattung *Rivularia* heteropolare Trichome, die einen breiteren basalen und einen engeren apikalen Teil zeigen, und gehören somit zu den am leichtesten erkennbaren cyanobakteriellen Gattungen. Mehrere Vertreter der Gattung *Rivularia* leben in Süßwasser, jedoch viele andere Organismen dieser Gattung sind als marine bekannt (Komarek, 1992). Es ist nicht klar, ob *Rivularia* eine natürliche monophyletische Gruppe bildet. Die phylogenetische Analyse der 16S rDNA-Sequenz, die in dieser Arbeit durchgeführt wurde, zeigte eine große Vielfalt unter den Stämmen des Morphotyps *Rivularia*. Hier wurde ein phylogenetischer Stammbaum aufgrund der 16S rDNA-Sequenz von den zwei untersuchten *Rivularia*-Exsiccata, die bei der morphologischen Untersuchung eine große Ähnlichkeit gezeigt haben, und von anderen Vertretern der Rivulariaceae aus der Genbank rekonstruiert (Abbildung 17). In diesem Stammbaum war die phylogenetische Verwandtschaft zwischen den zwei Exsiccata *Rivularia atra* (A6422) und *Rivularia atra* (A6426) niedrig. Außerdem befanden sich ebenfalls die Sequenzen von *Rivularia atra* BIR MGR1, *Rivularia atra* BIR KRIV1 (AM230674.1) und *Rivularia atra* BIR KRIV1 (AM230667.1), in verschiedenen

Zweigen des Stammbaums. Die Tabelle 5 repräsentiert die Sequenzähnlichkeit (%) des 16S rDNA-Fragments von dem untersuchten Exsiccatum *Rivularia atra* (A6422) zu der Sequenz des 16S rDNA-Fragments von dem zweiten untersuchten Exsiccatum *Rivularia atra* (A6426) und zu anderen 16S rDNA-Sequenzen von Rivulariaceae aus der GenBank. Diese Tabelle beweist, dass obwohl Vertreter der Gattung *Rivularia* eine große Ähnlichkeit in der Morphologie haben, zeigen sie jedoch eine große genetische Vielfalt. Diese Ergebnisse unterstützen die Befunde von Berrendero et al. (2008) über die Vielfalt der genetischen Eigenschaften bei *Rivularia*. Diese genetische Vielfalt von Cyanobakterien kann auch unter extremen Lebensräumen fortbestehen, während die morphologischen Unterschiede von Cyanobakterien unter extremen Bedingungen stark reduziert werden (Sompong et al., 2008). Die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit unterstützen die Wichtigkeit einer Korrelation von morphologischen Identifizierungen mit genetischen Daten bei den taxonomischen Untersuchungen der Cyanobakterien (Margheri et al., 1999). Anhand weiterer Untersuchungen wird in dieser vorliegenden Studie noch die Bedeutung der ökologischen Eigenschaften bei den taxonomischen Studien bewiesen.

3. Ergebnisse und Diskussion

Tabelle 5 : Sequenzähnlichkeit von 16S rDNA-Fragmenten der untersuchten Exsiccata *Rivularia atra* (A6422) (573 bp) und *Rivularia atra* (A6426) (553 bp) zu anderen 16S rDNA-Sequenzen von Cyanobakterien aus der GenBank.

Die Sequenzähnlichkeit wurde mit dem NCBI-BLASTN Programm, Version 2.2.24+, berechnet.

	<i>Rivularia atra</i> (A6422)	<i>Rivularia atra</i> (A6426)
<i>Rivularia atra</i> (A6422)	-	92,00%
<i>Rivularia atra</i> (A6426)	92,00%	-
<i>Rivularia</i> sp. PCC 7116 (AM230677.1)	92,00%	98,00%
<i>Rivularia atra</i> BIR MGR1 (AM230675.1)	94,00%	96,00%
<i>Calothrix</i> sp. XP9A (AM230670.1)	94,00%	96,00%
<i>Calothrix</i> sp. BECID14 (AM230671.1)	94,00%	96,00%
<i>Rivularia atra</i> BIR KRIV1 (AM230674.1)	94,00%	96,00%
<i>Calothrix</i> sp. BC001 (DQ380395.1)	93,00%	97,00%
<i>Rivularia</i> sp. XP16B (AM230676.1)	93,00%	97,00%
<i>Rivularia</i> sp. BECID10 (AM230673.1)	93,00%	95,00%
<i>Rivularia</i> sp. BECID12 (AM230666.1)	93,00%	95,00%
<i>Rivularia</i> sp. XP3A (AM230672.1)	93,00%	96,00%
<i>Rivularia</i> sp. XSP25A (AM230665.1)	94,00%	96,00%
<i>Rivularia</i> sp. XP27A (AM230667.1)	93,00%	95,00%
<i>Rivularia</i> sp. 7PA9 (FJ660991.1)	91,00%	95,00%
<i>Rivularia</i> sp. 1PA1 (FJ660972.1)	91,00%	95,00%
<i>Rivularia</i> sp. 1PA21 (FJ660978.1)	91,00%	95,00%
<i>Rivularia</i> sp. 1PA19 (FJ660976.1)	90,00%	94,00%

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

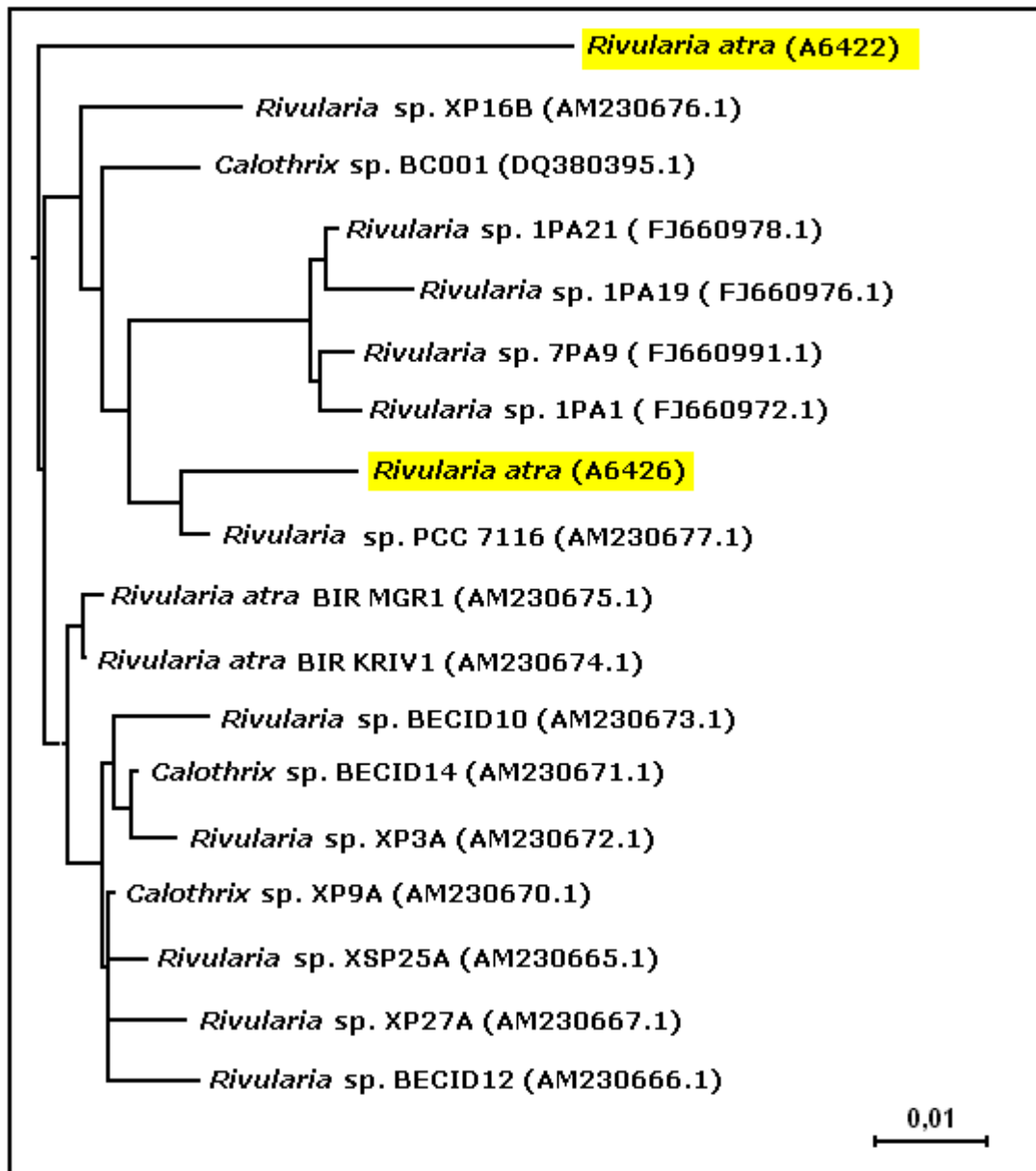


Abbildung 17 : Rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum von den zwei untersuchten Exsiccata *Rivularia atra* A6422, *Rivularia atra* A6426 und anderen *Rivularia*-Organismen aus der Genbank aufgrund eines 16S rDNA-Fragments und anhand des NCBI-BLASTN Programms, Version 2.2.24+, mit der "Neighbor Joining"-Methode.

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

3.3 Test des Zusammenhangs zwischen Lebensform und genetischer Information von Cyanobakterien

Viele Cyanobakterien der Gattung *Nostoc* sind Cyanobionten, die eine Symbiose mit Pflanzen oder Pilzen bilden. Um zu testen, ob die Symbiose in der genetischen Information ausgedrückt wird, bzw. ob die Lebensform ein entscheidendes Kriterium in taxonomischen Verhältnissen von Cyanobakterien darstellt, wurden in der vorliegenden Arbeit zwei botanischen Exemplare von zwei Vertretern der Gattung *Nostoc* untersucht. Das erste Exsiccatum *Nostoc lacerum* repräsentierte einen Stamm von *Nostoc* in einer symbiotischen Lebensform (Cyanobiont). Das zweite Exsiccatum *Nostoc rupestre* vertritt eine unsymbiotische Lebensform (freilebend).

3.3.1 Morphologische Untersuchungen an einem symbiotischen und einem frei-lebenden Vertreter der Gattung *Nostoc*

Das Exsiccatum *Nostoc lacerum* bestand aus Trichomen, die an einem Pflanzenblatt hafteten (Abbildung 18). Dieses Exsiccatum repräsentierte ein symbiotischer Stamm von *Nostoc* (Cyanobiont). Im Gegenteil bestand das Exsiccatum *Nostoc rupestre* aus mittelgroßen Massen von schwarzen geschrumpften Kolonien, die eine freie Lebensform von *Nostoc* repräsentierten (Abbildung 19).

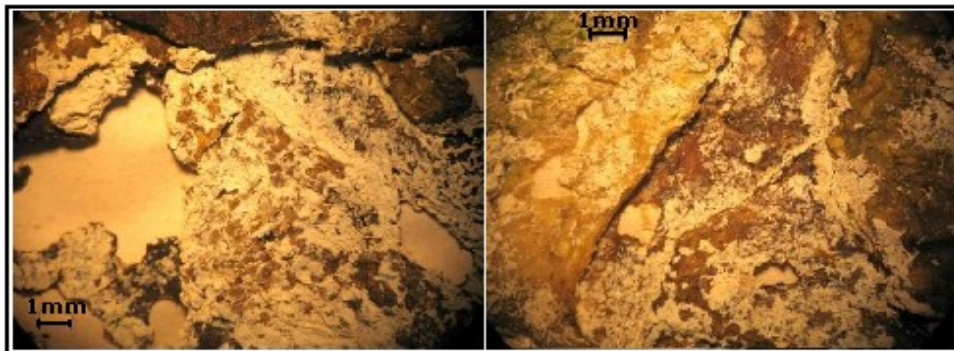


Abbildung 18 : Das Exsiccatum *Nostoc lacerum* Acq.J. 423 unter dem Binokular.



Abbildung 19 : Das Exsiccatum *Nostoc rupestre* Acq.J. 670 unter dem Binokular.

Unter dem Lichtmikroskop zeigten die morphologischen Analysen von den beiden untersuchten *Nostoc*-Proben zylindrische kugelförmige Zellen, die die gleiche Form hatten, und die zylindrische isopolare Trichome bildeten. Diese Trichome hatten eine gleiche Breite entlang der gesamten Länge. Die apikalen Zellen eines Trichoms unterschieden sich nicht morphologisch von den anderen Zellen (Abbildungen 20 und 21).

Die Zellen von *Nostoc rupestre* Acq.J. 670 waren 4,9 - 6,6 μm im Durchmesser groß. Bei *Nostoc lacerum* Acq.J. 423 zeigten die Zellen einen Durchmesser von 3,3 - 3,9 μm . In der Beschreibung von Geitler (1932) war die Zellgröße von den meisten Arten der Gattung *Nostoc* auch in dem Bereich 3 – 7 μm Durchmesser. Ein paar morphologische Unterschiede zwischen den zwei untersuchten Exsiccata von *Nostoc* wurden festgestellt. *Nostoc rupestre* Acq.J. 670 hatte olivgrüne Zellen, jedoch waren die Zellen von *Nostoc lacerum* Acq.J. 423 heller gefärbt (hellgrün).

Die Bildung und die Häufigkeit der Heterocysten bei *Nostoc*-Organismen hängt von der Stickstoff-Konzentration der Umgebung ab (Zapomelová et al., 2008). In der vorliegenden, morphologischen Untersuchung wurde sowohl bei dem symbiotischen Exsiccatum *Nostoc lacerum* Acq.J. 423 als auch beim dem freilebenden Exsiccatum *Nostoc rupestre* Acq.J. 670 Heterocysten erkannt. Diese morphologische Eigenschaft war eine natürliche Reaktion auf die Verfügbarkeit des molekularen Stickstoffs in der Umgebung.

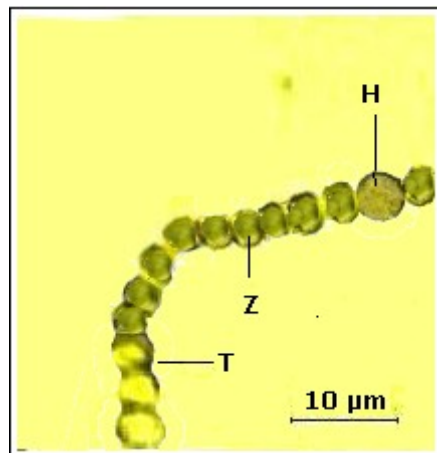


Abbildung 20 : Probe aus dem Exsiccatum *Nostoc lacerum* Acq.J. 423 unter dem Lichtmikroskop.

Z: zylindrische, kugelförmige, hellgrüne Zelle (Zelldurchmesser: 3,3 - 3,9 µm); T: Zylindrisches, isopolares Trichom.

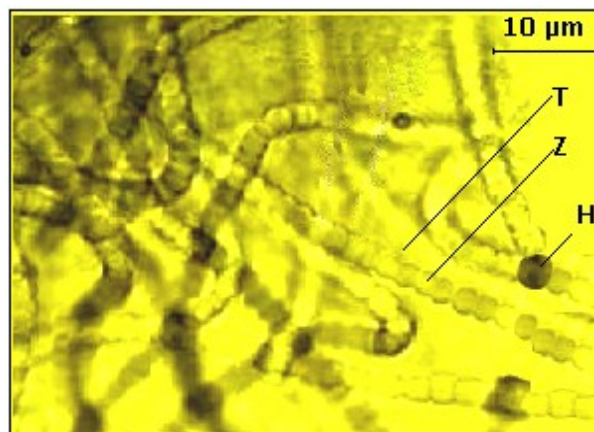


Abbildung 21 : Probe aus dem Exsiccatum *Nostoc rupestre* Acq.J. 670 unter dem Lichtmikroskop.

Z: zylindrische, kugelförmige, olivgrüne Zelle (Zelldurchmesser: 4,9 - 6,6 µm); T: Zylindrisches, isopolares Trichom.

3.3.2 Genetische Untersuchung an einem symbiotischen und einem freilebenden Vertreter der Gattung *Nostoc*

Nach mikroskopischen Untersuchungen an Exsiccata von den beiden Vertretern der Gattung *Nostoc* wurden Trichome aus den Proben sorgfältig isoliert, ihre genomische DNA extrahiert und wie bei den vorherigen genetischen Untersuchungen wurde ein Fragment der 16S rDNA amplifiziert und sequenziert. Die erhaltenen Sequenzen wurden mit anderen Sequenzen von symbiotischen (Cyanobionten) und freilebenden Stämmen der Gattung *Nostoc* aus der Genbank verglichen. In einem rekonstruierten phylogenetischen Stammbaum zeigte das botanische Exemplar *Nostoc rupestre* interessanterweise eine nähere Verwandtschaft zu den symbiotischen *Nostoc*-Stämmen. Im Gegenteil dazu zeigte das symbiotische Exsiccatum *Nostoc lacerum* eine niedrige phylogenetische Verwandtschaft zu den Cyanobionten (Abbildung 22). Die Tabelle 6 repräsentiert die Sequenzähnlichkeiten von diesen zwei untersuchten Exsiccata zu den 16S rDNA-Sequenzen von symbiotischen und freilebenden *Nostoc*-Organismen aus der Genbank.

Es gibt noch keinen Beweis, dass die symbiotischen und freilebenden *Nostoc*-Stämme molekularbiologisch oder morphologisch sich unterscheiden (Papaefthimiou et al., 2008). Die vorliegende phylogenetische Untersuchung an einem symbiotischen und einem freilebenden Vertreter der Gattung *Nostoc* unterstützt die Arbeit von Papaefthimiou et al. (2008) und bestätigt, dass die Vertreter der Gattung *Nostoc* aus diesen beiden Lebensformen (symbiotisch und freilebend) keine phylogenetische Unterschiede zeigen. Dieses Ergebnis beweist, dass die Lebensform kein entscheidendes Kriterium in taxonomischen Untersuchungen von Cyanobakterien darstellt.

3. Ergebnisse und Diskussion

Tabelle 6 : Sequenzähnlichkeit von 16S rDNA-Fragmenten der untersuchten Exsiccata *Nostoc rupestre* (Acq.J. 670) (546 bp) und *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423) (458 bp) zu anderen 16S rDNA-Sequenzen von Cyanobakterien aus der GenBank.

Die Sequenzähnlichkeit wurde mit dem NCBI-BLASTN Programm, Version 2.2.24+, berechnet.

	<i>Nostoc rupestre</i> (Acq.J. 670)	<i>Nostoc lacerum</i> (Acq.J. 423)*
<i>Nostoc rupestre</i> (Acq.J. 670)	-	90,00%
<i>Nostoc lacerum</i> (Acq.J. 423)	90,00%	-
<i>Nostoc</i> sp. AI3 (AM711531.1) *	97,00%	89,00%
<i>Nostoc</i> sp. Ev1 (AM711535.1) *	97,00%	90,00%
<i>Nostoc</i> sp. 0GU36S01 (AM711526.1) *	97,00%	89,00%
<i>Nostoc</i> sp. 0GU36S02 (AM711527.1) *	98,00%	89,00%
<i>Nostoc</i> sp. 9104 (AM711542.1) *	97,00%	89,00%
<i>Nostoc</i> sp. 8926 (AM711540.1) *	97,00%	90,00%
<i>Nostoc</i> sp. 8901:1 (AM711539.1) *	97,00%	89,00%
<i>Nostoc</i> sp. PCC 9229 (AY742451.1) *	97,00%	90,00%
<i>Nostoc</i> sp. PCC 9305 (AY742453.1) *	97,00%	88,00%
<i>Nostoc muscorum</i>, strain Lukesova 1/87 (AM711523.1)	96,00%	90,00%
<i>Nostoc muscorum</i>, strain Lukesova 2/91 (AM711524.1)	96,00%	90,00%
<i>Nostoc</i> sp. TO1S01, strain TO1S01 (AM711549.1)	95,00%	92,00%
<i>Nostoc</i> sp. TH1S01, strain TH1S01 (AM711547.1)	92,00%	92,00%
<i>Nostoc calcicola</i>, strain TH2S22 (AM711529.1)	96,00%	90,00%
<i>Nostoc elgonense</i> TH3S05, strain TH3S05 (AM711548.1)	91,00%	94,00%
<i>Nostoc</i> sp. PCC 8976, strain PCC 8976 (AM711525.1)	93,00%	89,00%

* Symbiotische *Nostoc*-Stämme (Cyanobionten).

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

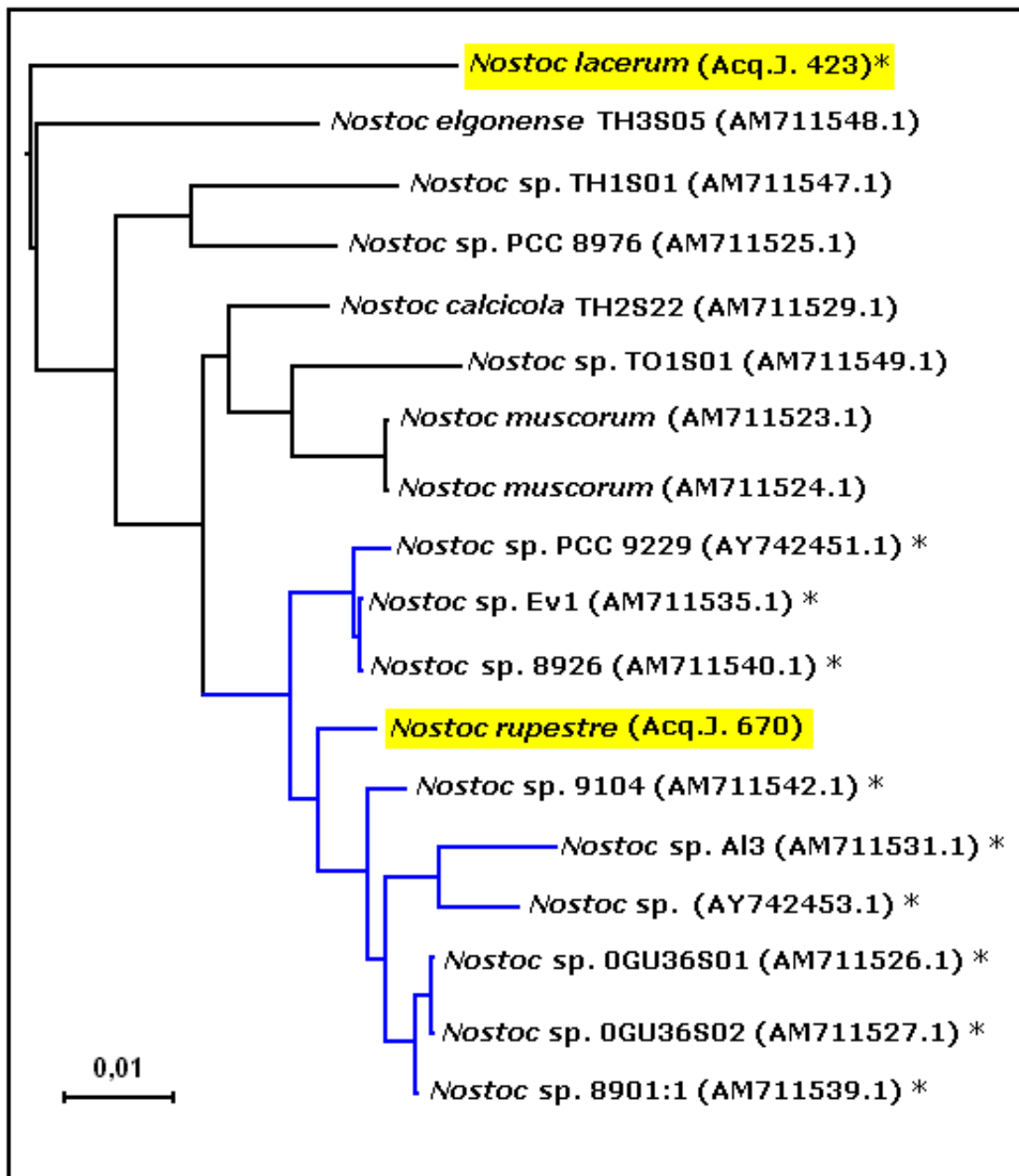


Abbildung 22 : Rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum von den zwei untersuchten Exsiccata *Nostoc lacerum* Acq.J. 423, *Nostoc rupestre* Acq.J. 670 und anderen *Nostoc*-Organismen aus der Genbank aufgrund eines 16S rDNA-Fragments (546 bp) und anhand des NCBI-BLASTN Programms, Version 2.2.24+, mit der "Neighbor Joining"-Methode.

* Symbiotische *Nostoc*-Stämme (Cyanobionten).

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

3.4 Taxonomischer Ursprung bentischer und planktonischer Cyanobakterien

Die Evolution von Cyanobakterien wird heute durch Erforschung der Fossilien sowie durch Rekonstruktion von phylogenetischen Verhältnissen zwischen neuzeitlichen Organismen anhand molekularer Untersuchungen studiert (Knoll und Butterfield, 1989). Die Fossilien zeigten überzeugend, dass Ozeane der frühen Erde durch alte Cyanobakterien beherrscht wurden, die für die Produktion der planetarischen Atmosphäre und das Klima verantwortlich waren (Holland, 1994). Während Cyanobakterien reichliche benthische Fossilien in der Form von Stromatoliten hinterließen (Schopf und Klein, 1992; Golubic und Seong-Joo, 1999), sind die Fossilien von planktonischen Cyanobakterien wenig (Sergeev et al., 2002), dies liegt vielleicht an ihrem kleinen und empfindlichen Zellaufbau (Golubic, 1980). Die Erforschung von phylogenetischen Verhältnissen zwischen neuzeitlichen benthischen und planktonischen Cyanobakterien erklärt den gemeinsamen, historischen Ursprung von diesen Organismen.

Um dieses Thema in der vorliegenden Arbeit zu erforschen, wurden drei Exsiccata von benthischen Cyanobakterien der Gattung *Hydrocoleum* morphologisch und genetisch untersucht.

Die Organismen der Gattung *Hydrocoleum* gehören meistens zu den Cyanobakterien, die an den tropischen Ozeanen Matten bilden (Abed et al., 2006). Diese bentischen Organismen (*Hydrocoleum*) bilden mit den planktischen Cyanobakterien der Gattung *Trichodesmium* die reichlichen, filamentösen Cyanobakterien in den tropischen Ozeanen (Abed et al., 2006).

Die Ergebnisse der vorliegenden Untersuchung an Exsiccata von *Hydrocoleum* wurden mit Daten von planktischen Cyanobakterien der Gattung *Trichodesmium* verglichen.

3.4.1 Morphologische Untersuchungen an Vertretern der Gattung *Hydrocoleum*

Die untersuchten Exsiccata von *Hydrocoleum* bestanden aus Massen von Trichomen, die an Sandpartikeln hafteten. Die Isolierung von reinen Trichomen war schwer wegen ihrer starken Vermischung mit dem Substrat (Abbildungen 23, 24 und 25).

Bei der morphologischen Untersuchung unter Lichtmikroskop zeigten die Exsiccata von *Hydrocoleum* olivgrüne Zellen, die mehr oder weniger isodiametrisch waren (kürzer als breit). Die Zellen von *Hydrocoleum glutinosum*

688061 waren 13,5 – 15,5 µm breit. Bei *Hydrocoleum lyngbyaceum* 795080 zeigten die Zellen eine Breite von 12,2 - 13,4 µm, bei *Hydrocoleum cantharidosum* L0571035 waren die Zellen deutlich breiter (22,4 - 24,3 µm breit). Die Zellgrößen von den Exsiccata *Hydrocoleum lyngbyaceum* 795080 und *Hydrocoleum cantharidosum* L0571035 bestätigten die Angaben von Geitler (1932) über die Zellgröße von *Hydrocoleum lyngbyaceum* (8 – 16 µm) und *Hydrocoleum cantharidosum* (18 – 24 µm), jedoch waren die Zellen des Exsiccatus *Hydrocoleum glutinosum* 688061 etwas kleiner als die Größe von *Hydrocoleum glutinosum* in der Beschreibung von Geitler (1932).

Bei den drei untersuchten Exsiccata von *Hydrocoleum* bildeten die Zellen zylindrische Trichome. Die Endzellen waren auch zylindrisch mit einer gerundeten Außenseite (Abbildungen 27 und 28). Bei der morphologischen Untersuchung von *Hydrocoleum lyngbyaceum* 795080 (unter dem Lichtmikroskop) wurden einige degradierte Trichome erkannt (Abbildung 28).

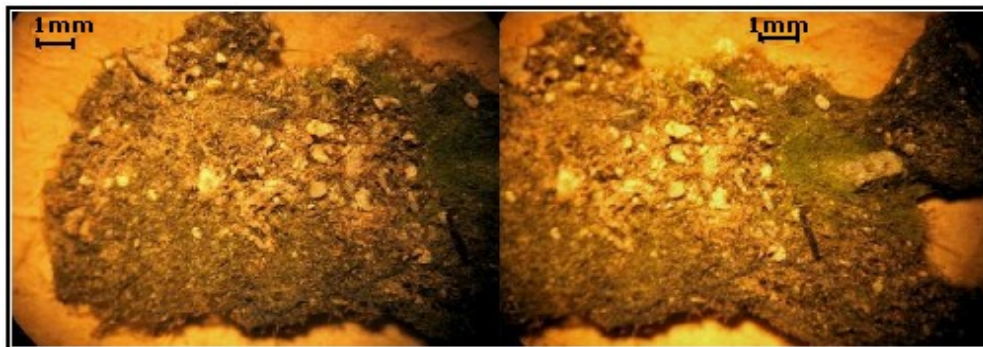


Abbildung 23 : Das Exsiccatum *Hydrocoleum cantharidosum* L0571035 unter dem Binokular.

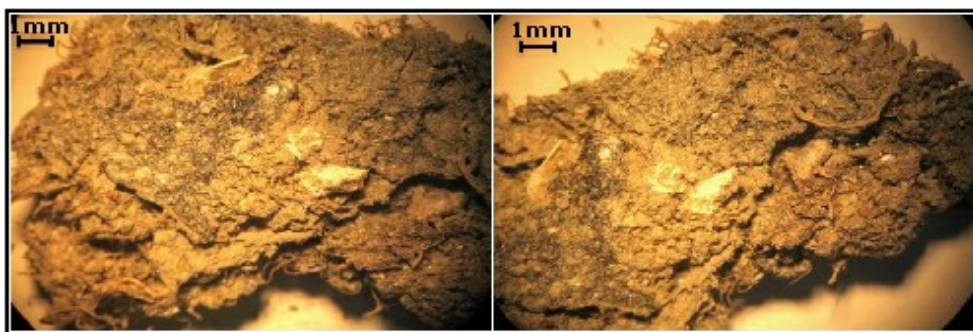


Abbildung 24 : Das Exsiccatum *Hydrocoleum glutinosum* 688061 unter dem Binokular.

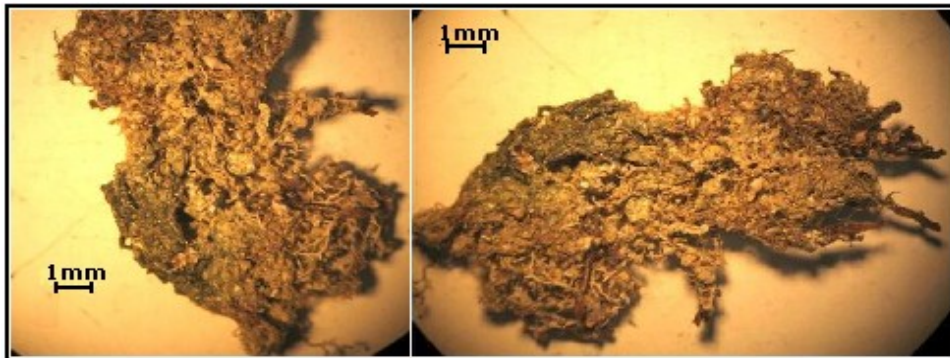


Abbildung 25 : Das Exsiccatum *Hydrocoleum lyngbyaceum* 795080 unter dem Binokular.

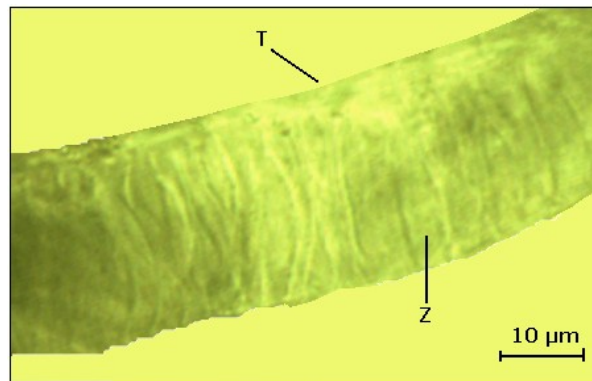


Abbildung 26 : Probe aus dem Exsiccatum *Hydrocoleum cantharidosum* L0571035 unter dem Lichtmikroskop.

Z: Olivgrüne Zelle (kürzer als breit) (Zellbreite: 22,4 -24,3 µm breit);

T: Zylindrisches Trichom.

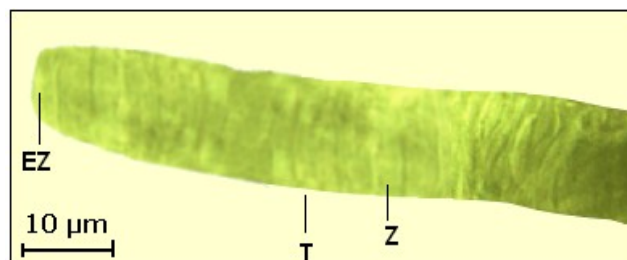


Abbildung 27 : Probe aus dem Exsiccatum *Hydrocoleum glutinosum* 688061 unter dem Lichtmikroskop.

Z: Olivgrüne Zelle (kürzer als breit) (Zellbreite: 13,5 - 15,5 µm breit); T: Zylindrisches Trichom; EZ: Abgerundete Endzelle.

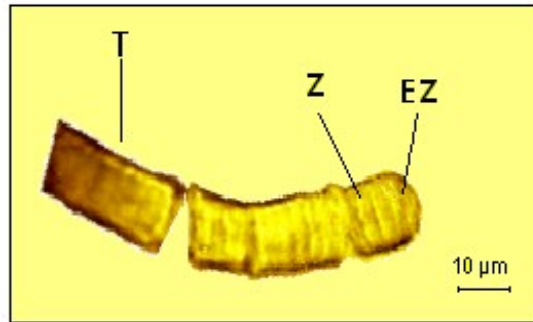


Abbildung 28 : Probe aus dem Exsiccatum *Hydrocoleum lyngbyaceum* 795080 unter dem Lichtmikroskop.

Z: Olivgrüne Zelle (kürzer als breit) (Zellbreite: 12,2 - 13,4 µm breit); T: Zylindrisches, degradiertes Trichom; EZ: Abgerundete Endzelle.

Diese morphologischen Eigenschaften der drei untersuchten Exsiccata von *Hydrocoleum* zeigten eine große Ähnlichkeit mit morphologischen Daten von Vertretern der Gattung *Trichodesmium*. Diese letzteren sind in der Beschreibung von Komarek (1992) auch filamentöse Cyanobakterien mit zylinderförmigen Zellen und abgerundeten Endzellen. Ihre Trichome sind 6-22 µm breit (Komarek, 1992) (Abbildung 29).

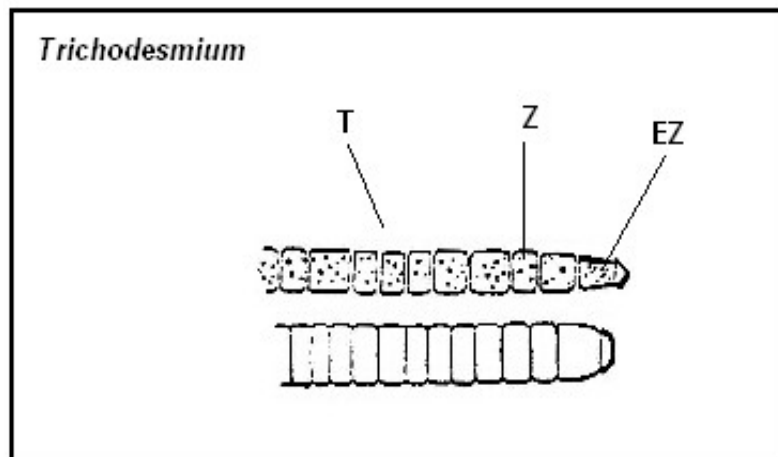


Abbildung 29 : Beschreibung der Gattung *Trichodesmium* (Komarek, 1992)

Z: Zelle; T: Zylindrisches Trichom; EZ: Abgerundete Endzelle mit Kalyptra.

3.4.2 Genetische Untersuchung an Vertretern der Gattung *Hydrocoleum*

In dieser vorliegenden Arbeit wurde die Ähnlichkeit der gewonnenen 16S rDNA-Sequenzen der untersuchten Exsiccata *Hydrocoleum glutinosum* (688061), *Hydrocoleum cantharidosum* (L0571035) und *Hydrocoleum lyngbyaceum* (795080) zu 16S rDNA-Sequenzen von anderen Vertretern der Gruppe Oscillatoriales aus der GenBank untersucht und in der Tabelle 7 repräsentiert. Phylogenetische Ähnlichkeiten wurden aufgrund der 16S rDNA-Sequenzen in einem Stammbaum dargestellt. In diesem Stammbaum zeigten die drei untersuchten Exsiccata *Hydrocoleum glutinosum* (688061), *Hydrocoleum cantharidosum* (L0571035) und *Hydrocoleum lyngbyaceum* (795080) eine höhere genetische Ähnlichkeit zu den Stämmen *Trichodesmium pelagicum* str. JW11 und *Trichodesmium thiebautii*, indem sie in diesem Stammbaum einen eindeutigen, gemeinsamen Zweig bildeten (Abbildung 30).

In neuzeitlichen Ozeanen leben planktonische Phototrophe, die Stickstoff fixieren können (Zehr et al., 2001; Montoya et al., 2004). Die Reaktion, Stickstoff zu fixieren, was in Heterocysten von Cyanobakterien stattfindet, wird als selektive Eigenschaft in Ozeanen betrachtet. Jedoch gelten die filamentöse Cyanobakterien der Gattung *Trichodesmium*, die keine Heterocysten bilden, (Carpenter et al., 1992) als die wichtigsten Stickstoff-fixierende Organismen in den tropischen Ozeanen (Capone et al., 1997).

Die Ergebnisse dieser vorliegenden Untersuchung geben einen klaren Beweis über die großen Ähnlichkeiten in den genetischen sowie in den morphologischen Eigenschaften zwischen den zwei Gattungen *Hydrocoleum* und *Trichodesmium*, die die dominierende Gruppe der filamentösen Cyanobakterien in dem Plankton und dem Benthos der tropischen Ozeanen darstellen. Dieses Ergebnis führt zu der Frage ihres gemeinsamen Ursprungs und ihrer Diversifikation. Die drei untersuchten Exsiccata von *Hydrocoleum* und die Stämme von *Trichodesmium* bilden in dem rekonstruierten phylogenetischen Stammbaum einen eindeutigen, gemeinsamen Zweig. Dies unterstützt den Vorschlag von Abed et al. (2006). Diese zwei Gattungen stammen möglicherweise von anderen ursprünglichen früheren Cyanobakterien ab (Abed et al., 2006).

Tabelle 7 : Sequenzähnlichkeit von 16S rDNA-Fragmenten der untersuchten Exsiccata *Hydrocoleum glutinosum* (688061) (338 bp), *Hydrocoleum cantharidosum* (L0571035) (511 bp) und *Hydrocoleum lyngbyaceum* (795080) (251 bp) zu anderen 16S rDNA-Sequenzen von Cyanobakterien aus der GenBank.

Die Sequenzähnlichkeit wurde mit dem NCBI-BLASTN Programm, Version 2.2.24+, berechnet.

	<i>Hydrocoleum glutinosum</i> (688061)	<i>Hydrocoleum cantharidosum</i> (L0571035)	<i>Hydrocoleum Lyngbyaceum</i> (795080)
<i>Hydrocoleum glutinosum</i> (688061)	-	95,00%	93,00%
<i>Hydrocoleum cantharidosum</i> (L0571035)	95,00%	-	93,00%
<i>Hydrocoleum Lyngbyaceum</i> (795080)	93,00%	93,00%	-
<i>Trichodesmium pelagicum</i> str. JW11 (AF518769.1)	95,00%	93,00%	93,00%
<i>Trichodesmium thiebautii</i> (AF013027.1)	95,00%	93,00%	93,00%
<i>Crinalium magnum</i> SAG 34.87 (AB115965.1)	90,00%	87,00%	86,00%
<i>Geitlerinema amphibium</i> 0519 (EU068740.1)	89,00%	86,00%	89,00%
<i>Microcoleus vaginatus</i> MPI 98MV.JHS (AF284805.1)	89,00%	88,00%	87,00%
<i>Planktothrix pseudagardhii</i> 2LT34S02 (FM177501.1)	90,00%	88,00%	88,00%
<i>Spirulina</i> sp. EEW5 (HQ008228.1)	90,00%	90,00%	88,00%
<i>Starria zimbabweensis</i> SAG 74.90 (AB115962.1)	88,00%	87,00%	85,00%
<i>Trichocoleus sociatus</i> SAG 26.92 (EF654080.1)	89,00%	88,00%	87,00%
<i>Tychonema tenue</i> SAG 4.82 (GQ324973.1)	91,00%	89,00%	88,00%

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

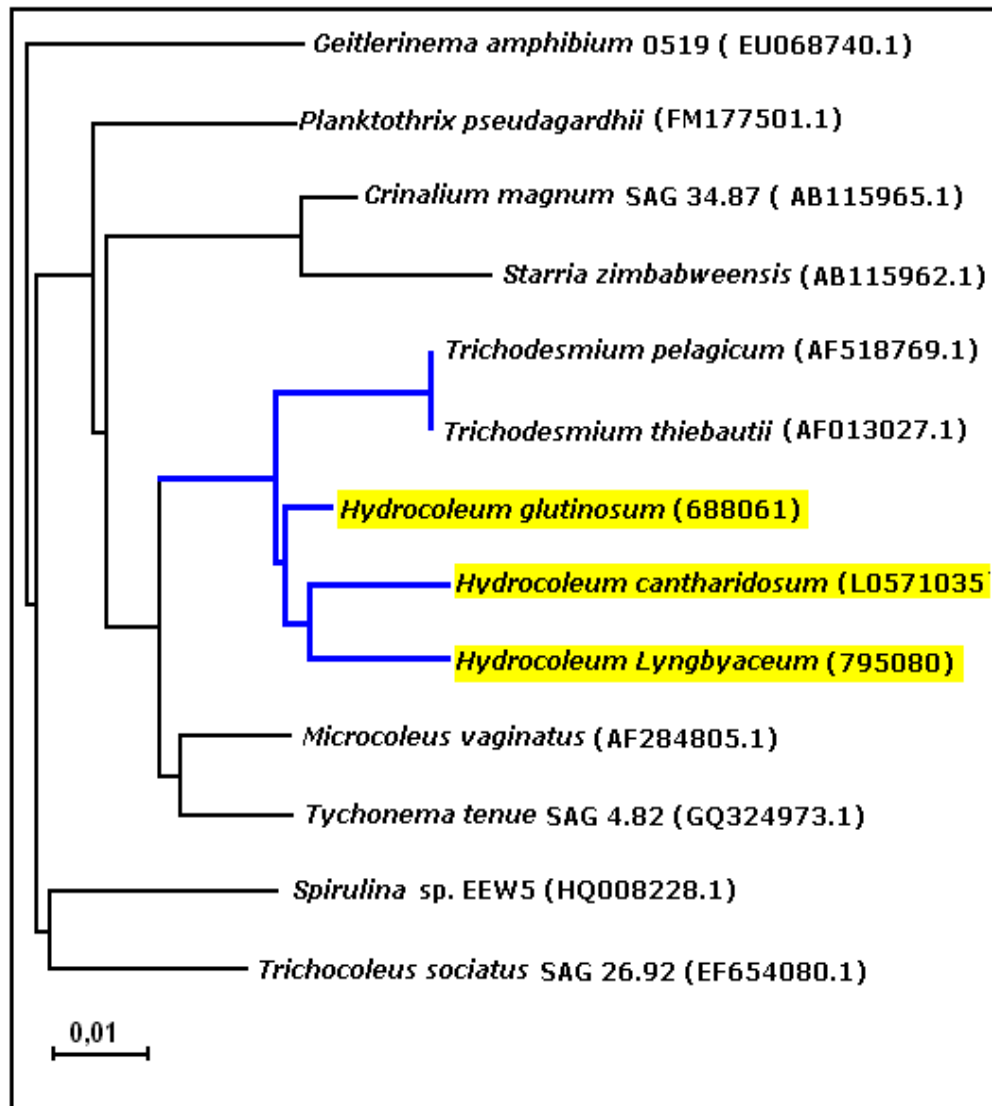


Abbildung 30 : Rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum von den drei untersuchten Exsiccata *Hydrocoleum cantharidosum* L0571035, *Hydrocoleum glutinosum* 688061, *Hydrocoleum Lyngbyaceum* 795080 und anderen Cyanobakterien aus der Genbank aufgrund eines 16S rRNA-Genfragments und anhand des NCBI-BLASTN Programms, Version 2.2.24+, mit der "Neighbor Joining"-Methode.

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

3.5 Bedeutung Ökologischer Verhältnisse bei der Definition einer Bakterienspezies

Viele phylogenetische Untersuchungen an bakteriellen Umweltproben zeigen den Zusammenhang zwischen der ökologischen Nische und der genetischen Information eines Organismus. Es wurde bestätigt, dass Organismen, die ähnliche ökologische Nische besitzen, wesentlich kleinere genetische Unterschiede zeigen (z.B. Konstantinidis et al., 2006). Dementsprechend können genetische Unterschiede zwischen Stämmen einer ursprünglichen Spezies die Konsequenz einer differenzialen Entwicklung jenes Stammes unter dem Einfluss verschiedener, ökologischer Bedingungen sein (Konstantinidis et al., 2006).

Metagenomische Studien, die die Gesamtheit der genomischen Information von Mikroorganismen einer bestimmten Lebensgemeinschaft in einem Biotop untersuchen, können in dieser Hinsicht sehr informativ sein, da sie den Umfang der genetischen Eigenschaften und der genetischen Vielfalt innerhalb einer natürlichen Population aufdecken können. Es wurde bewiesen, dass die ökologische Nische die Entwicklung der genetischen Information eines Organismus bestimmt (Moran 2002; Konstantinidis und Tiedje 2004).

In der vorliegenden Arbeit wurde beabsichtigt, den Zusammenhang zwischen ökologischen Bedingungen und genetischen Informationen zu zeigen.

Zu diesem Zweck wurden in der vorliegenden Studie Exsiccata von Cyanobakterien aus verschiedenen Biotopen phylogenetisch untersucht. Exsiccata von Vertretern der Gattung *Scytonema* aus Süßwasser wurden zuerst morphologisch identifiziert und anschließend ihre genetische Ähnlichkeiten bzw. Unterschiede zu terrestrischen Vertretern der selben Gattung geprüft. Diese phylogenetische Untersuchung wurde aufgrund von gewonnenen 16S rDNA-Sequenzen durchgeführt.

Außerdem wurden phylogenetische Verhältnisse von 16S rDNA-Sequenzen aus Exsiccata von marinen Vertretern der Gattung *Rivularia* (die oben untersuchten *Rivularia atra* (A6422) und *Rivularia atra* (A6426)) zu 16S rDNA-Sequenzen von Vertretern der gleichen Gattung aus Süßwasser untersucht.

3.5.1 Phylogenetische Untersuchung an Exsiccata von Vertretern der Gattung *Scytonema*

3.5.1.a Morphologische Untersuchungen

Das Exsiccatum *Scytonema hofmanni* Acq.J. 2486 bestand aus einer dicken, getrockneten, hellgrünen Kolonie von Trichomen, die etwas mit Sandpartikeln vermischt waren (Abbildung 31).

Das Exsiccatum *Scytonema myochrous* Acq.J. 1896 bestand aus einer dicken, getrockneten, dunkelgrünen Kolonie von Trichomen, die an Sand hafteten und mit vielen Sandpartikeln vermischt waren (Abbildung 32).

Das Exsiccatum *Scytonema thermale* Acq.J. 2298 war eine kleine Menge von mehreren kleinen Kolonien von hellgrünen Trichomen, die auch an Sand hafteten (Abbildung 33).



Abbildung 31 : Das Exsiccatum *Scytonema hofmanni* Acq.J. 2486 unter dem Binokular.



Abbildung 32 : Das Exsiccatum *Scytonema myochrous* Acq.J. 1896 unter dem Binokular.

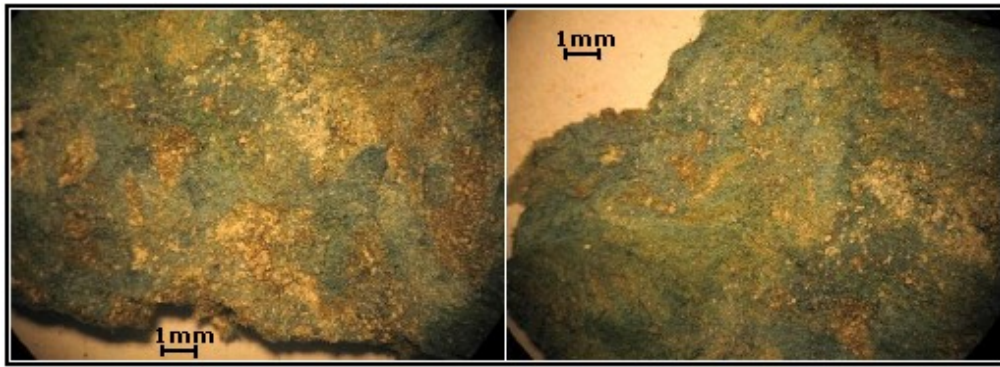


Abbildung 33 : Das Exsiccatum *Scytonema thermale* Acq.J. 2298 unter dem Binokular.

Bei der morphologischen Untersuchung unter dem Lichtmikroskop zeigten die drei untersuchten Exsiccata von *Scytonema* olivgrünen Zellen, die zylindrische, isopolare Trichome bildeten. Diese Trichome zeigten eine gleiche Breite entlang der gesamten Länge. Die Zellen enthielten einen körnigen Inhalt (Abbildungen 34, 35 und 36). Die Endzellen waren abgerundet. Einzelne Heterocysten, die die Zellen der Trichome interkalierten, wurden bei *Scytonema hofmanni* Acq.J. 2486 und *Scytonema myochrous* Acq.J. 1896 erkannt (Abbildungen 34 und 35). Einen morphologischen Unterschied zwischen den drei untersuchten Exsiccata wurde noch an der Größe der Zellen festgestellt. *Scytonema thermale* Acq.J. 2298 zeigte größere Zellen (8,4 - 9,5 µm breit). Die Zellen waren bei *Scytonema myochrous* Acq.J. 1896 nur 5,7 - 6,8 µm breit und bei *Scytonema hofmanni* Acq.J. 2486 noch kleiner (4,5 - 5,5 µm breit). Die Größen der Zellen bei diesen letzteren zwei Exsiccata bestätigten die Beschreibung von Geitler (1932) hinsichtlich der Zellgrößen von *Scytonema myochrous* (6 – 12 µm breit) und *Scytonema hofmanni* (5 – 6 µm breit). *Scytonema thermale* wurde von Kützing F.T. (1936) ohne Angaben über Zellgröße dokumentiert.

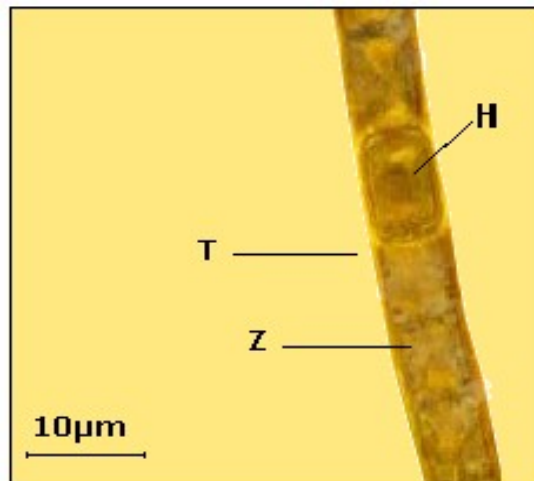


Abbildung 34 : Probe aus dem Exsiccatum *Scytonema hofmanni* Acq.J. 2486 unter dem Lichtmikroskop.

Z: Olivgrüne Zelle mit körnigem Inhalt (Zellbreite: 4,5 - 5,5 µm); T: Zylindrisches, isopolares Trichom; H: Heterocyste.

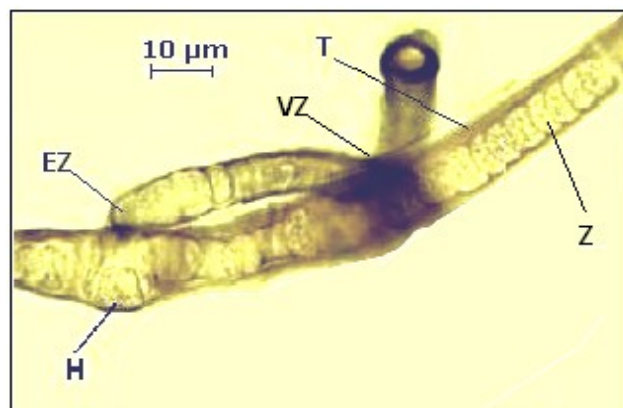


Abbildung 35 : Probe aus dem Exsiccatum *Scytonema myochrous* Acq.J. 1896 unter dem Lichtmikroskop.

Z: Olivgrüne Zelle mit körnigem Inhalt (Zellbreite: 5,7 - 6,8 µm); T: Zylindrisches isopolares Trichom; EZ: Abgerundete Endzelle; H: Heterocyste; VZ: falsche Verzweigung des Trichomes.

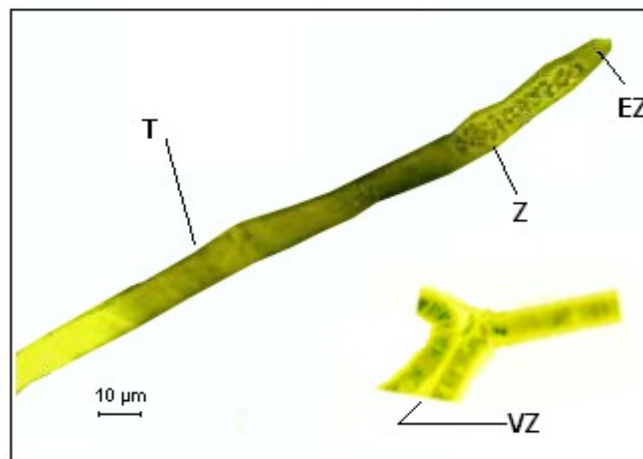


Abbildung 36 : Probe aus dem Exsiccatum *Scytonema thermale* Acq.J. 2298 unter dem Lichtmikroskop.

Z: Olivgrüne Zelle mit körnigem Inhalt (Zellbreite: 8,4 - 9,5 µm); T: Zylindrisches, isopolares Trichom; EZ: Abgerundete Endzelle; VZ: falsche Verzweigung des Trichomes.

3.5.1.b Genetische Untersuchungen

Genetische Verwandtschaften zwischen Exsiccata von den Süßwasser-Proben *Scytonema hofmanni* (Acq.J. 2486), *Scytonema thermale* (Acq.J. 2298), *Scytonema myochrous* (Acq.J. 1896) und terrestrischen Vertretern der Gattung *Scytonema*, *Scytonema* sp. DC-A (DQ531701.1) und *Scytonema* sp. FGP-7A (DQ531698.1), wurden in einem rekonstruierten Stammbaum dargestellt, der aufgrund einer 16S rDNA-Sequenz erstellt wurde (Abbildung 37). Die terrestrischen *Scytonema* sp. DC-A (DQ531701.1) und *Scytonema* sp. FGP-7A (DQ531698.1) waren in diesem phylogenetischen Stammbaum stark verwandt und repräsentierten in der Tabelle 8 eine höhere genetische Ähnlichkeit von 99%. Diese zwei Stämme zeigten aber eine niedrige genetische Ähnlichkeit von 92% zu den Exsiccata *Scytonema hofmanni* (Acq.J. 2486) und *Scytonema thermale* (Acq.J. 2298) und von 94% zu dem Exsiccatum *Scytonema myochrous* (Acq.J. 1896) (Tabelle 8).

Dieses Ergebnis beweist den Einfluss von ökologischen Bedingungen auf die genetische Information von Bakterien, und unterstützt damit viele andere ökologische Arbeiten (z.B. Konstantinidis et al., 2006).

3. Ergebnisse und Diskussion

Tabelle 8 : Sequenzähnlichkeit von 16S rDNA-Fragmenten der untersuchten Exsiccata der Süßwasser-Proben *Scytonema hofmanni* (Acq.J. 2486) (462 bp), *Scytonema thermale* (Acq.J. 2298) (592 bp) und *Scytonema myochrous* (Acq.J. 1896) (521 bp) zu 16S rDNA-Sequenzen von terrestrischen Vertretern der Gattung *Scytonema* und zu anderen Cyanobakterien aus der GenBank.

Die Sequenzähnlichkeit wurde mit dem NCBI-BLASTN Programm, Version 2.2.24+, berechnet.

	<i>Scytonema hofmanni</i> (Acq.J. 2486)	<i>Scytonema thermale</i> (Acq.J. 2298)	<i>Scytonema myochrous</i> (Acq.J. 1896)	<i>Scytonema</i> sp. FGP-7A (DQ531698.1)***
<i>Scytonema hofmanni</i> (Acq.J. 2486)	-	94,00%	94,00%	92,00%
<i>Scytonema thermale</i> (Acq.J. 2298)	94,00%	-	93,00%	92,00%
<i>Scytonema myochrous</i> (Acq.J. 1896)	94,00%	93,00%	-	94,00%
<i>Scytonema</i> sp. DC-A (DQ531701.1)***	92,00%	92,00%	94,00%	99,00%
<i>Scytonema</i> sp. FGP-7A (DQ531698.1)***	92,00%	92,00%	94,00%	-

*** Terrestrische Stämme.

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

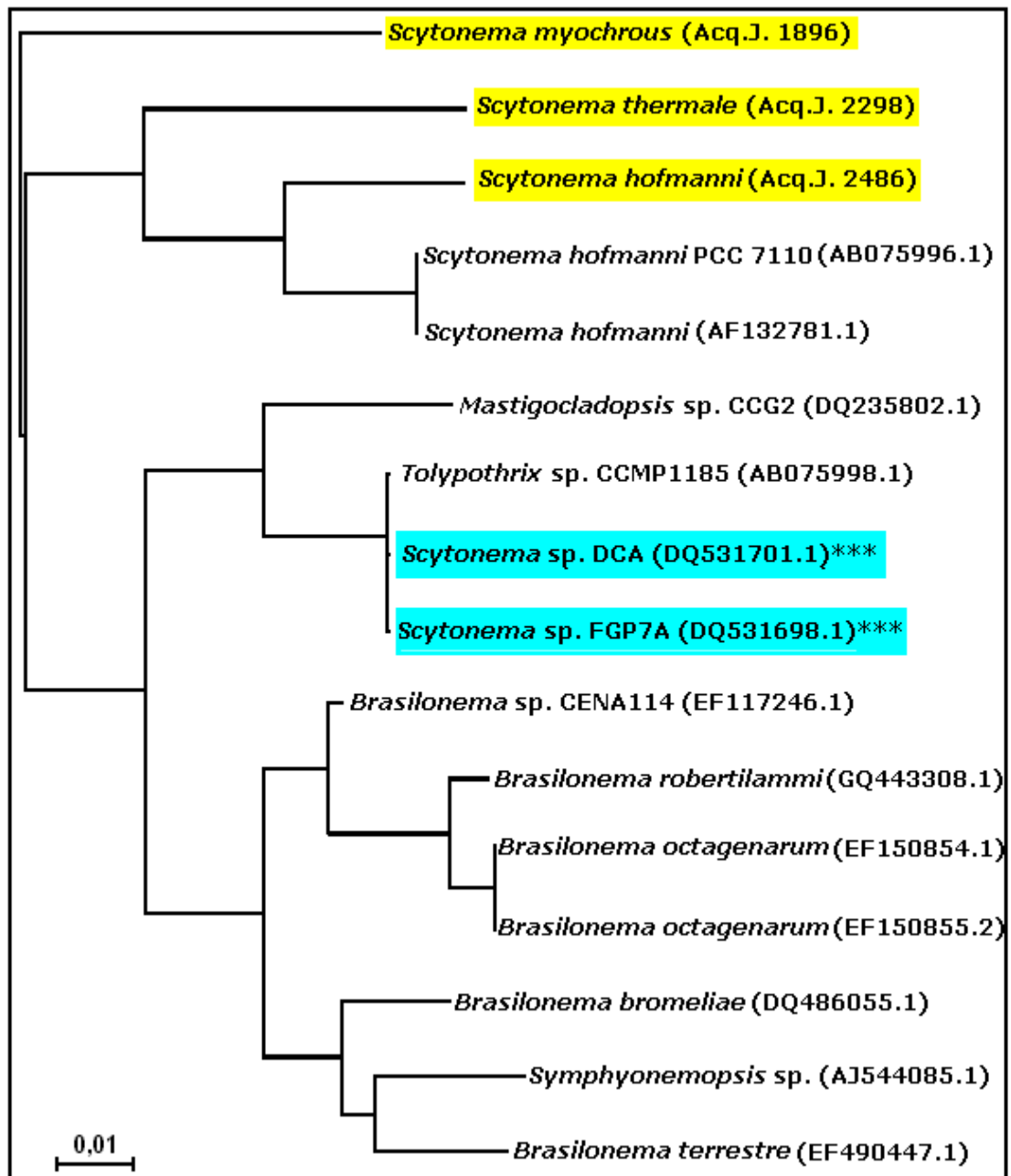


Abbildung 37 : Rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum von den drei untersuchten Exsiccata der Süßwasser-Proben *Scytonema hofmanni* Acq.J. 2486, *Scytonema myochrous* Acq.J. 1896, *Scytonema thermale* Acq.J. 2298 und terrestrischen Vertretern der Gattung *Scytonema* sowie anderen Cyanobakterien aus der Genbank aufgrund einer 16S rDNA-Sequenz und anhand des NCBI-BLASTN Programms, Version 2.2.24+, mit der "Neighbor Joining"-Methode.

*** Terrestrische Stämme.

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

3.5.2 Phylogenetische Verhältnisse zwischen Vertretern der Gattung *Rivularia* aus Meers- und Süßwasser

Phylogenetische Verhältnisse zwischen Exsiccata von den marinen Proben *Rivularia atra* (A6422) und *Rivularia atra* (A6426) und anderen Vertretern der Gattung *Rivularia* aus Meer- und Süßwasser wurden in einem rekonstruierten phylogenetischen Stammbaum dargestellt, der aufgrund einer 16S rDNA-Sequenz erstellt wurde (Abbildung 38) [Daten von Kapitel 3.2.2 werden hier ökologisch untersucht].

Die Vertreter der Gattung *Rivularia* aus Süßwasser *Rivularia* sp. 7PA9 (FJ660991.1)***, *Rivularia* sp. 1PA1 (FJ660972.1)***, *Rivularia* sp. 1PA21 (FJ660978.1)*** und *Rivularia* sp. 1PA19 (FJ660976.1)*** zeigten eine starke genetische Verwandtschaft durch eine Sequenzähnlichkeit von 98-99% (Tabelle 9) und Bildung eines eindeutigen gemeinsamen Zweiges in dem rekonstruierten phylogenetischen Stammbaum (Abbildung 38). Diese Süßwasser-Stämme zeigten eine niedrige Sequenzähnlichkeit von 94-95% zu dem Exsiccatum der marinen Probe *Rivularia atra* (A6426), von 90-91% zu dem Exsiccatum der marinen Probe *Rivularia atra* (A6422) und von 91-96% zu anderen marinen Stämmen der Gattung *Rivularia* (Tabelle 9). Dieses Ergebnis beweist erneut den Zusammenhang zwischen den ökologischen Bedingungen und der genetischen Information der Bakterien, und unterstützt wieder die Arbeit von Konstantinidis et al. (2006). Wenn Organismen einer gleichen Art verschiedene Biotopen besiedeln, kann ihre genetische Ähnlichkeit deutlich reduziert werden (Konstantinidis et al., 2006).

Die vier obengenannten Süßwasser-Stämme der Gattung *Rivularia*, die eine höhere Sequenzähnlichkeit von 98-99% gezeigt haben, stammten aus dem gleichen geographischen Ort Cuatro Cienegas, Mexiko. Ebenfalls zeigten die marinen *Rivularia*-Stämme, die an der finnischen Küste gesammelt wurden, zueinander sowie zu Vertretern der Gattung *Calothrix*, eine höhere Sequenzähnlichkeit von 98-99% (Abbildung 38). Diese Sequenzähnlichkeit war noch höher, wenn die *Rivularia*- und *Calothrix*-Stämme aus einem engeren geographischen Bereich stammten. So war die Sequenzähnlichkeit zwischen *Rivularia atra* BIR MGR1 (AM230675.1) und *Rivularia atra* BIR KRIV1 (AM230674.1), die an der Jurmo-Insel gesammelt wurden, 99%. *Rivularia* sp. BECID10 (AM230673.1) und *Calothrix* sp. BECID14 (AM230671.1), die von der Küste von Helsinki stammten, zeigten auch eine Sequenzähnlichkeit von 99%,

und ebenso zeigten *Rivularia* sp. XSP25A (AM230665.1), *Rivularia* sp. XP27A (AM230667.1) und *Calothrix* sp. XP9A (AM230670.1), die an der Küste von Kirkkonummi gesammelt wurden, eine höhere Sequenzähnlichkeit von 99%. Dieses Ergebnis bedeutet nicht, dass einige Stämme von *Rivularia* und *Calothrix* zur gleichen Spezies zugeordnet werden können, oder dass Vertreter von *Rivularia* und *Calothrix* eine gemeinsame Gattung bilden. Der oft in der Literatur erwähnte Wert 3% Unterschied in der 16S rDNA-Sequenz eignet sich hauptsächlich zur Unterscheidung von verschiedenen Spezies und nicht zur Zuordnung von zwei Organismen zu einer Spezies (Stackebrandt und Goebel, 1994). Die hohe Sequenzähnlichkeit, die hier zwischen Vertretern der zwei Gattungen *Rivularia* und *Calothrix* gezeigt wurde, bezieht sich auf den Einfluss der ökologischen Bedingungen, die in dem Lebensraum der untersuchten Organismen herrschen. Es wurde in anderen ökologischen Arbeiten bewiesen, dass Organismen verschiedener Spezies eine genetische Ähnlichkeit von 98-99% zeigen können, wenn strenge ökologische Bedingungen in dem Lebensraum dieser Organismen auftreten (Holden et al., 2004; Nierman et al., 2004).

Das Ergebnis dieser vorliegenden Untersuchung unterstützt die Theorie des Zusammenhangs zwischen dem geographischen Ort und der genetischen Ähnlichkeit von Konstantinidis et al. (2006). Sie (Konstantinidis et al., 2006) begründeten die höhere Sequenzähnlichkeit zwischen Organismen aus einem gleichen geographischen Ort mit ihren ökologischen Nischen, die sich vermutlich überschneiden.

Eine höhere genetische Ähnlichkeit zeigen jedoch nicht nur Organismen, die aus einem gleichen geographischen Ort stammen. In dem dargestellten Stammbaum (Abbildung 38) zeigte das untersuchte Exsiccatum *Rivularia atra* (A6426), das an der Küste von Baja California gesammelt wurde, zu dem Stamm *Rivularia* sp. PCC 7116 (AM230677.1) einer ursprünglichen Probe aus der Küste von Mölle in Schweden, eine hohe Sequenzähnlichkeit von 98%. Diese zwei Organismen bildeten in diesem Stammbaum einen eindeutigen Zweig.

Diese gesamten Befunde beweisen die Wichtigkeit von ökologischen Daten bei den taxonomischen Untersuchungen der Bakterien. Eine Korrelation von phylogenetischen und ökologischen Untersuchungen kann bei der Definition einer bakteriellen Spezies vermutlich mehr Bedeutung haben als wenn nur phylogenetische Zusammenhänge zwischen Organismen untersucht werden (Konstantinidis et al., 2006).

3. Ergebnisse und Diskussion

Tabelle 9 : Sequenzähnlichkeit von 16S rDNA-Fragmenten der untersuchten Exsiccata der marinen Proben *Rivularia atra* (A6422) (462 bp) und *Rivularia atra* (A6426) (553 bp) zu 16S rDNA-Sequenzen von Vertretern der Gattung *Rivularia* aus Süßwasser und zu anderen Cyanobakterien aus der GenBank.

Die Sequenzähnlichkeit wurde mit dem NCBI-BLASTN Programm, Version 2.2.24+, berechnet.

	<i>Rivularia</i> sp. 7PA9 (FJ660991.1)**	<i>Rivularia</i> sp. 1PA1 (FJ660972.1)**	<i>Rivularia</i> sp. 1PA21 (FJ660978.1)**	<i>Rivularia</i> sp. 1PA19 (FJ660976.1)**
<i>Rivularia</i> sp. 7PA9 (FJ660991.1)**	-	99,00%	99,00%	98,00%
<i>Rivularia</i> sp. 1PA1 (FJ660972.1)**	99,00%	-	99,00%	98,00%
<i>Rivularia</i> sp. 1PA21 (FJ660978.1)**	99,00%	99,00%	-	99,00%
<i>Rivularia</i> sp. 1PA19 (FJ660976.1)**	98,00%	98,00%	99,00%	-
<i>Rivularia atra</i> (A6422)	91,00%	91,00%	91,00%	90,00%
<i>Rivularia atra</i> (A6426)	95,00%	95,00%	95,00%	94,00%
<i>Rivularia</i> sp. PCC 7116 (AM230677.1)	95,00%	95,00%	95,00%	94,00%
<i>Rivularia atra</i> BIR MGR1 (AM230675.1)	95,00%	96,00%	96,00%	94,00%
<i>Calothrix</i> sp. XP9A (AM230670.1)	96,00%	96,00%	96,00%	95,00%
<i>Calothrix</i> sp. BECID14 (AM230671.1)	95,00%	96,00%	95,00%	94,00%
<i>Rivularia atra</i> BIR KRIV1 (AM230674.1)	96,00%	96,00%	96,00%	95,00%
<i>Calothrix</i> sp. BC001 (DQ380395.1)	96,00%	96,00%	96,00%	95,00%
<i>Rivularia</i> sp. XP16B (AM230676.1)	95,00%	96,00%	95,00%	94,00%
<i>Rivularia</i> sp. BECID10 (AM230673.1)	95,00%	96,00%	95,00%	94,00%
<i>Rivularia</i> sp. BECID12 (AM230666.1)	94,00%	94,00%	94,00%	93,00%
<i>Rivularia</i> sp. XP3A (AM230672.1)	95,00%	96,00%	96,00%	94,00%
<i>Rivularia</i> sp. XSP25A (AM230665.1)	95,00%	95,00%	95,00%	94,00%
<i>Rivularia</i> sp. XP27A (AM230667.1)	95,00%	95,00%	95,00%	94,00%

** Stämme aus Süßwasser.

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

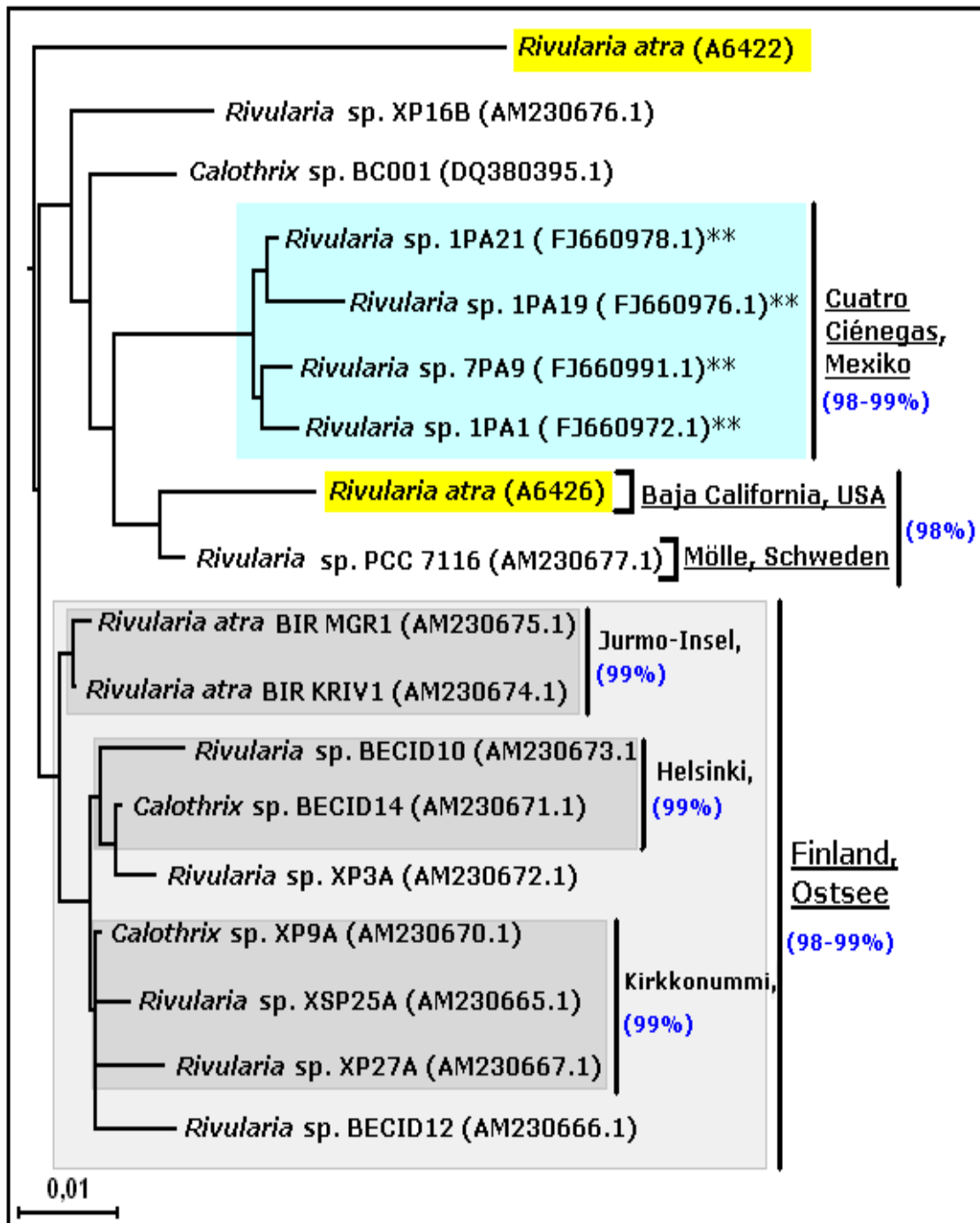


Abbildung 38 : Rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum von den zwei untersuchten Exsiccata der marinen Proben *Rivularia atra* (A6422) und *Rivularia atra* (A6426) und von Vertretern der Gattung *Rivularia* aus Süßwasser sowie von anderen Cyanobakterien aus der Genbank, aufgrund einer 16S rDNA-Sequenz und anhand des NCBI-BLASTN Programms, Version 2.2.24+, mit der "Neighbor Joining"-Methode.

** Stämme aus Süßwasser.

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

3.6 Genetische Diversität einer bakteriellen Spezies

Seit man Prokaryonten und Eukaryonten klar voneinander unterscheiden konnte, zählte man die Blaualgen zu den Bakterien und untersucht ihre Taxonomie nach dem bakteriologischen Code (Rippka et al. 1979). Die bakterielle Systematik hat jedoch bis heute noch keine einheitliche Definition der Spezies. Die Definition einer Bakterienspezies wurde immer mit der Entwicklung der bakteriologischen Untersuchungstechniken geändert (Cohan, 2002).

Die bakteriologische Taxonomie von Cyanobakterien beruft sich auf die Untersuchung von Organismen in reinen Kulturen. Es werden kultivierte Organismen sowohl morphologisch als auch genetisch untersucht (Rippka et al., 1979). Um einen Vergleich der Erbinformation zwischen Organismen zu ermöglichen, wurde unter anderem die konservative 16S rDNA-Sequenz verwendet (Giovannoni et al., 1988). Dieser Ansatz der genetischen Analyse in der Taxonomie der Cyanobakterien hat ermöglicht, viele taxonomische Probleme zu klären (Wilmutte, 1994; Palinska et al., 2006). Die Rekonstruktion der phylogenetischen Verwandtschaften aufgrund der Untersuchung von 16S rDNA-Sequenzen hat einen großen Fortschritt in der Taxonomie der Cyanobakterien geleistet. Jedoch wegen des Selektionsprozesses der Laborkultur stellt sich die kritische Frage über die Zuverlässigkeit der bakteriologischen Methodik in der Taxonomie der Cyanobakterien (Friedmann und Borowitzka, 1982). Die Laborkulturen zeigen oft erheblich andere morphologische Eigenschaften als die von den ursprünglichen Umweltisolaten (Neilan, 1995). Außerdem kann die Vielfalt der Organismen in einer Kultur durch die selektiven Kulturbedingungen reduziert werden (Neilan, 1995).

Im Gegensatz zu den Laborkulturen haben die Proben von Herbarien (getrocknete Exemplare der ursprünglichen gesammelten Organismen) den Vorteil, dass sie ständig die Eigenschaften der originalen Proben beibehalten. Sie bewahren alle phänotypische und genotypische Merkmale, die die Organismen zum Zeitpunkt der Sammlung repräsentiert haben.

In der vorliegenden Arbeit wurde anhand einer phylogenetischen Untersuchung an einem Exsiccatum des Cyanobakteriums *Scytonema hofmanni* die genetische Vielfalt einer natürlichen Bakterienspezies bestätigt.

Die Ähnlichkeit der gewonnenen 16S rDNA-Sequenz von dem Exsiccatum *Scytonema hofmanni* (Acq.J. 2486) zu 16S rDNA-Sequenzen von zwei kultivierten Stämmen *Scytonema hofmanni* PCC 7110 (AB075996.1) und

3. Ergebnisse und Diskussion

Scytonema hofmanni (AF132781.1) und von anderen Cyanobakterien wurde untersucht (Tabelle 10) und in einem rekonstruierten phylogenetischen Stammbaum dargestellt (Abbildung 39).

Tabelle 10 : Sequenzähnlichkeit eines 16S rDNA-Fragments (462 bp) von dem untersuchten Exsiccatum *Scytonema hofmanni* (Acq.J. 2486), zu 16S rDNA-Sequenzen von zwei kultivierten Stämmen von Cyanobakterium *Scytonema hofmanni*.

Die Sequenzähnlichkeit wurde mit dem NCBI-BLASTN Programm, Version 2.2.24+, berechnet.

	<i>Scytonema hofmanni</i> (Acq.J. 2486)	<i>Scytonema hofmanni</i> PCC 7110 (AB075996.1)	<i>Scytonema hofmanni</i> (AF132781.1)
<i>Scytonema hofmanni</i> (Acq.J. 2486)	-	97,00%	97,00%
<i>Scytonema hofmanni</i> PCC 7110 (AB075996.1)	97,00%	-	99,00%
<i>Scytonema hofmanni</i> (AF132781.1)	97,00%	99,00%	-

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

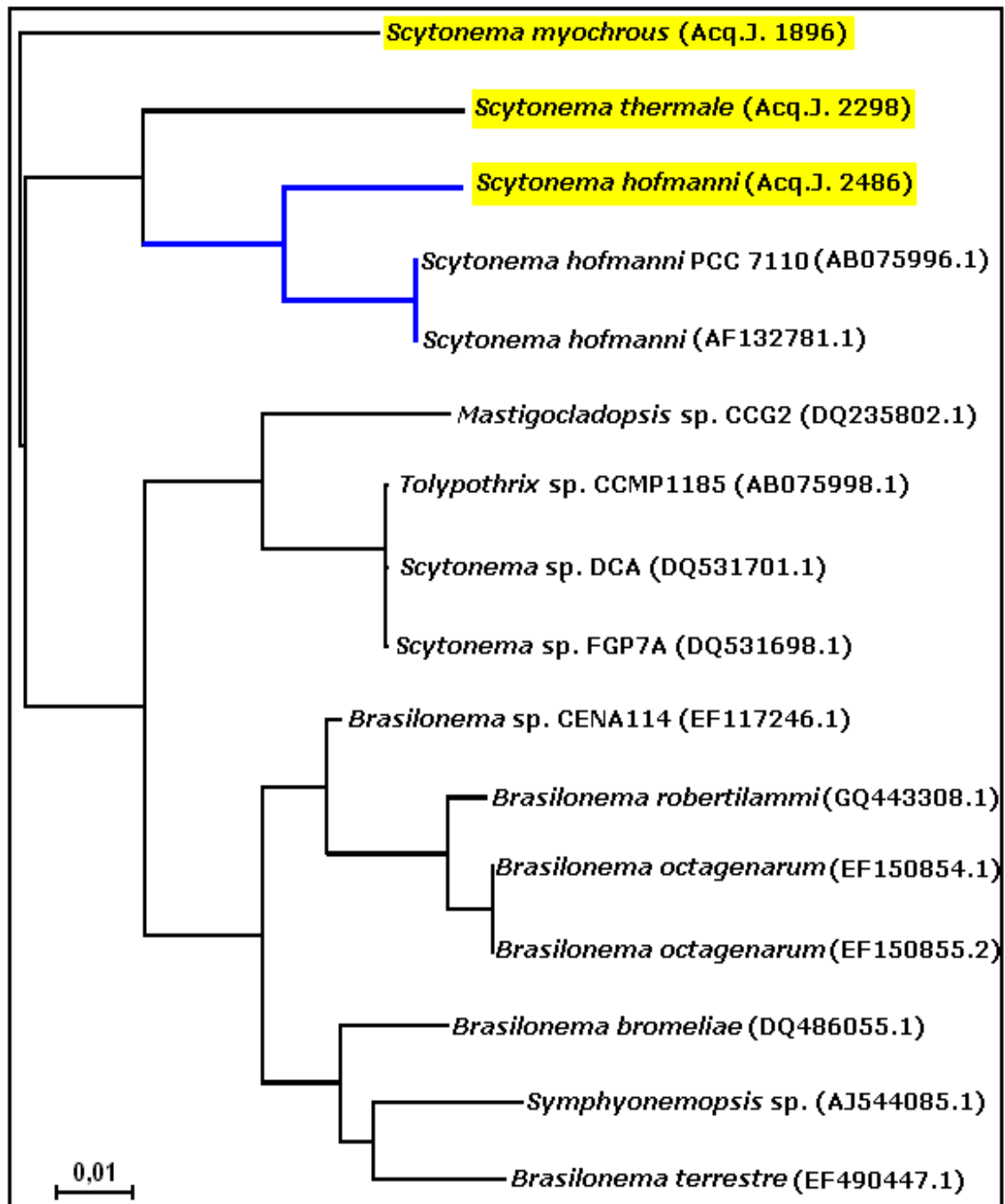


Abbildung 39 : Rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum von dem untersuchten Exsiccatum *Scytonema hofmanni* Acq.J. 2486 und von zwei kultivierten Stämmen *Scytonema hofmanni* PCC 7110 (AB075996.1) und *Scytonema hofmanni* (AF132781.1) sowie von anderen Cyanobakterien aufgrund eines 16S rDNA-Fragments und anhand des NCBI-BLASTN Programms, Version 2.2.24+, mit der "Neighbor Joining"-Methode.

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

Die Sequenzähnlichkeit zwischen 16S rDNA-Sequenzen von den zwei kultivierten Stämmen *Scytonema hofmanni* PCC 7110 (AB075996.1) und *Scytonema hofmanni* (AF132781.1) war sehr hoch (99%) (Tabelle 10). Ebenfalls zeigte ein rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum (Abbildung 39), der aufgrund 16S rDNA-Sequenzen erstellt wurde, eine sehr enge phylogenetische Verwandtschaft zwischen diesen zwei Stämmen. Die 16S rDNA-Sequenzen von diesen zwei Kulturen zeigten jedoch eine relativ niedrigere Ähnlichkeit zu der 16S rDNA-Sequenz des Exiccatums *Scytonema hofmanni* (Acq.J. 2486) (97%) (Tabelle 10). In dem rekonstruierten phylogenetischen Stammbaum (Abbildung 39) trennt sich auch der kleine Stammbaumzweig der zwei kultivierten Stämme *Scytonema hofmanni* PCC 7110 (AB075996.1) und *Scytonema hofmanni* (AF132781.1) von dem Zweig des Exiccatums *Scytonema hofmanni* (Acq.J. 2486). Die erfolgreiche Anwendung der molekularbiologischen Methoden bei der Untersuchung von unkultivierten Umweltproben hat eine große Vielfalt von Mikroorganismen in der natürlichen Umwelt bewiesen (Hugenholtz et al., 1998). Das Ergebnis der vorliegenden Untersuchung unterstützt den Befund von Hugenholtz et al., (1998). Dies fördert erneut, die Vielfalt der natürlichen Populationen zu untersuchen, und zeigt die Wichtigkeit einer Untersuchung von natürlichen Umweltproben bei der Definition einer Bakterienspezies.

3.7 Aussagekraft der kleinen cyanobakteriellen 16S rDNA-Sequenzen

In der vorliegenden Arbeit wurden einige phylogenetische Untersuchungen aufgrund von kleineren 16S rDNA-Sequenzen durchgeführt. Die kleinste Sequenz, die in dieser vorliegenden Studie gewonnen und untersucht wurde, war 213 bp groß [Sequenz von dem Exsiccatum *Gloeocapsa rupestris* (L0055186)]. Die Aussagekraft der kleinen 16S rDNA-Sequenzen bei phylogenetischen Untersuchungen wurde in der vorliegenden Arbeit getestet und bewiesen.

Eine von den Untersuchungen, die in dieser vorliegenden Arbeit anhand relativ größerer 16S rDNA-Sequenzen durchgeführt wurde, war der Test des Zusammenhangs zwischen der Lebensform und den phylogenetischen Verhältnissen der Cyanobakterien. Dieser Test wurde im Kapitel 3.3 aufgrund einer Sequenz von 546 bp von dem Exsiccatum *Nostoc rupestre* (Acq.J. 670) und einer Sequenz von 458 bp von dem Exsiccatum *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423) durchgeführt. Zur Prüfung der Aussagekraft der kleinen cyanobakteriellen 16S rDNA-Sequenzen wurde dieser Test anhand verkürzter Sequenzen wiederholt. Hier wurden die 16S rDNA-Sequenzen der zwei untersuchten Exsiccata *Nostoc rupestre* (Acq.J. 670) und *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423) auf 200 bp verkürzt (Abbildung 40). Die neuen Ergebnisse wurden danach mit den Ergebnissen des Kapitels 3.3 verglichen.

Die Tabelle 11 repräsentiert die Sequenzähnlichkeiten der kleinen 16S rDNA-Fragmenten (200 bp) von den untersuchten Exsiccata *Nostoc rupestre* (Acq.J. 670) und *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423) zu denselben cyanobakteriellen 16S rDNA-Sequenzen, die in der phylogenetischen Untersuchung des Kapitels 3.3 zum Vergleich genommen wurden. Diese Sequenzähnlichkeiten wurden hier, wie im Kapitel 3.3, mit dem NCBI-BLASTN Programm, Version 2.2.24+, berechnet. Diese Tabelle zeigt wieder eine nähere genetische Verwandtschaft von dem frei-lebenden *Nostoc rupestre* (Acq.J. 670) zu den symbiotischen *Nostoc*-Stämmen, und wieder eine niedrige Sequenzähnlichkeit zwischen dem 16S rDNA-Fragment von dem symbiotischen Exsiccatum *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423) und den 16S rDNA-Fragmenten der Cyanobionten. Da theoretisch kleinere DNA-Sequenzen weniger Variabilität zeigen, waren die Sequenzähnlichkeiten beim Vergleich von kleineren Fragmenten (200 bp) im Durchschnitt etwa 1% größer als beim Vergleich von größeren Sequenzen. Die phylogenetischen Verhältnisse haben sich jedoch nur sehr wenig geändert. Ein

rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum (Abbildung 41), der, wie im Kapitel 3.3, auch mit Hilfe der Version 2.2.24+ des NCBI-BLASTN Programms und der "Neighbor Joining"-Methode dargestellt wurde, zeigte eine große Ähnlichkeit mit dem Stammbaum der Abbildung 22 (Seite 48). Die phylogenetische Untersuchung anhand kleiner 16S rDNA-Sequenzen (200 bp) zeigte in dem neu dargestellten Stammbaum wieder eine nahe genetische Verwandtschaft zwischen dem frei-lebenden Exsiccatum *Nostoc rupestre* (Acq.J. 670) und den 16S rDNA-Sequenzen von den symbiotischen Cyanobakterien aus der Genbank, sowie wieder eine niedrige genetische Ähnlichkeit zwischen dem symbiotischen Exsiccatum *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423) und den 16S rDNA-Sequenzen der Cyanobionten. Dieses Ergebnis beweist, dass auch die kleinen 16S rDNA-Sequenzen, die in dieser vorliegenden Arbeit untersucht wurden, den Ergebnissen der phylogenetischen Untersuchungen Aussagekraft verleihen können. Diese Aussagekraft ist besonders hoch, da diese kleinen Sequenzen aus einem sehr konservativen Bereich der cyanobakteriellen 16S rDNA isoliert wurden.

Durch ein Alignment von den 16S rDNA-Sequenzen der untersuchten Exsiccata mit der 16S rDNA-Sequenz aus dem kompletten Genom des Cyanobakteriums *Anabaena variabilis* ATCC 29413 (GenBank-Zugangsnummer NC_007413) wurden die Stellen der untersuchten Sequenzen auf diese Referenz-Sequenz von *Anabaena variabilis* ATCC 29413 definiert und in der Tabelle 12 sowie in der Abbildung 42 dargestellt. Die zwei kleinsten 16S rDNA-Sequenzen von *Gloeocapsa rupestris* (L0055186) und *Hydrocoleum Lyngbyaceum* (795080) befinden sich in dem mittleren Bereich der 16S rDNA-Sequenz von *Anabaena variabilis* ATCC 29413. Dies bedeutet, dass diese zwei kleinen Sequenzen aus einem sehr konservativen Bereich der cyanobakteriellen 16S rDNA isoliert wurden.

Tabelle 11 : Sequenzähnlichkeit von kleinen 16S rDNA-Fragmenten (200 bp) der untersuchten Exsiccata *Nostoc rupestre* (Acq.J. 670) und *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423) zu anderen 16S rDNA-Sequenzen von Cyanobakterien aus der GenBank.

Die Sequenzähnlichkeit wurde mit dem NCBI-BLASTN Programm, Version 2.2.24+, berechnet.

* Symbiotische *Nostoc*-Stämme (Cyanobionten).

	<i>Nostoc rupestre</i> (Acq.J. 670)	<i>Nostoc lacerum</i> (Acq.J. 423)*
<i>Nostoc rupestre</i> (Acq.J. 670)	-	95,00%
<i>Nostoc lacerum</i> (Acq.J. 423)	95,00%	-
<i>Nostoc</i> sp. AI3 (AM711531.1) *	98,00%	91,00%
<i>Nostoc</i> sp. Ev1 (AM711535.1) *	98,00%	91,00%
<i>Nostoc</i> sp. 0GU36S01 (AM711526.1) *	98,00%	90,00%
<i>Nostoc</i> sp. 0GU36S02 (AM711527.1) *	99,00%	90,00%
<i>Nostoc</i> sp. 9104 (AM711542.1) *	98,00%	90,00%
<i>Nostoc</i> sp. 8926 (AM711540.1) *	98,00%	91,00%
<i>Nostoc</i> sp. 8901:1 (AM711539.1) *	98,00%	90,00%
<i>Nostoc</i> sp. PCC 9229 (AY742451.1) *	98,00%	90,00%
<i>Nostoc</i> sp. PCC 9305 (AY742453.1) *	98,00%	90,00%
<i>Nostoc muscorum</i> (AM711523.1)	97,00%	92,00%
<i>Nostoc muscorum</i> (AM711524.1)	97,00%	92,00%
<i>Nostoc</i> sp. TO1S01 (AM711549.1)	93,00%	92,00%
<i>Nostoc</i> sp. TH1S01 (AM711547.1)	94,00%	92,00%
<i>Nostoc calcicola</i> (AM711529.1)	95,00%	91,00%
<i>Nostoc elgonense</i> TH3S05 (AM711548.1)	92,00%	92,00%
<i>Nostoc</i> sp. PCC 8976 (AM711525.1)	92,00%	90,00%

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

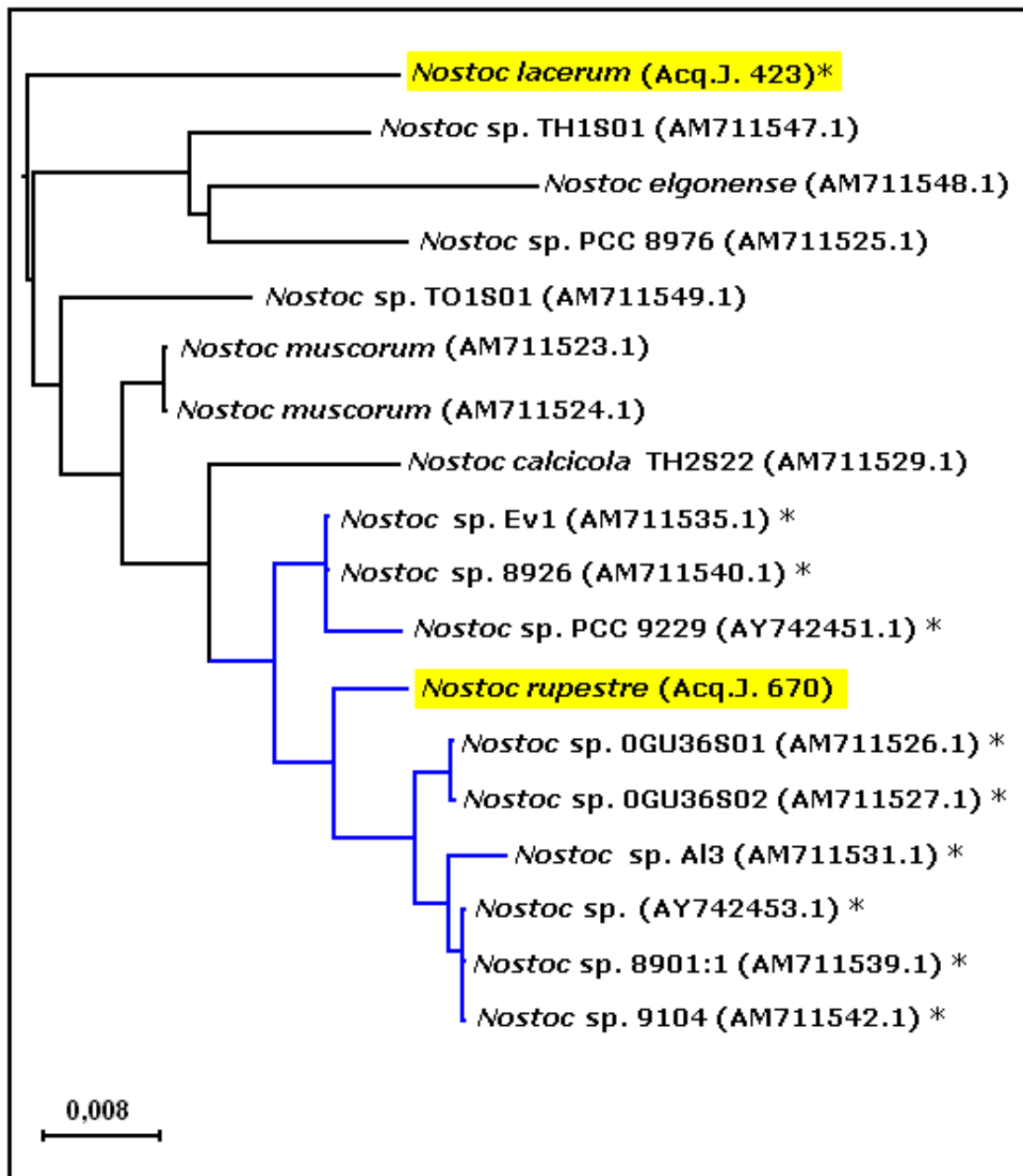


Abbildung 41 : Rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum von den zwei untersuchten Exsiccata *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423), *Nostoc rupestre* (Acq.J. 670) und anderen *Nostoc*-Organismen aus der Genbank aufgrund eines 16S rDNA-Fragments (200 bp) und anhand des NCBI-BLASTN Programms, Version 2.2.24+, mit der "Neighbor Joining"-Methode.

* Symbiotische *Nostoc*-Stämme (Cyanobionten).

() GenBank-Zugangsnummer bzw. Herbarium-Nummer.

Tabelle 12 : Stellen der in dieser vorliegenden Arbeit gewonnenen 16S rDNA-Sequenzen auf einer cyanobakteriellen 16S rDNA-Sequenz.

Die Referenz-Sequenz ist die 16S rDNA-Sequenz von *Anabaena variabilis* ATCC 29413 (GenBank-Zugangsnummer NC_007413).

16S rDNA-Sequenz	Sequenzbereich
<i>Gloeocapsa rupestris</i> (L0055186)	411 - 623
<i>Hydrocoleum cantharidosum</i> (L0571035)	171 - 674
<i>Hydrocoleum glutinosum</i> (688061)	279 - 613
<i>Hydrocoleum Lyngbyaceum</i> (795080)	355 - 600
<i>Nostoc lacerum</i> (Acq.J. 423)	87 - 532
<i>Nostoc rupestre</i> (Acq.J. 670)	88 - 631
<i>Rivularia atra</i> (A6422)	92 - 667
<i>Rivularia atra</i> (A6426)	120 - 666
<i>Scytonema hofmanni</i> (1597 [1])	192 - 653
<i>Scytonema myochrous</i> (Acq.J. 1896)	87 - 606
<i>Scytonema thermale</i> (Acq.J. 2298)	87 - 681

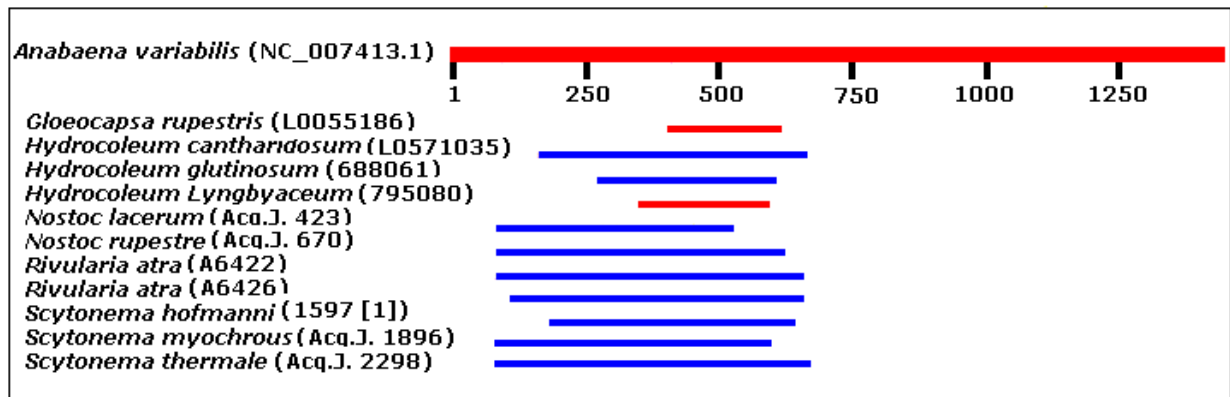


Abbildung 42 : Stellen der in dieser vorliegenden Arbeit gewonnenen 16S rDNA-Sequenzen auf einer cyanobakteriellen 16S rDNA-Sequenz.

Die Referenz-Sequenz ist die 16S rDNA-Sequenz von *Anabaena variabilis* ATCC 29413.

4. Zusammenfassung und Ausblick

Elf Exsiccata von Cyanobakterien aus historischen Herbarien wurden anhand morphologischer und molekularer Methoden analysiert und charakterisiert.

Diese untersuchten Proben vertraten verschiedene cyanobakterielle Gattungen. Morphologische Merkmale wurden unter Lichtmikroskop identifiziert und mit Ergebnissen von molekularen Untersuchungen korreliert. Die Korrelation zwischen morphologischen Untersuchungen und genetischen Daten von Proben aus historischen Herbarien ermöglichten viele Fragen in der Taxonomie der Cyanobakterien zu beantworten. Reproduzierbarkeit von historischen Identifizierungen, die mittels traditioneller morphologischer Studien beschrieben wurden, konnten durch molekulare Untersuchungen geprüft werden. Eine Korrelation von morphologischen und genetischen Untersuchungen ermöglichte außerdem die Zuverlässigkeit der botanischen Methodik in der Taxonomie der Cyanobakterien zu testen und die Bedeutung der genetischen Information in den cyanobakteriellen Untersuchungen aufzuklären.

Da einige Cyanobakterien in einer Symbiose mit Pflanzen leben, wurde es in der vorliegenden Arbeit den Zusammenhang zwischen Lebensform und genetischen Informationen von Cyanobakterien getestet und ihre Unabhängigkeit voneinander bewiesen.

Außerdem wurde es versucht, einen Rückschluß auf taxonomische Entwicklung von Cyanobakterien zu ziehen. Phylogenetische Untersuchungen an planktischen und bentischen Cyanobakterien wurden durchgeführt und eine Interpretation über einen gemeinsamen Ursprung von diesen Cyanobakterien wurde geliefert.

Anhand einer Verknüpfung von genetischen Informationen mit ökologischen Daten wurden in der vorliegenden Arbeit andere aktuelle Studien der mikrobiellen Ökologie unterstützt und die Bedeutung einer Korrelation von genetischen Untersuchungen und ökologischen Daten in der bakteriellen Taxonomie aufgeklärt.

Die Exsiccata der cyanobakteriellen Herbarien wurden historisch erstellt, um morphologische Merkmale von definierten Spezies zu dokumentieren. Diesem Zweck entsprechend wurden diese getrockneten Proben unter einfachen

Konditionen (z.B. Raumtemperatur und Luftfeuchtigkeit) gelagert. Die vorliegende Arbeit zeigte, dass diese historischen Sammlungen bedeutungsvolle genetische Informationen enthalten, und für neue molekulare Ansätze ein wertvolles Material zu Verfügung stellten. Es wurde hier bestätigt, dass anhand dieser cyanobakteriellen Exsiccata verschiedene molekularphylogenetische Untersuchungen erfolgreich durchgeführt werden konnten und Beantwortungen vieler Fragen in der Taxonomie der Cyanobakterien ermöglicht wurden. Aus diesem Grund sollen die Konditionen der Bewahrung dieses Materials verbessert werden.

Probleme in der Taxonomie der Cyanobakterien wie die Unzuverlässigkeit der morphologischen Eigenschaften in der Bestimmung taxonomischer Unterschiede (z.B. Berrendero et al., 2008; vorliegende Arbeit), die Reduzierung der biologischen Vielfalt durch bakteriologische Untersuchungen an Laborkulturen (z.B. Lapage et al., 1992; vorliegende Arbeit) sowie die Unordnung der heute, vorhandenen, botanischen Daten (z.B. Oren, 2004) sind Faktoren, die große Schwierigkeiten in aktuellen Studien von Cyanobakterien bereiten, besonders bei der Einordnung neuer untersuchten Organismen. Für eine dringend notwendige Arten- und Gattungsrevision bei Cyanobakterien sollen moderne taxonomische Untersuchungen an Exsiccata von historischen Sammlungen durchgeführt werden. Diese Methodik ermöglicht einerseits die Untersuchung der botanischen Exemplare, die zum großen Teil die Grundlage der heutigen, vorhandenen, taxonomischen Daten bauen, andererseits die Korrelation morphologischer, genetischer und ökologischer Eigenschaften von den untersuchten Cyanobakterien. Die Wichtigkeit dieser Korrelation wurde in der vorliegenden Arbeit bewiesen.

Abstract and perspective

Eleven Exsiccata from historic herbaria of cyanobacteria were analyzed and characterized by morphological and molecular methods.

The analyzed samples represented different cyanobacterial genera. Morphological characteristics were identified under light microscope and correlated with results from molecular studies. The correlation between morphological studies and genetic data of specimens from historical herbaria enabled to answer a lot of questions in the taxonomy of cyanobacteria. Reproducibility of historical identifications, which have been described using traditional morphological studies could be tested here by molecular studies. A correlation of morphological and genetic analyses also allowed to test the reliability of the botanical methodology in the taxonomy of cyanobacteria and clarify the meaning of genetic information in the cyanobacterial studies.

Because some cyanobacteria live in symbiosis with plants, it was tested in the present study the relationship between lifestyle and genetic information of cyanobacteria and proved their independence from each other.

Moreover, it was attempted to draw a conclusion about a taxonomic evolution of cyanobacteria. Phylogenetic studies of planktonic and benthic cyanobacteria were accomplished and an interpretation of a common origin of these cyanobacteria was presented.

Using a combination of genetic analysis with ecological data in the present work supported other recent studies of microbial ecology and elucidated the significance of a correlation of genetic and ecological data in studies of bacterial taxonomy.

The Exsiccata of cyanobacterial herbaria were historically created to document the morphological features of defined species. Therefore, these dried specimens were stored under simple conditions (e.g. ambient temperature and humidity). The present study showed that these historical collections contain significant genetic informations, and presented a valuable material for new molecular approaches. It was confirmed here, that using these cyanobacterial Exsiccata different molecular phylogenetic studies could be performed successfully and responses to many questions in the taxonomy of the cyanobacteria were made

possible. For this reason the terms of the preservation of this material should be improved.

Problems in the taxonomy of cyanobacteria, such as the unreliability of morphological characteristics in the determination of taxonomic differences (e.g. Berrendero et al, 2008; the present work), the reduction of biological diversity by bacteriological studies of laboratory cultures (Lapage et al, 1992.; present study) as well as the clutter of today's existing botanical data (e.g. Oren, 2004) are factors, that cause great difficulties in recent studies of cyanobacteria, especially when classifying new studied organisms. For a needed revision of the species and genus of cyanobacteria modern taxonomic studies should be performed at Exsiccata of historical collections. These methodology will allow on the one hand to study the botanical specimens, which build to a large extent the basis of today's existing taxonomic data, on the other hand to correlate morphological, genetic and ecological characteristics of the investigated cyanobacteria. The importance of this correlation has been demonstrated in this present study.

5. Literaturverzeichnis

- Abed R.M., Palinska K.A., Camoin G. und Golubic S. (2006).** Common evolutionary origin of planktonic and benthic nitrogen-fixing oscillatoriacean cyanobacteria from tropical oceans. *FEMS Microbiology Letters* 260: 171–177.
- Berrendero E., Perona E. und Mateo P. (2008).** Genetic and morphological characterization of *Rivularia* and *Calothrix* (Nostocales, Cyanobacteria) from running water. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 58 (2):447-60.
- Capone D.G., Zehr J.P., Paerl H.W., Bergman B. und Carpenter E.J. (1997).** *Trichodesmium*, a globally significant marine cyanobacterium. *Science* 276: 1221–1229.
- Carpenter E.J., Capone D.G. und Rueter J. (1992).** Marine Pelagic Cyanobacteria: *Trichodesmium* and other diazotrophs. Kluwer Academic Publishers.
- Castenholz R.W. (2001).** General characteristics of the cyanobacteria. In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, 2nd Edition: Volume 1: 474–487. Edited by Boone D. R. und Castenholz R. W.. New York, Springer.
- Chatton É. (1937).** Titres et Travaux Scientifiques (1906–1937). Sette, Sottano, Italy.
- Cohan F.M. (2002).** What are bacterial species? *Annual Review of Microbiology* 56: 457–87.
- Compère P. (2005).** The nomenclature of Cyanophyta under the Botanical Code. *Algological Studies* 117; *Archiv für Hydrobiologie - Supplement* 159.
- Elenkin A.A. (1938).** Monographia algarum cyanophycearum aquidulcium et terrestrium in finibus URSS inventarum, Band 2: 1–980.

- Friedmann E.I. und Borowitzka L.J. (1982).** The symposium on taxonomic concepts in blue-green algae: towards a compromise with the Bacteriological Code? *Taxon* 31: 673–83.
- Garcia-Pichel F., Nübel U. und Muyzer G. (1998).** The phylogeny of unicellular, extremely halotolerant cyanobacteria. *Archives of Microbiology* 169: 469–82.
- Geitler L. (1932).** Die Algen: Cyanophyceae von Europa : unter Berücksichtigung der anderen Kontinente. Zweite vollständig neu bearbeitete Auflage [Leipzig] 1985.
- Gevers D., Cohan F.M., Lawrence J.G. und 8 anderen Autoren (2005).** Reevaluating prokaryotic species. *Nature Reviews Microbiology* 3: 733–739.
- Giovannoni S.J., Turner S., Olsen G.J., Barns J., Lane D.J. und Pace N.R. (1988).** Evolutionary relationships among cyanobacteria and green chloroplasts. *Journal of Bacteriology* 170: 3584–92.
- Golubic S. (1980).** Early photosynthetic microorganisms and environmental evolution. *Life Science and Space Research* 1980: 101–107.
- Golubic S. und Seong-Joo L. (1999).** Early cyanobacterial fossil record: preservation, palaeoenvironments and identification. *European Journal of Phycology* 34: 339–348.
- Gomont M. (1892).** Monographie des Oscillariees (Nostocacees Homocystees). *Annales des Sciences Naturelles : Botanique* (Ser. 7) 15, 1-14 und 263-368. 16: 91-264. (Nachdruck: Strauss und Cramer, 1972. Leutershausen, Deutschland).
- Greuter W., Neill J., Barrie F.R. und 9 anderen Autoren (2000).** International Code of Botanical Nomenclature (St. Louis Code), adopted by the Sixteenth International Botanical Congress, Louis St., Missouri, July – August 1999.

- Hennig W., (1972).** Taschenbuch der speziellen Zoologie. Teil 1: Wirbellose I. (ausgenommen Gliedertiere). Vierte völlig überarbeitete Auflage, 1980.
- Hess W.R. (2011).** Cyanobacterial genomics for ecology and biotechnology. *Current Opinion in Microbiology* 14(5): 608-14.
- Holden M.T, et al. (2004).** Genomic plasticity of the causative agent of melioidosis, *Burkholderia pseudomallei*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 101: 240–14 245.
- Holland H.D. (1994).** Early proterozoic atmospheric change, Early Life on Earth. Columbia University Press 1994: 237–244.
- Hugenholtz P., Goebel B.M. und Pace N.R. (1998).** Impact of culture-independent studies on the emerging phylogenetic view of bacterial diversity. *Journal of Bacteriology* 180: 4765– 74.
- Hughes K.A. und Lawley B. (2003).** A novel Antarctic microbial endolithic community within gypsum crusts. *Environmental Microbiology* 5(7), 555-565.
- Jaag O. (1940).** Neuordnung innerhalb der Gattung *Gloeocapsa*. *Verhandlungen der Schweizerischen Naturforschenden Gesellschaft*, 157-158.
- Knoll A.H. und Butterfield N.J. (1989).** New window on proterozoic life. *Nature* 337: 602–603.
- Komarek J. (1992).** Diversity and modern classification of Cyanobacteria (Cyanoprokaryota). Inaugural dissertation.
- Komarek J. und Anagnostidis K. (1999).** Cyanoprokaryota, 1. Teil: Chroococcales. In *Süßwasserflora von Mitteleuropa*, Band 19/1, 1–548.

Edited by Ettl H., Gärtner G., Heynig H. und Mollenhauer D. Jena: Gustav Fischer Verlag.

Komarek J. und Anagnostidis K. (2005). Cyanoprokaryota. 2. Teil Oscillatoriales. In Süßwasserflora von Mitteleuropa, Band 19/2, 1–757. Edited by Büdel B., Gärtner G., Krienitz L. und Schagerl M. München: Elsevier Spectrum Akademischer Verlag.

Komarek J. und Hauer T. (2011): CyanoDB.cz - Online database of cyanobacterial genera. Word-wide electronic publication, University of South Bohemia and Institut of Botany AS. CR., <http://www.cyanodb.cz>.

Konstantinidis K.T. und Tiedje J.M. (2004). Trends between gene content and genome size in prokaryotic species with larger genomes. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 101:3160–3165.

Konstantinidis K.T. und Tiedje J.M. (2005). Genomic insights that advance the species definition for prokaryotes. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 102:2567–2572.

Konstantinidis K.T., Ramette A. und Tiedje J.M. (2006). The bacterial species definition in the genomic era. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences 361(1475): 1929–40.

Kurmayer R. und Gumpenberger M. (2006). Diversity of microcystin genotypes among populations of the filamentous cyanobacteria *Planktothrix rubescens* and *Planktothrix agardhii*. Molecular Ecology 15(12): 3849-61.

Laloui W., Palinska K.A., Rippka R., Partensky F., Tandeau de Marsac N., Herdman M., Itean I. (2002). Genotyping of axenic and non-axenic isolates of the genus *Prochlorococcus* and the OMF-'*Synechococcus*' clade by size, sequence analysis or RFLP of the Internal Transcribed Spacer of the ribosomal operon. Microbiology 148(2): 453-65.

Lapage S.P., Sneath P.H.A., Lessel E.F., Skerman V.B.D., Seeliger H.P.R. und Clark W.A. (1992). International Code of Nomenclature of Bacteria (1990 Revision). Bacteriological Code. Washington, DC: American Society for Microbiology.

Li W.I., Berman F.W., Okino T., Yokokawa F., Shioiri T., Gerwick W.H. und Murray T.F. (2001). Antillatoxin is a marine cyanobacterial toxin that potently activates voltage-gated sodium channels. Proceedings of the National Academy of Sciences of USA 98, 98(13): 7599-04.

Maio R.C., Cosentino M., Rossetti C., Molteni M., Lecchini S. und Marino F. (2011). Effect of the lipopolysaccharide antagonist *Planktothrix* sp. FP1 cyanobacterial extract on human polymorphonuclear leukocytes. International Immunopharmacology 11(2): 194-98.

Margheri M.C., Bosco M., Giovannetti L. und Ventura S. (1999). Assessment of the genetic diversity of halotolerant coccoid cyanobacteria using amplified 16S rDNA restriction analysis. FEMS Microbiology Letters 173: 9-16.

Montoya J.P., Holl C.M., Jonathan P., Zehr J.P., Hansen A., Villareal T.A. und Capone D.G. (2004). High rates of N₂ fixation by unicellular diazotrophs in the oligotrophic Pacific Ocean. Nature 430: 1027–1032.

Moran N.A. (2002). Microbial minimalism: genome reduction in bacterial pathogens. Cell 108:583–86.

Neilan B.A. (1995). Identification and Phylogenetic Analysis of Toxigenic Cyanobacteria by Multiplex Randomly Amplified Polymorphic DNA PCR. Applied and Environmental Microbiology: 2286-91.

Neilan B.A., Jacobs D., Dot T.D., Blackall L.L., Hawkins P.R., Cox P.T. und Goodman A.E. (1997). rRNA Sequences and Evolutionary Relationships among Toxic and Nontoxic Cyanobacteria of the Genus *Microcystis*. International Journal of Systematic Bacteriology: 693-97.

- Nierman W.C. und andere (2004).** Structural flexibility in the *Burkholderia mallei* genome. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 101(39): 14246-51.
- Norris R.L., Eaglesham G.K., Shaw G.R., Senogles P., Chiswell R.K., Smith M.J., Davis B.C., Seawright A.A. und Moore MR. (2001).** Extraction and purification of the zwitterions cylindrospermopsin and deoxycylindrospermopsin from *Cylindrospermopsis raciborskii*. Environmental Toxicology 16 (5): 391-96.
- Nübel U., Garcia-Pichel F. und Muyzer G. (1997).** PCR primers to amplify 16S rRNA genes from Cyanobacteria. Applied and Environmental Microbiology 63: 3327–32.
- Olson J.M. (1970).** The evolution of photosynthesis. Science 168(930): 438-46.
- Oren A. (2004).** A proposal for further integration of the cyanobacteria under the Bacteriological Code. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 54: 1895–1902.
- Palinska K.A., Thomasius C.F., Marquardt J. und Golubic S. (2006).** Phylogenetic evaluation of cyanobacteria preserved as historic herbarium exsiccata. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 56: 2253–63.
- Papaefthimiou D., Hrouzek P., Mugnai M.A., Lukesova A., Turicchia S., Rasmussen U. und Ventura S. (2008).** Differential patterns of evolution and distribution of the symbiotic behaviour in nostocacean cyanobacteria. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 58 (3): 553-64.
- Rippka R., Deruelles J., Waterbury J.B., Herdman M. und Stanier R.Y., (1979).** Generic Assignments, Strain Histories and Properties of Pure Cultures of Cyanobacteria. Journal of General Microbiology 111: 1-61.

- Rudi K., Skuiberg O.M., Larsen F. und Jakobsen K.S. (1997).** Strain characterization and classification of oxvphotobacteria in clone cultures on the basis of 16S rRNA sequences from the variable regions V6, V7, and V8. *Applied and Environmental Microbiology* 63: 2593-99.
- Saitou N. und Nei M. (1987).** The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4(4): 406-25.
- Sanmartín P., Aira N., Devesa-Rey R., Silva B. und Prieto B. (2010).** Relationship between color and pigment production in two stone biofilm-forming cyanobacteria (*Nostoc* sp. PCC 9104 and *Nostoc* sp. PCC 9025). *Biofouling* 26(5): 499-509.
- Schopf J.W. und Klein C. (1992).** The Proterozoic Biosphere: A Multidisciplinary Study. Cambridge University Press.
- Sergeev V.N., Gerasimenko L.M. und Zavarzin G.A. (2002).** The proterozoic history and present state of cyanobacteria. *Microbiology* 71: 623–37.
- Skerman V.B.D., McGowan V. und Sneath P.H.A. (1980).** Approved lists of bacterial names. *International Journal of Systematic Bacteriology* 30: 225–420.
- Sneath P.H. (1957).** The application of computers to taxonomy. *Journal of General Microbiology* 17(1), 201-226.
- Sompong U., Anuntalabhochai S., Cutler R.W., Castenholz R.W., und Peerapornpisal Y. (2008).** Morphological and phylogenic diversity of cyanobacterial populations in six hot springs of Thailand. *ScienceAsia* 34 (2008).
- Stackebrandt E. und Goebel B.M. (1994).** Taxonomic note: a place for DNA–DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology. *International Journal of Systematic Bacteriology* 44: 846–49.

- Stanier R.Y. (1977).** Position of Cyanobacteria in the world of phototrophs. Carlsberg Research Communications 42: 77–98.
- Stanier R.Y., Kunisawa R., Mandel M. und Cohen-Bazire G. (1971).** Purification and properties of unicellular blue-green algae (Order Chroococcales). Bacteriological Reviews 35: 171–205.
- Starmach K. (1967).** Zur Taxonomie der Chroococcales. Aquatic Sciences: Research Across Boundaries 29(1): 172-75.
- Stewart W.D., Haystead A. und Pearson H.W. (1969).** Nitrogenase activity in heterocysts of filamentous blue-green algae. Nature, London 224: 226-28.
- Stewart W.D., Rowell P. und Telor E. (1975).** Nitrogen fixation and the heterocyst in blue-green algae. Biochemical Society Transactions 3(3): 357-61.
- Vasas G., Borbely G., Nánási P. und Nánási P.P. (2010).** Alkaloids from cyanobacteria with diverse powerful bioactivities. Mini-Reviews in Medicinal Chemistry 10(10): 946-55.
- Waterbury J.B. und Rippka R. (1989).** Subsection I. Order Chroococcales Wettstein 1924, Emendation von Rippka et al., 1979. In Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, 3: 1728–46.
- Waterbury J.B. und Stanier R.Y. (1977).** Two unicellular cyanobacteria which reproduce by budding. Archives of Microbiology 115: 249–57.
- Wayne L.G., Brenner D.J., Colwell R.R., Grimont P.A.D., Kandler O., Krichevsky M.I., Moore L.H., Moore W.E.C., Murray R.G.E., Stackebrandt E., Starr M.P. und Trüper H.G. (1987).** Report of the Ad Hoc committee on reconciliation of approaches to bacterial systematics. International Journal of Systematic Bacteriology 37: 463-64.

- Whitman W.B., Coleman D.C. und Wiebe W.J. (1998).** Prokaryotes: the unseen majority. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 95: 6578–83.
- Wilmotte A. (1994).** Molecular evolution and taxonomy of the Cyanobacteria. In *The Molecular Biology of Cyanobacteria*: 1–25. Edited by Bryant D.A.; Dordrecht: Kluwer Academic Publishers.
- Wilmotte A. und Golubic S. (1991).** Morphological and genetic criteria in the taxonomy of Cyanophyta/Cyanobacteria. *Algological Studies/Archiv für Hydrobiologie* 64 (1991): 1–24.
- Wilmotte A. und Herdman M. (2001).** Phylogenetic relationships among the Cyanobacteria based on 16S rRNA sequences. In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, 2nd Edition: Volume 1: 487–493. Edited by Boone D.R. und Castenholz R.W.; New York, Springer.
- Woese C.R. (1987).** Bacterial evolution. *Microbiological Reviews* 51: 221–271.
- Zapomelová E., Hrouzek P., Reháková K., Sabacká M., Stibal M., Caisová L., Komárková J. und Lukesová A. (2008).** Morphological variability in selected heterocystous cyanobacterial strains as a response to varied temperature, light intensity and medium composition. *Folia Microbiologica (Praha)*. 53(4): 333-341.
- Zehr J.P., Waterbury J.B., Turner P.J., Montoya J.P., Omoregie E., Steward G.F., Hansen A. und Karl D.M. (2001).** Unicellular cyanobacteria fix N₂ in the subtropical North Pacific Ocean. *Nature* 412: 635–38.

6. Anhang

Anhang 1 : Die 16S rDNA-Sequenzen, die in dieser Arbeit aus den untersuchten Exsiccata gewonnen wurden.

>*Gloeocapsa rupestris* (L0055186)

GAATTCCCTCTGCCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTGAGC
TGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAATTCCGGA
TAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCTC
AAGTACCGTCATTACTTCTTCCCA

>*Hydrocoleum cantharidosum* (L0571035)

CGTTTCGCCACCGGTGTTCTTCCCAATATCTACGCATTTACCGCTACACCGGGAATTCCCTC
TGCCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCAGAGTTGAGCCCTGGGCTTT
GACAGCAGACTTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGC
CTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCTTTGGTACCGTC
AGATCGTCTTCCCTGAGAAAAGGAGTGTAACCCCTAGAGCCTTTCTCCCCCACGCGGTCTTG
CTCCGTGTCAGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCCTAAGAGTCTGGGG
CCGTGTCTCAGTCCCAATGTGGCTGATCATCTCTCAGAGCACCTACTGATCGTTGCTTGGT
AAGCTTTTACCCACCACTAATAATCAGACGCGAGCTCATCTTCCGGGCAATAAAAACTTT
TACCCTC

>*Hydrocoleum glutinosum* (688061)

TTTGCCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGGAGTTAAGCCCTGGGCT
TTGACAGCAGACTTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTT
GCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCTTTGGTACCG
TCATAACTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCCTAAAGCCTTCTCCCCCACGCGGTT
TTTGCTCCGTGTCAGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAAGAGTCT
GGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT

>*Hydrocoleum Lyngbyaceum* (795080)

CTCTAGCTTTGAAGTTTCCACTGCCTGACCAGAGTTAAGCCCTGGGCTTTGACAGCAGACTTT
CATGGCCACCTACGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTA
CCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTTAGCCGATGCTGATTCCCTCAGGGTACCGTCCAAAACCTTTCT
TTCCAGAGAAAAGGGGTTTACAACCCCTAGAGCCTTTCTCCCCCACGCGGTCTTGCTCCGT

>*Nostoc lacerum* (Acq.J. 423)

ACTGACTTGACTTCCACCTACGGACGCTTTACGCCCAATAATTCCGGATAACGCTTGCCTCCT
CCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGAGGCTGATTCCCTCAGGTACCGTCAGAAC
TTCTTCCCTGAGAAAAGGGGTTTACAATCCACAGACCTTCTCCCCCACGCGGTCTTGCTCCG
TCAGGCTTGCGCCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGT
CTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCTCTCAGACCAGCTACGGATCGTCGCCTTGGTAAGCTC
TTACCTCACCAACTAGCTAATCCGACGCGAGCTCATCTCCAGGCAATAAATTTTACCTCTC
GGCACATCGGGTCTTAGCAGTCGTTTCCAACGTGTGTCCCCATCCTGGAGCCAGATTCTCAGC
CGTTACTACCCGTCCG

>*Nostoc rupestre* (Acq.J. 670)

TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTTATC
TAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAAT
CATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
TTATTCCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACGACCCAAGAGCCT
TCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTGAGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTG
CCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCGTCTCTCAGACCAGC
TACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCT
TCAGGCAGTTAACCTTTACCTTTTCGGCACATCCGGTATTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTC
CCAGACCTGAAGCCAGATTCTCAGCGTTACTCACCCCGTCC

>Rivularia atra (A6422)

ACCGTTGTTCTTCTGATATCTCCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAA
 CGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAACAGCAGA
 CTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGT
 ATTACGCGGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACCGTCATTATCTTC
 CTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGGC
 TTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCCTAGGAGTCTGGGGCGTGTGTCAC
 CCCCCGTGTGGGTGATCATCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGTCGCCTTGGTGAGCTTTTACCC
 CACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCGATTAATCTTTCATCTTGCGACACA
 TTCTGTATTAGCAGCCGTTTTTCCACTGTTGTCCCCACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTAC
 TCACCC

>Rivularia atra (A6426)

CCGGTGTCTTCTGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTACCCCGAAC
 GCACTCAAGTTTTGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAACAGCAGAC
 TTACAGAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTA
 TTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCTCAAGTACCGTCATTATCTTCC
 TTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGGCT
 TTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCGGTGTCTCAGTC
 CCAGTGTGGCTGATCATCTCTCANACCANCTACCGATCGTCGCCTTGGTGCGCTCTTACCAC
 ACCAACTAGCTAATCGGACGCGAACTCATCTTTAGGCAATTAATCTTTCATCTTGCGACACAT
 TCGGTATTANCAGTCGTTTTCCNACTGTTGTCCCGAACCTAAAGGCAGAT

>Scytonema hofmanni (1597 [1])

TGATCTCTAACCCTTTTCGACGCTACGGAGGAATTCCCTCTGCCCCCTACCTTACTCTAGTCTCT
 CAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAAACCACCT
 GCGGACGCTTTACGCCCAATCATTTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCT
 GGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATTCCCTGAGAAAAGA
 GGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTTG
 CGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTCCAGTGTGGCT
 GATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCTTGGTGCGCTCTTACCACACCAACTAACT
 AATCGGACGCGAGCTCATCTT

>Scytonema myochrous (Acq.J. 1896)

CTAACTTACTCTCTCTCGTCACTTTCCCTGCCTTTATCTGGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGC
 CGACTTGAATTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTTCCGGATAACGCTTGCATCCTC
 CGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCTCAGGTACCGTCATTATT
 CTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
 AGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCT
 CAGTTCCAGTGTGGCTGATCATCTCTCAGACCAGCTACCGATCGTCGCCTTGGTGCGCTTTT
 ACCACACCAACTAGCTAATCGGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGCTAGCCTTTACCCCTACGG
 CACATCCGGTATTAGCAGCCGTTTTCCAATGTTGTCCCGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCG
 TTACTACCCCGTCCGA

>Scytonema thermale (Acq.J. 2298)

AGACGCTTTCTCCACCGGTGTTCTTCTGATCTCTACGCATTTTCGCCGGTACACCAGGAATTCT
 CCTCTACCCCTACCATACTCTAGTCTTCCAGTTTCCACTGCCCTTATCTGGTTAAGCCAGACT
 CTTTAACAGCCGACTTTGGATAAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATCATTTCCGGATAACGC
 TTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTTCCTCAAGTAC
 CTTCAATCTTATTTCCTTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTA
 TTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTG
 GGCCGTGTCTCAGTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAGACCAGCTACCGATCGCTGCCTTG
 GTGCGCTTTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAATTAATCTTT
 CACCCTTAGGCTTATCCGGTATTAGCAGTCGTTTCCAATGTTGTCCCGAACCTGAAGCCAGA
 TTCTCACGCGTTACCACCCCGTCCG

Anhang 2 : Alignment der in der vorliegenden Arbeit gewonnenen 16S rDNA-Sequenz des untersuchten Exsiccatums *Gloeocapsa rupestris* (L0055186) mit anderen Cyanobakterien-Sequenzen aus der GenBank. Das Alignment wurde mit dem Programm **NCBI-BLASTN** erstellt.

> *Chroococcus* sp. BDU 20231 (GU186890.1)

```
Query      GAATTCCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          |||
Subject    GAATTCCCTCAACCCCTACCGTACTCTAGCCCACCAGTTTCCACTGCCTTTCCAGAGTTG

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT
          |||
Subject    AGCTCTAGTCTTTGACAGCAGACTTGACGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT

Query      TCCGGATAACGCTTGTCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
          |||
Subject    TCCGGATAACGCTTGTCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC

Query      TGATTCCTCAAGTACCGTCA-TTACTTCTTCC
          |||
Subject    TGATTCCTCAAGTACCGTCACTTGCTTCTTCC
```

> *Chroococcus minor* BDU 91342 (GU186889.1)

```
Query      GAATTCCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          |||
Subject    GAATTCCCTCAACCCCTACCGTACTCTAGCCCACCAGTTTCCACTGCCTTTCCAGAGTTG

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT
          |||
Subject    AGCTCTAGTCTTTGACAGCAGACTTGACGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT

Query      TCCGGATAACGCTTGTCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
          |||
Subject    TCCGGATAACGCTTGTCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC

Query      TGATTCCTCAAGTACCGTCA-TTACTTCTTCC
          |||
Subject    TGATTCCTCAAGTACCGTCACTTGCTTCTTCC
```

> *Chroococcidiopsis* sp. M3 (GU594024.1)

```
Query      GAATTCCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          |||
Subject    GAATTCCCTCTGCCCCTATTGCTCTCTAGCTCACCAGTTTCCACCGCCTCTTCCCAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT
          |||
Subject    AGCTGGGGGCTTTGACAGCAGACTTGATGTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCAT

Query      TCCGGATAACGCTTGTCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
          |||
Subject    TCCGGATAACGCTTGTCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC

Query      TGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTTCTTCCC
          |||
Subject    TGATTCCTCAGGTACCGTCATTGCTTCTTCCC
```

> *Chroococcidiopsis* sp. PCC 7431 (AB074506.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GAATTCCTCTACCCCTATTGCTCTCTAGCTCACCAGTTTCCACCGCCTCTTCCCAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     AGCTGGGGGCTTTGACAGCAGACTTGATGTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCAT

Query      TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC

Query      TGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTTCTTCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     TGATTCCTCAGGTACCGTCATTGCTTCTTCCC

```

> *Chroococcidiopsis cubana* partial (AJ344558.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GAATTCCTCTACCCCTATTGCTCTCTAGCTCACCAGTTTCCACCGCCTCTTCCCAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     AGCTGGGGGCTTTGACAGCAGACTTGATGTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCAT

Query      TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC

Query      TGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTTCTTCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     TGATTCCTCAGGTACCGTCATTGCTTCTTCCC

```

> *Chroococcidiopsis thermalis* (Z82789.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GAATTCCTCTACCCCTATTGCTCTCTAGCTCACCAGTTTCCACCGCCTCTTCCCAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     AGCTGGGGGCTTTGACAGCAGACTTGATGTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCAT

Query      TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC

Query      TGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTTCTTCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     TGATTCCTCAGGTACCGTCATTGCTTCTTCCC

```

> *Chroococcidiopsis cubana* CCALE 041 (HM630151.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GAATTCCTCTACCCCTATTGCTCTCTAGCTCACCAGTTTCCACCGCCTCTTCCCAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     AGCTGGGGTCTTTGACAGCAGACTTGATGTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCAT

Query      TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC

```

```

Query      TGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTTCTTCCC
          |||||
Subject    TGATTCCTCAGGTACCGTCATTGCTTCTTCCC

```

> *Gloeocapsa* sp. AECC1310 (EU729096.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          |||||
Subject    GAATTCCTCTACCCCTACCGGTCTCTAGTCTTACAGTTTCCACCGCCTTCCCAGAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTG-ATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA
          |||||
Subject    AGCTCTGGCCTTTGACAGCAGACTTGAT-GACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA

Query      TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG
          |||||
Subject    TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG

Query      CTGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTT-CTTCCC
          |||||
Subject    CTTATTCCTCAGGTACCGTCATTTTTTTCTTCCC

```

> *Gloeocapsa* sp. AECC1309 (EU729095.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          |||||
Subject    GAATTCCTCTACCCCTACCGGTCTCTAGTCTTACAGTTTCCACCGCCTTCCCAGAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTG-ATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA
          |||||
Subject    AGCTCTGGCCTTTGACAGCAGACTTGAT-GACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA

Query      TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG
          |||||
Subject    TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG

Query      CTGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTT-CTTCCC
          |||||
Subject    CTTATTCCTCAGGTACCGTCATTTTTTTCTTCCC

```

> *Gloeocapsa* sp. AECC1307 (EU729094.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          |||||
Subject    GAATTCCTCTACCCCTACCGGTCTCTAGTCTTACAGTTTCCACCGCCTTCCCAGAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTG-ATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA
          |||||
Subject    AGCTCTGGCCTTTGACAGCAGACTTGAT-GACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA

Query      TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG
          |||||
Subject    TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG

Query      CTGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTT-CTTCCC
          |||||
Subject    CTTATTCCTCAGGTACCGTCATTTTTTTCTTCCC

```

> *Gloeocapsa* sp. CR_L36 (EF545647.1)

```

Query      GAA-TTCCCTCTGCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTT
          |||||
Subject    GAATTTCCCTCTACCCCTACCGGTCTCTAGTCTTACAGTTTCCACCGCCTTTCCAGAGTT

```

```

Query      GAGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA
          |||| ||| |||| || ||||||||| | | |||||||||||||||||||||||
Subject    AAGCTCTGGTCTTTGACGGCAGACTTGTTTGACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA

Query      TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG

Query      CT
          ||
Subject    CT

```

> *Gloeocapsa* sp. CR_L24 (EF545637.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          ||||||||||| ||||||||| ||||||| | ||||||||||| ||| |||||||
Subject    GAATTCCTCTACCCCTACCGGTCTCTAGTCTTACAGTTTCCACCGCCTTTCCAGAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT
          |||| ||| |||| || ||||||||| | | |||||||||||||||||||||||
Subject    AGCTCTGGTCTTTGACGGCAGACTTGTTTGACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT

Query      TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC

Query      TGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTT-CTTCCC
          | |||| ||| ||||||||| || |||||||
Subject    TTATTCATCAGGTACCGTCATTTTTTTCTTCCC

```

> *Gloeocapsa* sp. CR_L16 (EF545632.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          ||||||||||| ||||||||| ||||||| | ||||||||||| ||| |||||||
Subject    GAATTCCTCTACCCCTACCGGTCTCTAGTCTTACAGTTTCCACCGCCTTTCCAGAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTGATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT
          |||| ||| || || ||||||||| | | |||||||||||||||||||||||
Subject    AGCTCTGGTCTTTGACGGCAGACTTGTTTGACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAAT

Query      TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    TCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGC

Query      TGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTT-CTTCCC
          | |||| ||| ||||||||| || |||||||
Subject    TTATTCATCAGGTACCGTCATTTTTTTCTTCCC

```

> *Gloeocapsa* sp. HSC31 (EF150793.1)

```

Query      GAATTCCTCTGCCCCCTACCGCTCTCTAGCCCAGCAGTTTCCACTGCCTATCCAGAGTTG
          ||||||||||| ||||||||| ||||||| | ||||||||||| ||| |||||||
Subject    GAATTCCTCTACCCCTACCGGTCTCTAGTCTTACAGTTTCCACCGCCTTTCTAGAGTTA

Query      AGCTGTGGGCTTTAACAGCAGACTTG-ATGGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA
          |||| | | |||| ||||||||| || | |||||||||||||||||||||||
Subject    AGCTCTAGTCTTTGACAGCAGACTTGATAT-GACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAA

Query      TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    TTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATG

Query      CTGATTCCTCAAGTACCGTCATTACTT-CTTCCC
          || ||||||||| ||||||||| || |||||||
Subject    CTTATTCCTCAGGTACCGTCATTTTTTTCTTCCC

```


Anhang 3 : Alignment der in der vorliegenden Arbeit gewonnenen 16S rDNA-Sequenzen der untersuchten Exsiccata *Hydrocoleum glutinosum* (688061), *Hydrocoleum cantharidosum* (L0571035) und *Hydrocoleum Lyngbyaceum* (795080) mit anderen Cyanobakterien-Sequenzen aus der GenBank. Das Alignment wurde mit dem Programm **NCBI-BLASTN** erstellt.

> *Hydrocoleum cantharidosum* (L0571035)

Query	TGCCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGGAGTTAAGCCCTGGGC
Subject	TGCCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCAGAGTTGAGCCCTGGGC
Query	TTTGACAGCAGACTTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGGGATAAC
Subject	TTTGACAGCAGACTTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGGGATAAC
Query	GCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCTTT
Subject	GCTTGCCTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCTTT
Query	GGTACCGTCATAACTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCTAAAGCCTTCTCCCC
Subject	GGTACCGTCAGATCGTCTTCCCTGAGAAAAGGAGTGTAACAACCCTAGAGCCTTTCTCCCC
Query	CCACGCGGTTTTTTGCTCCGTACGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCT
Subject	C-ACGCGGTCTT-GCTCCGTACGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCT
Query	CCCCTAAGAGTCTGGG-CCGTGTCTCAGTCCCAGTGT
Subject	CCCCTAAGAGTCTGGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT

> *Hydrocoleum Lyngbyaceum* (795080)

Query	CTCTAGCTTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGGAGTTAAGCCCTGGGCTTTGACAGCAGAC
Subject	CTCTAGCTTTGAAGTTTCCACTGCCTGACCAGAGTTAAGCCCTGGGCTTTGACAGCAGAC
Query	TTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCATCCTCC
Subject	TTTCATGGCCACCTACGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCATCCTCC
Query	GTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT-AGCCGATGCTGATTCCCTTTGG-TACCGTC-A
Subject	GTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTTAGCCGATGCTGATTCCCTCAGGGTACCGTCCA
Query	TAACTT-CTT-CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCTAAAGCCTT-CCTCCCCCACGCG
Subject	AAACTTTCTTTCCAGAGAAAAGGGTTTACAACCCTAGAGCCTTTCCTCCCC-ACGCG
Query	GTTTTTGCTCCGT
Subject	GTCTT-GCTCCGT

> *Trichodesmium pelagicum* str. JW11 (AF518769.1)

Query	TTTGCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGGAGTTAAGCCCTGG
Subject	TTTGCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGAGTTAAGCCCTGG
Query	GCTTTGACAGCAGACTTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTCGGGATA
Subject	GTTTTGACAGCAGACTTACATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTCGGGATA

Query	ACGCTTGCATCCTCCGTATTACGCGGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTCT
Subject	ACGCTTGCCTCCTCCGTATTACGCGGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGAGGCTGATTCTCT
Query	TTGGTACCGTCATAACTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCTAAAGCCTTCCTCC
Subject	TTGGTACCGTCAGTACTTCTTCCCAAAGAAAAGGGGTTTACAACCCTAGAGCTTTCCT-C
Query	CCCCACGCGGTTTTTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGC
Subject	CCCCACGCGG-TCTTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGC
Query	CTCCCGTAAGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT
Subject	CTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT

> *Trichodesmium thiebautii* (AF013027.1)

Query	TTTGGCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGGAGTTAAGCCCTGG
Subject	TTTGGCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCAGAGTTAAGCCCTGG
Query	GCTTTGACAGCAGACTTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGGATA
Subject	GTTTTGACAGCAGACTTACATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGGATA
Query	ACGCTTGCCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCT
Subject	ACGCTTGCCCTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGAGGCTGATTCCT
Query	TTGGTACCGTCATAACTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCTAAAGCCTTCCTCC
Subject	TTGGTACCGTCAGTACTTCTTCCCAAAGAAAAGGGGTTTACAACCCTAGAGCTTTCCT-C
Query	CCCCACGCGGTTTTTGCTCCGTACAGCTTTCGCCCATTCGCGGAAAATTCCCCACTGCTGC
Subject	CCCCACGCGG-TCTTGCTCCGTACAGCTTTCGCCCATTCGCGGAAAATTCCCCACTGCTGC
Query	CTCCCGTAAGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT
Subject	CTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT

> *Crinalium magnum* SAG 34.87 (AB115965.1)

Query	AGTTTCCACTGC--CTGACCGGAGTTAAGCCCTGGGCTTTGACAGCAGACTTTTCATGGCC
Subject	AGTTTCCACTGCTTCT-A-CGGGGTTAAGCCCCGCTCTTTAACAATCGACTTGAATCACC
Query	ACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGC
Subject	ACCTACGACTCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGC
Query	GGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTTTGGTACCGTCA-TAATTCTTCCC
Subject	GGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTCTGGTACCTTCACTTTCTTATTCCC
Query	TGAGAAAAGAGGTTTACAACCCTAAAGCCTTCTCCCCCACGCGGTTTTTGTCTCCGTCA
Subject	AGAGAAAAGAGGTTTACGACCAAGAGCCTTCTCCCTC-ACGCGGTCTT-GCTCCGTCA
Query	GGCTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAAGAGTCTGGGCCGTGT
Subject	GGCTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGT

Query CTCAGTCCCAGTGT
 |||
 Subject CTCAGTCCCAGTGT

> *Geitlerinema amphibium* 0519 (EU068740.1)

Query TGCCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACT-GCCTGACCGGAGTTAAGCCCTGGG
 |||
 Subject TGCCCCCTACCATACTCTAGCTAAACAGTTTCCACTCCCCCTA-TGGGGTTGAGCCC-ACT

Query CTTTGACAGCAGACTT-TCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATA
 |||
 Subject CTTTGA-AGCAGACTTATC-TAGCCGCTGCGGACGCTTTACGCCCAATAATTCCGGATA

Query ACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCT
 |||
 Subject ACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCCT

Query TTGGTACCGTCATAACTTCTTCCCTGAGAAAAGAGTTTACAACCCTAAAG-CCTTCCTC
 |||
 Subject CAGGTACCGTCAGAGCTTCTTCCCTGAGAAAAGGGGTTTACAATCC-ACAGACCTTCCTC

Query CCCCCACGCGGTTTTTGCTCCGTGAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTG
 |||
 Subject CCCC-ACGCGGTATT-GCTCCGTGAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTG

Query CCTCCCGTAAGAGTCTGGGCGGTGTCTCAGTCCCAGTGT
 |||
 Subject CCTCCCGTAGGAGTCTGGGCGGTGTCTCAGTCCCAGTGT

> *Microcoleus vaginatus* MPI 98MV.JHS (AF284805.1)

Query TGCCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGGAGTTAAGCCCTGGGC
 |||
 Subject TGCCCCCTACCATACTCTAGCTGTTAGTTTCCACTGCCTTTCCGAAGTTAAGCCCCGGTC

Query TTTGACAGCAGACTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAAC
 |||
 Subject TTTGACAGCAGACTTGAACCTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAAC

Query GCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCTTT
 |||
 Subject GCTTGCATCCTCCGTCTTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCTTT

Query GGTACCGTCA--T-----A-A-CTT-CTTCCCTGAGAAAAGAGTTTACAACCCTAAA
 |||
 Subject GGTACCGTCAGGTTGCTTTTACAACCTTCTTCCAGAGAAAAGGGGTTTACAACCAAGA

Query GCCTTCCTCCCCCACGCGGTTTTTGCTCCGTGAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCC
 |||
 Subject GCCTTCTTCCCC-ACGCGGTCTT-GCTCCGTGAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCC

Query CCACTGCTGCCTCCCGTAAGAGTCTGGGCGGTGTCTCAGTCCCAGTGT
 |||
 Subject CCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCGGTGTCTCAGTCCCAGTGT

> *Planktothrix pseudagardhii* 2LT34S02 (FM177501.1)

Query TGCCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGC-CTGACCGGAGTTAAGCCCTGGG
 |||
 Subject TGCCCCCTACTACACTCTAGCTCTTCAAGTTTCCACTGCTTTGA-CGAAGTTAAGCCTCGCT

Query CTTTGACAGCAGACTTTCAT-GGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATA
 |||
 Subject CTTTAACAGCAGAC-TTGATCAGCCACCTACGGACTCTTTACGCCCAATCATTCCGGATA

Query	ACGCTTGCATCCTCCGTATTACGCGGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCT
Subject	ACGCTTGCATCCTCCGTATTACGCGGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCT
Query	TTGGTACCGTCA-TAACTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCTTAAAGCCTTCCTC
Subject	CAGGTACCGTCACTTTCTTCTTCCCTGAGAAAAGGGGTTGACAATCCAAGAACCTTCCT-
Query	CCCCACGCGGTTTTTGTCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTG
Subject	CCCCACGCGG-TCTTGTCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTG
Query	CCTCCCGTAAGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT
Subject	CCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT

> *Spirulina* sp. EEW5 (HQ008228.1)

Query	TGCCCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGGAGTTAAGCC-CTGGG
Subject	TGCCCCCTACCGTACTCTAGCTGTTCAGTTTCCACTGCCTTTCAGTAGTTAAGCCACT-GT
Query	CTTTGACAGCAGACTTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGATAA
Subject	CTTTGACAGCAGACTTGAACAGCCACCTACGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGATAA
Query	CGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTT
Subject	CGCTTGCCTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGAGGCTTATTCCTC
Query	TGGTACCGTCATAAC-TTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCTAAAGCCTTCCTCC
Subject	AAGTACCGTCATTGTGTTCTTCCCTGAGAAAAGGGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCC
Query	CCCCACGCGGTTTTTGTCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTCGCGGAAAATTCCCCACTGCTGC
Subject	CCC-ACGCGGTCTT-GCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAAAATTCCCCACTGCTGC
Query	CTCCCGTAAGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT
Subject	CTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT

> *Starrria zimbabweensis* SAG 74.90 (AB115962.1)

Query	CCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGC--CTGACCGGAGTTAAGCCCTGGGC
Subject	CCCCTACCTCTCTCTAGCGATGCAGTTTCCACTGCTTCT-A-CAAAGTTAAGCTTTGCTC
Query	TTTGACAGCAGACTTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGGGATAAC
Subject	TTTAACAATCGACTTGCATCACCACTACGGACTCTTTACGCCCAATCATTCGGGATAAC
Query	GCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCTTT
Subject	GCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCCTGT
Query	GGTACCGTCA-TAACTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCATAAGCCTTCTCTCC
Subject	GGTACCTTCACTTAATTATTTCCACAGAAAAGAGGTTTACGACCCAAGAGCCTTCTCTCC
Query	CCCACGCGGTTTTTGCTCCGTAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCC
Subject	TC-ACGCGGTCTT-GCTCCGTAGGCTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCC
Query	TCCCGTAAGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT
Subject	TCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT

> *Trichocoleus sociatus* SAG 26.92 (EF654080.1)

Query CCCCTACCGAACTCTAG-CTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGGAGTTAAGCCCTGGGCT
 ||||| | ||||| ||| ||||| ||| || ||||| ||
 Subject CCCCTACTGCACTCTAGTCTTT-CAGTTTCCACCGCCTTTGTGGGGTTAAGCCCCACTCT

```

Query      TTGACAGCAGACTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCCAATCATTCCGGATAACG
           || || ||||| || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TTAACGGCAGACTTGAATGACCACCTACGGACGCTTTACGCCCCAATTATTCCGGATAACG

```

```

Query      CTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTTTG
          |||
Subject    CTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAG

```

```

Query      GTACCGTCATAACTT-CTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCTTAAAGCCTTCTCTCCC
          |||||      || |||||                |||||      || | |||||
Subject    GTACCGTCATTTTTTCTTCCCTGAGAAAAGGGGTTTACAATCCAAGAACCTTCTCTCCC

```

Query CCACGCGTTTTTCTCCGTAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAATTTCCCCTACTGCTGCCT
|
Subject C-ACGCGGTCTT-GCTCCGTAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAATTTCCCCTACTGCTGCCT

```

Query      CCCGTAAGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Subject    CCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT

```

> *Tychonema tenue* SAG 4.82 (GQ324973.1)

```

Query      TTTGCCCTACCGAACTCTAGCTTTGTAGTTTCCACTGCCTGACCGAGTTAAGCCCTGG
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Subject    TTTGCCCTACCATACTCTAGCTGTTCAAGTTTCCACTGCCTTTCCGAGGTTAGCCCCGG

```

```

Query      GCTTTGACAGCAGACTTTCATGGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGGGATA
          |||
Subject    TCTTTGACAGCAGACTTGAAGTCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGGGATA

```

```

Query      ACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCT
          |||
Subject    ACGCTTGCATCCTCCGTCTTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCT

```

Query TTGGTACCGTCA-TAACTTCTTCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCTAAAGCCTTCTCTC
|
Subject CTGGTACCGTCATTTTGTTCTTCCCAGAGAAAAGGAGTTTACAACCCAAGAGCCTT-CTT

```

Query      CCCCCACGCGGTTTTTGTCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAAAATTCCCCACTGCTG
          |||
Subject    CCCCCACGCGG-TCTTGTCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAAAATTCCCCACTGCTG

```

```
Query      CCTCCCGTAAGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT
          ||| ||||| | ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGT
```

Anhang 4 : Alignment der in der vorliegenden Arbeit gewonnenen 16S rDNA-Sequenzen der untersuchten Exsiccata *Nostoc rupestre* (Acq.J. 670) und *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423)* mit anderen Cyanobakterien-Sequenzen aus der GenBank. Das Alignment wurde mit dem Programm **NCBI-BLASTN** erstellt.

* sind symbiotische *Nostoc*-Organismen (Cyanobionten).

> *Nostoc lacerum* (Acq.J. 423)

```

Query      CCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CCACCTACGGACGCTTTACGCCCAATAATTCCGGATAACGCTTGCCTCCTCCGTATTACC

Query      GCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGAGGCTGATTCCTCAGGTACCGTCA-GAACTTCTTC

Query      CCTGAGAAAAGAGGTTTACGACCCA-AGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CCTGAGAAAAGGGGTTTACAATCCACAGA-CCTTCCTCCCCACGCGGTCTTGCTCCGTC

Query      AGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    AGGCTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTG

Query      TCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCGTCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTA-
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACGGATCGTCGCCTTGGTAA

Query      GTCCTTTTACACT-ACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GCTCTT-AC-CTCACCACACTAGCTAATCCGACGCGAGCTCATCTCCAGGCAATAAATTTT

Query      TCACCTTTCGGCACATCCGGTATTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCAGACCTGAAGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TCACCTCTCGGCACATCGGGTCTTAGCAGTCGTTTCCAAGTGTGTCCCCATCCTGGAGC

Query      CAGATTCTCACGCGTTACTCACCCCGTCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CAGATTCTCACGCGTTACTCACCC-GTCC

```

> *Nostoc* sp. A13 (AM711531.1)*

```

Query      TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCCT-TGTAGTTTCCACTGCTCTT

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATAGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query      CCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

Query      AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTTTGTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG

Query      ACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCATTGCGGAA
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    ACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCATTGCGGAA

```

Query	AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
Subject	
Query	TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCAACTAGC
Subject	
Query	TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTACCTTTC--GGCACATCCGGT
Subject	
Query	ATTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCA
Subject	
Query	CCCCGTCC
Subject	CCC-GTCC

> *Nostoc* sp. Ev1 (AM711535.1)*

Query	TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACCTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
Subject	TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACCTCTAGC-CATGTAGTTTCCACTGCTCTT
Query	ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
Subject	ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATAGCCACCTGCGGACGCTTTACG
Query	CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
Subject	CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
Query	AGCCGATGCTTATTCTCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
Subject	AGCCGATGCTTATTCTCTCAGGTACCGTCATTGTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
Query	ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCATTGCGGAA
Subject	ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCATTGCGGAA
Query	AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
Subject	AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
Query	TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTAC-ACTACCAACTAG
Subject	TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGTGCGCCTTTACCAC-ACCTACTAG
Query	CTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTACCTTTTCGGCACATCCGGTA
Subject	CTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAATTAATCTTTACCTCTCGGCACATCCGGTA
Query	TTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCAC
Subject	TTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCAC
Query	CCCGTCC
Subject	CC-GTCC

> *Nostoc* sp. 0GU36S01 (AM711526.1)*

```

Query      TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
           |||||
Subject    TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCGAACGTACTCTAGC-TATGTAGTTTCCACTGCTTTT

```

```

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGC-GGACGCTTTAC
          |||
Subject    ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATTGCCACCTGCGGGACGCTTTAC

Query      GCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGT
          |||
Subject    GCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGT

Query      TAGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTAC
          |||
Subject    TAGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTAC

Query      GACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGA
          |||
Subject    GACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGA

Query      AAATTCCTCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTG
          |||
Subject    AAATTCCTCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTG

Query      ATCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCAACTAG
          |||
Subject    ATCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGGAGTCCATTACACTTCCAACTAG

Query      CTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTACCTTTTCGGCACATCCGGTA
          |||
Subject    CTAATCAGACGCGAGCTCATCTCTAGGCAGTTAACCTTTACCTCTCGGCACATCCGGTA

Query      TTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCAC
          |||
Subject    TTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTAGAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCAC

Query      CCCGTCC
          ||
Subject    CC-GTCC

```

> *Nostoc* sp. 0GU36S02 (AM711527.1) *

```

Query      TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
          |||
Subject    TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGC-TATGTAGTTTCCACTGCTTTT

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
          |||
Subject    ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATTGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query      CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
          |||
Subject    CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

Query      AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
          |||
Subject    AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG

Query      ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA
          |||
Subject    ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA

Query      AATTCCTCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
          |||
Subject    AATTCCTCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA

Query      TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCAACTAGC
          |||
Subject    TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGGAGTCCATTACACTTCCAACTAGC

```



```

Query      TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTCACCTTTCGGCACATCCGGTAT
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TAATCAGACGCGAGCTCATCTCTAGGCAGTTAACCTTTCACCTCTCGGCACATCCGGTAT

Query      TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTAGAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC

Query      CCGTCC
          | | | |
Subject    C-GTCC

```

> *Nostoc* sp. 9104 (AM711542.1) *

```

Query      TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGTACTCTAGC-TATGTAGTTTCCACTGCTCTT

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATTGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query      CCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    CCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

Query      AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG

Query      ACCCAAGAGCCTTCCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    ACCCAAGAGCCTTCCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA

Query      AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA

Query      TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCACTAGC
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGTAGTCCATTACACTACCTACTAGC

Query      TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTCACCTTTCGGCACATCCGGTAT
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TAATCAGACGCGAGCTCATCTCTAGGCAGTTAACCTTTCACCTCTCGGCACATCCGGTAT

Query      TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTAGAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC

Query      CCGTCC
          | | | |
Subject    C-GTCC

```

> *Nostoc* sp. 8926 (AM711540.1) *

```

Query      TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGC-CATGTAGTTTCCACTGCTCTT

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATAGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query      CCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    CCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

```

```

Query      AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG

Query      ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAA
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAA

Query      AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA

Query      TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTAC-ACTACCAACTAG
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGTGCGCCTTTACCAC-ACCTACTAG

Query      CTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTACCTTTCGGGCACATCCGGTA
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    CTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAATTAATCTTTCACCTCTCGGCACATCCGGTA

Query      TTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCAC
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCAC

Query      CCCGTCC
          | | | | |
Subject    CC-GTCC

```

> *Nostoc* sp. 8901:1 (AM711539.1)*

```

Query      TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGTA CTCTAGC-TATGTAGTTTCCACTGCTCTT

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATTGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query      CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

Query      AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG

Query      ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAA
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAA

Query      AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA

Query      TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCAACTAGC
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGGAGTCCATTACACTTCCA ACTAGC

Query      TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTCACCTTTCGGGCACATCCGGTAT
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TAATCAGACGCGAGCTCATCTCTAGGCAGTTAACCTTTCACCTCTCGGCACATCCGGTAT

Query      TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Subject    TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTAGAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC

```

Query CCGTCC
 | |||
 Subject C-GTCC

> *Nostoc* sp. PCC 9229 (AY742451.1)*

Query TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
 |||||
 Subject TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGC-CATGTAGTTTCCACTGCTCTT

Query ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
 |||||
 Subject ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATAGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
 |||||
 Subject CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

Query AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
 |||||
 Subject AGCCGAAGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG

Query ACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA
 |||||
 Subject ACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA

Query AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
 |||||
 Subject AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA

Query TCGTCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCTTGGTAGTCCTTTAC-ACTACCAACTAG
 |||||
 Subject TCGTCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCTTAGGTGCGCCTTTACCAC-ACCTACTAG

Query CTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTCACCTTTCGGCACATCCGGTA
 |||||
 Subject CTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTCACCTTTCGGCACATCCGGTA

Query TTAGCCACCGTTTCCAGTGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCAC
 |||||
 Subject TTAGCCACCGTTTCCAGTGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCAC

Query CCCGTCC
 || ||||
 Subject CC-GTCC

> *Nostoc* sp. PCC 9305 (AY742453.1)*

Query TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
 |||||
 Subject TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGC-TATGTAGTTTCCACTGCTCTT

Query ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
 |||||
 Subject ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATTGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
 |||||
 Subject CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

Query AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
 |||||
 Subject AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG

Query ACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA
 |||||
 Subject ACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA

```

Query      AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA

Query      TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCAACTAGC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGGAGTCCATTACACTTCCAACACTAGC

Query      TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTCACCTT-TCGG-CACATCCGGT
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAATTAATCTTTCACCCCGTAGGGCACATCCGGT

Query      ATTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCA
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    ATTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTAAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCA

Query      CCCC GTCC
          || |||
Subject    CCC-GTCC

```

> *Nostoc muscorum* (AM711523.1)

```

Query      TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCCTTT
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCCG-TGTAGTTTCCACTGCCTTT

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACACAGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query      CCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCAGCGAGTT
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    CCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCAGCGAGTT

Query      AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    AGCCGATGCTGATTCCTCAGGTACCGTCATTGTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACA

Query      ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAA
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAA

Query      AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA

Query      TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCAACTAGC
          || ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| |
Subject    TCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGGCTCTTACCCACCAACTAGC

Query      TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTCACCTTTCGGCACATCCGGTAT
          ||||||||||||||||||||||||||| | |||||||
Subject    TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGCAAGCCTTTCACCTTCCGGCACATCCAGTAT

Query      TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Subject    TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCTTAGACCTGAAGCTAGATTCTCACGCGTTACTCACC

Query      CCGTCC
          | |||
Subject    C-GTCC

```

> *Nostoc muscorum* (AM711524.1)

```

Query      TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCCTTT
          |||
Subject    TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCCG-TGTAGTTTCCACTGCCTTT

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
          |||
Subject    ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACACAGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query      CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
          |||
Subject    CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

Query      AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
          |||
Subject    AGCCGATGCTGATTTCCTCAGGTACCGTCATTGTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACA

Query      ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA
          |||
Subject    ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA

Query      AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
          |||
Subject    AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA

Query      TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCAACTAGC
          |||
Subject    TCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGGCTCTTACCCACCAACTAGC

Query      TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTCACCTTTCGGCACATCCGGTAT
          |||
Subject    TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGCAAGCCTTTCACCTTTCGGCACATCCAGTAT

Query      TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC
          |||
Subject    TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCTTAGACCTGAAGCTAGATTCTCACGCGTTACTCACC

Query      CCGTCC
          |||
Subject    C-GTCC

```

> *Nostoc* sp. TO1S01 (AM711549.1)

```

Query      TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCCTTT
          |||
Subject    TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCCG-TGTAGTTTCCACTGCCTTT

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
          |||
Subject    ACGAAGTTGAGCTTCGCTCTTTGACAGCAGACTTACACAGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query      CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
          |||
Subject    CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

Query      AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
          |||
Subject    AGCCGATGCTGATTTCCTCAGGTACCGTCATTGTGTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACA

Query      ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA
          |||
Subject    ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA

Query      AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
          |||
Subject    AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGG

```

Query	TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCAACTAGC
Subject	TCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGGCTTTACCCACCAACTAGC
Query	TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTCACCTTTCGGCACATCCGGTAT
Subject	TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAATAAATCTTTCACCTTTCGGCACATCTGGTAT
Query	TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCAC
Subject	TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAAACCTGAAGCTAGATTCTCACGCGTTACTCAC
Query	CCGTCC
Subject	C-GTCC

> *Nostoc* sp. TH1S01 (AM711547.1)

Query	TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACCTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
Subject	TACACCAGGAATTCCCTCTACCCCGAACGCACCTCTAGC-TCTGTAGTTTCCACTGCTTTT
Query	ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
Subject	ACAAAGTTAAGCTTTGCTCTTTAACAGCAGACTTACAGGGCCACCTGCGGACGCTTTACG
Query	CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
Subject	CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCACTCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
Query	AGCCGATGCTTATTCTCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
Subject	AGCCGATGCTGATTCTCAAGTACCTTCA--GAATTATTCTTGAGAAAAGAGGTTTACA
Query	ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCATTGCGGAA
Subject	ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCATTGCGGAA
Query	AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
Subject	AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
Query	TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCT-TTAC-ACTACCAACTA
Subject	TCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGT-GCGCTCTTACCAC-ACCAACTA
Query	GCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTACCTTTCGGCACATCCGGT
Subject	GCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGCAAGCCTTTTACCTTTCGGCACATCCGGT
Query	ATTAGCCACCGTTTCC-AGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTC
Subject	ATTAGCAGTCGTTTCCCACTG-TTATCCCCGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTC
Query	ACCCCGTCC
Subject	ACCC-GTCC

> *Nostoc calcicola* (AM711529.1)

Query TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
|||||
Subject TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCGAACGCACTCTAGC-CATGTAGTTTCCACTGCTCTT

```

Query      ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
           ||      |||||      |||||
Subject    ATGAGGTTGAGCCTCACTCTTTAACAGCAGACTTACATAGCCACCTGCGGACGCTTTACG

Query      CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
           |||||
Subject    CCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT

Query      AGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
           |||||
Subject    AGCCGATGCTGATTCTCAGGTACCGTCATTGTGTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG

Query      ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA
           |||||
Subject    ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA

Query      AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
           |||||
Subject    AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA

Query      TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCTTTACACTACCACTAGC
           ||      |||||
Subject    TCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGTAGGCTTTTACCCACCTACTAGC

Query      TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTACCTTTTCGGCACATCCGGTAT
           |||||
Subject    TAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGCAAGCCTTTACCTTTTCGGCACATCCGGTAT

Query      TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC
           |||||
Subject    TAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCACC

Query      CCGTCC
           | |||
Subject    C-GTCC

```

> *Nostoc elgonense* TH3S05 (AM711548.1)

```

Query      TACACCAGGAATTCCTCTGCCCCGAACGCACTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCCTTT
           |||||
Subject    TACACCAGGAATTCCTGCTGCCCCGAACGCACTCTAGC-TCTGTAGTTTCCACTGCCTTT

Query      ATCTA-GTTGAG-CTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTA
           ||      |||||
Subject    A-CNAGGTTAAGCCTTG-CGCTTTGACAGCAGACTTACAGGGCCACCTGCGGACCCTTTA

Query      CGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAG
           |||||
Subject    CGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAG

Query      TTAGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTA
           |||||
Subject    TTAGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCTTCAAGACTTA-TTCCCTGAGAAAAGAGGTTTA

Query      CGACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGG
           | ||||
Subject    CAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGG

Query      AAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCT
           |||||
Subject    AAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCT

Query      GATCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCT-TTAC-ACTACCAAC
           |||||
Subject    GATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGT-GCGCTCTTACCAC-ACCTAC

```

Query	TAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTTCACCTTTCGGGCACATCCG
Subject	TAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTCCAGGCAATAAATCTTTTCACCTTCCGGGCACATCCG
Query	GTATTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACT
Subject	GTATTAGCAGTCGTTTCCAACGTGTGTCCCCGACCTGGAGCCAGATTCTCACGCGTTACT
Query	CACCCCGTCC
Subject	CACCC-GTCC

> *Nostoc* sp. PCC 8976 (AM711525.1)

Query	TACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGCACCTCTAGCGTATGTAGTTTCCACTGCTTTT
Subject	TACACCAGGAATTCCCTGCTACCCCGAACGCACCTCTAGC-TCTGTAGTTTCCACTGCTCTT
Query	ATCTAGTTGAGCTAGACTCTTTAACAGCAGACTTACATCGCCACCTGCGGACGCTTTACG
Subject	ATGAGGTTAAGCCTCACTCTTTAACAGCAGACTTACAGGGCCACCTGCGGACCCTTTACG
Query	CCCAATCATTTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
Subject	CCCAATCATTTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTT
Query	AGCCGATGCTTATTCTCTCAGGTACCGTCATTGTTTTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACG
Subject	AGCCGATGCTTATTCTCTCAGGTACCTTCATTTTTTTTATTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACA
Query	ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA
Subject	ACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAA
Query	AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
Subject	AATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGA
Query	TCGTCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTAGTCCT-TTAC-ACTACCAACTA
Subject	TCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGT-GCGCTCTTACCAC-ACCTACTA
Query	GCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTCAGGCAGTTAACCTTTACCTTTCGGCACATCCGGT
Subject	GCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCAGCAAGCCTTTTACCTTTCGGCACATCCGGT
Query	ATTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCAGACCTGAAGCCAGATTCTCACGCGTTACTCA
Subject	ATTAGCCACCGTTTCCAGTGGTTGTCCCCGACCTGAATGTAGATTCTCACGCGTTACTCA
Query	CCCCGTCC
Subject	CCC-GTCC

Anhang 5 : Alignment der in der vorliegenden Arbeit gewonnenen 16S rDNA-Sequenzen der untersuchten Exsiccata *Rivularia atra* (A6422) und *Rivularia atra* (A6426) mit anderen Cyanobakterien-Sequenzen aus der GenBank. Das Alignment wurde mit dem Programm **NCBI-BLASTN** erstellt.

> Rivularia atra (A6426)

```

Query      CCGTTGTTCTTCCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCTCTGCCCCG
          ||| ||||| ||||| ||| | | ||| || ||||| ||||| |||||
Subject    CCGGTGTTCTTCCTGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTACCCCCG

Query      AACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAACA
          ||||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    AACGCACTCAAGTTTGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAACA

Query      GCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGCA
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GCAGACTTACAGAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGCA

Query      TCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACCG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCTCAAGTACCG

Query      TCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGCG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGCG

Query      TTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCCTAGGAGT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGT

Query      CTGGGGCGTGTGTCACCTCCCCGTGTGGGTGATCATCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGTC
          ||||| ||||| ||| ||| ||||| ||||| ||||| ||| ||| |||
Subject    CTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGGTGATCATCTCTCANACCANCTACCGATCGTC

Query      GCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCGA
          ||||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GCCTTGGTGCGCTCTTACCACACCAACTAGCTAATCGGACGCGAACTCATCTTTAGGCAA

Query      TTAATCTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTTCCACTGTTGTCCCCCA
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TTAATCTTTCATCTTGCGACACATTCCGGTATTANCAGTCGTTTCCNACTGTTGTCCCGAA

Query      CCTCAAG
          ||| |||
Subject    CCTAAAG

```

> Rivularia sp. PCC 7116 (AM230677.1)

```

Query      ACCGTTGTTCTTCCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCTCTGCCCC
          |||| | ||||| ||||| ||| | | ||| || ||||| ||||| |||||
Subject    ACCGGTGTTCTTCCTGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTACCCC

Query      GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
          ||||| ||||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GAACGCACTCAAGTTTGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC

Query      AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    AGCAGACTTACAAAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC

Query      ATCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    ATCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCTCA-GTACC

```

```

Query      GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
          |||
Subject    GTCATTATCTTCCTTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC

Query      GTTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAAAATCCCCACTGCGGCCTCCCTAGGAG
          |||
Subject    GTTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAAAATCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAG

Query      TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
          |||
Subject    TCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGT

Query      CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
          |||
Subject    CGCCTTGGTATGCTTTTACCACACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCA

Query      ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTCCACTGTTGTCCCC
          |||
Subject    ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGGTATTAGCAGTCGTTTCCAAGTGTGTCCCGA

Query      ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          |||
Subject    ACCTAAAGGCAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

```

> *Rivularia atra* BIR MGR1 (AM230675.1)

```

Query      GTTCTTCCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGC
          |||
Subject    GTTCTTCCTGATATCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCCGAACGC

Query      ACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAACAGCAGA
          |||
Subject    ACTCTAGTCATGTAGTTTCCACCGCTATATGTAGTTAAGCTACACGCTTTAACAGCAGA

Query      CTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGCATCCTC
          |||
Subject    CTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGCATCCTC

Query      CGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACCGTCATT
          |||
Subject    CGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACCGTCATT

Query      ATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGCGTTGCT
          |||
Subject    ATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGCGTTGCT

Query      CCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAAAATCCCCACTGCGGCCTCCCTAGGAGTCTGGG
          |||
Subject    CCGTCAGGCTTTCGCCCATTCGCGGAAAATCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGG

Query      GCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGTCGCCTT
          |||
Subject    CCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTT

Query      GGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCGATTAAT
          |||
Subject    GGTAAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCAATTAAT

Query      CTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTCCACTGTTGTCCCCACCTCA
          |||
Subject    CTTTCATCTTGCGACACATTCTGGTATTAGCAGCCGTTTCCAAGTGTGTCCCGAACCTAA

Query      AGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          |||
Subject    AGGCAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

```

> Calothrix sp. XP9A (AM230670.1)

```

Query      ACCGTTGTTCTTCCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     ACCGGTGTTCCTTCCTGATATCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC

Query      GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC

Query      AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC

Query      ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC

Query      GTCATTATCTTCCTTGATAAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GTCATTATCTTCCTTGATAAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC

Query      GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCTCCCTCACGCGCTCCCTAGGAG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCTCCCTCACGCGCTCCCTAGGAG

Query      TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCAGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGT

Query      CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCA

Query      ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTCCACTGTTGTCCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGGTATTAGCAGCCGTTTCCAAGTGTGTCCCGA

Query      ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     ACCTAAAGGTAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

```

> Calothrix sp. BECID14 (AM230671.1)

```

Query      ACCGTTGTTCTTCCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     ACCGGTGTTCCTTCCTGATATCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC

Query      GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC

Query      AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC

Query      ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC

Query      GTCATTATCTTCCTTGATAAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GTCATTATCTTCCTTGATAAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC

Query      GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCTCCCTCACGCGCTCCCTAGGAG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject     GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAATTCCTCCCTCACGCGCTCCCTAGGAG

```

```

Query      TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
          ||||| ||||| || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    TCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGT

Query      CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    CGCCTTGGTAAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCA

Query      ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTCCACTGTTGTCCCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    ATAAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGGTATTAGCAGTCGTTTCCAAGTGTGTCCCGA

Query      ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    ACCTAAAGGTAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

```

> *Rivularia atra* BIR KRIV1 (AM230674.1)

```

Query      ACCGTTGTTCTTCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    ACCGTTGTTCTTCTGATATCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC

Query      GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTAAGCTACACGCTTTAAC

Query      AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCAATTATTCCGGATAACGCTTGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCAATTATTCCGGATAACGCTTGC

Query      ATCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    ATCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC

Query      GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC

Query      GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTCGCGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCTTAGGAG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTCGCGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCTTAGGAG

Query      TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
          ||||| ||||| || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    TCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGT

Query      CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    CGCCTTGGTAAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCA

Query      ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTCCACTGTTGTCCCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGGTATTAGCAGCCGTTTCCAAGTGTGTCCCGA

Query      ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    ACCTAAAGGCAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

```

> *Calothrix* sp. BC001 (DQ380395.1)

```

Query      ACCGTTGTTCTTCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
Subject    ACCGTTGTTCTTCTGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC

```

Query	GAACGCACCTCTAGTCAATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
Subject	GAACGCACCTCTAGTCTTGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC
Query	AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGC
Subject	AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGC
Query	ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
Subject	ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCCTAAAGTACC
Query	GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGC
Subject	GTCATTATCTTCCTTTAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGC
Query	GTTGCTCCGTACAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCCTAGGAG
Subject	GTTGCTCCGTACAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAG
Query	TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCGTGTGGGTGATCATCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
Subject	TCTGGGCCGTGTCTCAGTCCAGTGTGGCTGATCATCTCTCAGACCAGCTACTGATCGT
Query	CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
Subject	CGCCTTGGTACGCTTTTACCACACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCA
Query	ATTAATCTTTTCATCTTTCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTTTCCACTGTTGTCCCC
Subject	ATAAATCTTTTCATCTTTTCGACACATTTCGGTATTAGCAGTCGTTTCCAACCTGTTGTCCGA
Query	ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
Subject	ACCTAAAGGCAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

> *Rivularia* sp. XP16B (AM230676.1)

Query	ACCGTTGTTCTTCTCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
Subject	ACCGGTGTTCTTCTCTGATATCTACGCATTTACCAGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
Query	GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
Subject	GAACGCACTCTAGTCGTGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC
Query	AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGC
Subject	AGCAGACTTACATGACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGC
Query	ATCCTCCGTATTACGCGGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
Subject	ATCCTCCGTATTACGCGGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
Query	GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGC
Subject	GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGC
Query	GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCTAGGAG
Subject	GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAG
Query	TCTGGGGCGTGTG-TCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACAAGCTACTGAGAG
Subject	TCTGGGCCG-GTGCTCAGTCCCAGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACCGATCC

```

Query      TCGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGC
          |||||
Subject    TCGCCTTGGTGCGCTCTTACCACCAACTAGCTAATCGGACGCGAGCTCAACTTCAGGC

Query      GATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTTCCACTGTTGTCCCC
          |||||
Subject    AATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTTCGGTATTAGCAGTCGTTTCCAAGTGTGTCCCG

Query      CACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          |||||
Subject    AACCTAAAGGCAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

```

> *Rivularia* sp. BECID10 (AM230673.1)

```

Query      ACCGTTGTTCTTCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
          |||||
Subject    ACCGGTGTTCTTCTGATATCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC

Query      GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
          |||||
Subject    GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACCGCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC

Query      AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCAATTATTCGGATAACGCTTGC
          |||||
Subject    AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCAATTATTCGGATAACGCTTGC

Query      ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
          |||||
Subject    ATCCTCCGTACTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC

Query      GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
          |||||
Subject    GTCATTATCTTCCTTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCGTTCTCCCTCACGCGGC

Query      GTTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCTAGGAG
          |||||
Subject    GTTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAG

Query      TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
          |||||
Subject    TCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCTCTCAGACCAGCTACTGATCGT

Query      CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
          |||||
Subject    CGCCTTGGTAAGCCTTTACCCACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTCTAGGCA

Query      ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTTCCACTGTTGTCCCC
          |||||
Subject    ATAAATCTTTTCATCTTGCGACACATTTCGGTATTAGCAGCCGTTTCCAAGTGTGTCCCGA

Query      ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          |||||
Subject    ACCTAAAGGTAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

```

> *Rivularia* sp. BECID12 (AM230666.1)

```

Query      ACCGTTGTTCTTCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
          |||||
Subject    ACCGGTGTTCTTCTGATATCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC

Query      GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
          |||||
Subject    GAACGCACTCTAGTCAGGTAGTTTCCACTGCCTAGAGGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC

Query      AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCAATTATTCGGATAACGCTTGC
          |||||
Subject    AGCAGACTTACAKAACACCTACGAACGCTTTACGCCAANTATTCGGATAACGCTTGC

```

Query	ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
Subject	ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
Query	GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
Subject	GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
Query	GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCCTAGGAG
Subject	GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAG
Query	TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
Subject	TCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCTCTCAGACCAGCTACTGATCGT
Query	CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
Subject	CGCCTTGGTAAGCCTTTACCCACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCA
Query	ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTTCCACTGTTGTCCCC
Subject	ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTTCGGTATTAGCAGCCGTTTTCCAAGTGTGTCCGA
Query	ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
Subject	ACCTAAAGGTAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

> *Rivularia* sp. XP3A (AM230672.1)

Query	ACCGTTGTTCTTCTCTGATATCTCCCCGTTTCGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
Subject	ACCGGTGTTCTTCTCTGATATCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
Query	GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
Subject	GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC
Query	AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGC
Subject	AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCCGGATAACGCTTGC
Query	ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
Subject	ATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
Query	GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
Subject	GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
Query	GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCCTAGGAG
Subject	GTTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAG
Query	TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
Subject	TCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGG
Query	CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
Subject	CGCCTTGGTAAGCCTTTACCCACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCA
Query	ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTTCCACTGTTGTCCCCC
Subject	ATAAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCCGGTATTAGCAGTCGTTTTCCAACCTGTTGTCCCCA

```

Query      ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          |||| |||  |||||
Subject    ACCTAAAGGTAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

```

> *Rivularia* sp. XSP25A (AM230665.1)

```

Query      ACCGTTGTTCTTCTGATATCTCCCCGTTGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
          |||| ||||| ||||| ||| ||| ||| |||||
Subject    ACCGGTGTTCTTCTGATATCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC

```

```

Query      GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GAACGCACTCTAGTCATGTAGTATCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC

```

```

Query      AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC

```

```

Query      ATCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    ATCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC

```

```

Query      GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC

```

```

Query      GTTGCTCCGTGTCAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCTAGGAG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GTTGCTCCGTGTCAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCTAGGAG

```

```

Query      TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
          ||||| ||||| ||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||
Subject    TCTGGGGCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGT

```

```

Query      CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
          ||||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CGCCTTGGTAAGCCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCA

```

```

Query      ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTCCACTGTTGTCCCCC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGGTATTAGCAGCCGTTTCCAAGTGTGTCCCCA

```

```

Query      ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          |||| |||  |||||
Subject    ACCTAAAGGTAGATTCTCACGCGTTACTCACCC

```

> *Rivularia* sp. XP27A (AM230667.1)

```

Query      ACCGTTGTTCTTCTGATATCTCCCCGTTGACGGTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC
          |||| ||||| ||||| ||| ||| ||| |||||
Subject    ACCGGTGTTCTTCTGATATCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCC

```

```

Query      GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTGCGCGCTTTAAC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GAACGCACTCTAGTCATGTAGTTTCCACTGCCTATATGTAGTTGAGCTACACGCTTTAAC

```

```

Query      AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    AGCAGACTTACATAACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATTATTCGGGATAACGCTTGC

```

```

Query      ATCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC
          ||| ||||| ||||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    A-CTACTGTATTATCGCGGCTGCTGGGACGCAGTTAGCCGATGCTGATTCATCAAGTACC

```

```

Query      GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GTCATTATCTTCCTTGATAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGC

```



```
Query      GTTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCGGCCTCCCCTAGGAG
          |||
Subject    GTTGCTCCGTCAGGCTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAG

Query      TCTGGGGCGTGTGTCACTCCCCGTGTGGGTGATCATCCTCTCAGACAAGCTACTGAGAGT
          |||
Subject    TCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGT

Query      CGCCTTGGTGAGCTTTTACCCACCAACTAGCTAATCTGACACGAGCTCATCTTTAGGCG
          |||
Subject    CGCCTTGGTAAGCCTTTACCCACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTTTAGGCA

Query      ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCTGTATTAGCAGCCGTTTTCCACTGTTGTCCCC
          |||
Subject    ATTAATCTTTTCATCTTGCGACACATTCGGTATTAGCAGCCGTTTCCAAGTGTGTCCCGA

Query      ACCTCAAGACGGATTCTCACGCGTTACTCACCC
          |||
Subject    ACCTAAAGGTAGATTCTCACGCGTTACTCACCC
```

Anhang 6 : Alignment der in der vorliegenden Arbeit gewonnenen 16S rDNA-Sequenzen der untersuchten Exsiccata *Scytonema hofmanni* (Acq.J. 2486), *Scytonema thermale* (Acq.J. 2298) und *Scytonema myochrous* (Acq.J. 1896) mit anderen Cyanobakterien-Sequenzen aus der GenBank. Das Alignment wurde mit dem Programm **NCBI-BLASTN** erstellt.

> *Scytonema thermale* (Acq.J. 2298)

```

Query      TGATCTCTAACCCCTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCCCTACCTTACTCTAGT
          ||||| ||| | ||||| || ||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TGATCTCTACGCATTTTCGCCGGTACACCAGGAATTCCCTCTACCCCTACCATACTCTAGT

Query      CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTT-GATA
          || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CTTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTGGTTAAGCCAGACTCTTTAACAGCCGACTTGGAT-

Query      AACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTA
          ||||| || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    AACCACCTACGAACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTA

Query      CCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTAT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAA-T-CTTAT

Query      TCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGT
          ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TCCTTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGT

Query      CAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGT

Query      GTCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTG
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GTCTCAGTCCAGTGTGGCTGATCGTCTCTCAGACCAGCTACCGATCGCTGCCTTGGTG

Query      CGCTCTTACCACACCAACTAATAATCGGACGCGAGCTCATCTT
          ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CGCCTTTACCACACCAACTAATAATCGGACGCGAGCTCATCTT

```

> *Scytonema myochrous* (Acq.J. 1896)

```

Query      CTACCTTACTCTAGTCTC-TCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTG
          ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CTAACTTACTCT-CTCTCGTCACTTTCC-CTGCCTTATCTGGTTGAGCCAGACGCTTG

Query      ACAGCCGACTTGATAAACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    ACAGCCGACTTGAATTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTT

Query      GCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTA
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GCATCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTCAGGTA

Query      CCTTCAATTGATTATTCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCAC
          || || ||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    CCGTC-ATT-ATTCTTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCAC

Query      GCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    GCGGTATTGCTCCGTCAGGCTTTTCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGT

```

Query	ATCGCCGCCTTGGTGCGCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
Subject	ATCGTCGCCTTGGTGCGCCTTTACCACACCAACTAGCTAATCGGACGCGAGCTCATCTT

> *Scytonema hofmanni* PCC 7110 (AB075996.1)

```

Query      TGATCTCTAACCCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCTACCTTACTCTAGT
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Subject    TGATCTCTACGCATTTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTACCCCTACCTTACTCTAGT

```

```

Query      CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA
          |||
Subject    CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA

```

```

Query      ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC
          |||
Subject    ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC

```

```

Query      CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATT
           |||
Subject    CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCATTTTTTTTATT

```

Query	CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
Subject	CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC

Query AGGCTTTTCGCCCATTCGCGAAAAATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG
 |||
 Subject AGGCTTTTCGCCCATTCGCGAAAAATTCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG

Query	TCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTGC
Subject	TCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAGACCAGCTACCGATCGCCGCTTGGTGC

Query	GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
Subject	GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT

> *Tolypothrix* sp. CCMP1185 (AB075998.1)

Query TGATCTCTAACCCCTTTTCGACGTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCTACCTTACTCTAGT
|
Subject TGATCTCTACGCATTTTACC GGCTACACCAGGAATTCCCTCTACCCCTACCTTACTCTAG-

Query CTCT-CAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATA
||| | ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||
Subject CTATGTAGTTTTCCACTGCCTTTATCTGGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCAGACTT-ACA

```

Query      -AACCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATT
           |||
Subject    TTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATT

```

Query ACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCTCAAGTACCTTCAATTGATTA
 |||||
 Subject ACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCTCAGGTACCGTC-A-TCATTC

Query TTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCG
|
Subject TTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCG

Query	TCAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCG
Subject	TCAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCG

```

Query      TGTCTCAGTTCAGTGTTGGCTGATCGTCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCCTTGGT
          |||||
Subject    TGTCTCAGTCCCAGTGTTGGCTGATCATCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCCTAGGT

```

Query	GCGCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
Subject	GCGCTCTTACCACACCTACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTT

> *Scytonema hofmanni* (AF132781.1)

Query	TGATCTCTAACCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCTCTGCCCTACCTTACTCTAGT
Subject	TGATCTCTACGATTTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTACCCCTACCTTACTCTAGT

```

Query      CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA
          |||
Subject    CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA

```

Query	ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTCGGATAACGCTTGATCCTCCGTATTAC
Subject	ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTCGGATAACGCTTGATCCTCCGTATTAC

```

Query      CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATT
           |||
Subject    CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCATTTTTTTTATT

```

```

Query      CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
           |||
Subject    CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC

```

Query AGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAAATTCCTTCTGCTGCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG
 |||
 Subject AGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAAATTCCTTCTGCTGCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG

```

Query      TCTCAGTTCAGTGTTGGCTGATCGTCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTGC
          |||
Subject    TCTCAGTTCAGTGTTGGCTGATCGTCTCTCAGACCAGCTACCGATCGCCGCTTGGTGC

```

```

Query      GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
          |||
Subject    GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT

```

> *Symphyonemopsis* sp. VAPOR1 (AJ544085.1)

```

Query      TGATCTCTAACCCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCTACCTTACTCTAGT
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Subject    TGATCTCTACGCATTTTACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCTTACCGCACTCTAGT

```

```

Query      CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Subject    CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATTTGGTTGAGCCAAACTCTTTGACAGCAGACTTGAGCA

```

```

Query      ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC
           |||
Subject    ACCACCTGCGAACGCTTTACGCCAATCATTCGGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC

```

```
Query      CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATT
          |||
Subject    CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTCAGGTACCTTC-AGTG-TTATT
```

Query	CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
Subject	CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC

Query	AGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG
Subject	AGGCTTTTCGCCCATTTGCGGAAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTG
Query	TCTCAGTTCAGTGTGGCTGATCGTCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTGC
Subject	TCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGTGC
Query	GCTCTTACCACACCAACTAATAATCGACGCGAGCTCATCTT
Subject	GCTCTTACCACACCTACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTT

> *Mastigocladopsis* sp. CCG2 (DQ235802.1)

Query	TGATCTCTAACCCCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCTACCTTACTCTAGT
Subject	TGATCTCTACGCATTTTCACCGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCTACCTCACTCTAG-
Query	CTCT-CAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGAC-TTGAT
Subject	CTATGTAGTTTCCACTGCCTTTATTTGGTTAAGCCAAACTCTTTGACAGCAGACTTTTCAT
Query	AAACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGCGATAACGCTTGCATCCTCCGTATT
Subject	-TGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCGCGATAACGCTTGCATCCTCCGTATT
Query	ACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTAA
Subject	ACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTC-ATT-ATTC
Query	TTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCG
Subject	TTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCG
Query	TCAGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCG
Subject	TCAGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCG
Query	TGTCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGT
Subject	TGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGT
Query	GCGCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
Subject	GCGCTCTTACCACACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTT

> *Brasilonema bromeliae* SPC 951 (DQ486055.1)

Query	TGATCTCTAACCCCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCTACCTTACTCTAGT
Subject	TGATCTCTACGCATTTTACCAGCTACACCAGGAATTCCCTCTGCCCTACCGCACTCTAGT
Query	CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA
Subject	CTCTCAGTTTCCACTGCCTTTATCTGGTTGAGCCAGACTCTTTGACAGCGGACTTGAAAA
Query	ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTCGGATAACGCTTGATCCTCCGTATTAC
Subject	ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCAATCATTCGGATAACGCTTGATCCTCCGTATACC
Query	CGCGGCTGCTGGCACGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATT
Subject	CGCGGCTGCTGGCACGAGTTAGCCGATGCTGATTTCCTCAGGTACCTTC-AGTACTTATT
Query	CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
Subject	CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCTTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC

```

Query      AGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG
          |||
Subject    AGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTG

Query      TCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTGC
          |||
Subject    TCTCAGTCCCAGTGTGGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGTGC

Query      GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATC
          |||
Subject    GCTCTTACCACACCTACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATC

```

> *Scytonema* sp. FGP7A (DQ531698.1)

```

Query      TGATCTCTAACCCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCCTACCTTACTCTAGT
          |||
Subject    TGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTACCCCTACCTTACTCTAG-

Query      CTCT-CAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATA
          |||
Subject    CTATGTAGTTTCCACTGCCTTTATCTGGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCAGACTT-ACA

Query      -AACCACTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATT
          |||
Subject    TTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATT

Query      ACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTA
          |||
Subject    ACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTC-A-TCATTC

Query      TTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCG
          |||
Subject    TTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCG

Query      TCAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCG
          |||
Subject    TCAGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCG

Query      TGTCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGT
          |||
Subject    TGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGT

Query      GCGCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
          |||
Subject    GCGCTCTTACCACACCTACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTT

```

> *Scytonema* sp. DCA (DQ531701.1)

```

Query      TGATCTCTAACCCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCCTACCTTACTCTAGT
          |||
Subject    TGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTACCCCTACCTTACTCTAG-

Query      CTCT-CAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATA
          |||
Subject    CTATGTAGTTTCCACTGCCTTTATCTGGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCAGACTT-ACA

Query      -AACCACTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATT
          |||
Subject    TTGCCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATT

Query      ACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTA
          |||
Subject    ACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAGGTACCGTC-A-TCATTC

```

```

Query      TTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCG
          |||
Subject    TTCCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCG

Query      TCAGGCTTTTCGCCCATTCGCGAAAATTCCTCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCG
          |||
Subject    TCAGGCTTTTCGCCCATTCGCGAAAATTCCTCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCG

Query      TGTCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGT
          |||
Subject    TGTCTCAGTCCCAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTAGGT

Query      GCGCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
          |||
Subject    GCGCTCTTACCACACCTACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTT

```

> ***Brasilonema* sp. CENA114 (EF117246.1)**

```

Query      TGATCTCTAACCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCCCTACCTTACTCTAGT
          |||
Subject    TGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTGCCCCCTACCATACTCTAGT

Query      CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA
          |||
Subject    CTCTCAGTTTCCACTGCCTTTATCTGGTTGAGCCAGACTCTTTGACAGCAGACTTGAAAA

Query      ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC
          |||
Subject    ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC

Query      CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATT
          |||
Subject    CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTCAGGTACCTTC-AGTACTTATT

Query      CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
          |||
Subject    CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC

Query      AGGCTTTTCGCCCATTCGCGAAAATTCCTCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG
          |||
Subject    AGGCTTTTCGCCCATTCGCGAAAATTCCTCCCTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTG

Query      TCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTGC
          |||
Subject    TCTCAGTCCCAGTGTGGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCCTTGGTGC

Query      GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATC
          |||
Subject    GCTCTTACCACACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATC

```

> ***Brasilonema octagenarum* UFVE1 (EF150854.1)**

```

Query      TGATCTCTAACCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCCCTACCTTACTCTAGT
          |||
Subject    TGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTACCCCTACCATACTCTAGT

Query      CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA
          |||
Subject    CACTCAGTTTCCACTGCCTTTATCTGGTTGAGCCAGATTCTTTGACAGCAGACTTGAATA

Query      ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC
          |||
Subject    ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC

Query      CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATT
          |||
Subject    CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTCAGGTACCTTC-AGTACTTATT

```

```

Query      CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
          |||
Subject    CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC

Query      AGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG
          |||
Subject    AGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTG

Query      TCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTGC
          |||
Subject    TCTCAGTCCCAGTGTGGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGGTGCCTTGGTGC

Query      GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
          |||
Subject    GCTCTTACCACACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTT

```

> ***Brasilonema octagenarum* UFVOR1 (EF150855.2)**

```

Query      TGATCTCTAACCCCTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCCCTACCTTACTCTAGT
          |||
Subject    TGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTACCCCTACCATACTCTAGT

Query      CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA
          |||
Subject    CACTCAGTTTCCACTGCCTTTATCTGGTTGAGCCAGATTCTTTGACAGCAGACTTGAATA

Query      ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC
          |||
Subject    ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC

Query      CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATT
          |||
Subject    CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTCAGGTACCTTC-AGTACTTATT

Query      CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
          |||
Subject    CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC

Query      AGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG
          |||
Subject    AGGCTTTTCGCCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTG

Query      TCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTGC
          |||
Subject    TCTCAGTCCCAGTGTGGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGGTGCCTTGGTGC

Query      GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
          |||
Subject    GCTCTTACCACACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTT

```

> ***Brasilonema terrestre* CENA116 (EF490447.1)**

```

Query      TGATCTCTAACCCCTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCCCTACCTTACTCTAGT
          |||
Subject    TGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTGCCCCCTACCGCACTCTAGT

Query      CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA
          |||
Subject    CTCTCAGTTTCCACTGCCTTTATCTGGTTAAGCCAGACTCTTTGACAGCAGACTTGAGCA

Query      ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC
          |||
Subject    ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC

```



```

Query      CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATT
          |||
Subject    CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTCAGGTACCTTCACTTTCTTATT

Query      CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
          |||
Subject    CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC

Query      AGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG
          |||
Subject    AGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTG

Query      TCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTGC
          |||
Subject    TCTCAGTCCCAGTGTGGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGTCGCTAGGTGC

Query      GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
          |||
Subject    GCTCTTACCACACCTACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTT

```

> *Brasilonema robertilammi* (GQ443308.1)

```

Query      TGATCTCTAACCTTTTCGACGCTAC-GGAGGAATTCCCTCTGCCCCCTACCTTACTCTAGT
          |||
Subject    TGATCTCTACGCATTTACCGCTACACCAGGAATTCCTCTACCCCTACCATACTCTAGT

Query      CTCTCAGTTTCCACTGCCCTTATCTAGTTGAGCCAGACGCTTTGACAGCCGACTTGATAA
          |||
Subject    CTGTCAG-TTCCACTGCCTTTATCTGGTTGAGCCAGATTCTTTGACAGCAGACTTGAAAA

Query      ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC
          |||
Subject    ACCACCTGCGGACGCTTTACGCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCCGTATTAC

Query      CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTTATTCCTCAAGTACCTTCAATTGATTATT
          |||
Subject    CGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAGCCGATGCTGATTCTCAGGTACCTTC-AGTACTTATT

Query      CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC
          |||
Subject    CCCTGAGAAAAGAGGTTTACAACCCAAGAGCCTTCCTCCCTCACGCGGTATTGCTCCGTC

Query      AGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTG
          |||
Subject    AGGCTTTGCGCCATTGCGGAAAATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTG

Query      TCTCAGTTCCAGTGTGGCTGATCGTCCTCTCAAACCAGCTACCGATCGCCGCCTTGGTGC
          |||
Subject    TCTCAGTCCCAGTGTGGCTGGTCATCCTCTCAGACCAGCTACTGATCGGTGCCTTGGTGC

Query      GCTCTTACCACACCAACTAACTAATCGGACGCGAGCTCATCTT
          |||
Subject    GCTCTTACCACACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCTCATCTT

```

Publications

Palińska K.A., Deventer B., Hariri K., Lotocka M.A. (2011). taxonomic study on *Phormidium*-group (cyanobacteria) based on morphology, pigments, RAPD molecular markers and RFLP analysis of the 16S rRNA gene fragment. *Fottea* 11: 41-55.

Palińska K.A., Abed R.M., Schwetzler T., Hariri K., Charpy L., Golubic S.. *Hydrocoleum* the most common benthic cyanobacterium in tropical oceans: ecology, genetic markers, and morphometry. In preparation.

Palińska K.A., Golubic S., Krumbein W.E., Hariri K., Schneider J., Gorbushina A.A.. "Tintenstrich-communities": a polyphasic approach to diversity studies and adaptation mechanisms in subaerial biofilms. In preparation.

Danksagung

Ich danke Frau PD Dr. Katarzyna Palinska für das Thema der Doktorarbeit, für die historischen Herbarien und Chemikalien, die sie mir in Rahmen dieser Promotion zu Verfügung gestellt hat, und für die Begutachtung der vorliegenden Arbeit.

Ich danke Herrn PD Dr. Erhard Rhiel und Herrn Prof. Dr. Ralf Rabus für die Bereitschaft, an der Begutachtung dieser Dissertation teilzunehmen.

Mein Dank gilt auch Herrn Prof. Dr. Jürgen Rullkötter für seine Unterstützung.

Bei Herrn Prof. Dr. Rüdiger Beckhaus bedanke ich mich für seine Hilfsbereitschaft und Beratung zum Promotionsverfahren.

Für die Bereitstellung des Lichtmikroskops danke ich Frau Renate Kort und Frau Edith Kieselhorst.

wissenschaftlicher Werdegang

Kamal Hariri

geboren am 12.06.1974 in Marokko

Hochschulausbildung

10/2000 - 05/2005

Biologie-Studium.

Abschluß: Diplom-Biologe.

Thema der Diplomarbeit:

"Untersuchung der genomischen Diversität bei *Phormidium*-Stämmen (Cyanobakterien) aus unterschiedlichen Biotopen und von verschiedenen geographischen Orten".

Hochschule: Carl von Ossietzky Universität Oldenburg.

Tätigkeit und Promotion

02/2008 – 02/2010

Wissenschaftlicher Mitarbeiter im Rahmen der Promotion.

Hochschule: Carl von Ossietzky Universität Oldenburg.

02/2008 – 07/2011

Promotion im Bereich Mikrobiologie, Schwerpunkt: Molekulare Phylogenie.

Thema der Doktorarbeit:

"Phylogenetische Untersuchung an historischen Herbarien als Methodik zu einer Neufassung (Revision) der Taxonomie von Cyanobakterien."

Hochschule: Carl von Ossietzky Universität Oldenburg.

Erklärung

Hiermit versichere ich, dass ich diese vorliegende Arbeit selbständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Hilfsmittel benutzt habe. Außerdem versichere ich, dass diese vorliegende Dissertation weder in ihrer Gesamtheit noch in Teilen bereits veröffentlicht wurde.

Oldenburg, den 05.06.2012

Kamal Hariri