

Zur Ernährungsweise von Isopoden in Trinkwasserverteilungssystemen

vorgelegt von
Diplom-Biologe
Michael Mayer
aus Paderborn

von der Fakultät III – Prozesswissenschaften
der Technischen Universität Berlin
zur Erlangung des akademischen Grades

Doktor der Naturwissenschaften
– Dr. rer. nat. –

genehmigte Dissertation

Promotionsausschuss:

Vorsitzender: Prof. Dr. rer. nat. Wolfgang Rotard, TU Berlin

Gutachter: Prof. Dr. rer. nat. Ulrich Szewzyk, TU Berlin

Gutachter: Prof. Dr. rer. nat. Hans-Curt Flemming, Universität Duisburg-Essen

Gutachter: Prof. Dr.-Ing. Hans-Joachim Warnecke, Universität Paderborn

Tag der wissenschaftlichen Aussprache: 30. September 2013

Paderborn 2013

D83

Die vorliegende Arbeit entstand in Kooperation der Technischen Universität Berlin, Fachgebiet Umweltmikrobiologie, Prof. Dr. rer. nat. Ulrich Szewzyk mit der Universität Paderborn, Technische Chemie und Chemische Verfahrenstechnik, Prof. Dr.-Ing. Hans-Joachim Warnecke.

Hiermit möchte ich mich sehr herzlich bei Herrn Prof. Ulrich Szewzyk für die biologische/mikrobiologische Betreuung und die Möglichkeit zum experimentellen Arbeiten in den Laborräumen des Fachgebietes Umweltmikrobiologie bedanken.

Bei Herrn Prof. Hans-Curt Flemming bedanke ich mich herzlich für die Übernahme des Zweitgutachtens.

Herrn Prof. Hans-Joachim Warnecke danke ich aus ganzem Herzen für die langjährige Betreuung und Begleitung – und vor allem für die unzähligen fachlichen und aufmunternden Gespräche, die jederzeit sehr gute Zusammenarbeit sowie die Zukunftsperspektive.

Danke an Josephin Schröder, Burga Braun, Susan Mattke, Felix Mildner und Heinz Danner für die stete Hilfsbereitschaft.

Bei Sandra habe ich mich für Ihre unendliche Geduld zu bedanken!

Kurzfassung

Wasserasseln sind „Allesfresser“, doch welche Nahrungsquellen werden im primär nährstoffarmen Trinkwasser genutzt, welche werden präferiert? Um diese Fragen beantworten zu können, wurden Isopoden aus unterschiedlichen deutschen Trinkwasserverteilungssystemen über Hydrantenspülungen gesammelt und parallel hierzu Tiere im Labor unter definierten Bedingungen gehalten und mit unterschiedlichen Nahrungsquellen gefüttert. Die Darminhalte der Asseln wurden molekularbiologisch auf Basis der 16S und 18S rDNA untersucht und charakterisiert.

Die aus Trinkwassersystemen gesammelten Tiere konnten eindeutig den Taxa *Asellus aquaticus* (LINNÉ, 1758) und *Proasellus cavaticus* (LEYDIG, 1871) zugeordnet werden. Die Fressversuche weisen darauf hin, dass Pilzmyzelien, Bakterienzellen und selbst tote Artgenossen geeignete Nahrungsquellen für Wasserasseln darstellen – Schimmelpilze werden hierbei präferiert.

Die Ergebnisse der durchgeführten DNA-Analysen zeigen, dass Wasserasseln bei ihrer Nahrungssuche in Trinkwasserverteilungssystemen Bodensedimente in Stagnationsbereichen bevorzugt aufsuchen. Dabei stellen neben unterschiedlichen Bakterientaxa auch Protozoen und insbesondere Schlauchpilze (Ascomycota) bevorzugte Futterquellen dar. Ein Nachweis hygienisch relevanter Mikroorganismen im Trinkwasser ist über die in dieser Arbeit vorgestellte Untersuchungsmethode möglich. Molekularbiologische Untersuchungen der Darminhalte von Wasserasseln aus Trinkwasserverteilungssystemen ermöglichen eine Charakterisierung der Biozönosen und somit eine biologische Beurteilung dieser geschlossenen Ökosysteme. Auch können hierüber Veränderungen der Rohwasserzusammensetzung, Lecks im Rohrsystem oder Fremdwassereinspeisungen erkannt, bzw. die Effektivität von Rohrnetzspülungen überprüft werden. Wasserasseln, die bei massenhaftem Vorkommen stets auf eine Störung, wie z. B. erhöhte Nährstoffkonzentrationen hinweisen, sind somit gute Indikatororganismen zur Beurteilung der jeweiligen Trinkwasserqualität und erlauben zudem eine frühzeitige Erkennung von technischen Problemen in Versorgungsnetzen.

Abstract

Fresh water isopods are omnivore. But which food sources do they use in primary oligotroph drinking-water, which do they prefer? To answer these questions fresh water isopods were collected from different German drinking-water distribution systems by hydrant flushing. Additionally individuals were reared in the laboratory under defined conditions and fed with different food sources. The contents of the isopods guts were examined and characterized based on 16S und 18S rDNA analysis.

The collected animals are definitely allocated to the taxa *Asellus aquaticus* (LINNÉ, 1758) and *Proasellus cavaticus* (LEYDIG, 1871). The feeding experiments indicate that mycelia, bacteria and even dead individuals of the same species constitute convenient food sources for fresh water isopods whereas moulds are preferred.

The results of the DNA-analysis show that fresh water isopods prefer to stay for foraging in soil sediments of stagnation areas in the pipes. Beside bacteria also protozoa and especially ascomycetes are preferred food sources. The research method developed in this thesis shows evidence of hygienic relevant micro-organisms in the drinking-water. Molecularbiological investigations of the contents of the guts are a profound base to characterize the biocenosis and thereby assess biologically the closed ecosystems. Furthermore changes in the composition of raw water, leaks in the pipe system or infiltrations can be recognized. Thus the efficiency of flushing can be evaluated. On one hand the occurrence of fresh water isopods indicate a disturbance of the ecosystem like increased food concentration. On the other hand they are a useful indicator to assess the drinking-water quality and allow for early detection of technical problems in public water supplies.

Inhaltsverzeichnis

	Seite:
1 Einleitung	1
1.1 Lebensraum Trinkwasserverteilungssystem	1
1.2 Wasserasseln in Trinkwasserverteilungssystemen	2
1.3 Fragestellung und Zielsetzung	3
2 Material und Methoden	5
2.1 Material	5
2.1.1 Isopoda	5
2.1.2 Fungi und Schwarzerlenblätter	7
2.1.3 Prokaryota	8
2.2 Methoden	8
2.2.1 Probenahme	9
2.2.2 Hälterung der Isopoden	10
2.2.3 Fressversuche	11
2.2.3.1 Fungi	11
2.2.3.2 Schwarzerlenblätter	12
2.2.3.3 Prokaryota	12
2.2.3.4 Fungi und Prokaryota	12
2.2.4 Morphologische Artbestimmung	13
2.2.5 Abtöten und Präparation der Tiere	14
2.2.6 Rasterelektronenmikroskopische EDX Untersuchungen	15
2.2.7 Lichtmikroskopische Untersuchungen	17
2.2.8 Chemikalien	17
2.2.9 DNA-Extraktion	18
2.2.9.1 DNA-Extraktion der Proben	18
2.2.9.2 Quantifizierung der DNA	18
2.2.10 Polymerase-Kettenreaktion (PCR)	19
2.2.10.1 Amplifikation der 16S rDNA	19
2.2.10.2 Amplifikation der 18S rDNA	20

4.5.1.2 Fressversuche <i>Asellus aquaticus</i> / Schwarzerlenblätter	76
4.5.1.3 Hungerversuch <i>Asellus aquaticus</i>	77
4.5.2 Freilandproben	78
4.5.2.1 Freilandprobe <i>Asellus aquaticus</i>	78
4.5.2.2 Freilandproben <i>Proasellus cavaticus</i>	79
4.5.3 Fazit	80
5 Zusammenfassung	82
6 Literaturverzeichnis	85
7 Anhang	95
7.1 Streubereiche & Mittelwerte der maximalen Identitäten	96
7.2 Sequenzlängen & maximale Identitäten	99
7.3 Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern	116
7.4 Originalsequenzen der ermittelten Taxa	130
7.5 Verzeichnis der Abbildungen	174
7.6 Verzeichnis der Tabellen	179
7.7 Liste der Abkürzungen	185

1 Einleitung

In §4 der Trinkwasserverordnung wird definiert, dass Wasser für den menschlichen Gebrauch frei von Krankheitserregern, genusstauglich und rein sein muss (TrinkwV 2001). Viele Endverbraucher denken daher, dass unser wichtigstes Grundnahrungsmittel steril und somit frei von Mikroorganismen und anderen Lebewesen ist. Doch Trinkwasser ist kein unbelebtes Medium, sondern ein belebtes, in seiner Gänze jedoch noch immer wenig erforschtes System.

1.1 Lebensraum Trinkwasserverteilungssystem

Alle Systeme zur Gewinnung, Aufbereitung und Verteilung von Trinkwasser sind von Organismen besiedelt (RATHSACK & MICHELS 2006). Schätzungsweise 95 % der gesamten Biomasse in Trinkwasserverteilungssystemen befinden sich nach FLEMMING et al. (2002) auf den Rohroberflächen. Die Mikroorganismen sind hierbei in einer Matrix aus extrazellulären polymeren Substanzen (EPS) eingebettet, die von ihnen selbst produziert werden (FLEMMING & WINGENDER 2010). Das Zusammenleben in solchen Biofilmen bietet nach FLEMMING (2009) den unterschiedlichsten Taxa zahlreiche ökologische Vorteile, so dass beinahe alle Mikroorganismen in biofilmähnlichen Aggregaten leben. KEINÄNEN et al. (2004) geben an, dass die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft eines Biofilms im Trinkwasserverteilungsnetz von ganz unterschiedlichen Parametern, wie z. B. der chemischen Zusammensetzung des Rohwassers, der Art der Wasseraufbereitung, der Wassertemperatur aber auch dem Material und der Beschaffenheit der verbauten Rohre abhängt. VAN DER KOOIJ (1999) beschreibt, dass schon geringste Konzentrationen biologisch abbaubarer Substanzen im Trinkwasser eine erhebliche Biofilmbildung verursachen können. Die wichtigste Maßnahme zur Vermeidung einer übermäßigen Biofilmbildung stellt somit sicherlich eine Limitierung von Nährstoffen im System dar. Daher sollten auch alle in Trinkwasserverteilungsnetzen verwendeten Materialien, die mit dem Wasser in Kontakt kommen, nicht biologisch verwertbar sein. Neben den in Biofilmen gebundenen oder im Wasserkörper frei suspendierten Bakterien sind in diesen Ökosystemen auch bakterienfressende Protozoen und selbst kleine Metazoen, wie zum Beispiel Rädertiere, „Würmer“ (Anneliden, Nematoden und Plathelminthen) und Kleinkrebse (Cladoceren, Copepoden, Ostracoden und Isopoden) anzutreffen (VAN LIVERLOO et al. 2012). Eine Aufkonzentration von Biomasse

se in Biofilmen kann als Nahrungsquelle für bakterienfressende Taxa fungieren und gegebenenfalls eine Massenentwicklung dieser Organismen nach sich ziehen – auch die von Wasserasseln.

Aktuell werden bei standardisierten mikrobiologischen Trinkwasseruntersuchungen nach Trinkwasserverordnung lediglich die zum Zeitpunkt der Probenahme in der Wasserphase befindlichen und durch anschließende Kultivierung nachweisbaren Bakterien erfasst. Hygienisch ebenfalls relevante Taxa, wie pathogene Bakterien oder Mikroorganismen fäkalen Ursprungs, die auf Grenzflächen oder in Zwischenräumen ansiedeln und persistieren können (z. B. MORITZ et al. 2010; BRESSLER et al. 2009; FEAZEL et al. 2009; DONLAN 2002; SZEWZYK et al. 2000), bleiben hierdurch jedoch zumeist unerkannt. RATHSACK und MICHELS (2006) weisen zudem darauf hin, dass einheitliche Verfahren zur Beprobung und Bewertung von tierischen Organismen im Trinkwasser sogar gänzlich fehlen. Detaillierte Kenntnisse über die Lebensgemeinschaften in diesen Habitaten geben jedoch nicht nur Aufschluss über die Nährstoffsituation im Verteilungssystem, sie stellen gleichzeitig auch ein geeignetes Mittel dar, um mögliche technische und/oder hygienische Probleme rechtzeitig erkennen, bewerten und beheben zu können.

1.2 Wasserasseln in Trinkwasserverteilungssystemen

Asseln (Isopoden) bilden eine artenreiche Gruppe innerhalb der Krebstiere und besiedeln sehr unterschiedliche Biotope. Es gibt einige rein terrestrische Formen, doch die meisten Taxa leben im Meer oder im Süßwasser. Auch Trinkwasserverteilungssysteme stellen geeignete Lebensräume für Wasserasseln dar. Obwohl bei Rohrspülungen oftmals keine lebenden oder toten Individuen gefunden werden, kann über deren Ausscheidungsprodukte, kleine rostbraune Pellets, auf die Anwesenheit der Tiere geschlossen werden. Über das Vorkommen von Wasserasseln in Trinkwasserverteilungssystemen existieren zahlreiche, wenn auch zumeist ältere Berichte (z. B. MITCHAM & SHELLY 1980; BEGER et al. 1966; SCHWARZ et al. 1966; ENGLISH 1958; HOLLAND 1956; TURNER 1956; HEUSDEN 1948 und KEMPER 1933a, b). Einige aktuellere Fachbeiträge zum Thema liegen aus Holland (VAN LIEVERLOO et al. 2004), Dänemark (CHRISTENSEN et al. 2011b; 2012) und Deutschland (GUNKEL & SCHEIDELER 2011) vor. Zumeist handelt es sich bei den dokumentierten Tieren um Individuen der Art *Asellus aquaticus* (LINNÉ, 1758), welche in der populärwissenschaftlichen deutschen Literatur oftmals als

„Gemeine Wasserassel“ bezeichnet wird. Das Taxon ist in Europa weit verbreitet und besiedelt ein breites Spektrum unterschiedlicher Lebensräume. Populationen sind in kleinen Teichen, im Uferbereich von Seen aber auch in der Uferzone fließender Gewässer und vereinzelt sogar in unterirdischen Gewässern vorzufinden (z. B. HENRY & MAGNIEZ 1995, HENRY et al. 1994, SCHMALFUSS & SCHAWALLER 1984; DEELEMANN-REINHOLD 1965). *Asellus aquaticus* lässt sich im Labor problemlos halten und eignet sich daher sehr gut für unterschiedlichste Versuche und Untersuchungen.

Als wichtigste Eintragsquellen für Wasserasseln in Trinkwasserrohrsysteme führt CHRISTENSEN (2011a) den Weg über das Rohwasser, Rohrbrüche und Baumaßnahmen im Verteilungsnetz an. Die ersten dokumentierten Funde rein unterirdisch lebender Isopoden im Trinkwasser stammen von FUHLROTT (1849) aus einem Brunnen bei Elberfeld (heutiger Stadtteil Wuppertals). Zur heimischen Stygofauna zählt WÄGELE (2007) die Arten *Proasellus cavaticus* (LEYDIG, 1871), *Proasellus coxalis* (DOLLFUS, 1892), *Proasellus slavus* (REMY, 1948), *Proasellus nolli* (KARAMAN, 1952) und *Proasellus walteri* (CHAPPUIS, 1948). HENRY (1976) und GRUNER (1965) charakterisieren die genannten Taxa als bodenlebende und schlecht schwimmende Kleinkrebse. Die ökologischen und morphologischen Beschreibungen der Grundwasserarten sind jedoch noch immer überwiegend unvollständig und teilweise als sehr lückenhaft zu werten. Gründe hierfür sind in der schlechten Zugänglichkeit subterranean, aquatischer Lebensräume und in den daraus resultierenden technischen Problemen bei der Probeentnahme zu suchen. Massenvorkommen von sogenannten „Grundwasserasseln“ in Trinkwasserverteilungsnetzen wurden bislang nicht dokumentiert.

1.3 Fragestellung und Zielsetzung

Wasserasseln können sich als „Allesfresser“ von Bakterien, Pilzen, Pflanzen und Tieren ernähren (WÄGELE 2007). Doch welche Nahrungsquellen werden im primär nährstoffarmen Trinkwasser genutzt, welche werden präferiert? Um diese Fragen beantworten zu können, wurden Isopoden aus unterschiedlichen deutschen Trinkwasserverteilungssystemen über Hydrantenbeprobungen gesammelt und parallel hierzu Tiere im Labor unter definierten Bedingungen gehalten und mit unterschiedlichen Nahrungsquellen gefüttert. Die Darminhalte ausgewählter Asseln wurden molekularbiologisch auf Basis der 16S

und 18S rDNA untersucht und charakterisiert. Ergänzend hierzu wurden elektronen- und lichtmikroskopische Untersuchungen durchgeführt.

Ziel der vorliegenden Arbeit ist es zu klären, ob über diese innovative Untersuchungsmethode neue Erkenntnisse zur Ernährungsweise von Wasserasseln in Trinkwassersystemen und gleichzeitig detailliertere Informationen über die komplexen Lebensgemeinschaften, einschließlich der für den Menschen hygienisch relevanten Taxa, in diesen abgeschlossenen Ökosystemen gewonnen werden können. Auch soll geklärt werden, ob sich Isopoden als mögliche Indikatororganismen zur Beurteilung der jeweiligen Trinkwasserqualität eignen.

2 Material und Methoden

2.1 Material

In diesem Kapitel werden die verwendeten Organismen vorgestellt und die zoologischen Fachtermini definiert.

2.1.1 Isopoda

Wasserasseln wurden zwischen September 2010 und November 2012 aus unterschiedlichen deutschen Trinkwasserverteilungssystemen über Hydrantenspülungen entnommen (Abschn. 2.2.1) und deren Darminhalte molekularbiologisch untersucht (Abschn. 2.2.9-2.2.12). Parallel hierzu wurden aus diesen Proben stammende Individuen von *Asellus aquaticus* (Abb. 1) an der Universität Paderborn unter definierten Bedingungen gehältert (Abschn. 2.2.2), in unterschiedlichen Fressversuchen eingesetzt (Abschn. 2.2.3) und hieraus stammende Darminhalte ebenfalls molekularbiologisch analysiert. Ergänzend hierzu wurden an ausgewählten Darmpräparaten rasterelektronenmikroskopische Untersuchungen durchgeführt (Abschn. 2.2.6).



Abb. 1: Habitus eines männlichen Individuums von *Asellus aquaticus* (Lateralansicht)

Detaillierte Kenntnisse zur Morphologie von Isopoden stellen die wichtigste Grundlage für eine exakte Artbestimmung und erfolgreiche Präparation der Asseldärme dar. Am Beispiel der Habituszeichnung eines Individuums von *Asellus aquaticus* (Abb. 2) wird der typische Körperbau heimischer Wasserasseln nachfolgend beschrieben. Die in die-

ser Arbeit verwendeten zoologischen Fachbegriffe und Abkürzungen werden in Tab. 1 definiert.

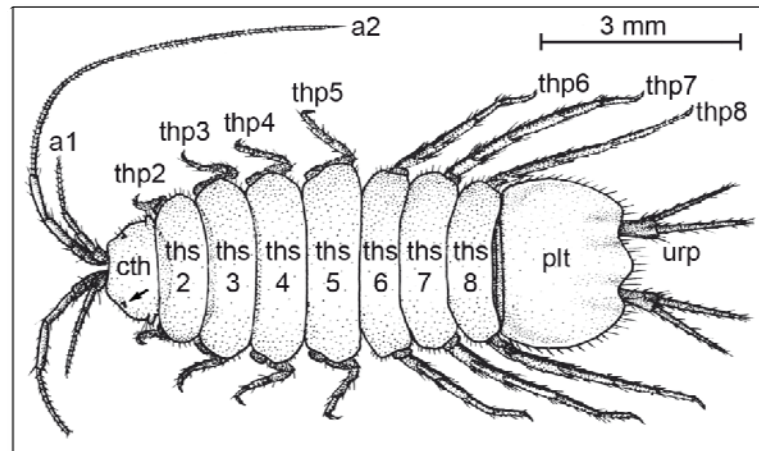


Abb. 2: Habitus von *Asellus aquaticus*, ♀ (Dorsalansicht); Original in Anlehnung an G. O. SARS, 1897; modifizierte Vorlage nach GRUNER (1965)

Adulte männliche Tiere von *Asellus aquaticus* erreichen Körperlängen zwischen 12 und 20 mm, weibliche Individuen solche zwischen 8 und 15 mm (GRUNER 1965). Der Körper oberirdisch lebender Populationen ist meist dunkelbraun oder graubraun gefärbt, lediglich an den Muskelansatzstellen der Extremitäten sind hellere Flecken erkennbar (Abb. 1). WÄGELE (2007) beschreibt, dass Tiere aus unterirdischen Gewässern weniger oder nicht pigmentiert sind. Der Kopf ist etwa doppelt so breit wie lang, wobei der Vorderrand konkav ausgebuchtet und dabei wesentlich kürzer als der Hinterrand ist. Der lang-ovale Körper ist etwa 2,5- bis 3-mal so lang wie breit und hat seine größte Breite am 4. und 5. Thorakomer. An den Seitenrändern der Segmente und des Pleotelsons befinden sich kurze Borsten. Seitlich am Kopf besitzen die Tiere kleine schwarze Augen (Abb. 2, Pfeil).

Begriff	Abkürzung	Erklärung
Antenna	a2	zweite Extremität der Euarthropoden, Antenne 2
Antennulla	a1	erste Extremität der Euarthropoden, Antenne 1
Cephalothorax	cth	spezieller Terminus für die Erweiterung des Kopfes von Crustaceen unter Einbezug und Spezialisierung weiterer Körpersegmente und den entsprechenden Extremitäten
Crustacea distal		Krebse, Krebstiere, Krustentiere vom Körper entfernt
Endopodit	en	Innenast der Euarthropoden-Extremität
Exopodit	ex	Außenast der Euarthropoden-Extremität
Euarthropoda		„Echte“ Arthropoda (Gliederfüßer)

Genitalpapille	gen. pap.	am Übertrag der Spermaflüssigkeit an die Pleopoden 1 beteiligt
Gonopode		Extremität zur sexuellen Fortpflanzung, bei Isopoda Pleopod 2
lateral/laterad		an der Außenseite / nach außen
Maxilla	mx2	Maxille 2 = 5., ursprünglich erstes Rumpfbein des Euarthropodenkörpers, in der Stammlinie zu den Eucrustacea zum letzten Kopfbein werdend, aber erst innerhalb der Eucrustacea in einigen Taxa als Mundwerkzeug differenziert
Maxillula	mx1	Maxille 1 = 4. Bein des Euarthropodenkopfes, Mundwerkzeug
medial		zur Mitte hin, an der Innenseite
Pleon		hinterer Teil des Thorax der Malacostraca = Thorax II
Pleomer		Pleonsegment
Pleopod	plp	Schwanzbein des Pleon
Pleotelson	plt	Körperabschnitt aus einem oder mehrerer Pleomeren und dem Telson bestehend
Protopodit	prot	basaler Abschnitt der Euarthropoden-Extremität, primär vermutlich ungegliedert oder dreigliedrig
proximal		in der Nähe des Körpers
Telson	tel	konischer Endabschnitt der Crustacea, davor die Sprossungszone, am Ende der After und ventroterminal die Insertionsorte der Furkaläste
Thorakomer	ths	beintragendes Rumpfsegment der Eucrustacea
Thorakopod	thp	nachmaxillare Extremität der Eucrustacea
Uropod	urp	speziell umgebildeter letzter (6.) Pleopod

Tab. 1: Terminologie Crustacea

2.1.2 Fungi und Schwarzerlenblätter

Bei Voruntersuchungen zu dieser Arbeit konnte im Juli 2010 das zu den Schlauchpilzen zählende Taxon *Cladosporium herbarum* in der Wasserphase einiger deutscher Trinkwasserverteilungssysteme nachgewiesen werden (Abb. 3). GRAÇA et al. (1993a, b; 1994) beschreiben, dass in Oberflächengewässern der Pilzaufwuchs von Blättern, z. B. Schwarzerlenblättern, eine wichtige Nahrungsquelle für *Asellus aquaticus* darstellt. Um abzuklären, ob auch in Trinkwassersystemen Pilze von Wasserasseln gefressen werden (Abschn. 2.2.3.1), wurde eine Reinkultur von *Cladosporium herbarum* (DSM-Nr. 63422) über die Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (Leibnitz-Institut, Braunschweig) bezogen. Parallel hierzu wurden im August 2010 Schwarzerlenblätter (*Alnus glutinosa*) für begleitende Fressversuche (Abschn. 2.2.3.2) im Freiland gesammelt.

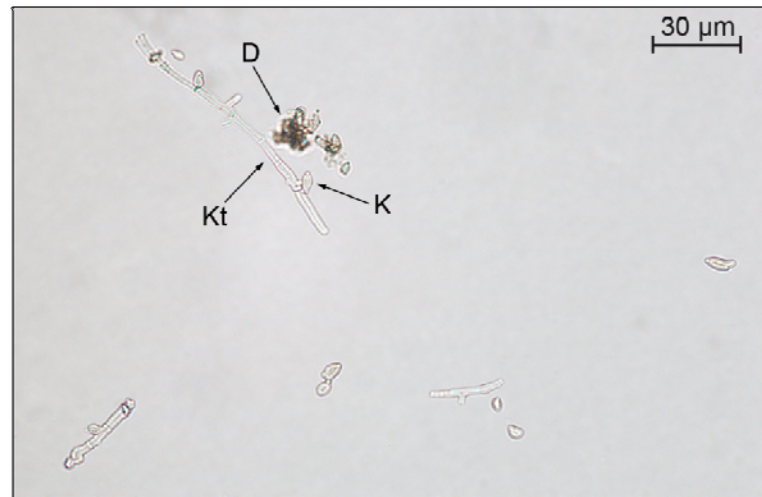


Abb. 3: *Cladosporium herbarum* aus einem deutschen Trinkwasserverteilungssystemen (Kt: Konidienträger, K: Konidien, D: Detritus)

2.1.3 Prokaryota

Ausgewählten Wasserasseln wurden in verschiedenen Fressversuchen Kulturen der von KALMBACH et al. (1999) aus Biofilmen des Berliner Trinkwassersystems beschriebenen Bakterienart *Aquabacterium commune* und dem aus einem deutschen Tagebau-Brunnen isolierten Actinobacterium *Marmoricola spec.* (SCHRÖDER 2011, persönliche Mitteilung) angeboten (Abschn. 2.2.3.3 und 2.2.3.4). Die Flüssigkulturen wurden von der FG Umweltmikrobiologie, TU Berlin zur Verfügung gestellt.

2.2 Methoden

In diesem Kapitel werden die Probenahme (Abschn. 2.2.1), die Hälterung der Isopoden (Abschn. 2.2.2), die Versuchsbedingungen bei den unterschiedlichen Freßversuchen (Abschn. 2.2.3), die morphologische Artbestimmung der Asseln (Abschn. 2.2.4), das Abtöten und Präparieren der Krebse (Abschn. 2.2.5) sowie die rasterelektronenmikroskopischen EDX Untersuchungen (Abschn. 2.2.6) und die lichtmikroskopischen Untersuchungen (Abschn. 2.2.7) beschrieben. Anschließend werden die verwendeten Chemikalien (Abschn. 2.2.8) dargestellt und die DNA-Extraktion (Abschn. 2.2.9) sowie die Versuchsbedingungen für die Amplifikation der DNA (Abschn. 2.2.10) mit nachfolgender Sequenzierung (Abschn. 2.2.11) und Auswertung der Ergebnisse (Abschn. 2.2.12) erläutert.

2.2.1 Probenahme

Da eine direkte Beprobung der Rohroberflächen von Trinkwasserverteilungssystemen nicht oder nur mit sehr hohem technischen Aufwand realisiert werden kann, wurde im gewählten Netzabschnitt eine ausreichend hohe Fließgeschwindigkeit erzeugt über deren hydraulischen Wirkung Isopoden von den Rohrrinnenwandungen abgelöst, aber möglichst unbeschädigt in die Wasserphase überführt und über spezielle 25 µm- und 100 µm-Edelstahl-Filtergazen (Abb. 4B) gesammelt wurden. Der jeweilige zu beprobende Hydrant wurde hierzu über ein Standrohr mit einem C-Schlauch an einer speziellen Beprobungs- und Filterapparatur (Scheideler Verfahrenstechnik GmbH, Haltern) angeschlossen (Abb. 4A). Für den Transport wurden die Isopoden in mit 500 ml Leitungswasser gefüllte 1-Liter-Polyethylen-Weithalsflaschen überführt und in einer Kühlbox gelagert.



Abb. 4: A. Mobile Beprobungs- und Filterapparetureinheit der Firma Scheideler Verfahrenstechnik GmbH
B. Roter Pfeil markiert die Position der 100 µm-Filtereinheit

In dieser Arbeit wird auf Wunsch der Betreiber der beteiligten Wasserwerke und Trinkwasserverteilungssysteme keine Nennung der Probenahmestandorte vorgenommen. Die verwendeten Probenbezeichnungen lassen somit keine Rückschlüsse auf die Entnahmestellen zu.

2.2.2 Hälterung der Isopoden

Individuen von *Asellus aquaticus* wurden nach der Probenahme für ca. 2 Sekunden in 20 %-igem Propanol und anschließend für ca. 5 Sekunden in VE-Wasser gewaschen. Danach wurden die Tiere in mit 2,5 Liter 0,2 µl-sterilfiltriertem Leitungswasser gefüllte Glas-Exsikkatoren überführt (Abb. 5). Täglich wurden mit einer sterilen Pipette Kotpellets vom Boden der Gefäße abgesammelt und danach ca. 30 % des Wassers in den Reaktoren durch frisches, sterilfiltriertes Leitungswasser ersetzt. Um eine möglichst konstante, kühle Wassertemperatur in den Zuchtreaktoren gewährleisten zu können, wurde ein abgedunkelter Kellerraum an der Universität Paderborn als Labor genutzt. Sauerstoff wurde über handelsübliche Aquarien-Luftpumpen (Firma Eheim) in die geschlossenen Systeme eingebracht. Sämtliche verwendeten Schläuche und andere in den Reaktoren befindliche Bauteile wurden vor Versuchsbeginn autoklaviert. Die Wasserqualität wurde täglich auf die Parameter Sauerstoffgehalt, pH, elektrische Leitfähigkeit und Wassertemperatur hin untersucht. In Tab. 2 sind die über die Versuchsdauer gemessenen Werte dargestellt. Um die Ergebnisse der Fressversuche nicht zu verfälschen, verblieben die Tiere für 6 Wochen in diesen Exsikkatoren und wurden bis zur Überführung in die jeweiligen Versuchsreaktoren nicht gefüttert. Nach HENRY (1976) überleben Wasserasseln bis zu 18 Monate im Labor ohne Nahrung.

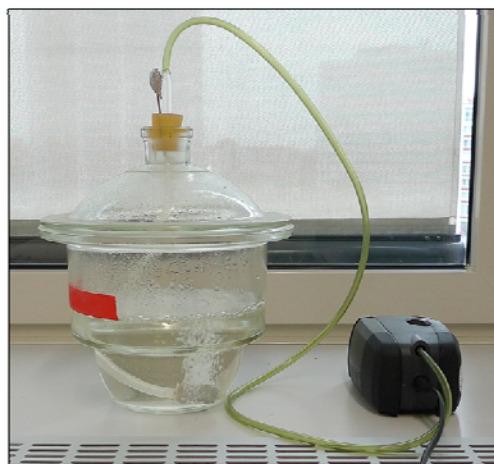


Abb. 5: Hälterungs- und Versuchsreaktor

Parameter	Wert	Einheit
Sauerstoffgehalt	8,9 bis 9,7	mg/l
pH-Wert	7,3 bis 7,6	–
elektrische Leitfähigkeit	529 bis 573	µS/cm
Wassertemperatur	9,9 bis 12,8	°C

Tab. 2: Physikalische Wasserparameter während der Hälterung der Isopoden in den Reaktoren

2.2.3 Fressversuche

Die für die unterschiedlichen Fressversuche verwendeten Reaktoren entsprachen im Aufbau den unter Abschn. 2.2.2 beschriebenen Hälterungsreaktoren. Jeder Exsikkator war auch hier mit jeweils 2,5 Liter 0,2 µl-sterilfiltriertem Leitungswasser gefüllt. Das Wasser wurde während der jeweiligen Versuchsdauer nicht ausgetauscht.

2.2.3.1 Fungi

Die von der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen bezogene Reinkultur von *Cladosporium herbarum* (Abschn. 2.1.2) wurde auf gebrauchsfertigen 90 mm Agarplatten (VWR International GmbH, Darmstadt; Tab. 3) im Brutschrank bei einer von SCHUBERT et al. (2007) empfohlenen optimalen Wachstumstemperatur von 25 °C für 9 bis 11 Wochen kultiviert.

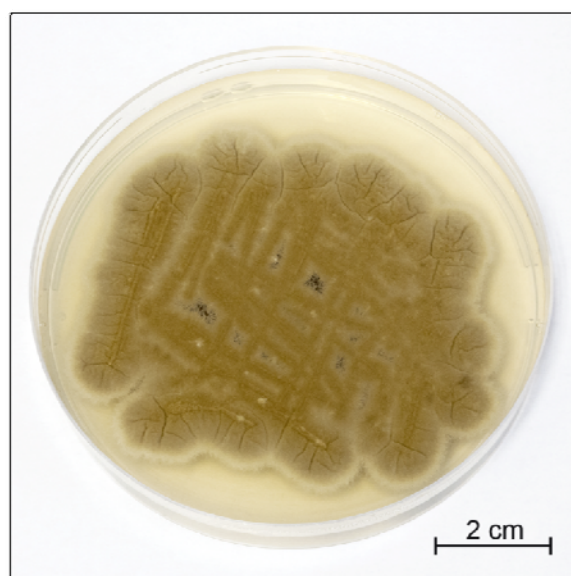


Abb. 6: Myzel von *Cladosporium herbarum* auf Agar; nach 10 Wochen bei 25 °C im Brutschrank

Danach wurden die Myzelien (Abb. 6) flächig mit einem sterilen, breiten Laborspatel (100 x 20 mm) vorsichtig vom Nährboden abgetragen und in einen Reaktor überführt. Zum Start des Versuchsansatzes wurden 20 adulte Individuen von *Asellus aquaticus* in den Reaktor eingesetzt, nach 10 Tagen wieder entnommen, bis auf Artniveau bestimmt und danach deren Därme präpariert.

2.2.3.2 Schwarzerlenblätter

Die im Freiland gesammelten Schwarzerlenblätter (Abschn. 2.1.2) wurden in mit 400 ml 0,2 µl-sterilfiltriertem Leitungswasser gefüllten und zuvor autoklavierten 0,5-Liter-Weithalsflaschen eingelegt und dort für die Dauer von 6 Wochen quellen gelassen. Danach wurden 4 6x6 cm große Blattstücke ausgeschnitten und diese in einen Versuchsreaktor überführt. Auch zum Start dieses Versuchsansatzes wurden 20 adulte Individuen von *Asellus aquaticus* in den Reaktor eingesetzt. Nach 10 Tagen wurden die Tiere aus dem Versuchsgefäß entnommen, bis auf Artniveau bestimmt und die Därme präpariert.

2.2.3.3 Prokaryota

Die in jeweils 1000 ml Flüssignährmedium vorliegenden stationären Reinkulturen von *Aquabacterium commune* und *Marmoricola spec.* (Abschn. 2.1.3) wurden über eine Wasserstrahlpumpe auf den entsprechenden Cellulose-Acetatfilter (Sartorius GmbH, Göttingen; Durchmesser 48 mm) mit einer Porengröße von 0,45 µm aufgetragen. Anschließend wurden beide Filter zusammen mit einem unpräparierten Filter als Kontrolle in einen Versuchsreaktor überführt (Abschn. 3.3.1), 10 Individuen von *A. aquaticus* mittig zwischen den Filtern eingesetzt und dort für die Zeitdauer von 5 Tagen belassen. An den ersten 4 Tagen wurde die Versuchsanordnung jeweils täglich um 7 Uhr und um 17 Uhr und am 5. Tag abschließenden um 7 Uhr per Digitalkamera dokumentiert.

2.2.3.4 Fungi und Prokaryota

In weiteren Fressversuchen wurden jeweils 10 Individuen von *Asellus aquaticus* Myzelien von *Cladosporium herbarum* (Abschn. 2.1.2) und eine Bakterienreinkultur des Taxons *Marmoricola spec.* (Abschn. 2.1.3) als Nahrungsquelle angeboten. Hierzu wurden die Myzelien vorsichtig, wie in Abschn. 2.2.3.1 beschrieben, vom Nährmedium abge-

tragen, in 500 ml 0,2 µl-sterilfiltriertes Leitungswasser überführt und anschließend die sich in dieser Suspension befindlichen Pilzfäden über eine Wasserstrahlpumpe auf die Oberfläche eines Cellulose-Acetatfilters (Durchmesser 48 mm) mit einer Porengröße von 0,45 µm aufgetragen. Über denselben Arbeitsschritt wurde auch eine in 1000 ml Flüssignährmedium befindliche stationäre Reinkultur von *Marmoricola* spec. auf eine Filteroberfläche überführt. Um den Fütterungsversuch parallel zweimal durchführen zu können, wurden die Filter jeweils mit einer autoklavierten Metallschere halbiert. Über einen Zeitraum von 9 Tagen wurden dabei täglich um 7 und 19 Uhr die Versuchsanordnungen per Digitalkamera dokumentiert (Abschn. 3.3.2).

2.2.4 Morphologische Artbestimmung

Zur exakten morphologischen Artbestimmung der unterschiedlichen Isopodentaxa ist die Präparation und mikroskopische Identifikation der ventral am Pleotelson befindlichen 2. Pleopoden der männlichen Tiere das aktuell verlässlichste Bestimmungsmerkmal (Abb. 7).

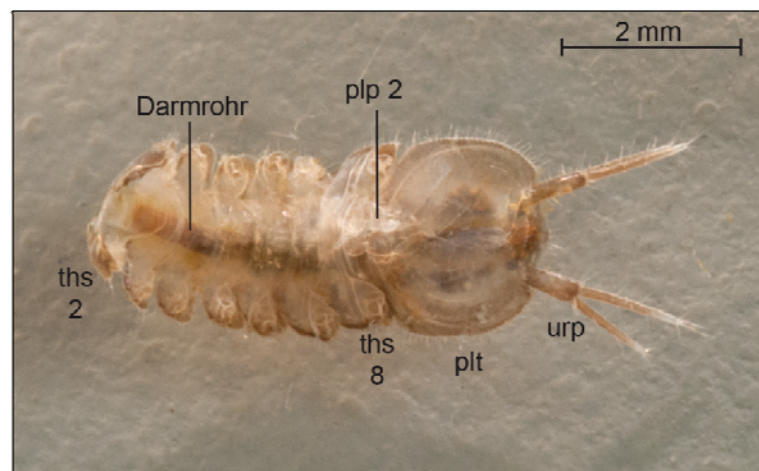


Abb. 7: Lage des Pleopoden 2 (plp 2) am Pleotelson (plt) von *Asellus aquaticus*, ♂ (Ventralansicht); Cephalothorax und Thorakopoden wurden abpräpariert; mit Nahrungsbrei gefüllter Darm

Lage und Aufbau dieser spezialisierten, im Dienste der Reproduktion stehenden Pleopoden 2 ist in Abb. 8 am Beispiel der „Gemeinen Wasserassel“ dargestellt. Bei *Asellus aquaticus* ist die Protopodit (gelb) der Gonopoden jeweils vergrößert, der Exopodit (blau) zweigliedrig und mit einem breiten, gerundeten 2. Glied versehen. Der Endopodit (grün) besitzt einen für die Art charakteristischen langen Sporn, der zur Bauchseite ge-

richtet ist. Da nach WÄGELE (2007) in Deutschland Verwechslungen von *A. aquaticus* mit *Proasellus meridianus* (RACOVITZA, 1919), einer Art, die auch Augen besitzt, pigmentiert sein kann und an einigen Orten zusammen mit *Asellus aquaticus* vorkommt, möglich sind, wurden für die durchgeführten Untersuchungen ausschließlich adulte männliche Tiere verwendet.

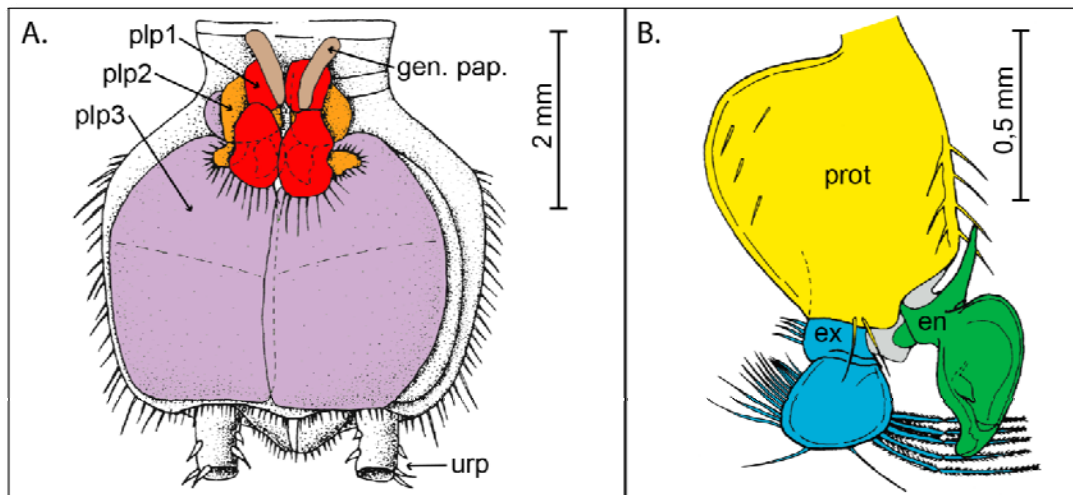


Abb. 8: A. Detailszeichnung Pleotelson von *Asellus aquaticus*, ♂ (Ventralansicht); modifizierte Vorlage nach RACOVITZA (1919)
 B. Detailszeichnung Pleopod 2 von *Asellus aquaticus*, ♂ (grau = Strukturen/Elemente unsicherer Zuordnung), modifizierte Vorlage nach STAMMER (1932)

2.2.5 Abtöten und Präparation der Tiere

Die im Rahmen der molekularbiologischen, rasterelektronenmikroskopischen, lichtmikroskopischen und fotografischen Untersuchungen verwendeten Tiere wurden nach der Probenahme oder nach Beendigung der jeweiligen Freßversuche in 70 %-igem Propanol abgetötet und bis zur Präparation der Gonopoden und des Darmrohrs in kleinen Schnappdeckelgläschen aufbewahrt, welche mit einem Zahlencode versehen waren, um die Tiere später zuordnen zu können. Die Pleopoden 2 aller untersuchten männlichen Tiere wurden unter einer Stereolupe (Elvar der Firma Leitz, Wetzlar) mit Hilfe einer Kaltlichtquelle (KL 1500 der Firma Schott) als Oberlicht präpariert und anschließend unter dem Lichtmikroskop (DM 2500 der Firma Leica) charakterisiert und mit einer Mikroskopkamera (DFC 425 der Firma Leica) digital dokumentiert. Zur Darmpräparation wurde den Tieren zunächst der Cephalothorax und die Thorakopoden entfernt. Anschließend wurde das Darmrohr vorsichtig freigelegt (Abb. 9). Bis zur DNA-Extraktion wurden die Asseldärme bei -20 °C im Tiefkühlschrank kurzfristig gelagert. Die im

Rahmen der rasterelektronenmikroskopischen Untersuchungen verwendeten Isopoden-därme wurden bis zur Weiterbearbeitung in 70 %-igem Propanol konserviert.

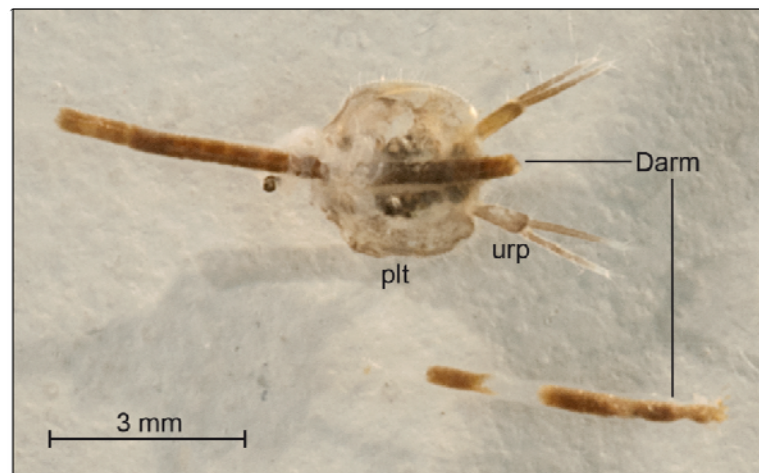


Abb. 9: Darmpräparation bei *Asellus aquaticus* (Ventralansicht)

2.2.6 Rasterelektronenmikroskopische EDX Untersuchungen

Eine qualitative chemische Charakterisierung biologischer Proben im mikroskopischen Maßstab kann am Rasterelektronenmikroskop (REM) mittels Energiedispersiver Röntgenanalyse (EDX) zerstörungsfrei durchgeführt werden. Hierbei werden die Atome im Untersuchungsobjekt durch einen Elektronenstrahl einheitlicher Energie angeregt, woraufhin die Atome instantan Röntgenstrahlung einer für das jeweilige Element spezifischen Energie aussenden. Diese charakteristische Röntgenstrahlung gibt Aufschluss über die Elementzusammensetzung der Probe, wobei chemische Elemente ab der Ordnungszahl 6 (Kohlenstoff) bestimmt werden können. Die Auswertung der Ergebnisse erfolgt über EDX-Spektren (Absch. 3.4). Die Kritisch-Punkt-Trocknung der Asseldärme wurde in der Zentralen Einrichtung Elektronenmikroskopie an der Universität Ulm durchgeführt, das Bedampfen des Materials sowie alle rasterelektronenmikroskopischen EDX-Untersuchungen an der Zentraleinrichtung Elektronenmikroskopie (ZELMI) der Technischen Universität Berlin. Vor der Kritisch-Punkt-Trocknung wurden ausgewählte Asseldärme in eine Alkoholreihe überführt. Hierbei wurden sie langsam über 80 %-iges und 90 %-iges in 100 %-iges Propanol überführt. Die geringe Größe der Asseldärme und damit die Gefahr eines Verlustes der Präparate bei der Kritisch-Punkt-Trocknung erforderte die Anfertigung spezieller Trocknungsgefäße (Abb. 10). Handelsüblichen Eppendorf-Gefäßen wurden zu diesem Zweck die Spitze entfernt und

das somit offene Ende mit einer 55- μm -Gazeschicht verschlossen. Der innere Deckelbereich der Eppendorf-Gefäße wurde mit einer Lochzange ausgestanzt und ebenfalls mit 55- μm -Gaze versehen.

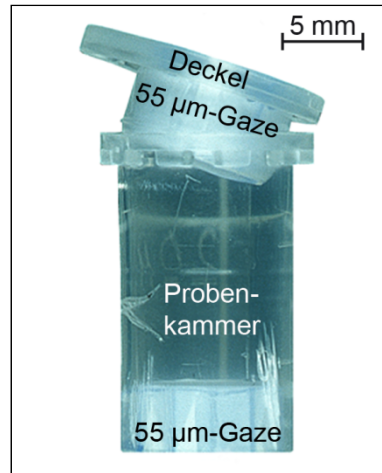


Abb. 10: Trocknungsgefäß

Nachdem die Proben in die Trocknungsgefäße überführt waren, wurde das Material in einem Kritisch-Punkt-Trockner (CPD 030 der Firma Balzers Union) mit flüssigem Kohlendioxid getrocknet. Um Verwechslungen ausschließen zu können befand sich immer nur ein Asseldarm in einem Gefäß. Die getrockneten Proben wurden unter der Stereolupe und Zuhilfenahme eines auf einen Glimmspan geklebten Haares auf einen mit einem Leit-Tab versehenen Aluminium-Probenteller (Durchmesser = 12 mm der Firma Plano GmbH, Wetzlar) aufgebracht. Die Lage der einzelnen Asseldärme auf dem Probenteller wurde mittels digitaler Fotografien dokumentiert (Abb. 11).

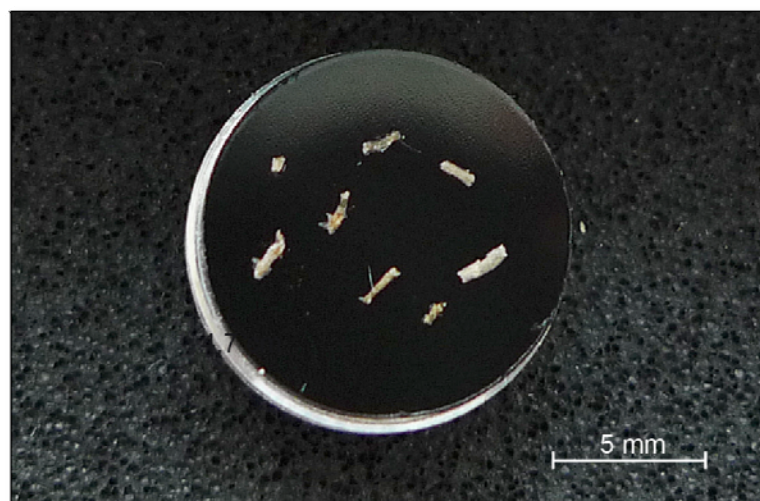


Abb. 11: Getrocknete Asseldärme auf einem Probenteller

In einer Aufdampfanlage (E12E2 der Firma Edwards) wurden die Proben mit einer ca. 8 nm dicken Kohlenstoffschicht versehen. Anschließend wurden die Därme bei 15 bis 20 kV und unterschiedlichen Blendeneinstellungen unter einem digitalen Rasterelektronenmikroskop (S-400 der Firma Hitachi) betrachtet und digitalisiert (Abschn. 3.4).

2.2.7 Lichtmikroskopische Untersuchungen

Die 2. Pleopoden aller im Rahmen der verschiedenen Untersuchungen verwendeten Iso-poden wurden an einem Lichtmikroskop bei unterschiedlichen Vergrößerungsstufen betrachtet und über eine Mikroskopkamera digital dokumentiert. Die mikroskopischen Untersuchungen wurden an der Universität Paderborn durchgeführt (Abschn. 2.2.5).

2.2.8 Chemikalien

Im Folgenden sind die in dieser Arbeit eingesetzten Chemikalien aufgelistet (Tab. 3, 4 und 5).

Chemikalie	Menge
Pepton aus Kasein	15 g/L
Soja-Pepton	5 g/L
NaCl	5 g/L
Agar	15 g/L

Tab. 3: Zusammensetzung der gebrauchsfertigen Agarplatten für die Kultivierung von *Cladosporium herbarum*

Name	Chemikalie	Menge
50x TAE	Tris	242 g
	Eisessig	57,1 ml
	0,5 M EDTA (pH 8,0)	100 ml
	Demineralisiertes Wasser (VE)	ad 1l
Gelladepuffer	Bromphenolblau	0,25 Vol.-%
	Xylencyanol	0,25 Vol.-%
	Glycerin in H ₂ O	30 Gew.-%

Tab. 4: Puffer und Lösungen für die Gelelektrophorese

Chemikalie	Hersteller
Agarose NEEO Ultra-Qualität	Roth, Karlsruhe
Bromphenolblau	Merck, Darmstadt
EDTA	Merck, Darmstadt
Eisessig	Merck, Darmstadt
Ethidiumbromid	Sigma, Steinheim
EURx GeneMATRIX Soil DNA Purification Kit	Roboklon, Berlin
Glycerin	Roth, Karlsruhe
PCR-Wasser	Fluka, Buchs (CH)
Perfect TM 100 bp DNA Ladder	Roboklon, Berlin
Primer 1387r (5' GGG CGG WGT GTA CAA GGC 3')	TIP MOLBIOL, Berlin
Primer 63f (5' CAG GCC TAA CAC ATG CAA GTC 3')	TIP MOLBIOL, Berlin
Primer Ami6F2 (5' CCA GCT CCA AGA GTG TAT ATT 3')	TIP MOLBIOL, Berlin
Primer Ami9R (5' GTT GAG TCG AAT TAA GCC GC 3')	TIP MOLBIOL, Berlin
Primer LR1 (5' GGT TGG TTT CTT TCC T 3')	TIP MOLBIOL, Berlin
Primer SR6R (5' AAG TAG AAG TCG TAA CAA GG 3')	TIP MOLBIOL, Berlin
2-Propanol	Merck, Darmstadt
TAE, 50x, pH 8	Bio-Rad Laboratories, München
<i>Taq</i> PCR MasterMix	Roboklon, Berlin
Tris	Bio-Rad Laboratories, München
Xylencyanol FF	Merck, Darmstadt

Tab. 5: Chemikalien für die Präparation der Isopoden, die PCR und die Gelelektrophorese

2.2.9 DNA-Extraktion

2.2.9.1 DNA-Extraktion der Proben

Die in den unterschiedlichen Proben befindliche DNA wurde mit dem zur Klonierung von Umweltproben geeigneten EURx GeneMATRIX Soil DNA Purification Kit (Roboklon, Berlin) nach den Anweisungen des Herstellers extrahiert, in 50 µl des im Kit enthaltenen Puffers eluiert und abschließend bei -20 °C gelagert.

2.2.9.2 Quantifizierung der DNA

Die Konzentration der extrahierten DNA wurde mit dem Nano Drop 2000c UV-Vis Spektrophotometer (Thermo Scientific, Wilmington, USA) gemessen. Zur Messung wurde jeweils 1 µl Probe eingesetzt. Als Nullprobe wurde der Elutionspuffer aus dem EURx GeneMATRIX Soil DNA Purification Kit (Roboklon, Berlin) verwendet.

2.2.10 Polymerase-Kettenreaktion (PCR)

Die PCR ist eine molekularbiologische Methode, bei der DNA *in vitro* und unter Verwendung eines Enzyms, einer thermostabilen DNA-Polymerase, sowie zwei passenden Oligonukleotidprimer, Pufferlösung und Nukleotiden über unterschiedliche Reaktions-temperaturen und -zeiten vervielfältigt wird. In den folgenden Abschnitten werden die Versuchsbedingungen der PCRs für die Klonierung der 16S und 18S rDNA (Abschn. 2.2.10.1 bis 2.2.10.2) und die Überprüfung der PCR-Produkte (Abschn. 2.2.10.3) beschrieben.

2.2.10.1 Amplifikation der 16S rDNA

Zur Vervielfältigung der aus den unterschiedlichen Darminhaltsproben (Tab. 7; Prokaryota) extrahierten DNA wurde die 16S rDNA mit dem von MARCHESI et al. (1998) publizierten Vorwärts-Primer 63f und Rückwärts-Primer 1387r (Tab. 5) mittels PCR amplifiziert. Jeder PCR-Ansatz enthielt bei einem Endvolumen von 50 μl jeweils 25 μl *Taq* PCR MasterMix (Roboklon, Berlin; Tab. 6), 1,5 μl Primer 63f, 1,5 μl Primer 1387r, zwischen 2 und 5 μl Template sowie zwischen 17 und 20 μl H₂O. Einige Proben wurden verdünnt (Tab. 7).

Reagenz	Endkonzentration
1x Pol Puffer B	1x
MgCl ₂	1,5 mM
Opti <i>Taq</i> DNA Polymerase	1,25 U
dNTP	0,2 mM (je dNTP)

Tab. 6: Zusammensetzung *Taq* PCR MasterMix

Probe	Verdünnung	Template (μl)	H ₂ O (μl)	<i>Taq</i> PCR Master Mix (μl)	Primer 63f (μl)	Primer 1387r (μl)
10P	–	2	20	25	1,5	1,5
11P	–	2	20	25	1,5	1,5
12P	1:100	2	20	25	1,5	1,5
13P	–	2	20	25	1,5	1,5
B1P	1:50	2	20	25	1,5	1,5
B2P	1:50	2	20	25	1,5	1,5
Br1P	–	2	20	25	1,5	1,5
E1P	–	2	20	25	1,5	1,5
EIP	–	2	20	25	1,5	1,5
EIIP	–	2	20	25	1,5	1,5

E45P	–	2	20	25	1,5	1,5
E11P	–	2	20	25	1,5	1,5
E1VP	–	2	20	25	1,5	1,5

Tab 7: Zusammensetzung der PCR-Ansätze für die Vervielfältigung der prokaryotischen DNA-Sequenzen

Für die PCR wurde der Thermocycler peqSTAR 96 Universal Gradient (PEQLAB Biotechnologie GmbH, Erlangen) verwendet. Nach einem 2-minütigem initialen Denaturierungsschritt bei 95 °C wurden 35 Zyklen bei 95 °C für 20 s, 55 °C für 30 s und 72 °C für 2 min durchgeführt. Die PCR wurde mit einer finalen Elongation für 10 min bei 72 °C abgeschlossen und dann auf 8 °C abgekühlt. Bei jeder PCR wurde ein Ansatz ohne DNA als Negativkontrolle mitgeführt.

2.2.10.2 Amplifikation der 18S rDNA

2.2.10.2.1 Laborfressversuche *Asellus aquaticus* / *Cladosporium herbarum*

Zur Vervielfältigung der aus den Darminhaltspuren (Tab. 8; Eukaryota, Fungi) extrahierten DNA wurde die 18S rDNA mit dem von GAMS & MEYER (1998) publizierten und für Pilz-DNA optimierten Vorwärts-Primer LR1 und Rückwärts-Primer SR6R (Tab. 5) mittels PCR amplifiziert. Jeder PCR-Ansatz enthielt bei einem Endvolumen von 50 µl jeweils 25 µl *Taq* PCR MasterMix (Roboklon, Berlin; Tab. 6), 1,5 µl Primer LR1, 1,5 µl Primer SR6R, 2 µl Template und 20 µl H₂O (Tab. 8).

Probe	Verdünnung	Template (µl)	H ₂ O (µl)	<i>Taq</i> PCR Master Mix (µl)	Primer 63f (µl)	Primer 1387r (µl)
10E	–	2	20	25	1,5	1,5
11E	–	2	20	25	1,5	1,5

Tab. 8: Zusammensetzung der PCR-Ansätze für die Vervielfältigung der eukaryotischen DNA-Sequenzen (Fressversuche mit *Cladosporium herbarum*, Fungi)

Für die PCR wurde der Thermocycler peqSTAR 96 Universal Gradient (PEQLAB Biotechnologie GmbH, Erlangen) verwendet. Nach einem 2-minütigem initialen Denaturierungsschritt bei 94 °C wurden 30 Zyklen bei 94 °C für 1 min, 50 °C für 1 min und 74 °C für 1,5 min durchgeführt. Die PCR wurde mit einer finalen Elongation für 7 min

bei 74 °C abgeschlossen und dann auf 4 °C abgekühlt. Bei jeder PCR wurde ein Ansatz ohne DNA als Negativkontrolle mitgeführt.

2.2.10.2.2 Freilandproben *Asellus aquaticus* und *Proasellus cavaticus*

Zur Vervielfältigung der aus den Darminhaltsproben (Tab. 9; Eukaryota) extrahierten DNA wurde die 18S rDNA mit dem von THOMAS et al. (2006) publizierten Vorwärts-Primer Ami6F2 und Rückwärts-Primer Ami9R (Tab. 5) mittels PCR amplifiziert. Jeder PCR-Ansatz enthielt bei einem Endvolumen von 50 µl jeweils 25 µl *Taq* PCR Master-Mix (Roboklon, Berlin; Tab. 6), 1,5 µl Primer Ami6F2, 1,5 µl Primer Ami9R, 2 µl Template und 20 µl H₂O. Einige Proben wurden verdünnt (Tab. 9).

Probe	Verdünnung	Template	H₂O	<i>Taq</i> PCR Master Mix	Primer Ami6F2	Primer Ami9R
		(µl)	(µl)	(µl)	(µl)	(µl)
B1E	1:50	2	20	25	1,5	1,5
B2E	1:50	2	20	25	1,5	1,5
Br1E	–	2	20	25	1,5	1,5
E1E	–	2	20	25	1,5	1,5
EVE	–	2	20	25	1,5	1,5
EVIE	–	2	20	25	1,5	1,5
E45E	–	2	20	25	1,5	1,5
EVIII	–	2	20	25	1,5	1,5
EVIII	–	2	20	25	1,5	1,5

Tab. 9: Zusammensetzung des PCR-Ansatzes für die Vervielfältigung der eukaryotischen DNA-Sequenzen (Freilandproben)

Für die PCR wurde der Thermocycler peqSTAR 96 Universal Gradient (PEQLAB Biotechnologie GmbH, Erlangen) verwendet. Nach einem 5-minütigen initialen Denaturierungsschritt bei 94 °C wurden 40 Zyklen bei 94 °C für 1 min, 55 °C für 30 s und 72 °C für 2 min durchgeführt. Die PCR wurde mit einer finalen Elongation für 10 min bei 72 °C abgeschlossen und dann auf 8 °C abgekühlt. Bei jeder PCR wurde ein Ansatz ohne DNA als Negativkontrolle mitgeführt.

2.2.10.3 Überprüfung der PCR-Produkte

Die erfolgreiche Amplifikation der PCRs wurde mittels Gelelektrophorese in einem 1%-igen Agarose-Gel (Roth, Karlsruhe) nachgewiesen. Als Gelpuffer wurde 1x TAE und als Laufpuffer 0,5x TAE verwendet. Es wurden jeweils 8 µl PCR-Produkt mit 2 µl

6x Gelladepuffer versetzt und auf das Gel aufgetragen. Für die Amplifikate wurde als Größenstandard 5 µl des Perfect™ 100 bp DNA Ladder (Roboklon, Berlin) eingesetzt. Die Auftrennung der DNA-Moleküle erfolgte für die PCR-Produkte der Prokaryonten-Ansätze bei 100 V für 60 min und für die PCR-Produkte der Eukaryonten-Ansätze bei 100 V für 90 min. Zur Detektion wurde das Agarosegel im Ethidiumbromidbad (1 µg/L in VE H₂O) für 20 min gefärbt und mit der Geldokumentation MultiImage™ Light Cabinet, AlphaImager® EC (Alpha Innotech, USA) fotografiert.

2.2.11 DNA-Sequenzierung

2.2.11.1 Sequenzierung der 16S rDNA

Die DNA-Sequenzierung wurde von der Firma Macrogen Inc. (Seoul, Südkorea) durchgeführt. Hierfür wurde der Primer 63f (Tab. 5) verwendet und pro Probe 48 Klone erstellt (Tab. 10; Prokaryota).

2.2.11.2 Sequenzierung der 18S rDNA

Die DNA-Sequenzierung wurde von der Firma Macrogen Inc. (Seoul, Südkorea) unter Verwendung des Primer LR1 (Tab. 5 und Tab. 10; Eukaryota, Fungi) oder Ami6F2 (Tab. 5 und Tab. 10; Eukaryota) durchgeführt. Pro Probe wurden 24 oder 48 Klone erstellt (Tab. 10).

Probe	Nachweis	Primer	Klone
10P	Prokaryota	63f	48
11P	Prokaryota	63f	48
10E	Eukaryota, Fungi	LR1	24
11E	Eukaryota, Fungi	LR1	24
12P	Prokaryota	63f	48
13P	Prokaryota	63f	48
B1P	Prokaryota	63f	48
B2P	Prokaryota	63f	48
B1E	Eukaryota	Ami6F2	48
B2E	Eukaryota	Ami6F2	48
Br1P	Prokaryota	63f	48
Br1E	Eukaryota	Ami6F2	48
E1P	Prokaryota	63f	48
EIP	Prokaryota	63f	48
E1IP	Prokaryota	63f	48
E1E	Eukaryota	Ami6F2	48

EVE	Eukaryota	Ami6F2	48
EVIE	Eukaryota	Ami6F2	48
E45P	Prokaryota	63f	48
EIIIP	Prokaryota	63f	48
EIVP	Prokaryota	63f	48
E45E	Eukaryota	Ami6F2	48
EVIIIE	Eukaryota	Ami6F2	48
EVIIIIE	Eukaryota	Ami6F2	48

Tab. 10: Zuordnung der verwendeten Primer und Anzahl der Klone für die DNA-Sequenzierung

2.2.12 Auswertung der Sequenzierungs-Ergebnisse

Die Ergebnisse der DNA-Sequenzierungen wurden mit dem Computerprogramm BioEdit Sequence Alignment Editor (Ibis Biosciences, USA) bearbeitet und anschließend unter Verwendung des Internet-Tools BLAST¹ über die jeweilige Sequenzabfolge das zum Zeitpunkt der Bearbeitung am nächsten verwandte Taxon gesucht.

¹<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

3 Ergebnisse

3.1 Probenahme

Bei Hydrantenspülungen an ausgewählten Standorten in deutschen Trinkwasserverteilungssystemen wurden an mehreren Entnahmepunkten Isopoden nachgewiesen und gesammelt. Das untersuchte Wasservolumen betrug dabei jeweils 1 m³. Charakteristisch für die Anwesenheit von Asseln war an allen Standorten eine gewisse Trübung und Braunfärbung der über einen 25 µm-Filter aufkonzentrierten Wasserproben (Abb. 12). Die Proben bestanden dabei bis zu 70 % aus Asselkot-Pellets (Abb. 13).

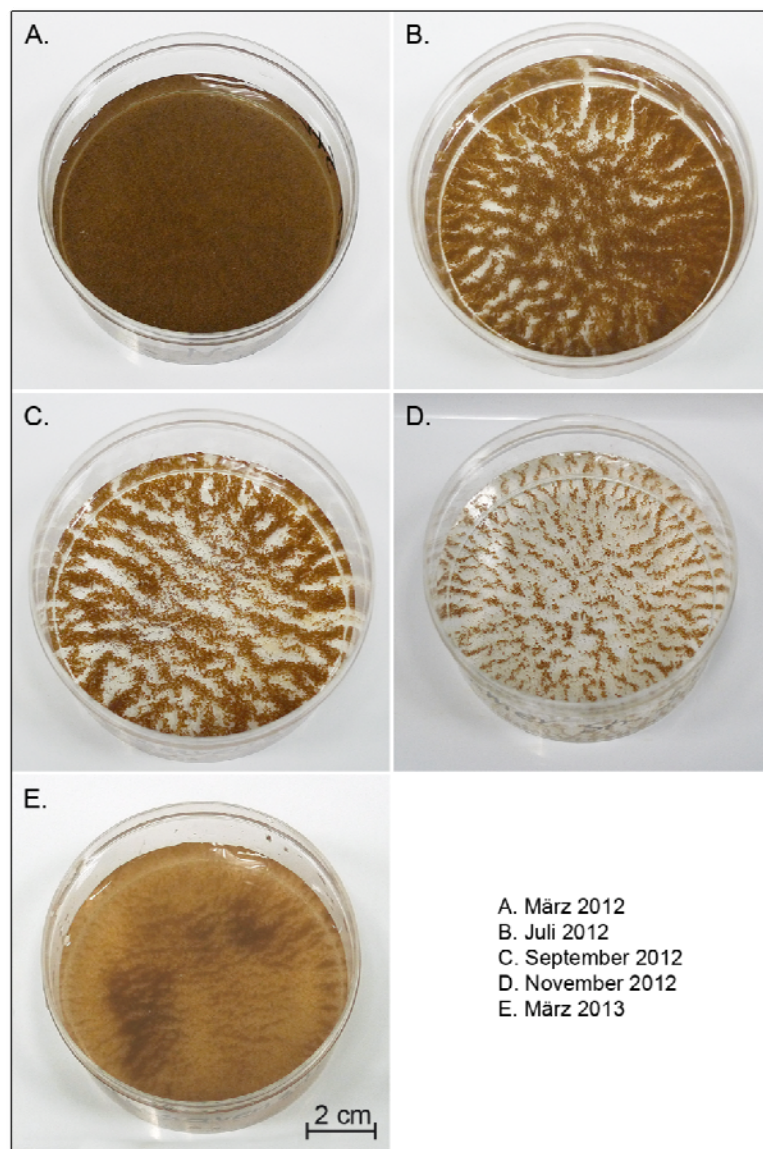


Abb. 12: Aufkonzentrierte (25 µm) Trinkwasserproben von einer Entnahmestelle über einen Zeitraum von 12 Monaten (A.-E.)

Tabelle 11 zeigt exemplarisch die Untersuchungsergebnisse einer 384 m langen Grauguss-Rohrstrecke (d = 80 mm), welche von März 2012 bis März 2013 insgesamt fünfmal beprobt wurde. Die Proben wiesen stets Asseln auf. Neben den Assel-Individuendichten wurden auch organoleptische, physikalische und chemische Parameter, sowie das Vorkommen von Detrituspartikeln und Asselkot-Pellets (Abb. 13) dokumentiert. Als Detritus wird die Summe der überwiegend aus Organismenresten bestehenden Schweb- und Sinkstoffe in aquatischen Lebensräumen bezeichnet. Darminhalte der hier im März 2012, September 2012 und November 2012 gesammelt Isopoden wurden zusätzlich molekularbiologisch untersucht (Abschn. 3.5.5).

Probenahmezeitraum	03.2012	07.2012	09.2012	11.2012	03.2013
Probenbezeichnung	E1P / E1E	–	E1P / EVE	E11P / EVIE	–
DNA-Sequenzierung					
Trübung Wasserprobe	sehr stark	stark	stark	schwach	stark
Färbung Wasserprobe	dunkelbraun	dunkelbraun	bräunlich	schwach bräunlich	bräunlich
Geruch Wasserprobe	stark modrig	modrig	schwach modrig	sehr schwach modrig	schwach modrig
Wassertemperatur (°C)	8,7	15,6	13,2	10,4	10,7
pH	7,5	7,4	7,5	7,6	7,6
Leitfähigkeit (µS/cm)	460	486	473	514	480
Sauerstoffgehalt (mg/l)	9,3	8,1	9,5	10,0	9,9
PO ₄ -P (mg/l)	0,36	0,3	0,09	< 0,01	0,08
NO ₃ -N (mg/l)	1,4	1,7	1,9	2,2	2,3
Fe (mg/l)	2,89	1,31	0,73	0,13	0,71
Detrituspartikel (H)	massenhaft	massenhaft	viel	mäßig	viel
Asselkot-Pellets (H)	massenhaft	massenhaft	viel	mäßig	viel
<i>P. cavaticus</i> (I)	588	236	196	16	57

Tab. 11: Ergebnisse der organoleptisch-physikalisch-chemischen und biologischen Trinkwasseruntersuchungen (H = Häufigkeit, I = Individuendichte)

Die Trübung, Bräunfärbung und der modriger Geruch der einzelnen Wasserproben, sowie die ermittelten Eisen- und Gesamt-Phosphat-Phosphorkonzentrationen nahmen von März 2012 bis November 2012 kontinuierlich ab und zeigten sich im März 2013 auf den der September-Untersuchung entsprechenden Niveaus. Die Wassertemperaturen lagen zwischen 8,7-15,6 °C, die pH- und Leitfähigkeitswerte in Bereichen zwischen 7,4-7,6 und 460-514 µS/cm. Die ermittelten Nitrat-Stickstoffgehalte zeigten sich insgesamt mäßig, nahmen von März 2012 bis März 2013 dabei jedoch geringfügig zu. Detritus-Partikel und Asselkot-Pellets wurden im März und Juli 2012 massenhaft in den Proben vorgefunden. Bis November 2012 nahm deren Anzahl dann stetig ab und stieg im März 2013 wieder leicht an. Isopoden waren in allen Proben vorzufinden, wobei maximal 588

Tiere pro m³ Spülvolumen gesammelt wurden. Asselkot-Pellets konnten mittels Lichtmikroskopie sicher von Detrituspartikeln unterschieden werden (Abb. 13). Insbesondere die dichte Struktur der zylinderförmigen Ausscheidungsprodukte und die unterschiedlich braun gefärbten Banden in den Pellets dienen als sicheres Abgrenzungsmerkmal gegenüber anderen organischen Partikeln.

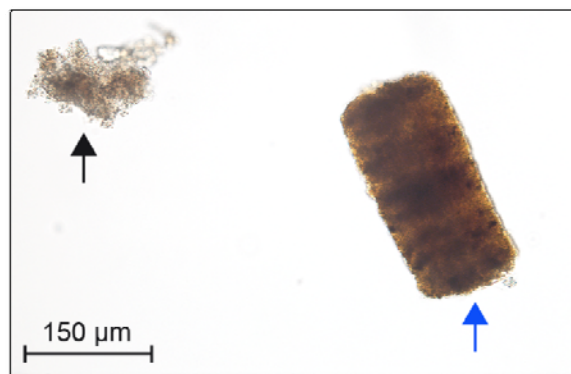


Abb. 13: Lichtmikroskopische Aufnahme Asselkot-Pellet (blauer Pfeil) und Detritus (schwarzer Pfeil)

3.2 Morphologische Artbestimmung

Die zwischen September 2010 und November 2012 bei Hydrantenspülungen in deutschen Trinkwasserverteilungssystemen gesammelten Individuen von *Asellus aquaticus* (Abb. 14) konnten über die Präparation und Identifikation des entsprechenden 2. Pleopoden (Abschn. 2.2.4, Abb. 8) sicher bis auf Artniveau bestimmt werden.



Abb. 14: *Asellus aquaticus* (Dorsalansicht)

Bei der lichtmikroskopischen Betrachtung der Extremität ist der lange, nach ventral gerichtete Sporn am Endopoditen ein besonders markantes Bestimmungsmerkmal (Abb. 15, Pfeil).

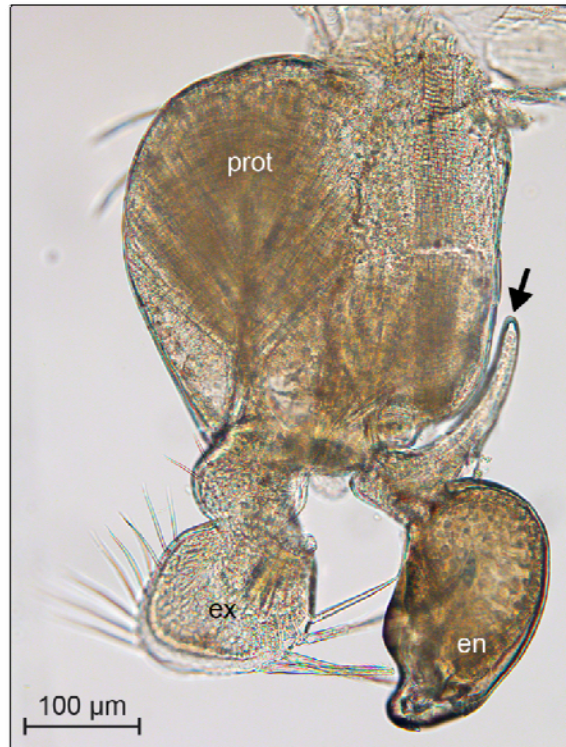


Abb. 15: Lichtmikroskopische Aufnahme des 2. Pleopoden von *Asellus aquaticus* (♂); charakteristischer Sporn am Endopoditen (Pfeil)

An einigen Probenahmepunkten wurden anstelle der vermuteten Gemeinen Wasserasel Individuen der Isopodenart *Proasellus cavaticus* (LEYDIG, 1871) vorgefunden und gesammelt (Abb. 16).

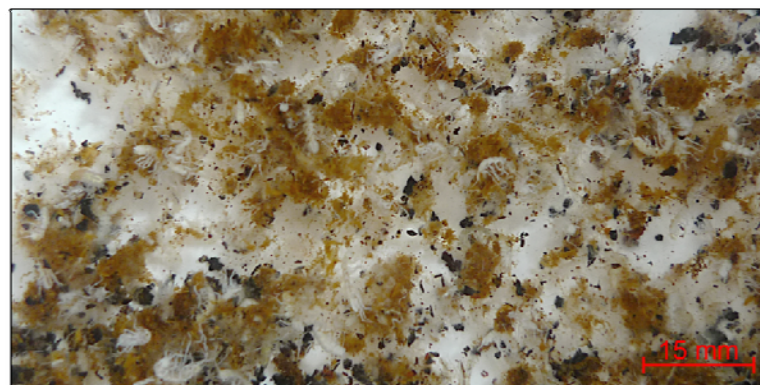


Abb. 16: Hydrantenspülung; *Proasellus cavaticus*, Detritus und Rostpartikel

Auch die gesammelten Individuen von *Proasellus cavaticus* konnten nach der Präparation und Identifikation der 2. Pleopoden (Abb. 17) sicher bis auf Artniveau bestimmt werden. Der Protopodit ist bei diesem Taxon schwach trapezförmig und zeigt an seinem Medialrand zwei lange, befiederte Borsten (Abb. 17, schwarze Pfeile). Der Exopodit ist zweigliedrig. Das erste Glied ist distal verbreitert und überragt so den inneren und äußeren proximalen Teil des zweiten Gliedes. Distolateral am zweiten Glied befinden sich zwei befiederte Borsten. Das zweite, eichelförmige Glied ist schmaler und länger als das erste und trägt am Außenrand bis zu 11 Fiederborsten und distal einen feinen Härchensaum (Abb. 17, blaue Pfeile). Der Endopodit ist etwas länger als der Exopodit, besitzt jedoch nicht wie bei *Asellus aquaticus* einen langen proximalen Sporn (Abb. 15), sondern an dessen Stelle einen kurzen, stumpf-kegelförmigen Fortsatz. Der Medialrand des Endopoditen ist konvex, der gegenüberliegende Rand des Gliedes nahezu gerade. An der Spitze des Innenastes befinden sich zwei Zipfel. Am proximalen Zipfel, der laterad gebogen ist, ist an der Spitze die feine Öffnung des Samenbehälters lokalisiert (Abb. 17, rote Pfeile). Der zweite Zipfel ist flach lappenartig und ragt distal weiter hervor als der erste (Abb. 17, grüne Pfeile).

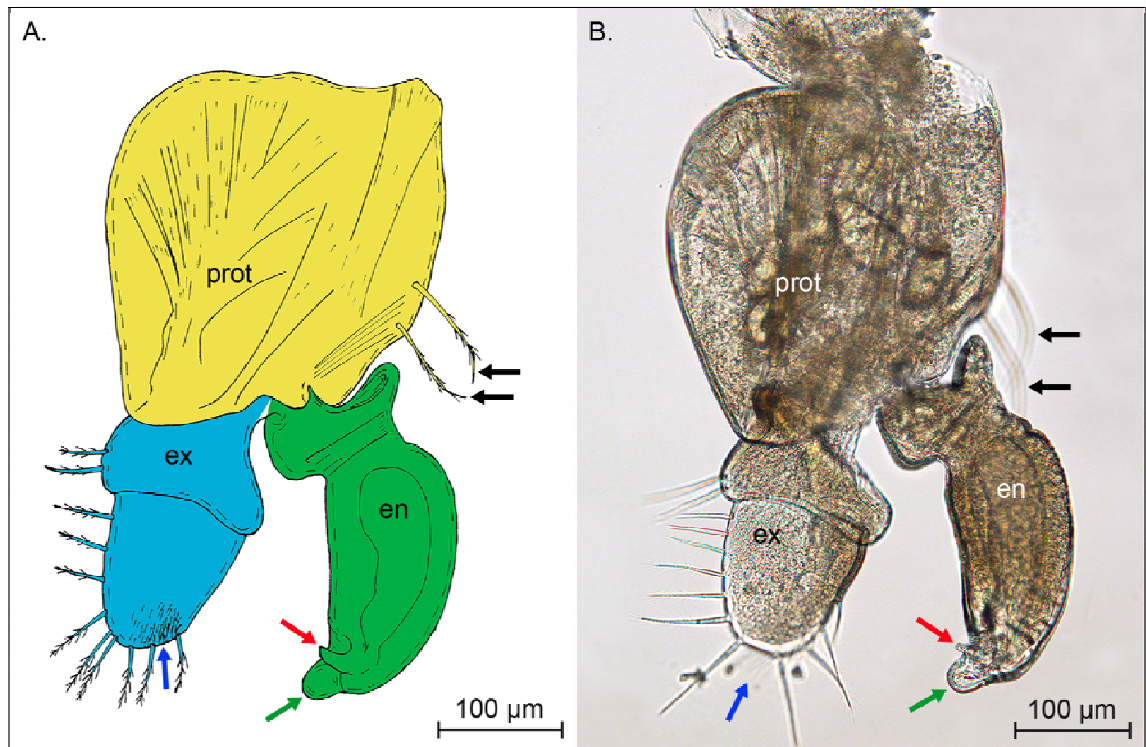


Abb. 17: A. Detailzeichnung Pleopod 2 von *Proasellus cavaticus*, ♂; modifizierte Vorlage nach HENRY (1974); B. Mikroskopisches Präparat des plp2 von *P. cavaticus*, ♂; A. & B. → schwarze Pfeile: lange, befiederte Borsten am prot, rote Pfeile: proximaler Zipfel am en mit Öffnung des Samenbehälters, grüne Pfeile: flacher, lappenartiger Zipfel am en, blaue Pfeile: feiner Härchensaum distal auf dem zweiten Glied des ex

Der Habitus der bei den Probenahmen gesammelten geschlechtsreifen Individuen von *Proasellus cavaticus* ist in Abb. 18 am Beispiel zweier Tiere fotografisch dokumentiert und nachfolgend beschrieben.

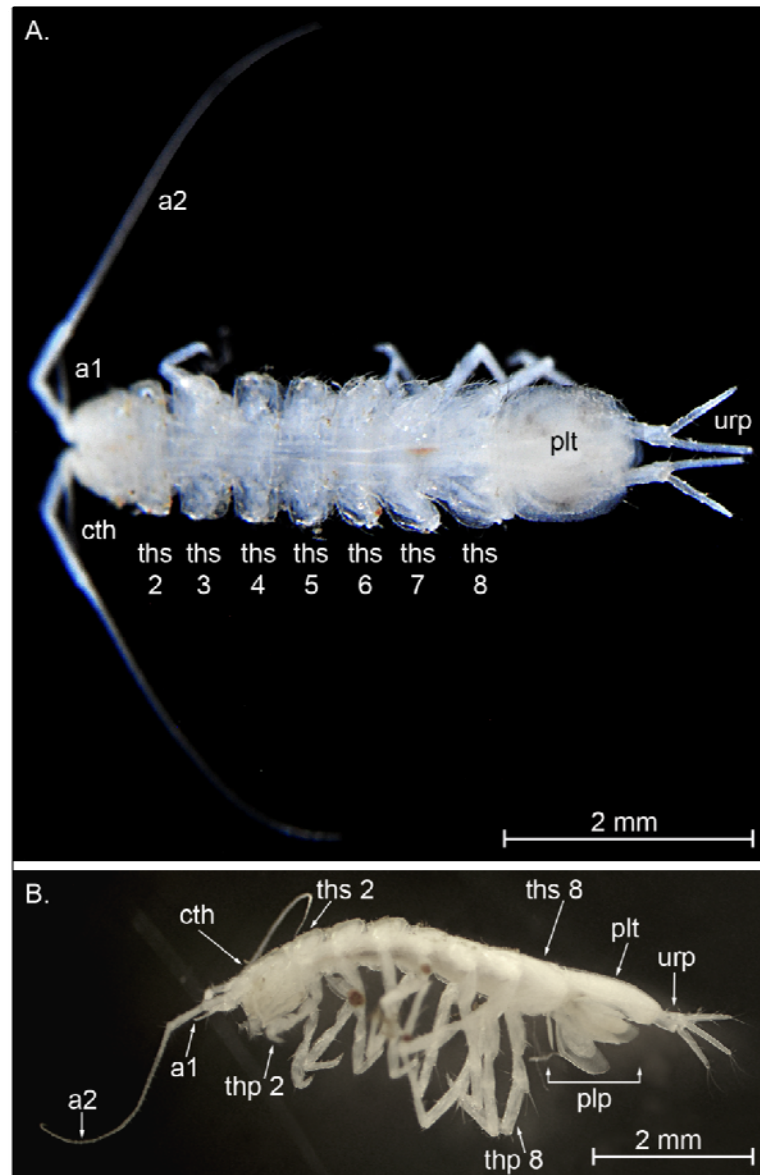


Abb. 18: A. Makroskopische Aufnahme von *Proasellus cavaticus*, ♂ (Dorsalansicht)
 B. Makroskopische Aufnahme von *P. cavaticus*, ♂ (Lateralansicht)

Die Körper der untersuchten Asseln waren vom Vorderrand des Cephalothorax bis zum Hinterrande des Pleotelsons maximal 7 mm lang. Die Längen der Antennen und Uropoden wurden hierbei nicht mit berücksichtigt. Der unpigmentierte, weißlich schimmernde Körper der augenlosen Tiere ist etwa viermal so lang wie breit und die Seitenränder ver-

laufen fast parallel. Der Kopf ist annähernd doppelt so breit wie lang und das Pleotelson ist länger als breit und fast rechteckig mit gerundeten Kanten. Die Uropoden sind beinahe so lang wie das Pleotelson. Die ersten Antennen sind kurz, die zweiten wesentlich länger.

3.3 Fressversuche

Die Wasserasseln wurden im Rahmen der durchgeführten Fressversuche nur zum Zwecke der fotografischen Dokumentation täglich um 7 und 19 Uhr für jeweils maximal 5 Minuten künstlichem Licht ausgesetzt. Ansonsten blieb das Kellerlabor für die gesamte Dauer der unterschiedlichen Fütterungsversuche abgedunkelt.

3.3.1 Prokaryota

Zum Versuchsstart wurden, wie unter Abschn. 2.2.3.3 beschrieben, drei Cellulose-Acetatfilter in einen Versuchsreaktor eingesetzt. Auf einer Filteroberfläche befand sich die aufgetragene Reinkultur von *Marmoricola* spec. (Abb. 19.1 und 19.2 A.-I., braun-rötlich gefärbter Filter zwischen 14 und 16 Uhr-Position) und auf der Oberfläche eines zweiten Filters die Reinkultur von *Aquabacterium commune* (Abb. 19.1 und 19.2 A.-I., weißer Filter zwischen 17.30 und 19 Uhr-Position). Ein dritter unpräparierter Cellulose-Acetatfilter diente als Kontrollfläche (Abb. 19.1 und 19.2 A.-I., weißer Filter mit blauer Markierung „N.“, zwischen 21 und 23 Uhr-Position). Nach dem Einsetzen der 10 Individuen von *Asellus aquaticus* am Tag 1 der Versuchsreihe um 6 Uhr mittig zwischen die drei Filter wurde um 7 Uhr das erste Foto gemacht. Die verwendeten Wasserasseln saßen dabei auf dem *Marmoricola*-Filter (6 Individuen; 14 Uhr-Position), dem *Aquabakterium*-Filter (3 Individuen; 17.30 Uhr-Position) und dem Kontrollfilter „N.“ (3 Individuen; 22 Uhr-Position). Eine Assel befand sich dabei nicht auf, sondern in der Nähe des *Aquabakterium*-Filters, wurde in der Auswertung aber dennoch hierzu gezählt. Um 19 Uhr desselben Tages zeigten sich 3 Tiere auf dem unpräparierter Filter und 7 Individuen auf dem *Marmoricola*-Filter. An den Tagen 2, 3 und 4 hielten sich jeweils alle Isopoden zu beiden Dokumentationszeitpunkten ausnahmslos auf dem *Marmoricola*-Filter auf. Erst am letzten Versuchstag um 7 Uhr zeigten sich 2 Tiere am, bzw. in der Nähe des Kontrollfilters. Die vorliegenden Bilder dokumentieren, dass die Populationsdichte der auf den *Marmoricola*-Filter aufgebrachten Bakterienkultur, welche zu Ver-

suchsbeginn die Filteroberfläche flächig rot-braun färbte, während des Versuchs täglich an Volumen verlor. Gleichzeitig war eine deutliche Zunahme der Menge an Asselkot-Pellets am, bzw. um den *Marmoricola*-Filter optisch sichtbar. Der Filter mit der aufgetragenen Reinkultur von *A. commune* wurde ab dem 1. Versuchstag um 19 Uhr von den Tieren gänzlich gemieden.

3.3.2 Prokaryota und Fungi

Wie unter Abschn. 2.2.3.4 beschrieben, wurde dieser Fütterungsversuch parallel zweimal durchgeführt. Zum Versuchsstart wurde daher jeweils ein halber Cellulose-Acetatfilter mit den aufgetragenen Myzelien von *Cladosporium herbarum*, bzw. Individuen der Bakterienart *Marmoricola* spec. in den entsprechenden Versuchsreaktor eingesetzt. Zusätzlich diente je ein halber, unpräparierter Cellulose-Acetatfilter als Kontrolloberfläche. Nachfolgend werden die Ergebnisse der fotografischen Dokumentation für einen der beiden Fressversuche besprochen (Abb. 20.1-20.3, A-R). Nach dem Einsetzen der 10 Individuen von *Asellus aquaticus* am 1. Tag der Versuchsreihe um 6 Uhr mittig zwischen die drei Filtern wurde um 7 Uhr das erste Foto der Anordnung gemacht. Die Tiere waren hierbei auf den Kontrollfilter (= Position N; 4 Individuen), den Bakterien-Filter (= Position 1; 2 Individuen) und den Pilz-Filter (= Position 2; 4 Individuen) verteilt. Um 19 Uhr desselben Tages zeigten sich 2 Tiere auf der Position 1 und 8 Tiere an der Position 2, wobei sich eine Assel unter dem Pilz-Filter versteckt hielt (Abb. 20.1 B; schwarzer Pfeil). Am Tag 2 um 7 Uhr befanden sich 9 Individuen auf der Position 2 und 1 Individuum auf der Position N. Die Verteilung der Tiere in der Versuchsanordnung am Tag 2 um 19 Uhr und am Tag 3 um 7 Uhr war identisch. Jeweils alle 10 Wasserasseln verweilten an der Position 2, wobei sich auf beiden Bildern ein Tier unter dem Filter versteckte (Abb. 20.1 D und E; schwarzer Pfeil). Am Tag 3 um 19 Uhr zeigten sich 9 Tiere auf der Position 2 und 1 Tier, welches sich unter Kontrollfilter versteckte (Abb. 20.1 F; schwarzer Pfeil). Am Tag 4 um 7 Uhr zeigten sich 9 Tiere an Position 2 und 1 Tier auf Position 1, wobei sich eine Assel an Position 2 unter dem Filter versteckt hatte (Abb. 20.2 G; schwarzer Pfeil). Das Bild des 4. Tages um 19 Uhr dokumentiert alle 10 Isopoden an, bzw. in der Nähe der Position 2. Auch hier versteckte sich ein Tier unter dem Filter (Abb. 20.2 H; schwarzer Pfeil). Am Tag 5 befand sich um 7 Uhr 1 Individuum auf Position 1, die restlichen Tiere verweilten an Position 2, wobei ein Individuum erneut unter den Filter gekrochen war (Abb. 20.2 I; schwarzer Pfeil). Am Tag 5 um 19

Uhr und am darauf folgenden 6. Tag um 7 Uhr hielten sich jeweils 9 Isopoden auf, bzw. in der Nähe der Position 2 und jeweils 1 Isopode auf der Position 1 auf. Das Bild des 6. Tages um 19 Uhr dokumentiert 7 Asseln auf der Position 2, 2 Asseln an der Position 1 und 1 Individuum auf dem Kontrollfilter. An Position 1 versteckte sich dabei 1 Tier unter dem Filter (Abb. 20.2 L; schwarzer Pfeil). Am Tag 7 um 7 Uhr verweilten 6 Asseln auf der Position 1 und 4 Isopoden auf der Position 2. Das Bild der Versuchsanordnung des 7. Tages um 19 Uhr zeigt alle 10 Tiere an der Position 2, wobei ein Tier tot auf dem Filter lag (Abb. 20.3 N; blauer Pfeil) und sich, wie auch am Tag 8 zu beiden Aufnahmezeitpunkten und am Tag 9 morgens, jeweils ein Isopode unter dem Filter versteckt hielt (Abb. 20.3 N, O, P und Q; schwarze Pfeile). Am Tag 8 um 7 und 19 Uhr zeigten sich jeweils 3 Tiere an, bzw. in der Nähe der Position 1, 1 Individuum auf dem Kontrollfilter und 6 Tiere an der Position 2. Das Foto zum 8. Tag um 19 Uhr dokumentiert, dass die tote Wasserassel von einem Artgenossen angefressen wurde (Abb. 20.3 P; blauer Pfeil). Am Tag 9 um 7 Uhr befanden sich 3 Tiere auf der Position 1 und 6 Individuen an der Position 2. Von der toten Assel waren nur noch Reste des Cephalothorax und der Extremitäten im Versuchsreaktor vorzufinden (Abb. 20.3 Q; blaue Pfeile). Der Fressversuch wurde am Tag 9 um 19 Uhr beendet. 3 Tiere befanden sich hierbei auf der Position 1, 5 Tiere auf bzw. in der Nähe der Position 2 und 1 Tier an der Position N. Extremitätenreste und Teile des Cephalothorax befanden sich noch immer im Reaktor (Abb. 20.3 R; blaue Pfeile). Als bevorzugte Position der Asseln ab dem 1. Versuchstag um 19 Uhr konnte der Filter mit den aufgetragenen Pilzmyzelien identifiziert werden. Erst ab dem 6. Versuchstag wanderten die Tiere vermehrt im gesamten Reaktor umher. Die ab dem 6. Tag um 19 Uhr tot im Becken liegende Assel war bis zum Morgen des 9. Tages bis auf Reste des Cephalothorax und Extremitätenteile aufgefressen. Mit der Dauer des Versuches nahmen die Trübung des Wasserkörpers und die Menge an Asselkot-Pellets im Reaktor zu. Das Wasser wurde, wie unter Abschn. 2.2.3 beschrieben, während der gesamten Laufzeit des Fressversuches nicht ausgetauscht. Die Ergebnisse der fotografischen Dokumentation der 2., parallel durchgeführten und analog konzipierten Versuchsanordnung sind den hier besprochenen Ergebnissen nahezu identisch. Auch hier hielten sich die Tiere bis zum 5. Tage bevorzugt auf der mit Pilzhyphen präparierten Filteroberfläche auf. Als auffälligster Unterschied zum besprochenen Ansatz ist das Überleben aller alle 10 Asseln bis zum Versuchsende zu nennen.

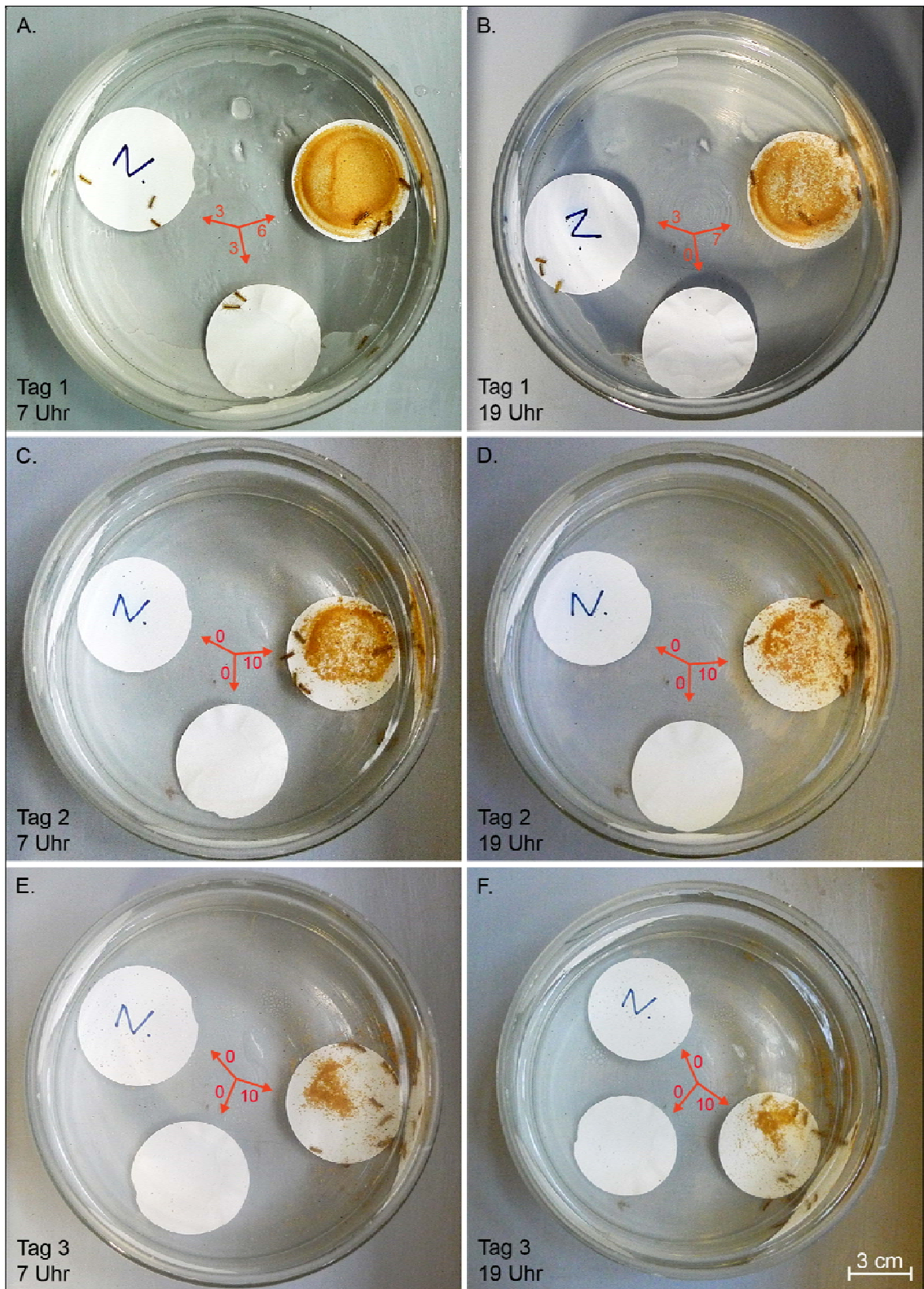


Abb. 19.1: Fressversuch mit *Asellus aquaticus*; A.: Filter links oben = Kontrollfilter („N.“), Filter rechts oben = *Marmoricola spec.*, Filter mittig unten = *Aquabacterium commune*

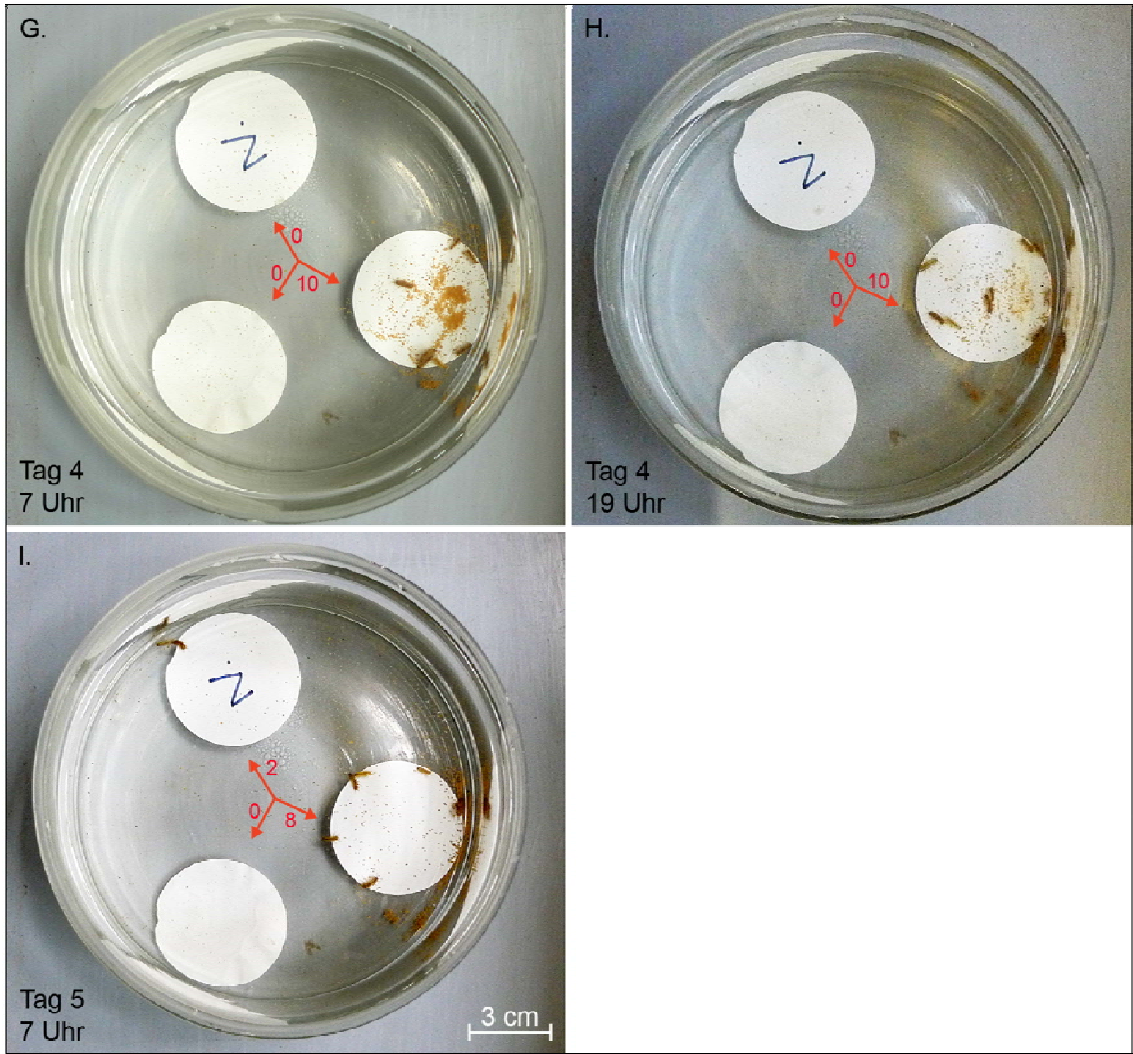


Abb. 19.2: Fressversuch mit *Asellus aquaticus*; G.: Filter oben = Kontrollfilter („N.“), Filter rechts = *Marmoricola spec.*, Filter links unten = *Aquabacterium commune*

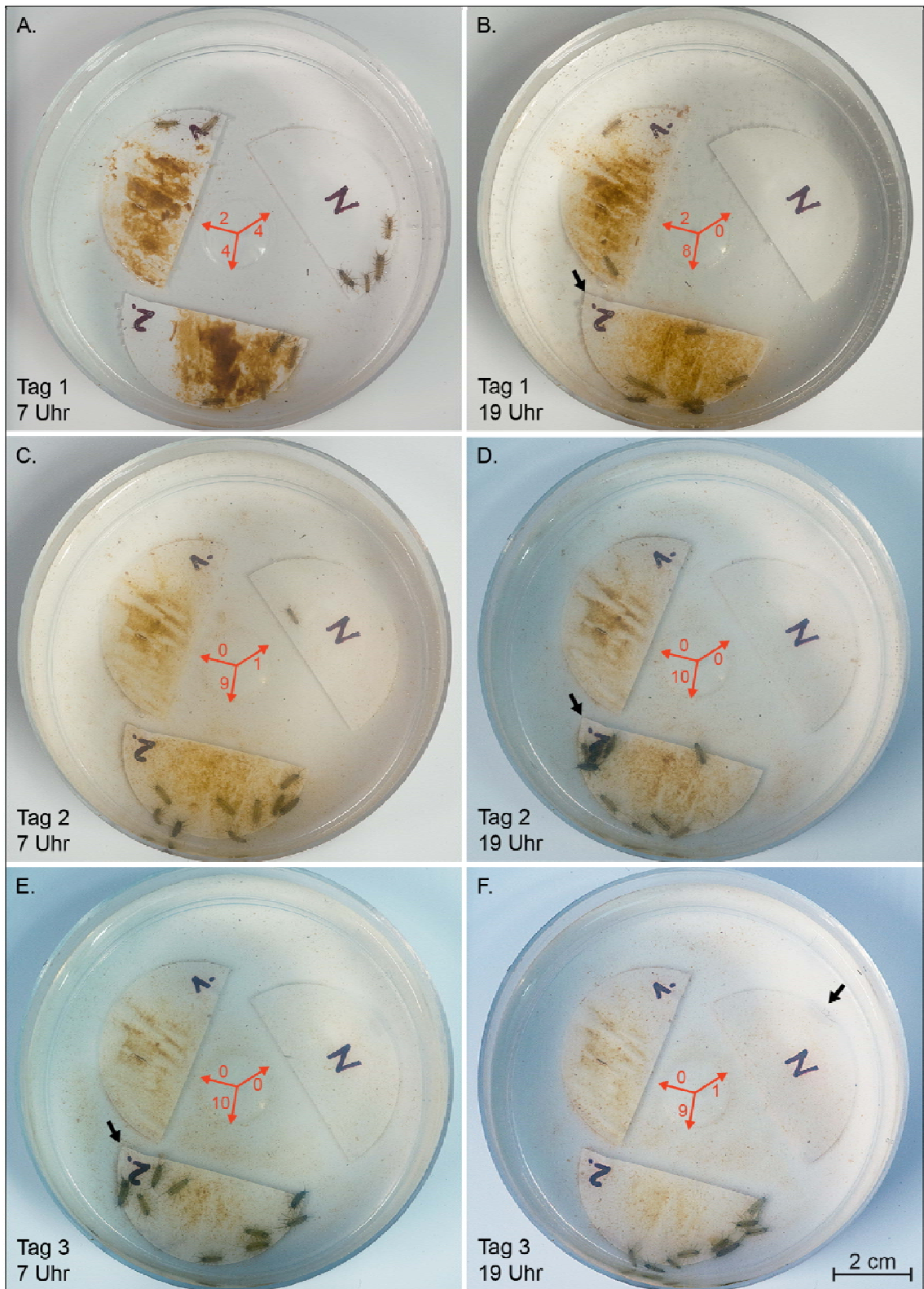


Abb. 20.1: Fressversuch mit *Asellus aquaticus*; N = Kontrollfilter, 1 = Filter mit aufgetragener Reinkultur des Bakterientaxons *Marmoricola* spec., 2 = Filter mit aufgetragenen Myzelien des Pilztaxons *Cladosporium herbarum*; schwarzer Pfeil = Individuum versteckt sich unter dem Filter

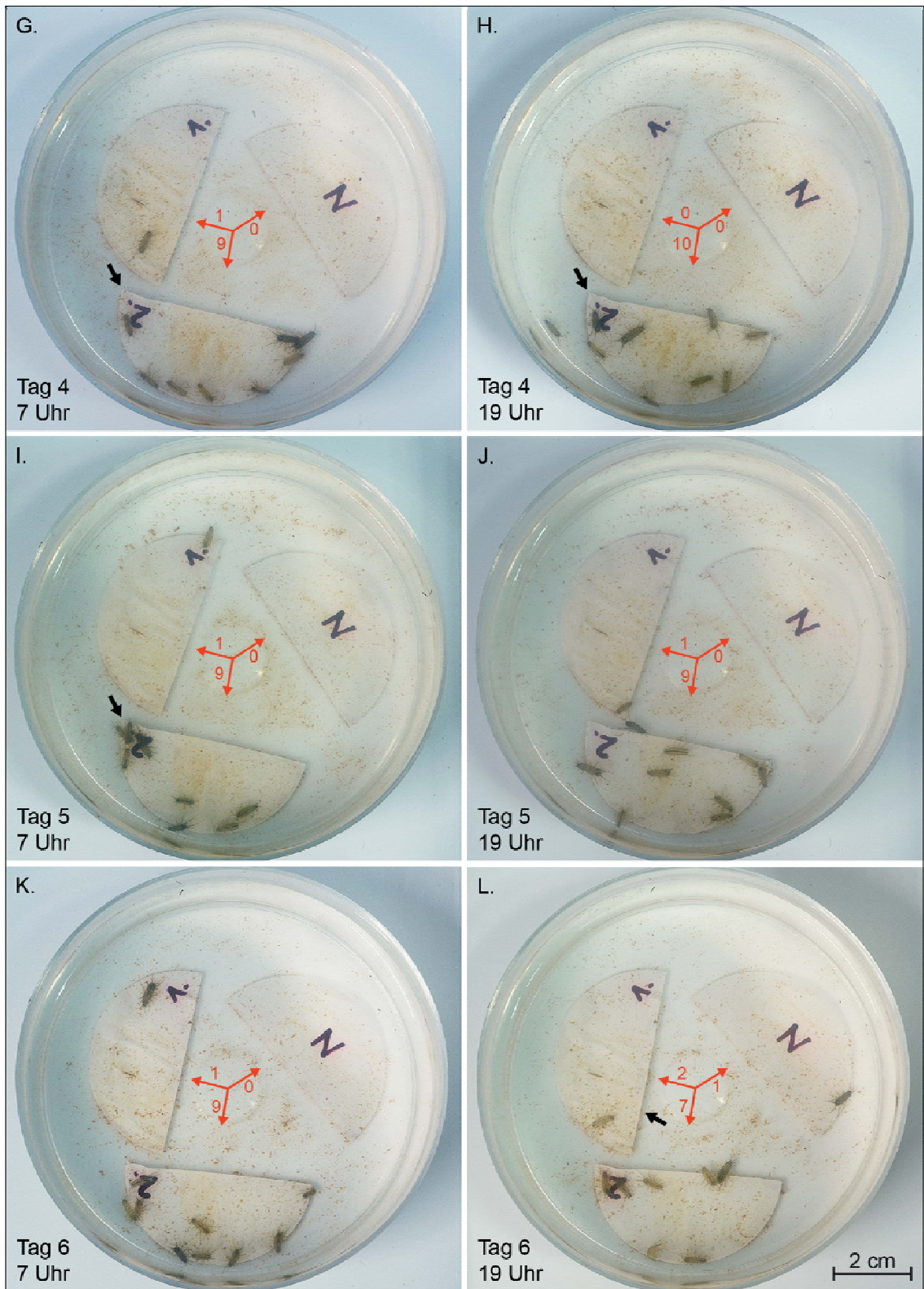


Abb. 20.2: Fressversuch mit *Asellus aquaticus*; N = Kontrollfilter, 1 = Filter mit aufgetragener Reinkultur des Bakterientaxons *Marmoricola* spec., 2 = Filter mit aufgetragenen Myzelien des Pilztaxons *Cladosporium herbarum*; schwarzer Pfeil = Individuum versteckt sich unter dem Filter

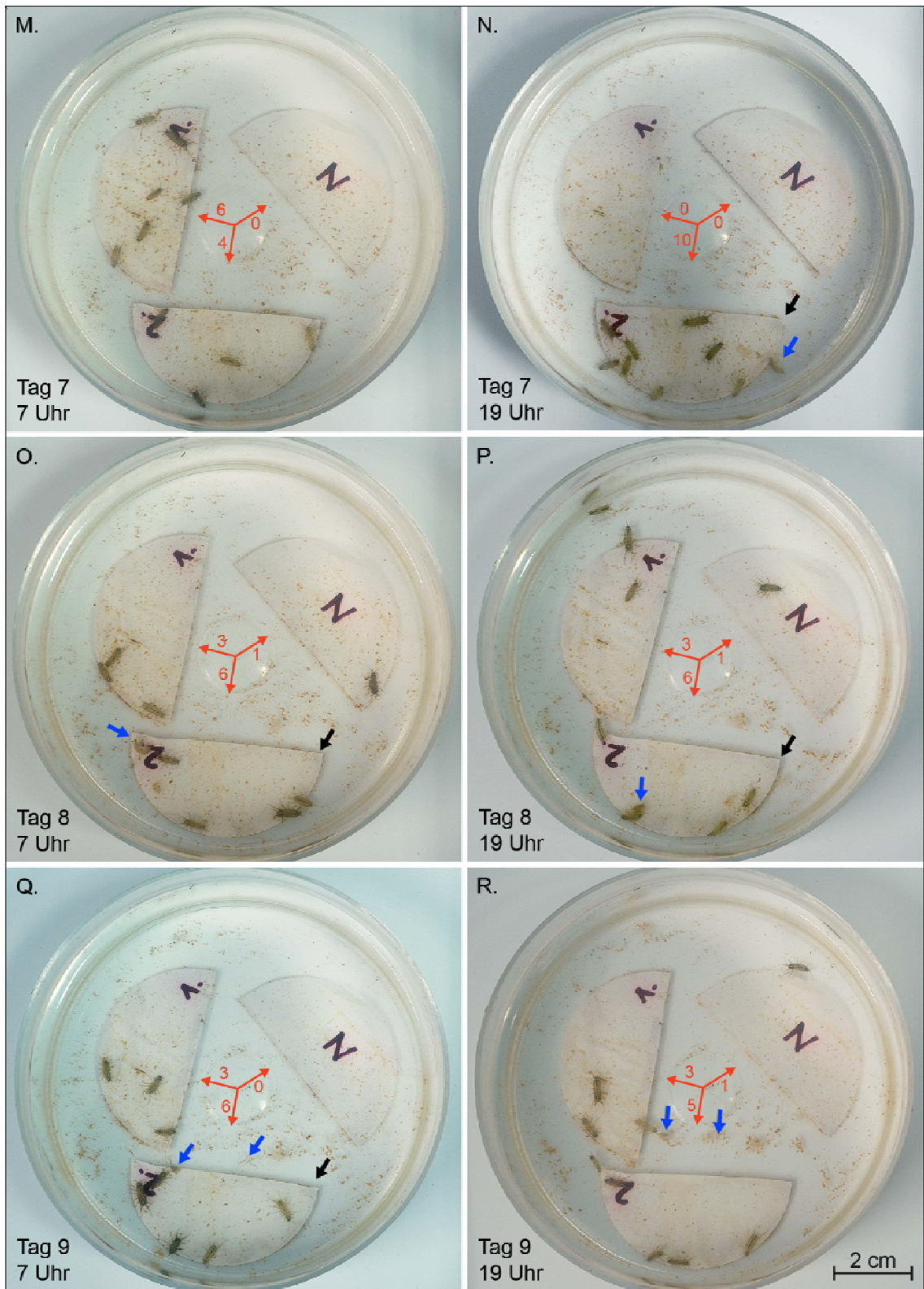


Abb. 20.3: Fressversuch mit *Asellus aquaticus*; N = Kontrollfilter, 1 = Filter mit aufgetragener Reinkultur des Bakterientaxons *Marmoricola* spec., 2 = Filter mit aufgetragenen Myzelien des Pilztaxons *Cladosporium herbarum*; schwarzer Pfeil = Individuum versteckt sich unter dem Filter, blauer Pfeil = totes Individuum oder Reste eines toten Individuums

3.4 Rasterelektronenmikroskopische EDX Untersuchungen

Im Folgenden werden in den Abb. 21, 24, 28 und 31 die rasterelektronenmikroskopischen Bilder unterschiedlicher Wasserasseldarmpräparate wiedergegeben und ausgewertet. Die dicken roten Pfeile kennzeichnen dabei die jeweilige Lage des gewählten Detailausschnittes, die dünnen roten Pfeile markieren die mittels Energiedispersiver Röntgenanalyse (EDX; Abschn. 2.2.6) untersuchten Bereiche. Die gewählten Querschnittsflächen stammten dabei stets aus dem vorderen Drittel des jeweiligen Darmrohres. Die EDX-Spektren (Abb. 22, 23, 25, 26, 27, 29, 30 und 32) bestehen aus elementspezifischen Peaks und einem breiten unspezifischen Untergrund. Auf der X-Achse der Spektren ist die Energie der Röntgenquanten in Kiloelektronenvolt (keV) aufgetragen, in Y-Richtung werden die detektierten Röntgenquanten (cnts = counts) gezählt.

3.4.1 Freilandindividuum *Proasellus cavaticus* (Probe E1)

Die Abb. 21A und 21B zeigen den Nahrungsbrei im Darmrohr eines Individuums von *Proasellus cavaticus*. Das Darmmaterial bestand aus stark komprimierten, klumpigen Flocken. In den EDX-Spektren (Abb. 22 und 23) zeigen sich die Elemente Kohlenstoff, Sauerstoff, Calcium und Eisen mit Werten zwischen 470 und 990 cnts, Silizium und Phosphor mit Werten zwischen 190 und 440 cnts sowie Aluminium, Schwefel und Mangan mit Zählwerten unter 180 cnts.

3.4.2 Freilandindividuum *Asellus aquaticus* (Probe Br1)

Der aufgelockerte Nahrungsbrei zeigt im rasterelektronenmikroskopischen Bild (Abb. 24A und 24B) deutlich gefaltete Strukturen und weiße, kantige Partikel. Im Detailbild (Abb. 24B, Pfeil 3) fallen insbesondere ca. 1 μm kleine, teils abgerundete Strukturen auf. Am Messpunkt 1 weist das Element Calcium einen Wert von rund 770 cnts auf (Abb. 25). Kohlenstoff und Sauerstoff zeigen Werte von 590, bzw. 560 cnts. Am Messpunkt 2 (Abb. 26) überragt der Kohlenstoffpeak mit 1890 gezählten Röntgenquanten die anderen Elemente deutlich. Sauerstoff liegt auf einem Wert um 350 cnts, die Elemente Phosphor, Schwefel und Calcium auf Werten jeweils unter 120 cnts. Das Element Eisen zeigte am Messpunkt 3 mit 295 cnts den deutlichsten Peak (Abb. 27).

Kohlenstoff und Sauerstoff bewegen sich auf Werten zwischen 160 und 180 cnts, die Elemente Silizium, Phosphor, Schwefel und Calcium stets unter 65 cnts.

3.4.3 Hungerversuche *Asellus aquaticus* (Probe 12)

Der Darminhalt eines Individuums von *Asellus aquaticus*, welches über eine Zeitdauer von 6 Wochen nicht gefüttert wurde (Absch. 2.2.2) zeigt einen feinen, lockeren Nahrungsbrei (Abb. 28A und 28B). Am Messpunkt 1 (Abb. 29) ist der Kohlenstoff mit 4720 cnts das dominierende Element. Sauerstoff zeigt sich mit 1000 cnts, Calcium mit rund 340 cnts. Die Elemente Phosphor, Schwefel und Mangan liegen stets unter einem Wert von 220 cnts. Am Messpunkt 2 (Abb. 30) zeigt sich der Calcium-Peak mit einem Wert von rund 1450 cnts deutlich erhöht gegenüber den Elementen Kohlenstoff (rund 450 cnts), sowie Sauerstoff und Schwefel (jeweils unter 200 cnts).

3.4.4 Freilandindividuum *Proasellus cavaticus* (Probe E45)

Der vordere Darmabschnitt eines Individuums von *Proasellus cavaticus* wurde unter dem Rasterelektronenmikroskop fotografisch dokumentiert (Abb. 31) und die Darmaußenwandung mittels Energiedispersiver Röntgenanalyse (EDX) untersucht. Das Element Kohlenstoff zeigt hier mit rund 1100 cnts den deutlichsten Peak (Abb. 32). Sauerstoff, Phosphor, Schwefel und Calcium lagen jeweils unter einem Werte von 250 cnts.

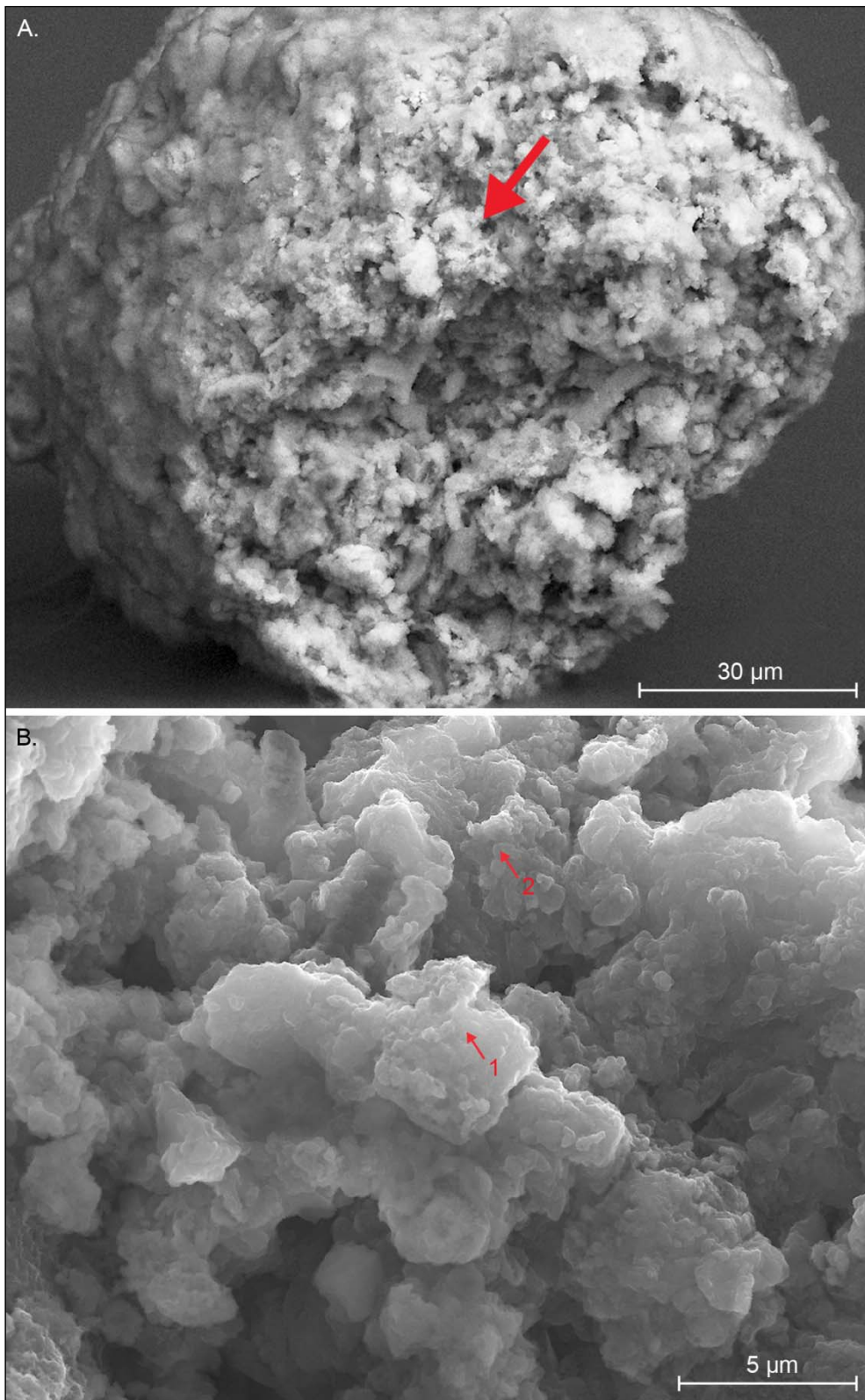


Abb. 21: Rasterelektronenmikroskopische Darmquerschnittsbilder, *Proasellus cavaticus* (Netzspülung, Probe E1)
A. Roter Pfeil markiert die Lage des gewählten Detailausschnitts (Abb. 21B)
B. Detailausschnitt; Rote Pfeile 1-2 = Messpunkte 1 (Abb. 22) und 2 (Abb. 23)

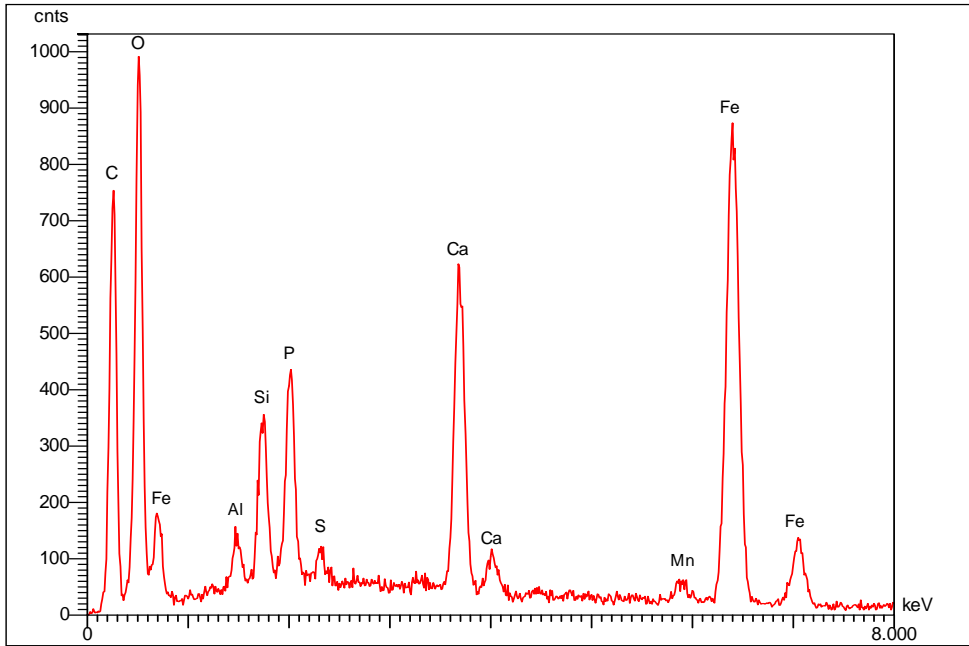


Abb. 22: EDX-Spektrum Probe E1, Messpunkt 1 (Abb. 21B, Pfeil 1)

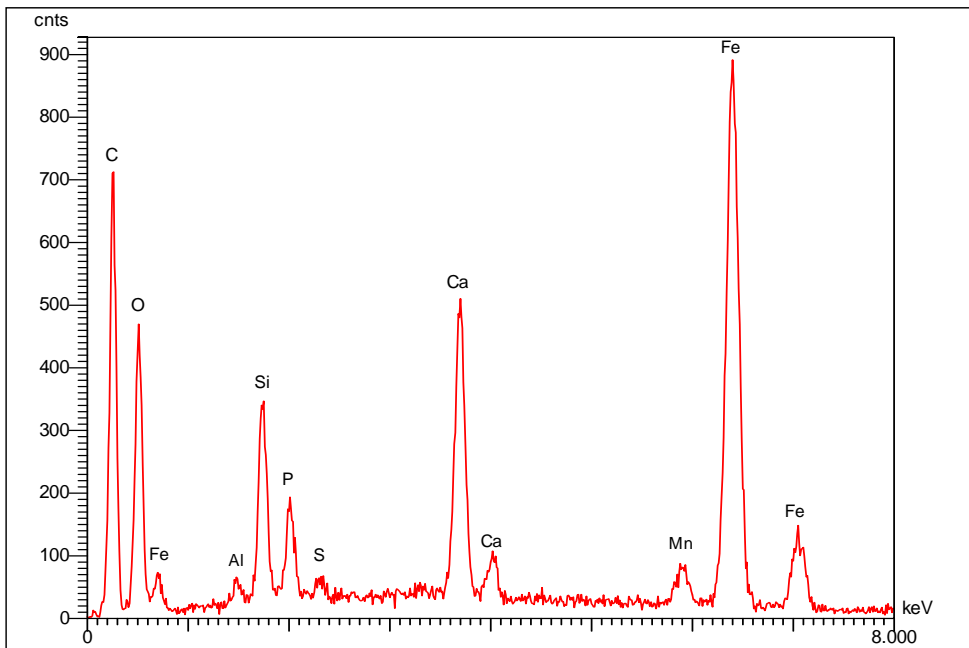


Abb. 23: EDX-Spektrum Probe E1, Messpunkt 2 (Abb. 21B, Pfeil 2)

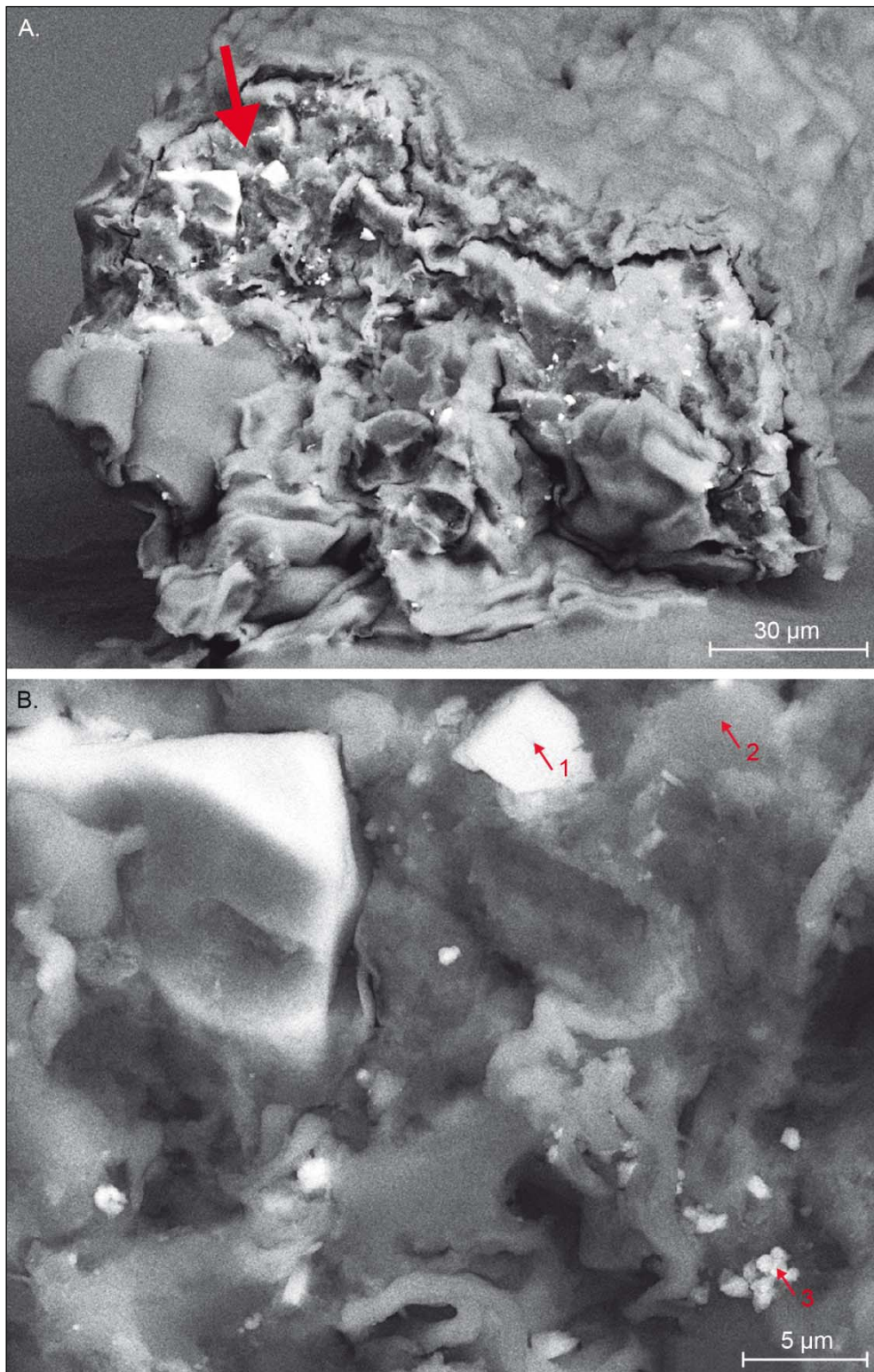


Abb. 24: Rasterelektronenmikroskopische Darmquerschnittsbilder, *Asellus aquaticus* (Netzspülung, Probe Br1)
A. Roter Pfeil markiert die Lage des gewählten Detailausschnitts (Abb. 24B)
B. Detailausschnitt; Rote Pfeile 1-3 = Messpunkte 1 (Abb. 25), 2 (Abb. 26) und 3 (Abb. 27)

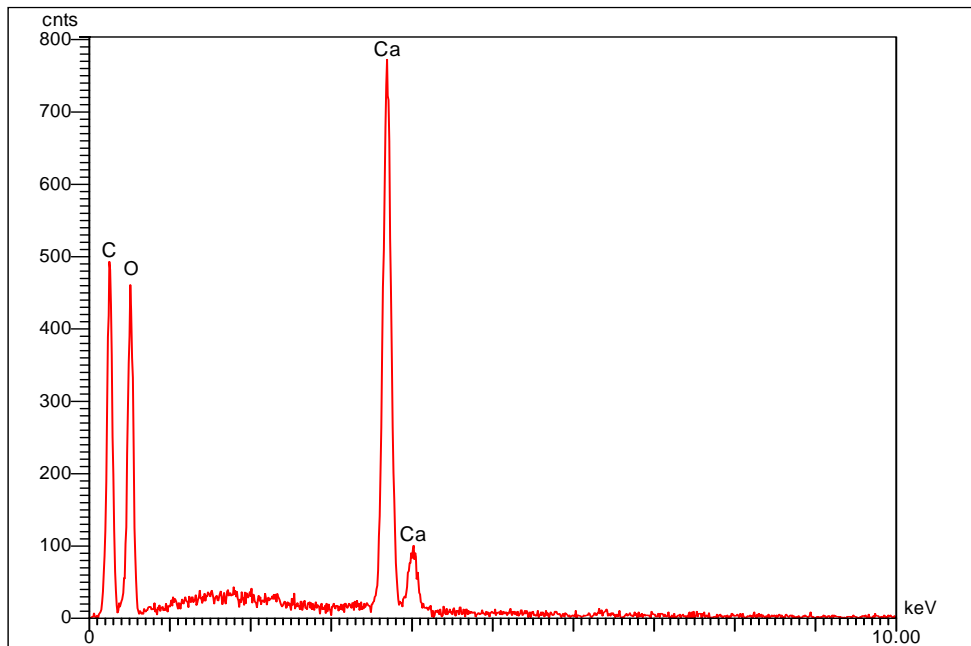


Abb. 25: EDX-Spektrum Probe Br1, Messpunkt 1 (Abb. 24B, Pfeil 1)

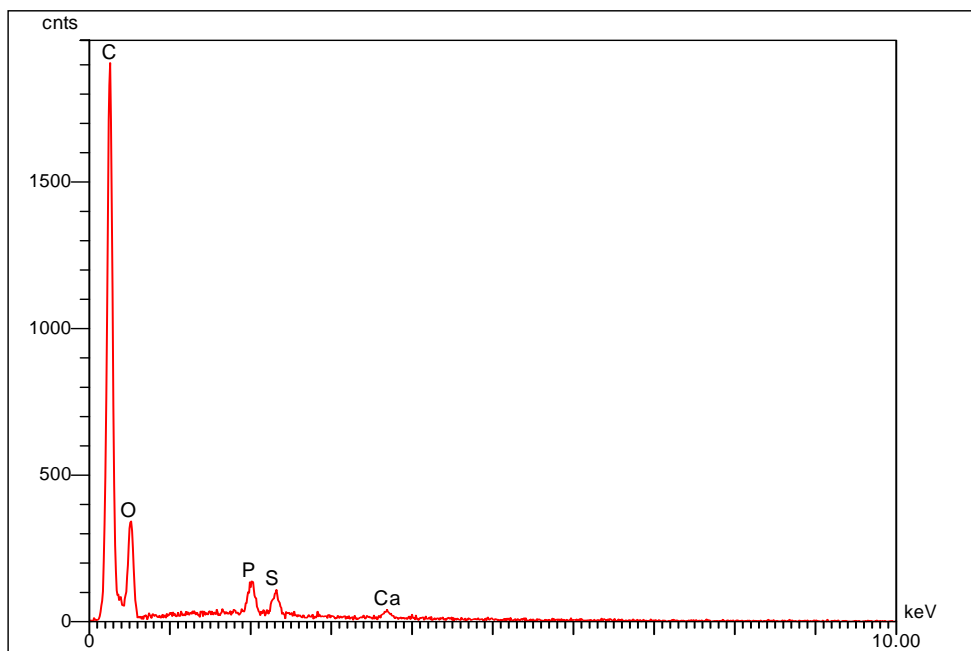


Abb. 26: EDX-Spektrum Probe Br1, Messpunkt 2 (Abb. 24B, Pfeil 2)

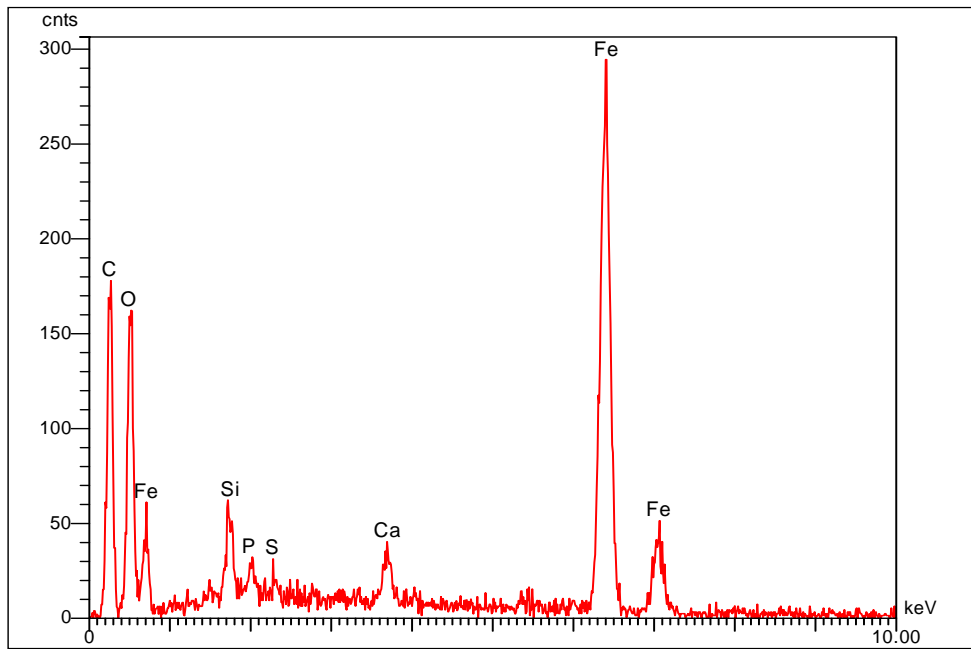


Abb. 27: EDX-Spektrum Probe Br1, Messpunkt 3 (Abb. 24B, Pfeil 3)

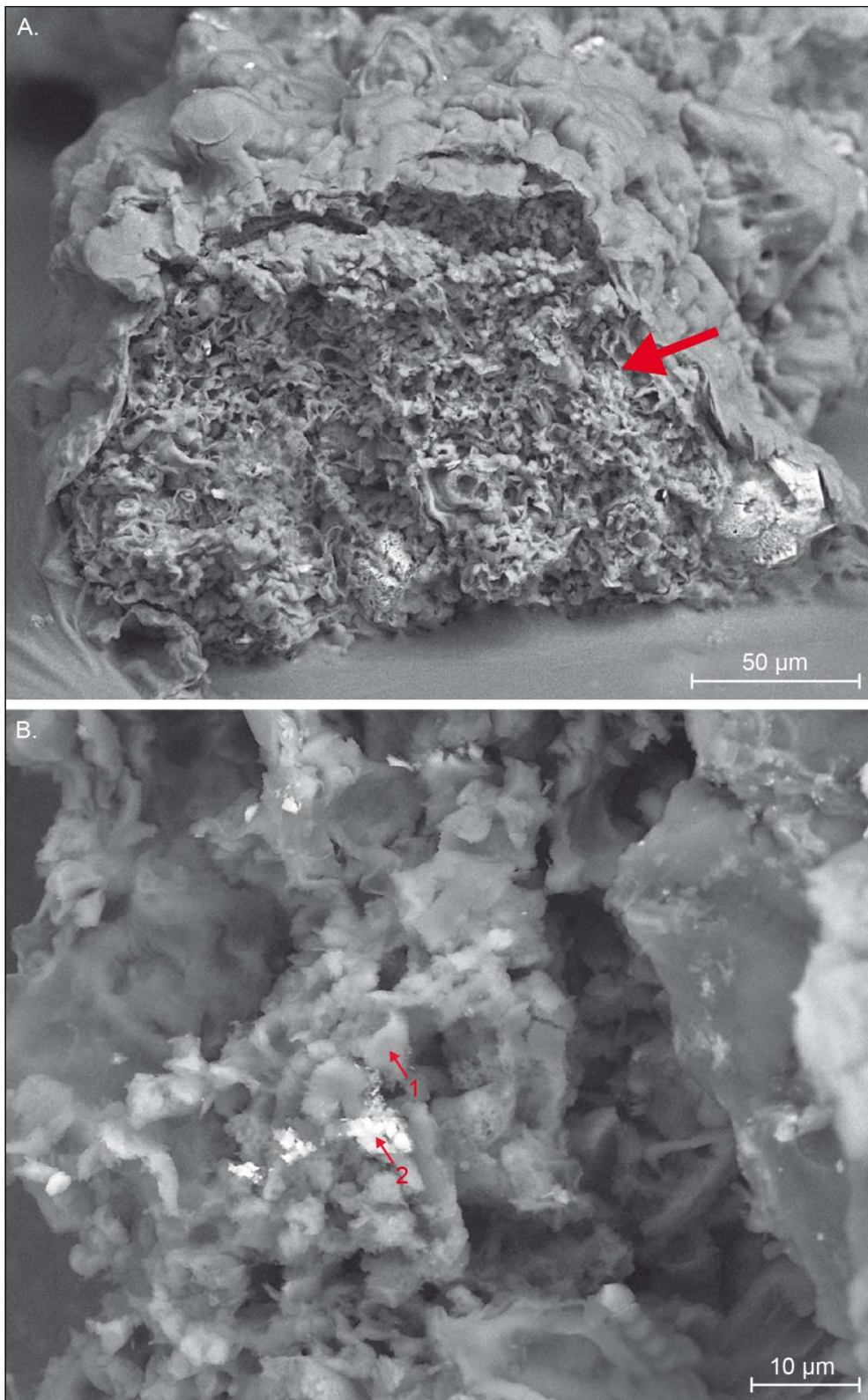


Abb. 28: Rasterelektronenmikroskopische Darmquerschnittsbilder, *Asellus aquaticus* (Hungerversuch, Probe 12)
A. Roter Pfeil markiert die Lage des gewählten Detailausschnitts (Abb. 28B)
B. Detailausschnitt; Rote Pfeile 1-2 = Messpunkte 1 (Abb. 29) und 2 (Abb. 30)

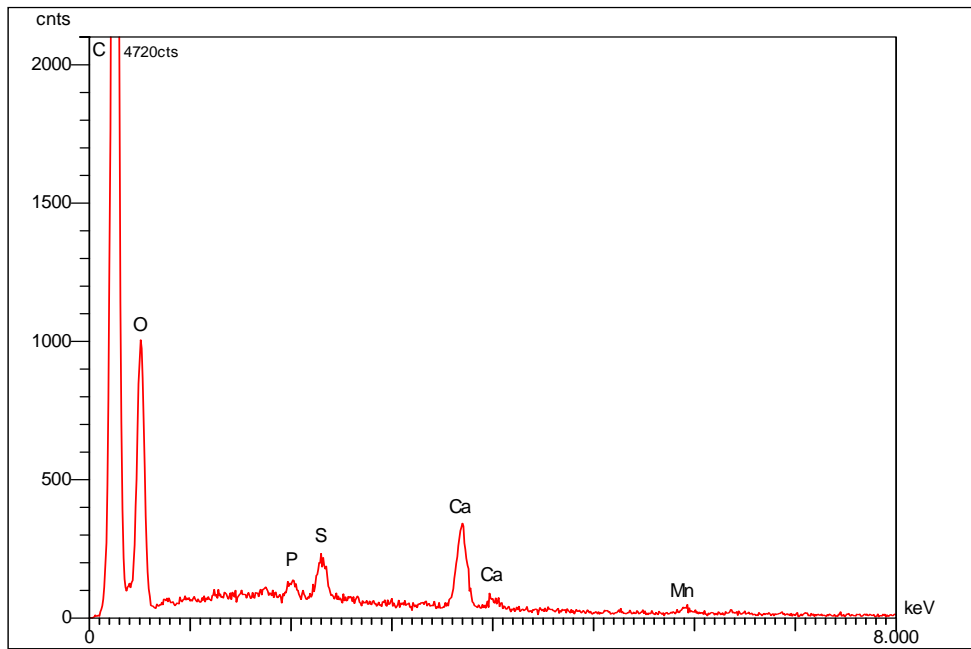


Abb. 29: EDX-Spektrum Probe 12, Messpunkt 1 (Abb. 28B, Pfeil 1)

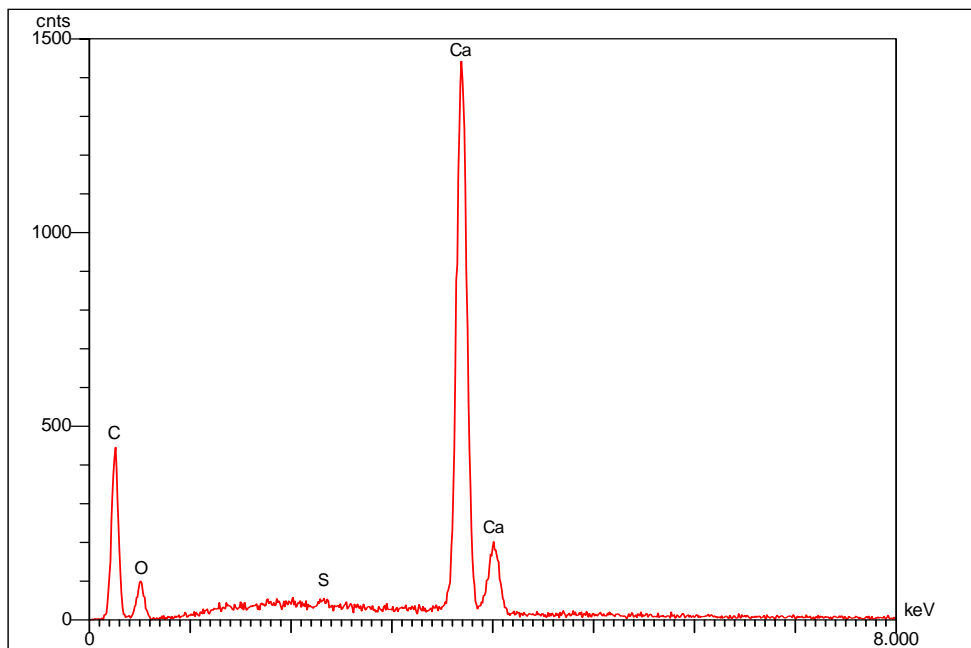


Abb. 30: EDX-Spektrum Probe 12, Messpunkt 2 (Abb. 28B, Pfeil 2)

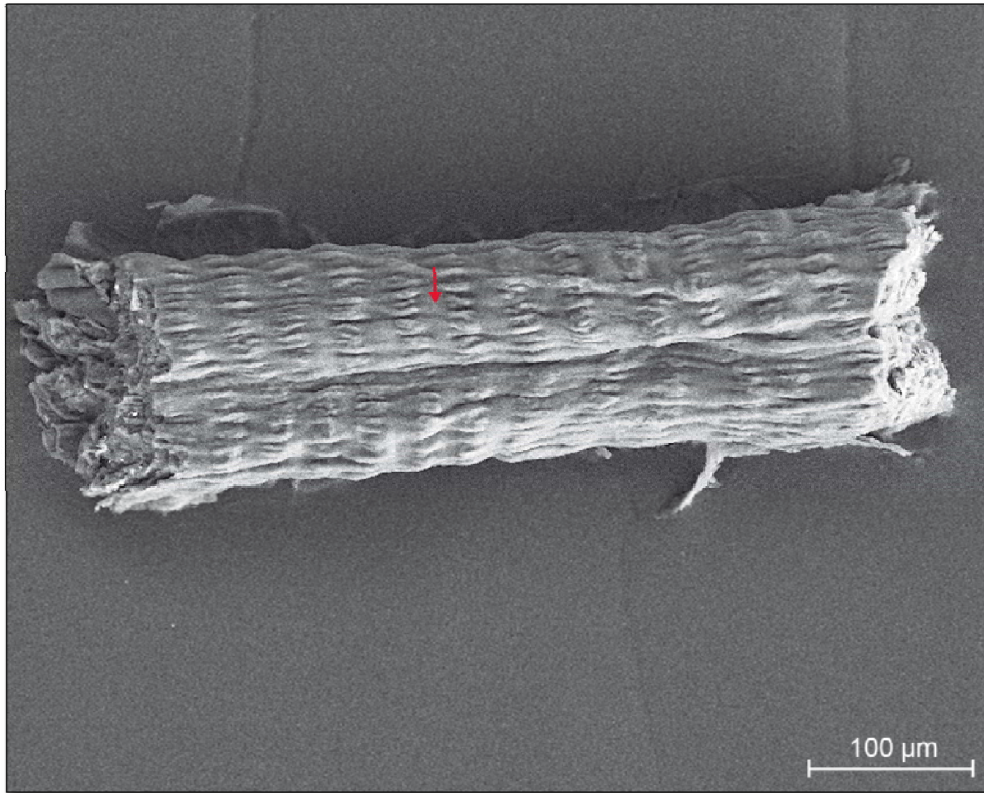


Abb. 31: Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme eines Darmrohrs (vorderes Drittel) von *Proasellus cavaticus* (Netzspülung, Probe E45); Roter Pfeil markiert die Lage des Messpunkts (Abb. 32)

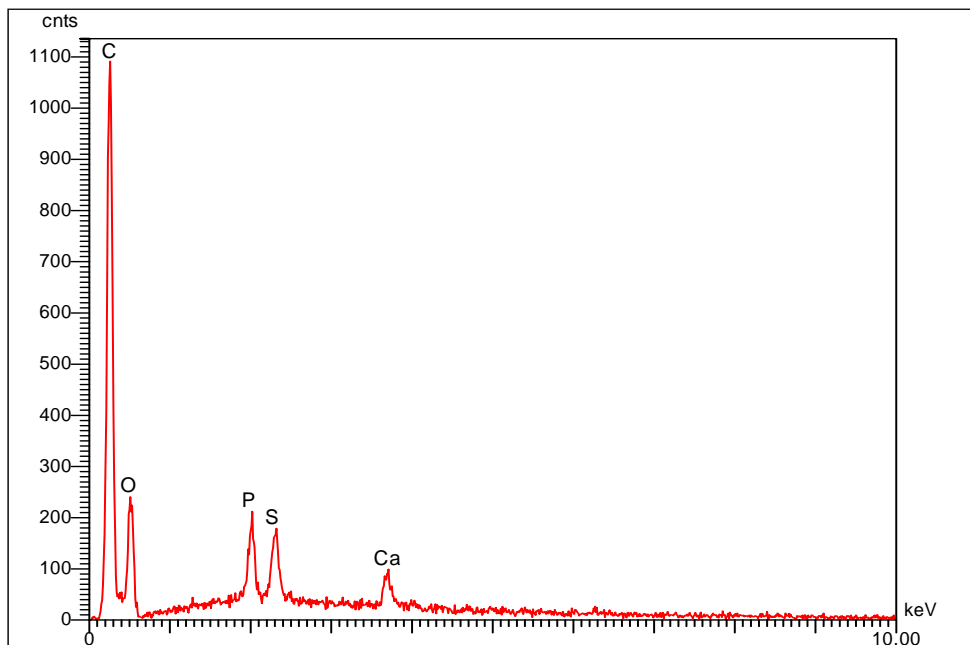


Abb. 32: EDX-Spektrum Probe E45, Messpunkt in Abb. 31, Pfeil

3.5 Molekularbiologische Untersuchungen

Die Ergebnisse der im Rahmen der molekularbiologischen Darminhaltsuntersuchungen durchgeführten DNA-Analysen (Abschn. 2.2.9-2.2.12) werden in diesem Kapitel dargestellt. Nachfolgend steht der Buchstabe „P“ (Prokaryota) als letztes Kürzel in der jeweiligen Probenbezeichnung für eine durchgeführte 16S rDNA-Untersuchung und der Buchstabe „E“ (Eukaryota) entsprechend für eine 18S rDNA-Untersuchung. Die Streubereiche der ermittelten maximalen Identitäten und die hierzu berechneten Mittelwerte sind im Abschn. 7.1 tabellarisch aufgeführt. Die Übersichtsdiagramme zu allen 1104 bearbeiteten Sequenzlängen und maximalen Identitäten, sowie die Zuordnungstabellen der ermittelten Taxa zu den entsprechenden Klonen und die Darstellung der Originalsequenzen dieser Taxa in alphabetischer Reihenfolge sind in den Abschn. 7.2-7.4 abgebildet. Die digitalen Dateien aller 1104 von der Firma Macrogen Inc. erstellten DNA-Sequenzen (Abschn. 2.2.11.2) wurden nach der Bearbeitung mit dem Computerprogramm BioEdit Sequence Alignment Editor (Abschn. 2.2.12) auf unterschiedlichen Datenträgern zur Archivierung gespeichert. Zur qualitativen Beurteilung der ermittelten maximalen Identitäten der Sequenzen wird im weiteren Text der Schwellenwert für Arten nach STACKEBRANDT & GEOBEL (1994) mit $x \geq 97\%$ und der Schwellenwert für Gattungen nach KONSTANTINIDIS & TIEDJE (2007) mit $x \geq 95\%$ verwendet. Nachfolgend steht das Kürzel bp für Basenpaare.

3.5.1 Fressversuch *Asellus aquaticus* / *Cladosporium herbarum*

Die aus Fressversuchen von *Asellus aquaticus* mit Myzelien der Pilzart *Cladosporium herbarum* als Nahrungsquelle stammenden Därme (Abschn. 2.2.3.1) wurden nach der Präparation jeweils in einen vorderen und in einen hinteren Abschnitt geteilt. Die Inhalte von 10 vorderen Darmhälften bildeten dabei jeweils eine Probe mit der Bezeichnung „10“ und die Inhalte von 10 hinteren Darmhälften jeweils eine Probe mit der Bezeichnung „11“.

3.5.1.1 Probe 10P

Den 48 ermittelten Sequenzen können Vertreter der Actinobakterien (*Micrococcus* spec.), Bacteroidetes (*Flavobacterium denitrificans*, *Flavobacterium resistens* und *Flavobacterium* spec.), Alphaproteobakterien (*Sphingomonas* spec.) und Gammaproteo-

bakterien (*Pseudomonas* spec. und *Stenotrophomonas* spec.) zugeordnet werden (Abb. 33 und 48). Die zu den Gammaproteobakterien zählende Gattung *Pseudomonas* spec. ist mit einem prozentualen Anteil von 34 % das dominante Taxon. Der Mittelwert der 48 Sequenzlängen beträgt 916 bp (siehe Abb. 53), der aller maximalen Identitäten 98,2 % (Abb. 54). Sämtliche Sequenzen zeigen sich mit den ermittelten Identitäten auf oder liegen über dem Schwellenwert für Arten oder Gattungen.

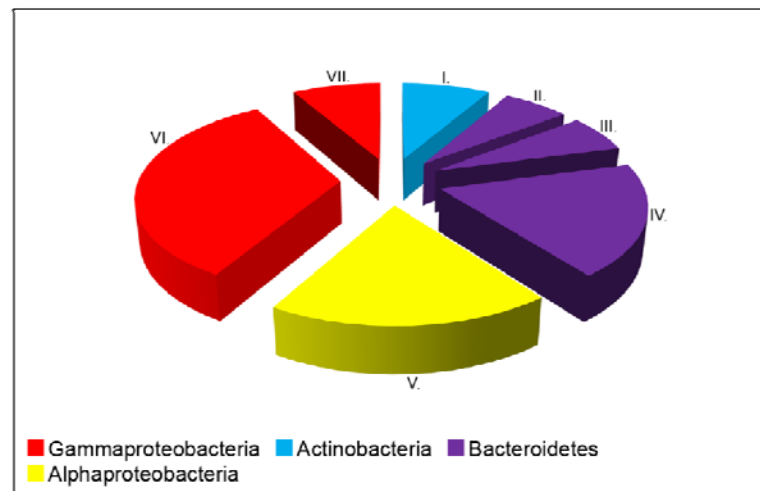


Abb. 33: Fressversuch *Asellus aquaticus* / *Cladosporium herbarum* (10P):
 I. *Micrococcus* spec. (8 %); II. *Flavobacterium* spec. (6 %); III. *Flavobacterium denitrificans* (6 %); IV. *Flavobacterium resistens* (19 %); V. *Sphingomonas* spec. (19 %); VI. *Pseudomonas* spec. (34 %); VII. *Stenotrophomonas* spec. (8 %)

3.5.1.2 Probe 11P

In der vorliegenden Probe können als nächste kultivierte Verwandte Actinobakterien (*Microbacterium oxydans*, *Micrococcus* spec. und *Mycobacterium* spec.), Bacteroidetes (*Flavobacterium denitrificans*, *Flavobacterium resistens* und *Flavobacterium* spec.), Alphaproteobakterien (*Caulobacter* spec., *Rhodobacter megalophilus*, *Sphingomonas* spec.), Betaproteobakterien (*Acidovorax* spec.) und Gammaproteobakterien (*Aeromonas hydrophila*, *Pseudomonas* spec.) ermittelt werden (Abb. 34 und 48). Die Proteobakterien-Klasse Bacteroidetes ist hierbei das dominante Taxon, *Flavobacterium resistens* mit einem prozentualen Anteil von 36 % die dominante Art. Der Mittelwert der 48 Sequenzlängen beträgt 1030 bp (Abb. 55), der aller maximalen Identitäten 98,3 % (Abb. 56). Bis auf eine analysierte Sequenz (Klon-Nr. 17), die mit einer max. Identität von 96 % als nächsten kultivierten Verwandten die Art *Rhodobacter megalophilus* anzeigt,

liegen alle übrigen Sequenzen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

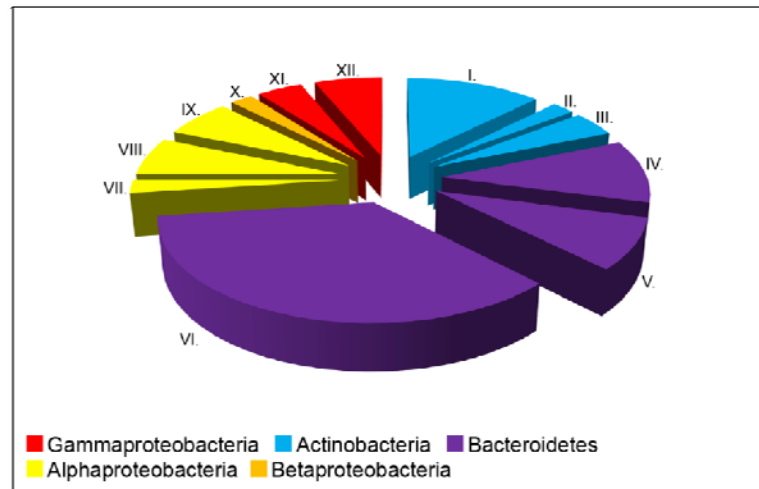


Abb. 34: Fressversuch *Asellus aquaticus* / *Cladosporium herbarum* (11P):
 I. *Micrococcus* spec. (13 %); II. *Microbacterium oxydans* (2 %);
 III. *Mycobacterium* spec. (4 %); IV. *Flavobacterium* spec. (11 %);
 V: *Flavobacterium denitrificans* (8 %); VI. *Flavobacterium resistens*
 (36 %); VII. *Caulobacter* spec. (2 %); VIII. *Rhodobacter megalophilus*
 (6 %); IX. *Sphingomonas* spec. (6 %); X. *Acidovorax* spec. (2 %);
 XI. *Aeromonas hydrophila* (4 %); XII. *Pseudomonas* spec. (6 %)

3.5.1.3 Probe 10E

Für 33 % der sequenzierten Klone kann als nächster bekannter Verwandter das Iso-poden-Taxon *Asellus aquaticus* und für 67 % der Klone das Fungi-Taxon *Davidiella tassiana* (anamorph: *Cladosporium herbarum*) bestimmt werden (Abb. 48). Thallus-teile, welche ohne Kernphasenwechsel vegetativ Vermehrungskeime (Mitosporen, Ko-nidien etc.) bilden, werden bei den Pilzen Nebenfruchtform oder Anamorphe genannt (BRESINSKY et al. 2008). Der Mittelwert der Klon-Sequenzlängen beträgt 966 bp (Abb. 57), der aller maximalen Identitäten 99,7 % (Abb. 58). Alle Sequenzen liegen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Arten.

3.5.1.4 Probe 11E

Für 62 % der sequenzierten Klone werden als nächster bekannter Verwandter die Assel-art *Asellus aquaticus* und für 38 % der Klone das Fungi-Taxon *Davidiella tassiana* (anamorph: *Cladosporium herbarum*) nachgewiesen (Abb. 48). Der Mittelwert der Se-quenzlängen beträgt 1002 bp (Abb. 59), der aller maximalen Identitäten 99,4 % (Abb.

60). Alle Sequenzen liegen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Arten.

3.5.2 Hungerversuch

10 Individuen von *Asellus aquaticus* wurden über die Dauer von 6 Wochen ohne Nahrung in einem Reaktor gehältert (Abschn. 2.2.2). Die Inhalte von 10 vorderen Darmhälften bildeten dabei eine Probe mit der Bezeichnung „12“ und die Inhalte von 10 hinteren Darmhälften eine Probe mit der Bezeichnung „13“. Um Informationen über die Zusammensetzung der bakterielle Darmflora zu erhalten, wurden lediglich Primer zum Nachweis der 16S rDNA eingesetzt. Ein Nachweis der 18S rDNA wurde hier nicht durchgeführt

3.5.2.1 Probe 12P

In der vorliegenden Probe dominieren Gammaproteobakterien (*Aeromonas spec.*, *Enterobacter cloacae* subsp. *cloacae*, *Enteropacter spec.*, *Pseudomonas putida* und *Pseudomonas spec.*) mit einem prozentualen Anteil von 96 %. Vertreter der Actinobakterien (*Arthrobacter oxydans*) und Alphaproteobakterien (*Afipia spec.*) zeigen sich seltener (Abb. 35 und 49). Innerhalb der Gammaproteobakterien sind die Gattung *Pseudomonas spec.* und die Art *Pseudomonas putida* die dominanten Taxa. Der Mittelwert der 48 Sequenzlängen beträgt 1024 bp (Abb. 61), der aller maximalen Identitäten 98,7 % (Abb. 62). Sämtliche Sequenzen liegen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

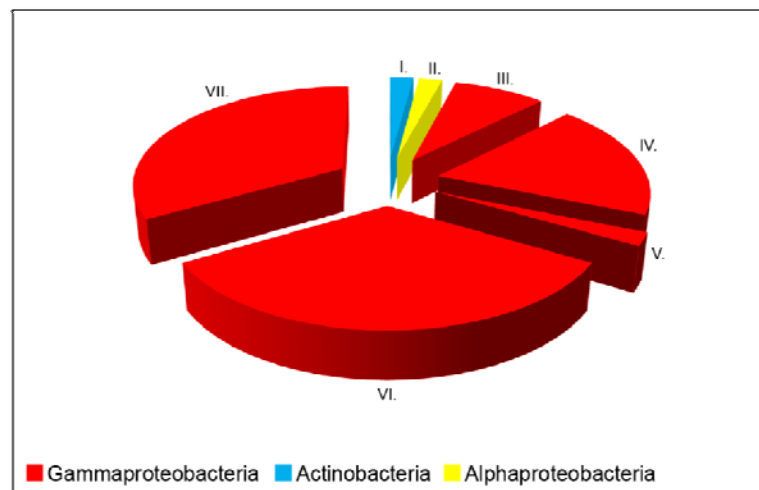


Abb. 35: Hungerversuch *Asellus aquaticus* (12P): I. *Arthrobacter oxydans*

(2 %); II. *Afipia* spec. (2 %); III. *Aeromonas* spec. (8 %); IV. *Enterobacter* spec. (19 %); V: *Enterobacter cloacae* subsp. *cloacae* (2 %); VI. *Pseudomonas* spec. (34 %); VII. *Pseudomonas putida* (33 %)

3.5.2.2 Probe 13P

Auch in dieser Probe dominieren mit einem Anteil von 92 % Gammaproteobakterien (*Aeromonas* spec., *Enterobacter cloacae* subsp. *cloacae*, *Enterobacter* spec., *Pseudomonas putida* und *Pseudomonas* spec.) deutlich. Vertreter der Betaproteobakterien (*Achromobacter* spec. und *Chitinibacter* spec.) zeigen sich anteilmäßig unauffällig (Abb. 36 & 49). Innerhalb der Gammaproteobakterien sind die Art *Pseudomonas putida*, gefolgt von der Gattung *Pseudomonas* spec., die beiden dominanten Taxa. Der Mittelwert der 48 Sequenzlängen beträgt 1067 bp (Abb. 63), der aller maximalen Identitäten 98,9 % (Abb. 64). Sämtliche Sequenzen liegen auch hier mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

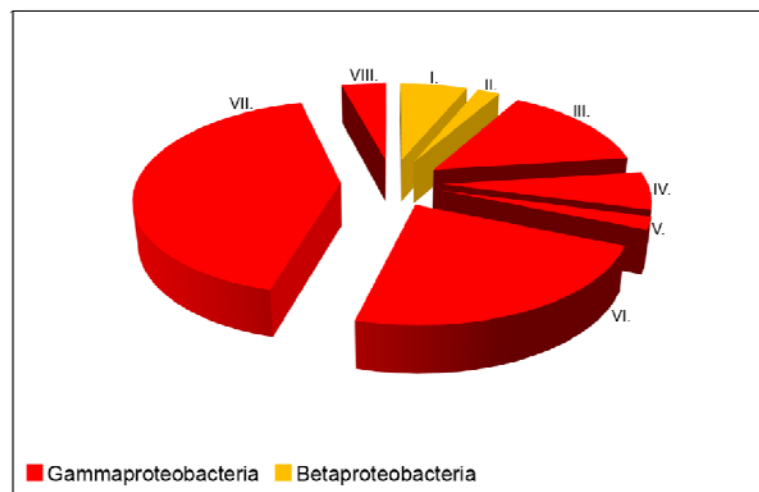


Abb. 36: Hungerversuch *Asellus aquaticus* (13P): I. *Achromobacter* spec. (6 %); II. *Chitinibacter* spec. (2 %); III. *Aeromonas sobria* (15 %); IV. *Enterobacter* spec. (6 %); V: *Enterobacter cloacae* (2 %); VI. *Pseudomonas* spec. (23 %); VII. *Pseudomonas putida* (42 %); VIII: *Stenotrophomonas rhizophila* (4 %)

3.5.3 Fressversuch *Asellus aquaticus* / Schwarzerlenblätter

Auch die Asseldärme, welche aus Fressversuchen von *Asellus aquaticus* mit gequollenen Schwarzerlenblättern als angebotene Nahrungsquelle stammten (Abschn. 2.2.3.2), wurden nach der Präparation jeweils in einen vorderen und einen hinteren Abschnitt se-

pariert. Die Inhalte von 10 vorderen Darmhälften bilden dabei jeweils eine Probe mit der Bezeichnung „B1“ und die Inhalte von 10 hinteren Darmhälften jeweils eine Probe mit der Bezeichnung „B2“.

3.5.3.1 Probe B1P

In der Probe B1P wird eine klare Dominanz an Gammaproteobakterien (*Aeromonas salmonicida*, *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, *Crenothrix polyspora*, *Enterovibrio* spec., *Photobacterium* spec., *Pseudomonas mandelii* und *Pseudomonas* spec.) festgestellt. Alphaproteobakterien (*Caulobacter* spec., *Hyphomicrobium facile* subsp. *tolerans*, *Hyphomicrobium vulgare* und *Methylocapsa aurea*) zeigen sich hier mit einem prozentualen Anteil von 10 % (Abb. 37 und 50). Innerhalb der Gammaproteobakterien dominieren die Gattung *Enterovibrio* spec. und die Art *Aeromonas salmonicida*. Der Mittelwert der 48 Sequenzlängen beträgt 960 bp (Abb. 65), der aller maximalen Identitäten 96,6 % (Abb. 66). 18 ermittelte Sequenzen, welche den Taxa *Hyphomicrobium vulgare* (Klon-Nr. 24), *Crenothrix polyspora* (Klon-Nr. 45), *Enterovibrio* spec. (Klon-Nr. 1, 2, 6, 10, 11, 22, 28, 29, 31 und 33) und *Photobacterium* spec. (Klon-Nr. 4, 8, 15, 16, 42 und 46) zugeordnet werden können, liegen unterhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

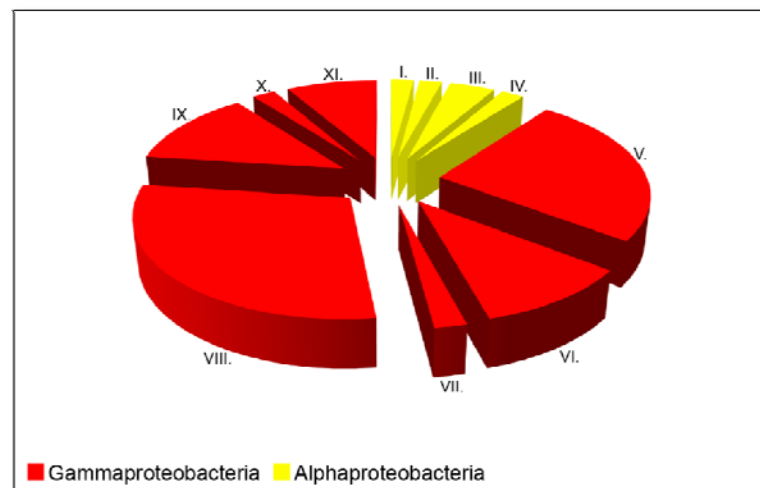


Abb. 37: Fressversuch *Asellus aquaticus* / Schwarzerlenblätter (B1P): I. *Caulobacter* spec. (2 %); II. *Hyphomicrobium facile* subsp. *tolerans* (2 %); III. *Hyphomicrobium vulgare* (4 %); IV. *Methylocapsa aurea* (2 %); V: *Aeromonas salmonicida* (25 %); VI. *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* (11 %); VII. *Crenothrix polyspora* (2 %); VIII. *Enterovibrio* spec. (29 %); IX. *Photobacterium* spec. (13 %); X. *Pseudomonas* spec. (2 %); XI. *Pseudomonas mandelii* (8 %)

3.5.3.2 Probe B2P

Den ermittelten Sequenzen können Vertreter der Actinobakterien (*Gaiella occulta*), Bacteroidetes (*Flavobacterium hercynium*), Alphaproteobakterien (*Hyphomicrobium facile* subsp. *tolerans*, *Hyphomicrobium vulgare*, *Methylobacterium zatmanii*, *Methylocapsa aurea*, *Methylocystis echinoides*, *Methylosinus trichosporium*, *Pedomicrobium fusiforme*, *Pedomicrobium manganicum*, *Rhizobiales bacterium*, *Rhodobacter spec.*, *Sphingomonas spec.* und *Sphingopyxis spec.*), Deltaproteobakterien (*Geobacter metallireducens*) und Gammaproteobakterien (*Aeromonas hydrophila* subsp. *hydrophila*, *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, *Ectothiorhodospira spec.*, *Enterovibrio spec.* und *Pseudomonas fluorescens*) zugeordnet werden (Abb. 38 und 50). Dominant sind auch hier die Gammaproteobakterien mit einem prozentualen Anteil von 62 %. Der Mittelwert der 48 Sequenzlängen beträgt 1046 bp (Abb. 67), der aller maximalen Identitäten 97,5 % (Abb. 68). 9 ermittelte Sequenzen, die den Taxa *Ectothiorhodospira spec.* (Klon-Nr. 7), *Flavobacterium hercynium* (Klon-Nr. 24, 27 und 28), *Gaiella occulta* (Klon-Nr. 2), *Geobacter metallireducens* (Klon-Nr. 13), *Hyphomicrobium vulgare* (Klon-Nr. 31), *Methylocapsa aurea* (Klon-Nr. 48) und *Rhizobiales bacterium* (Klon-Nr. 18) zugeordnet werden können, liegen unterhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

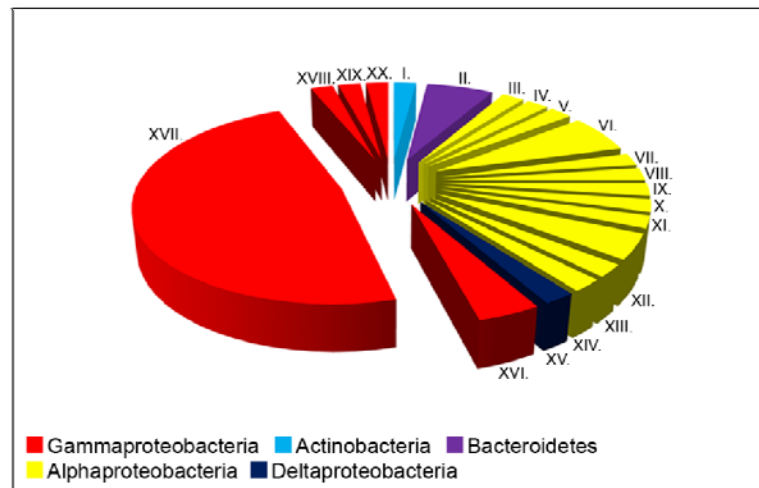


Abb. 38: Fressversuch *Asellus aquaticus* / Schwarzerlenblätter (B2P): I. *Gaiella occulta* (2 %); II. *Flavobacterium hercynium* (6 %); III. *Hyphomicrobium facile* subsp. *tolerans* (2 %); IV. *Hyphomicrobium vulgare* (2 %); V. *Methylobacterium zatmanii* (2 %); VI. *Methylocapsa aurea* (6 %); VII. *Methylocystis echinoides* (2 %); VIII. *Methylosinus trichosporium* (2 %); IX. *Rhizobiales bacterium* (2 %); X. *Rhodobacter spec.* (2 %); XI. *Pedomicrobium fusiforme* (2 %); XII. *Pedomicrobium manganicum* (4 %); XIII. *Sphingomonas spec.* (2 %); XIV. *Sphingopyxis spec.* (2 %); XV. *Geobacter metallireducens* (2 %); XVI. *Aeromonas hydrophila* subsp. *hydrophila* (6 %); XVII. *Aeromonas salmonicida*

subsp. *salmonicida* (48 %); XVIII. *Ectothiorhodospira* spec. (2 %); XIX. *Enterovibrio* spec. (2 %); XX. *Pseudomonas fluorescens* (2 %)

3.5.3.3 Probe B1E

In der Probe B1E wird nur DNA von *Asellus aquaticus* nachgewiesen (Abb. 50). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1055 bp (Abb. 69), der aller maximalen Identitäten 99,0 % (Abb. 70). Alle Sequenzen liegen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Arten.

3.5.3.4 Probe B2E

Auch in der Probe B2E kann nur DNA von *Asellus aquaticus* nachgewiesen werden (Abb. 50). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1027 bp (Abb. 71), der aller maximalen Identitäten 99,0 % (Abb. 72). Sämtliche Sequenzen liegen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Arten.

3.5.4 Freilandprobe *Asellus aquaticus*

20 über eine Hydrantenspülung gesammelten Individuen von *Asellus aquaticus* wurden nach der Artbestimmung die Därme präpariert und anschließend jeweils der Nahrungsbrei von 10 ganzen Därmen molekularbiologisch untersucht.

3.5.4.1 Probe Br1P

In der vorliegenden Probe können Vertreter der Alphaproteobakterien (*Haematobacter massiliensis*, *Rhodobacter* spec.) und Gammaproteobakterien (*Arenimonas* spec., *Erwinia persicina*) ermittelt werden (Abb. 39 und 49). Dominant ist hierbei mit einem prozentualen Anteil von 83 % die zu den Gammaproteobakterien zählende Gattung *Arenimonas* spec.. Der Mittelwert der 48 Sequenzlängen beträgt 934 bp (Abb. 73), der aller maximalen Identitäten 95,4 % (Abb. 74). 8 ermittelte Sequenzen, die als nächste kultivierte Verwandte die Gattung *Arenimonas* spec. (Klon-Nr. 20 und 43) und die Art *Haematobacter massiliensis* (Klon- Nr. 4, 9, 10, 21, 24 und 25) anzeigen, liegen unterhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

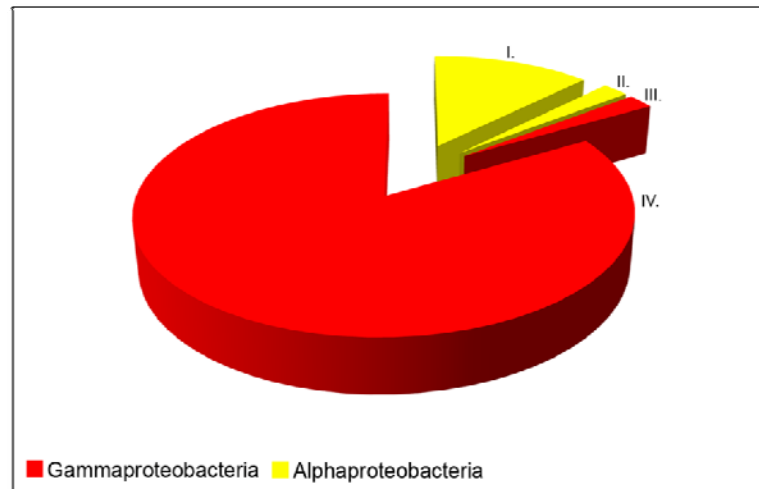


Abb. 39: Freilandprobe *Asellus aquaticus* (Br1P): I. *Haematobacter massiliensis* (13 %); II. *Rhodobacter* spec. (2 %); III. *Erwinia persicina* (2 %); IV. *Arenimonas* spec. (83 %)

3.5.4.2 Probe Br1E

In der Probe Br1E wird nur DNA von *Asellus aquaticus* nachgewiesen (Abb. 49). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 961 bp (Abb. 75), der aller maximalen Identitäten 99,0 % (Abb. 76). Alle Sequenzen liegen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Arten.

3.5.5 Freilandproben *Proasellus cavaticus*

Individuen von *Proasellus cavaticus* wurden über Hydrantenspülungen an zwei Probenahmepunkten in einem deutschen Trinkwasserverteilungssystem im März 2012 (Hydrant 1: Proben-Nr. = E1; Hydrant 2: Proben-Nr. E45), im September 2012 (Hydrant 1: Proben-Nr. = EI und EV; Hydrant 2: Proben-Nr. EIII und EVII) und im November 2012 (Hydrant 1: Proben-Nr. = EII und EVI; Hydrant 2: Proben-Nr. EIV und EVIII) gesammelt und pro Analyse jeweils der Nahrungsbrei von 10 ganzen Därmen untersucht.

3.5.5.1 Probe E1P

Den ermittelten Sequenzen der vorliegenden Probe können Vertreter der Actinobakterien (*Aciditerrimonas* spec., *Microbacterium lacus* und *Microbacterium oxydans*), Bacteroidetes (*Flavobacterium* spec.), Firmicutes (*Exiguobacterium undae*), Alphaproteobakterien (*Afipia* spec., *Brevundimonas bullata*, *Caulobacter vibrioides*,

Haematobacter massiliensis, *Pseudorhodobacter* spec. und *Rhizobium* spec.), Beta-proteobakterien (*Rastonia picketii*) und Gammaproteobakterien (*Arenimonas* spec., *Pantoea agglomerans* und *Pseudomonas denitrificans*) zugeordnet werden (Abb. 40 und 51). Dominant ist hierbei die zu den Gammaproteobakterien zählende Gattung *Arenimonas* spec. mit einem prozentualen Anteil von 67 %. Der Mittelwert der 48 Sequenzlängen beträgt 748 bp (Abb. 77), der aller maximalen Identitäten 96,2 % (Abb. 78). 5 der ermittelten DNA-Sequenzen, die als nächste kultivierte Verwandte die Taxa *Aciditerrimonas* spec. (Klon-Nr. 26), *Arenimonas* spec. (Klon-Nr. 28), *Haematobacter massiliensis* (Klon-Nr. 20 und 47) und *Pseudomonas denitrificans* (Klon-Nr. 25) anzeigen, liegen unterhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen. Die Gattung *Arenimonas* spec. unterschreitet hierbei nur für eine Sequenz und um 1 % diesen in der Literatur beschriebenen Schwellenwert.

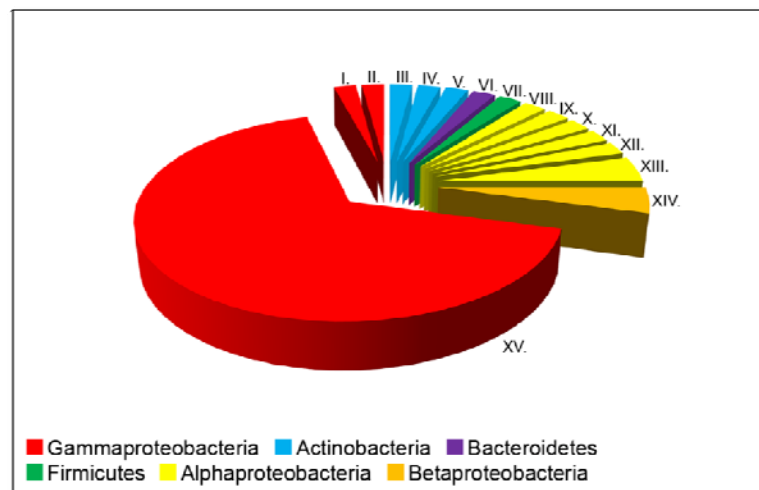


Abb. 40: Freilandprobe *Proasellus cavaticus* (E1P): I. *Pantoea agglomerans* (2 %); II. *Pseudomonas denitrificans* (2 %); III. *Aciditerrimonas* spec. (2 %); IV. *Microbacterium lacus* (2 %); V: *Microbacterium oxydans* (2 %); VI. *Flavobacterium* spec. (2 %); VII. *Exiguobacterium undae* (2 %); VIII. *Brevundimonas bullata* (2 %); IX. *Caulobacter vibrioides* (2 %); X. *Afipia* spec. (2 %); XI. *Rhizobium* spec. (2 %); XII. *Haematobacter massiliensis* (2 %); XIII. *Pseudorhodobacter* spec. (5 %); XIV. *Rastonia picketii* (4 %); XV. *Arenimonas* spec. (67 %)

3.5.5.2 Probe EIP

In der Probe EIP werden ausschließlich Betaproteobakterien (*Acidivorax* spec. und *Pelomonas saccharophila*) nachgewiesen (Abb. 41 und 51). Das vorherrschende Taxon ist hierbei die Gattung *Acidovorax* spec.. Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1131 bp (Abb. 79), der aller maximalen Identitäten 98,9 % (Abb. 80). Alle Sequenzen

liegen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

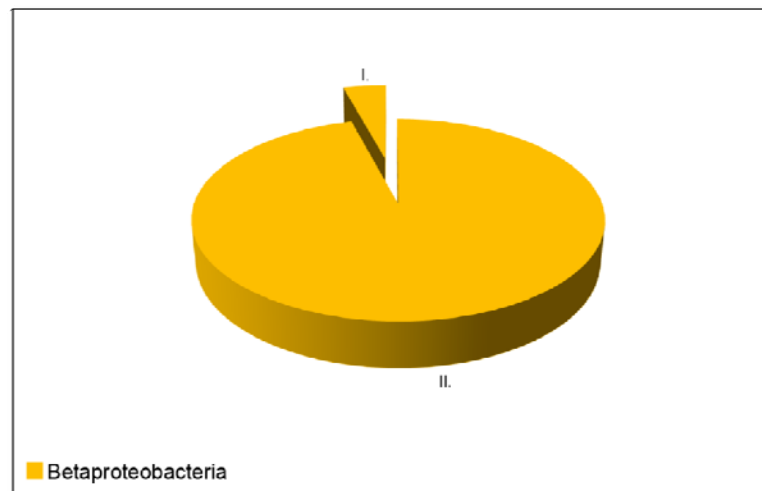


Abb. 41: Freilandprobe *Proasellus cavaticus* (EIP): I. *Pelomonas saccharophila* (4 %); II. *Acidovorax* spec. (96 %)

3.5.5.3 Probe EIIP

Sämtliche ermittelte Sequenzen können der Betaproteobakterien-Gattung *Acidovorax* spec. zugeordnet werden (Abb. 51). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1046 bp (Abb. 81), der aller maximalen Identitäten 98,7 % (Abb. 82). Alle Sequenzen liegen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Gattungen.

3.5.5.4 Probe E45P

In der vorliegenden Probe können Vertreter der Actinobakterien (*Microbacterium paraoxydans*), Bacteroidetes (*Flavobacterium* spec.), Firmicutes (*Exiguobacterium undae*), Alphaproteobakterien (*Haematobacter massiliensis*, *Rhodobacter changlensis*, *Rhodobacter ovatus*, *Rhodobacter* spec. und *Pseudorhodobacter* spec.) und Gammaproteobakterien (*Acinetobacter johnsonii*, *Arenimonas* spec., *Erwinia rhapontici*, *Pseudomonas* spec., *Steroidobacter denitrificans* und *Steroidobacter* spec.) nachgewiesen werden (Abb. 42 und 52). Auch in dieser Freilandprobe ist die Gattung *Arenimonas* spec. mit einem prozentualen Anteil von 54 % das dominante Taxon. Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 819 bp (Abb. 83), der aller maximalen Identitäten 96,0 % (Abb. 84). 9 ermittelte Sequenzen, die als nächste kultivierte Verwandte die Taxa *Arenimonas* spec. (Klon-Nr. 5, 13, 38 und 42), *Haematobacter massiliensis*

(Klon-Nr. 4 und 17), *Pseudomonas* spec. (Klon-Nr. 41), *Steroidobacter denitrificans* (Klon-Nr. 1) und *Steroidobacter* spec. (Klon-Nr. 16) anzeigen, liegen unterhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

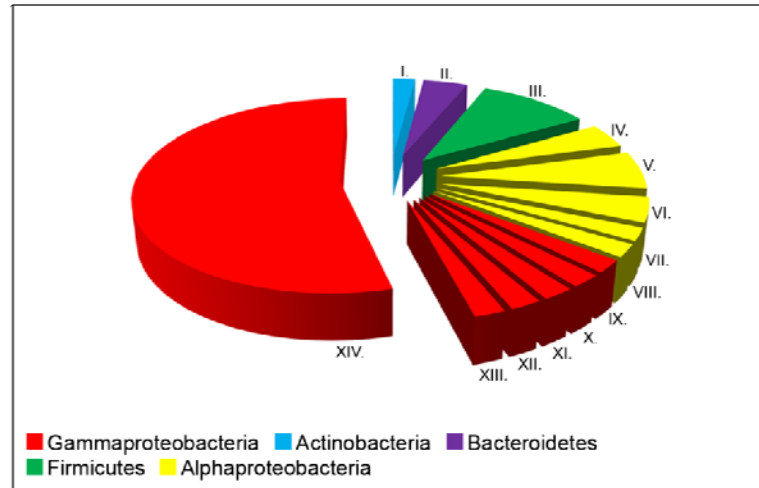


Abb. 42: Freilandprobe *Proasellus cavaticus* (E45P): I. *Microbacterium paraoxydans* (2 %); II. *Flavobacterium* spec. (4 %); III. *Exiguobacterium undae* (11 %); IV. *Haematobacter massiliensis* (4 %); V. *Rhodobacter changlensis* (7 %); VI. *Rhodobacter* spec. (4 %); VII. *Rhodobacter ovatus* (2 %); VIII. *Pseudorhodobacter* spec. (2 %); IX. *Erwinia rhapontici* (2 %); X. *Acinetobacter johnsonii* (2 %); XI. *Pseudomonas* spec. (2 %); XII. *Steroidobacter denitrificans* (2 %); XIII. *Steroidobacter* spec. (2 %); XIV. *Arenimonas* spec. (54 %)

3.5.5.5 Probe EIIP

In der Probe EIIP können Vertreter der Actinobakterien (*Mycobacterium* spec.; prozentueller Anteil = 2%), Alphaproteobakterien (*Bradyrhizobium* spec.; prozentueller Anteil = 2%) und Betaproteobakterien (*Acidovorax* spec.) ermittelt werden (Abb. 52). Die Gattung *Acidovorax* spec. ist mit einem prozentualen Anteil von 96 % das vorherrschende Taxon. Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 999 bp (Abb. 85), der aller maximalen Identitäten 98,8 % (Abb. 86). Sämtliche Sequenzen liegen mit den ermittelten Identitäten oberhalb des Schwellenwerts für Gattungen.

3.5.5.6 Probe EIVP

In der Probe EIVP können die 48 ermittelten Sequenzen Vertretern der Alphaproteobakterien (*Hyphomicrobium* spec.) und Betaproteobakterien (*Acidovorax* spec.) zugeordnet werden (Abb. 52). Auch hier dominiert die Gattung *Acidovorax* spec. mit einem

prozentualen Anteil von 96 %. Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1022 bp (Abb. 87), der aller maximalen Identitäten 98,7 % (Abb. 88). Bis auf eine Klon-Sequenz (*Hyphomicrobium* spec., Klon-Nr. 35) zeigen sich die ermittelten Identitäten auf oder über dem Schwellenwert für Arten oder Gattungen.

3.5.5.7 Probe E1E

Den 48 ermittelten Sequenzen der Probe E1E können Vertreter der Amoebozoa (*Protacanthamoeba bohemica*), Heterolobosea (*Naegleria* spec.), Fungi (*Acremonium strictum*, *Gibberella moniliformis* und *Pichia* spec.) und Crustacea (*Proasellus cavaticus*) zugeordnet werden (Abb. 43 und 51). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1000 bp (Abb. 89), der aller maximalen Identitäten 99,0 % (Abb. 90). Sämtliche ermittelte Sequenzen zeigen sich oberhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

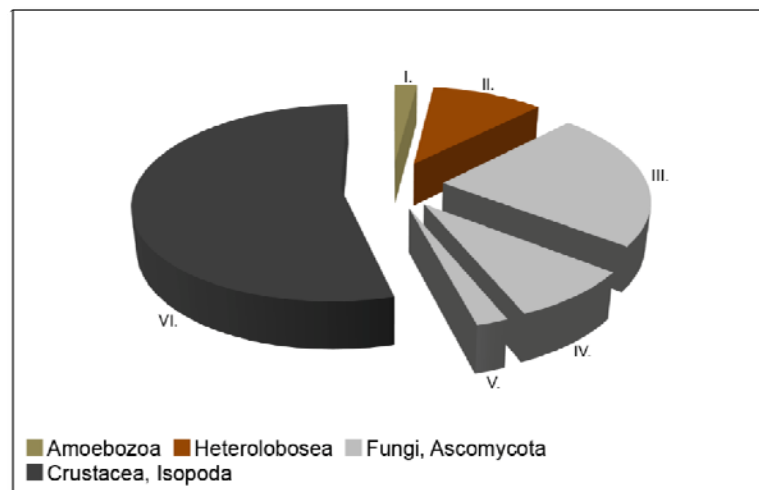


Abb. 43: Freilandprobe *Proasellus cavaticus* (E1E): I. *Protacanthamoeba bohemica* (2 %); II. *Naegleria* spec. (11 %); III. *Gibberella moniliformis* (23 %); IV. *Acremonium strictum* (8 %); V. *Pichia* spec. (2 %); VI. *Proasellus cavaticus* (54 %)

3.5.5.8 Probe EVE

Den 48 Sequenzen der Probe EVE können unterschiedliche Pilz-Taxa (*Cladosporium* spec., *Fusarium* spec., *Gibberella moniliformis*, *Phoma* spec.) und ein Isopoden-Taxon (*Proasellus cavaticus*) zugeordnet werden (Abb. 44 und 51). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1092 bp (Abb. 91), der aller maximalen Identitäten 98,9 % (Abb.

92). Sämtliche ermittelte Sequenzen zeigen sich oberhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

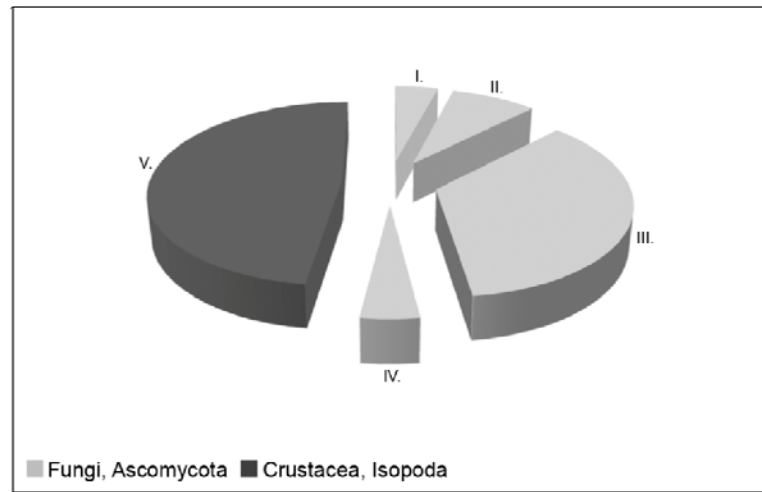


Abb. 44: Freilandprobe *Proasellus cavaticus* (EVE): I. *Cladosporium spec.* (4 %); II: *Fusarium spec.* (8 %); III: *Gibberella moniliformis* (36 %); *Phoma spec.* (4 %); V. *Proasellus cavaticus* (48 %)

3.5.5.9 Probe EVIE

Den Sequenzen der Probe EVIE können zwei unterschiedliche Pilz-Taxa (*Aspergillus spec.* und *Gibberella moniliformis*) und die Isopoden-Art *Proasellus cavaticus* zugeordnet werden (Abb. 45 und 51). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1081 bp (Abb. 93), der aller maximalen Identitäten 98,9 % (Abb. 94). Sämtliche ermittelte Sequenzen zeigen sich oberhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

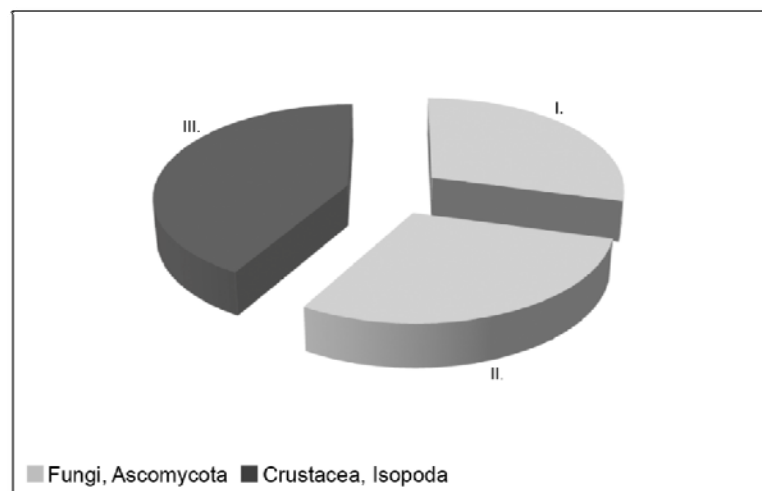


Abb. 45: Freilandprobe *Proasellus cavaticus* (EVIE): I. *Aspergillus spec.* (29 %); II: *Gibberella moniliformis* (29 %); III: *Proasellus cavaticus* (42 %)

3.5.5.10 Probe E45E

Den 48 ermittelten Sequenzen der Probe E45E können Vertreter der Amoebozoa (*Protacanthamoeba bohemica*), Heterolobosea (*Naegleria spec.*), Fungi (*Gibberella moniliformis* und *Sarocladium kiliense*) und Isopoden (*Proasellus cavaticus*) zugeordnet werden (Abb. 46 und 52). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1025 bp (Abb. 95), der aller maximalen Identitäten 98,9 % (Abb. 96). Sämtliche ermittelte Sequenzen zeigen sich oberhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen.

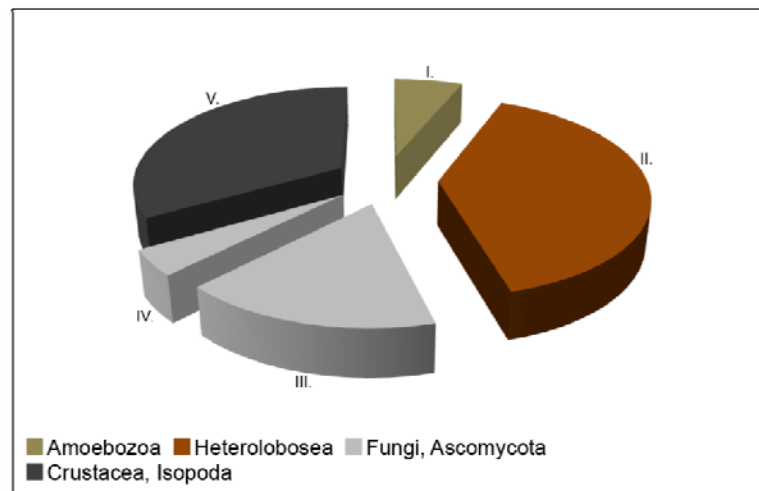


Abb. 46: Freilandprobe *Proasellus cavaticus* (E45E): I. *Protacanthamoeba bohemica* (6 %); II. *Naegleria spec.* (40 %); III. *Gibberella moniliformis* (17 %); IV. *Sarocladium kiliense* (4 %); V. *Proasellus cavaticus* (33 %)

3.5.5.11 Probe EVIIE

Den 48 Sequenzen der Probe EVIIE können eine Pilz- (*Gibberella moniliformis*; prozentualer Anteil = 19 %) und eine Assel-Art (*Proasellus cavaticus*; prozentualen Anteil = 81 %) zugeordnet werden (Abb. 52). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt 1050 bp (Abb. 97), der aller maximalen Identitäten 98,9 % (Abb. 98). Sämtliche ermittelte Sequenzen zeigen sich oberhalb des Schwellenwerts für Arten.

3.5.5.12 Probe EVIIIE

Auch den 48 Sequenzen der Probe EVIIIE können eine Pilz- (*Gibberella moniliformis*; prozentualer Anteil = 27 %) und eine Assel-Art (*Proasellus cavaticus*; prozentualer Anteil = 73 %) zugeordnet werden (Abb. 52). Der Mittelwert der Sequenzlängen beträgt

hier 1066 bp (Abb. 99), der aller maximalen Identitäten 98,9 % (Abb. 100). Keine der ermittelten Sequenzen zeigt sich unterhalb des Schwellenwerts für Arten.

3.5.6 Zusammenfassende Darstellungen der DNA-Analysen

Nachfolgend werden die unter Abschn. 3.5.1-3.5.5 beschriebenen Ergebnisse der molekularbiologischen Untersuchungen ergänzend in inhaltlich verdichteten Übersichtsdigrammen dargestellt (Abb. 48-52). Die in den Darminhaltsproben ermittelten Arten und Gattungen werden hierzu jeweils dem übergeordneten Taxon zugeordnet. Für die Prokaryonten ist eine Aufteilung in Bacteroidetes, Firmicutes, Actinobacteria, Alphaproteobacteria, Betaproteobacteria, Deltaproteobacteria und Gammaproteobacteria – für die Eukaryonten eine in Amoebozoa, Heterolobosea, Ascomycota und Isopoda vorgenommen worden. In Abb. 47 sind die für die unterschiedlichen Taxa verwendeten Farbcodes dargestellt.

Prokaryota:	Eukaryota:
■ Actinobacteria	■ Amoebozoa
■ Bacteroidetes	■ Heterolobosea
■ Firmicutes	■ Fungi, Ascomycota
■ Alphaproteobacteria	■ Crustacea, Isopoda
■ Betaproteobacteria	
■ Deltaproteobacteria	
■ Gammaproteobacteria	

Abb. 47: Farbcodierung der übergeordneten Taxa

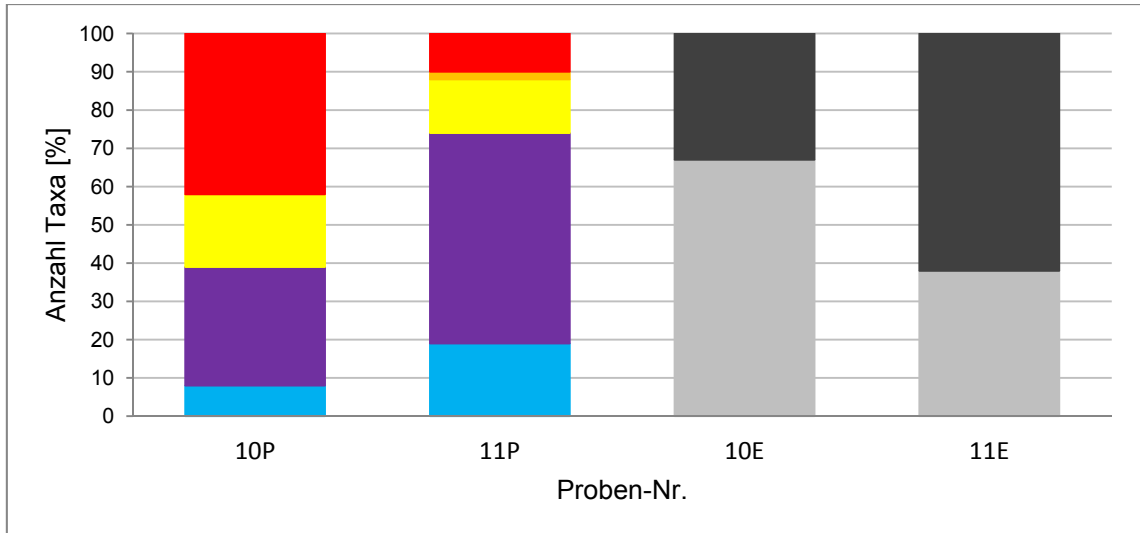


Abb. 48: Übersichtsdarstellung der DNA-Analyseergebnisse Proben 10 und 11

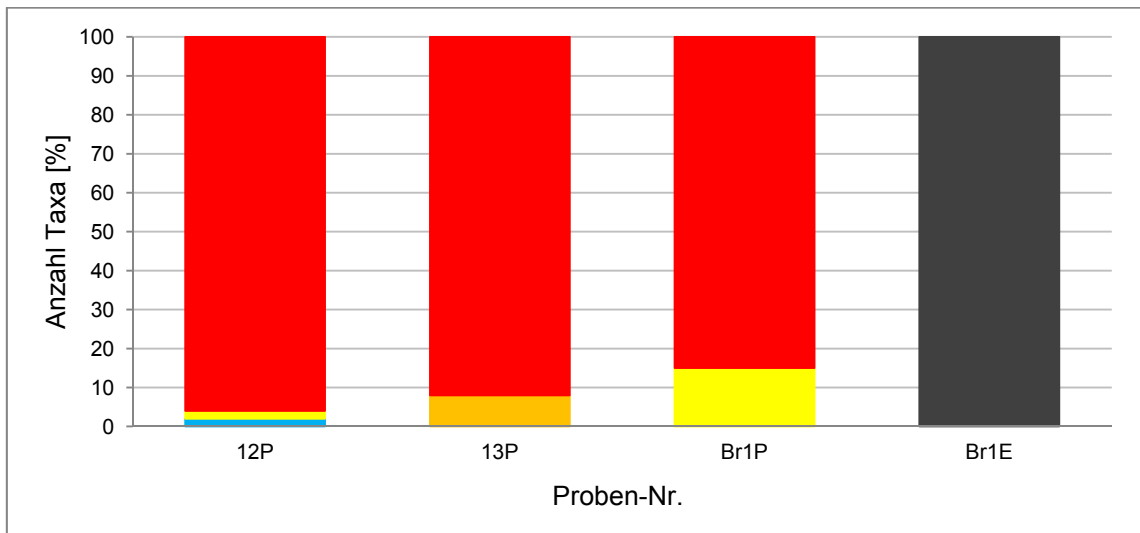


Abb. 49: Übersichtsdarstellung der DNA-Analyseergebnisse Proben 12, 13 und Br1

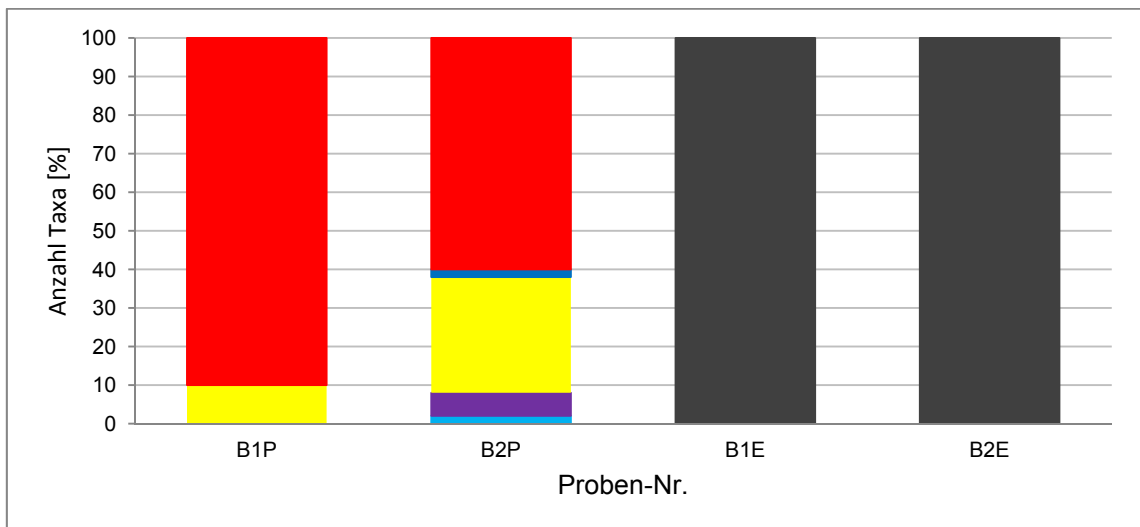


Abb. 50: Übersichtsdarstellung der DNA-Analyseergebnisse Proben B1

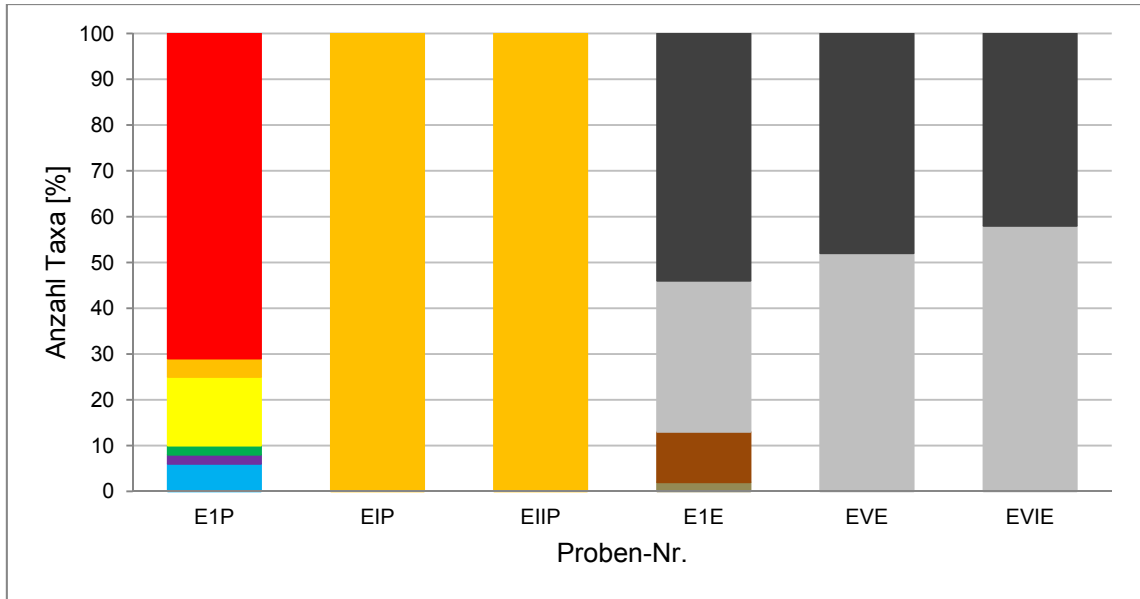


Abb. 51: Übersichtsdarstellung der DNA-Analysenergebnisse Proben E1, EI, EII, EV, EVI

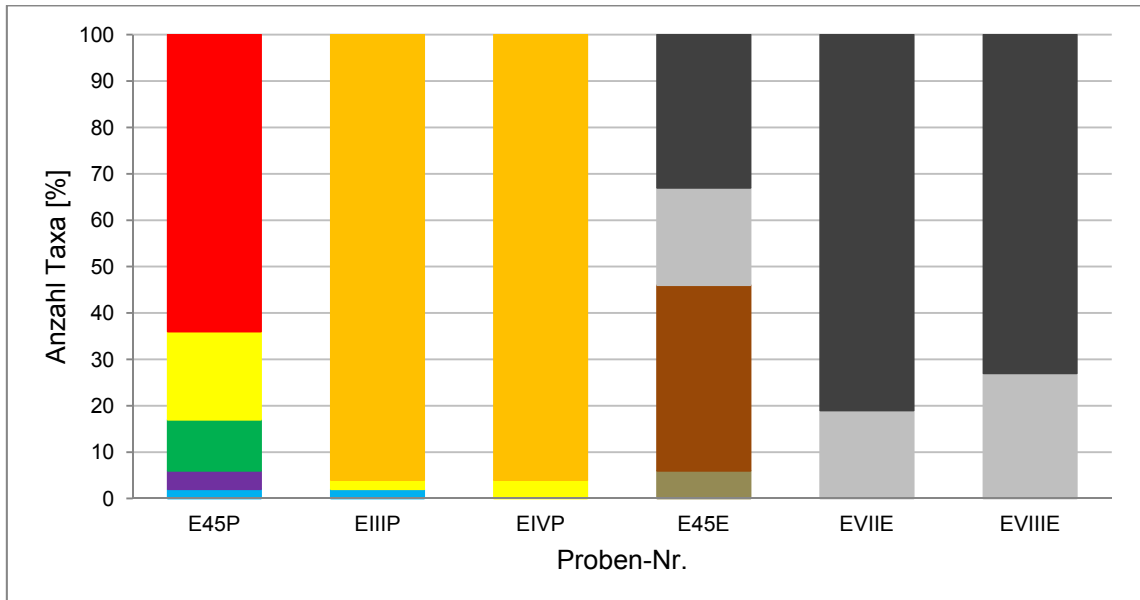


Abb. 52: Übersichtsdarstellung der DNA-Analysenergebnisse Proben E45, EIII, EIV, EVII, EVIII

4 Diskussion

In der vorliegenden Arbeit wurden Aspekte zur Ernährungsweise von Wasserasseln in Trinkwasserverteilungssystemen untersucht. Im Folgenden werden die Ergebnisse bewertet und diskutiert. Es wurden Isopoden aus unterschiedlichen deutschen Trinkwasserverteilungsnetzen über Hydrantenspülungen gesammelt (Abschn. 4.2) und parallel hierzu Tiere im Labor unter definierten Bedingungen gehältert und mit unterschiedlichen Nahrungsquellen gefüttert (Abschn. 4.4). Die Darminhalte ausgewählter Asseln wurden molekularbiologisch auf Basis der 16S und 18S rDNA untersucht und charakterisiert (Abschn. 4.5). Ergänzend hierzu wurden elektronenmikroskopische- und lichtmikroskopische Untersuchungen (Abschn. 4.3 und 4.1) durchgeführt.

4.1 Morphologische Artbestimmung

Da eine eindeutige Artbestimmung der heimischen Wasserasseln momentan nur über die Betrachtung der Gonopoden möglich ist, wurden alle im Rahmen dieser Arbeit untersuchten Individuen entsprechend lichtmikroskopisch identifiziert. Die über Hydrantenspülungen gesammelten Tiere konnten so eindeutig den Taxa *Asellus aquaticus* (Abb. 15) und *Proasellus cavaticus* (Abb. 17) zugeordnet werden. Doch allein für *Proasellus cavaticus* nennt HENRY (1976) insgesamt 11 Unterarten, die jeweils nur über minimale Variationen im Bau der Gonopoden, vor allem in der Ausprägung des lappenartigen Zipfels und der Öffnung des Samenbehälters am Endopoditen, unterscheidbar seien (Abb. 17; grüne und rote Pfeile). So wurde auf seinen Vorschlag hin die ehemals als *cavaticus*-Unterart beschriebene Form „*walteri* (CHAPPUIS, 1948)“ als eigenständige Art anerkannt. Nachweise dieser Isopodenart liegen für Deutschland aus einem Brunnen in Freiburg vor (STEENKEN 1998). WÄGELE (2007) wertet die existierenden Beschreibungen der genannten Unterarten jedoch als sehr mangelhaft und weist darauf hin, dass eine Abgrenzung von Populationen hierüber kaum nachvollziehbar sei. Weiter erwartet er, dass angesichts der weiten Verbreitung der *cavaticus*-Gruppe ein ausgeprägter Polymorphismus vorkommt. Da bis heute der Status vieler Asseltaxa ungeklärt ist, kann künftig nur eine Kombination aus klassischen, morphologischen Artbeschreibungen und modernen, genetischen Populationsanalysen zur Klärung der Verwandtschaftsverhältnisse beitragen. Voraussetzungen hierfür sind neben detaillierteren Kenntnissen über die

Verbreitungsareale der Taxa auch die Zugänglichkeit dieser Lebensräume für eine Beprobung.

4.2 Isopoden in Trinkwasserverteilungssystemen

WÄGELE (2007) nennt als natürliche Habitate von *Proasellus cavaticus* verschiedene Typen unterirdischer Gewässer, wie Höhlen und Karstgewässer, sowie grobsubstratige Lückensysteme am Rand von Fließgewässern. Für Deutschland zählen WÄCHTLER (1937) und er folgende Fundstätten auf: Leine bei Gronau, Brunnen an der Oker bei Braunschweig, Ufergrundwasser der Weser zwischen Hameln und Holzminden, Klaus-thaler Gruben und Grumbacher Stollen im Harz, Kluterthöhle bei Ennepetal in Westfalen, Erdmannshöhle in Baden, Ufergrundwasser des Rheins und der Sieg zwischen Bonn und Siegburg, Höhlen des Siebengebirges, Hilgerhäuser Höhle in Hessen-Nassau, im Einzugsgebiet der Saale bei Bad Langensalza, Falkensteiner Höhle bei Urach in Württemberg sowie Brunnen bei Aschaffenburg, Biberach, Freiburg im Breisgau, Tübingen, München, Idstein im Taunus, Elberfeld, Bonn, Hameln, Holzminden und Breisach am Rhein. Die von HUSSON & DAUM (1955) in einer Erzgrube in Lothringen gefundenen Individuen von *Proasellus cavaticus* hielten sich bei einer Wassertemperatur von 12,6 °C bevorzugt im ruhigen, stagnierenden Wasser auf, wobei der Untergrund des 20 bis 40 cm tiefen Gewässers aus faustgroßen Geröllbrocken, Resten alter Grubenstempel und fauligem Kalkschlamm bestand. Auch die im Rahmen dieser Arbeit gesammelten Individuen von *Proasellus cavaticus* zeigten sich in Trinkwasserrohrleitungsabschnitten mit Stagnationsbereichen besonders individuenstark, was über den Austrag großer Mengen flockigen, eisenhaltigen Bodensediments bei den Hydrantenspülungen dokumentiert werden konnte (Abb. 12 und 16). Bei den in Tab. 11 dargestellten Untersuchungsergebnisse einer 384 m langen Grauguss-Rohrstrecke, welche von März 2012 bis März 2013 insgesamt fünfmal beprobt wurde, fällt auf, dass der Trübungsgrad der Proben von März 2012 bis November 2012 stetig abnimmt, im März 2013 dann aber wieder leicht ansteigt. Analog hierzu zeigten sich die Verläufe der dokumentierten Detrituspartikel-, Asselkot-Pellet- und Eisenkonzentrationen, sowie die Individuendichten von *Proasellus cavaticus*. Bekannt ist, dass die Art pro Jahr oft nur eine Brut, bestehend aus 5 bis über 60 Eiern produziert und die Embryonalentwicklung unter den Temperaturbedingungen des Grundwassers (11 °C) ca. 2,5 Monate dauert (WÄGELE 2007). Nach GRUNER et al. (1993) werden trüchtige Weibchen dabei zwi-

schen Oktober und März angetroffen. Ein Anstieg der Populationsdichten über die Wintermonate entspricht somit dem natürlichen Entwicklungszyklus dieser Asselart. Im Gegensatz zu *Proasellus cavaticus* ist *Asellus aquaticus* über ganz Deutschland weit verbreitet. WÄGELE (2007) nennt als Fundorte Uferbereiche von Seen, kleine Teiche, Randzonen von Fließgewässern sowie Gräben und selbst, wenn auch selten, unterirdische Gewässer und das Grundwasser. Als wichtigste Eintragsquellen für Wasserasseln in Trinkwasserverteilungssysteme führt CHRISTENSEN (2011a) den Weg über das Rohwasser, Rohrbrüche und Baumaßnahmen in Verteilungsnetzen auf. Da der Terminus „Wasserassel“ in vielen, vor allem populärwissenschaftlichen Arbeiten, jedoch fälschlicherweise als Synonym für das Taxon *Asellus aquaticus*, die Gemeine Wasserassel, verwendet wird, muss hier zukünftig genauer differenziert werden. Für Arten, die wie *A. aquaticus* primär in Oberflächengewässern anzutreffen sind, stellen in der Tat Leckagen und Rohr-Reparaturstellen wohl präferierte Eintragswege dar. Doch Taxa, welche bislang vor allem in unterirdischen Habitaten angetroffen wurden und morphologisch wie ökologisch optimal an diese Lebensräume angepasst sind, werden wohl eher über das Grundwasser in Trinkwasserverteilungsnetze eingespült.

4.3 Rasterelektronenmikroskopische EDX Untersuchungen

Am Rasterelektronenmikroskop (REM) können mittels Energiedispersiver Röntgenanalyse (EDX) in einem Bereich von ca. 1 µm um den gewählten Messpunkt chemische Elemente ab der Ordnungszahl 6 (Kohlenstoff) bestimmt werden. Zur Aussendung ihrer charakteristischen Röntgenstrahlung müssen die Atome hierfür über einen Elektronenstrahl angeregt werden. Der Strahldurchmesser betrug bei den im Rahmen dieser Arbeit durchgeführten Untersuchungen je nach Vergrößerungsstufe zwischen 20 und 50 nm. In den EDX-Spektren (Abb. 22, 23, 25, 26, 27, 29, 30 und 32) dominieren je nach Wahl der Messpunkte in den Darmquerschnitten die Elemente Kohlenstoff (C), Sauerstoff (O), Calcium (Ca) und Eisen (Fe). Einige REM-Bilder zeigen deutliche, sowohl farbliche als auch strukturelle Unterschiede zwischen dem jeweils einheitlich dunkel gefärbten organischen Nahrungsbrei und den darin eingestreuten helleren, abgerundeten bis kantigen Partikeln. Vor allem in zwei EDX-Spektren (Abb. 26 und 29) charakterisieren hierbei die detektierten Röntgenquanten des Elements Kohlenstoff mit Werten zwischen 1890 und 4720 counts besonders deutlich organisches Material als Haupt-

komponente der Darminhalte (Abb. 24B-Pfeil 2 und Abb. 28B-Pfeil 1), wohingegen die hellen Partikel im Nahrungsbrei als Calciumcarbonat (CaCO_3 , Kalk; Abb. 24B-Pfeil 1, Abb. 25, Abb. 28B-Pfeil 2 und Abb. 30) oder eisenhaltiges Material (Abb. 24B-Pfeil 3 und Abb. 27) identifiziert werden können. Es ist bekannt, dass Krebse ihre Cuticula mit Kalkeinlagerungen inkrustieren – daher auch die umgangssprachliche Bezeichnung Krustentiere. Vor der für alle Arthropoden typischen Häutung wird zumindest ein Teil des Kalks resorbiert und in verschiedenen Körperorganen für den Aufbau der nächsten Cuticula gespeichert, der restliche Kalk wird über die Nahrung oder direkt aus dem Wasser aufgenommen (GRUNER et al. 1993). Abb. 24 zeigt im Darmquerschnitt eines Individuums von *Asellus aquaticus* aus einem Trinkwasserverteilungssystem (Probe Br1) deutlich abgegrenzte, große Kalkpartikel mit Kantenlängen von bis zu 14 μm . Die Gesamthärte des Wassers betrug zum Probenahmezeitpunkt 13,4 $^\circ\text{dH}$. Vergleichend hierzu dokumentiert Abb. 21 den Darmquerschnitt eines adulten, männlichen Tieres von *Proasellus cavaticus* aus einem anderen Trinkwasserverteilungssystem (Probe E1) mit einer Wasserhärte von 13,5 $^\circ\text{dH}$. Die EDX-Spektren zeigen hier an den Messpunkten zwar Calciumcarbonat an (Abb. 22 und 23), doch der Nahrungsbrei stellt sich insgesamt, sowohl farblich als auch strukturell, sehr homogen dar – deutlich abgegrenzte Kalkpartikel sind hier nicht erkennbar. Im rasterelektronenmikroskopischen Darmquerschnittsbild eines Individuums von *Asellus aquaticus* aus einem definierten Hälterungsversuch ohne Nahrungszugabe (Abschn. 2.2.2; Probe 12) zeigen sich wenige, in den organischen Nahrungsbrei eingestreute, maximal 1 μm große Kalkpartikel (Abb. 28B-Pfeil 2; Gesamtwasserhärte 13,5 $^\circ\text{dH}$). Faktoren, welche die Menge und Größe der Kalkpartikel in den Asseldärmen beeinflussen können, sind wahrscheinlich vor allem in der Verfügbarkeit der Elemente Calcium, Kohlenstoff und Sauerstoff im Wasser, sowie der Ökologie der einzelnen Isopodentaxa zu suchen. Da primär grundwasserbewohnende Wasserasseln, wie die untersuchte Art *Proasellus cavaticus*, in ihren Lebensräumen zumeist die größten Organismen darstellen und somit keinem großen Feinddruck ausgesetzt sind, ist die Ausbildung einer besonders dicken Cuticula, einhergehend mit der Einlagerung entsprechender Mengen an Kalk, nicht notwendig. Bei Taxa, welche wie *Asellus aquaticus* vor allem Oberflächengewässer besiedeln und somit einem steten Räuberdruck unterliegen, stellen stärker sklerotisierte Körperhüllen hingegen eine wichtige Überlebensstrategie dar. Auch das Element Eisen zeigt in einigen EDX-Spektren (Abb. 22, 23 und 27) deutliche Peaks an. An beiden Messpunkten in Abb. 21B (Pfeile 1 und 2) zeigt sich der Nahrungsbrei hierbei jedoch nur wenig kontrastiert, wo-

hingegen in Abb. 24B (Pfeil 3) am Detektionspunkt kleine, maximal 1 µm lange, hell kontrastierte Partikel erkennbar sind. Entsprechende eisenhaltige Teilchen könnten selektiv über das Fressen eisenoxidierender Mikroorganismen, wie z. B. der Bakterienart *Leptothrix ochracea* aufgenommen worden sein. Die Energie beziehen diese Prokaryonten über die Oxidation von Fe^{2+} zu Fe^{3+} . Aus dem in fester Form ausfallenden Fe^{3+} bilden die Bakterien Scheiden, in welchen sich die einzelnen Procyten frei bewegen können und der Stoffaustausch mit der Umwelt somit nicht unterbrochen wird (SCHLEGEL & JANNASCH 2006). Bei den im Rahmen dieser Arbeit durchgeführten Hydrantenspülungen korrelierten die dokumentierten Massenvorkommen von Isopoden in Graugussrohrleitungen stets mit großen Austragsmengen eisenhaltiger Bodensedimente, was ein Indiz dafür sein könnte, dass Isopoden Eisenpartikel unselektiv bei der Nahrungssuche in Stagnationsbereichen in Form verfrachteter Reste eisenoxidierender Mikroorganismen oder stark zerkleinerter Graugussbruchstücke aufnehmen. Grauguss oder Gusseisen ist eine Eisenlegierung mit einem hohen Anteil an Kohlenstoff und Silikon sowie Mangan, Chrom oder Nickel.

Die durchgeführten rasterelektronenmikroskopischen EDX Untersuchungen eignen sich als ergänzende Methode zur Charakterisierung von Asseldarminhalten. Eisenhaltige Partikel im Nahrungsbrei von Isopoden könnten Verockerungen und/oder Stagnationsbereiche in Graugussrohrabschnitten anzeigen. Detailliertere Informationen über die Zusammensetzung der Darminhalte, bzw. eine konkrete Nennung der aufgenommenen Nahrung, sind hierüber jedoch nicht möglich. Zur Klärung dieser Frage wurden definierte Fütterungsversuche und molekularbiologische Untersuchungen von Asseldarminhalten durchgeführt (Absch. 4.4 und 4.5).

4.4 Fressversuche

Ausgehend von zahlreichen ökologischen Beobachtungen an *Asellus aquaticus* und *Proasellus cavaticus* (z. B. HENRY 1976; GRUNER 1965) weist WÄGELE (2007) darauf hin, dass beide Taxa primär omnivor sind. Von einer überwiegend vegetarischen Ernährung, bei der die Asseln verrottendes Laub mit den Mundwerkzeugen zerbeißen, könne seiner Meinung nach jedoch ausgegangen werden. Diese Vermutung setzt jedoch voraus, dass in den Lebensräumen pflanzliches Material stets verfügbar ist. Ergänzend hierzu nennt der Autor als geeignete Nahrungsquelle für in Minen lebende Populati-

onen von *Proasellus cavaticus* Pilze, welche auf faulenden Stützhölzern wachsen. Hingegen würden in sauberen Felsgewässern Cyanobakterien und Kieselalgen bevorzugt. Für GRAÇA et al. (1993a, b; 1994) sind nicht die Pflanzenzellen von Blättern an sich als Nahrung für Wasserasseln anzusehen, vielmehr würden die Tiere, zumindest in Oberflächengewässern, vor allem die auf den Blattoberflächen wachsenden und die Blattmasse zersetzenden Pilze abweiden. Um detaillierte Informationen zur Ernährungsweise von in Trinkwasserverteilungssystemen lebenden Isopodenpopulationen zu erhalten, wurden im Rahmen dieser Arbeit Individuen von *Asellus aquaticus* in definierten Fressversuchen Pilzmyzelien (*Cladosporium herbarum*) und Bakterienreinkulturen (*Aquabacterium commune* und *Marmoricola* spec.) als Nahrung angeboten (Abschn. 2.1.2, 2.1.3, 2.2.3, 3.3). Das eingesetzte, zu den Schlauchpilzen zählende Taxon *Cladosporium herbarum*, ist eine weltweit verbreitete Schimmelpilzart, die unter anderem auf sich zersetzenden Blättern krautiger und holziger Pflanzen (SCHUBERT et al. 2007), auf Oberflächen gesunder Blätter (SCHUBERT 2005), im Boden (DOMSCH et al. 1980), in marinen Wasserproben (PRABHAKARAN & RANU GUPTA 1990) und auf absedimentierten, langsam verrottenden Blattresten in limnischen Oberflächengewässern (BASCHIEN et al. 2009) anzutreffen ist. Bei den im Rahmen dieser Arbeit durchgeführten Hydrantenspülungen konnten Individuen dieser Pilzart in mehreren Trinkwasserverteilungssystemen nachgewiesen werden (Abschn. 2.1.2). Die Betaproteobakterienart *Aquabacterium commune* wurde von KALMBACH et al. (1999) aus Trinkwasserbiofilmen isoliert und beschrieben. Populationen der Gattung *Marmoricola* spec. kommen unter anderem in Tagebau-Brunnen vor (SCHRÖDER 2011, persönliche Mitteilung). Von einem verbreiteten Vorkommen beider Bakterientaxa in deutschen Trinkwasserverteilungssystemen ist auszugehen und begründet deren Verwendung in den durchgeführten Fressversuchen.

4.4.1 Prokaryota

In einem unter definierten Versuchsbedingungen durchgeführten Fressversuch (Abschn. 2.2.3.3 und 3.3.1) wurden die beiden Bakterientaxa *Aquabacterium commune* und *Marmoricola* spec. 5 Tage lang 10 Individuen von *Asellus aquaticus* als Nahrungsquelle angeboten. Wie Abb. 19.1A zeigt, färbten die beiden über eine Wasserstrahlpumpe auf den entsprechenden Cellulose-Acetatfilter aufgetragenen Bakterienpopulationen die jeweilige Filteroberfläche dabei unterschiedlich an – *Marmoricola* spec. deutlich braun-

rot, *Aquabacterium commune* hingegen schwach weiß-rosa. Auf den Bildern (Abb. 19.1 und 19.2) ist deutlich erkennbar, dass sich die Wasserasseln vom 2. bis zum 4. Versuchstag zum Zeitpunkt der fotografischen Dokumentation ausschließlich auf oder um den „*Marmoricola*-Filter“ aufhielten. Der Deckungsgrad an aufgetragener Bakterienbiomasse nahm dabei täglich ab, wohingegen die Anzahl an Asselkot-Pellets auf, bzw. um den Filter kontinuierlich zunahm. Am letzten Versuchstag war die gesamte Biomasse an *Marmoricola*-Zellen von der Filteroberfläche verschwunden. Die rötlichen Partikel auf und um den Filter konnten mittels Lichtmikroskop eindeutig als Asselkot-Pellets identifiziert werden. Auf dem mit Individuen der Bakterienart *Aquabacterium commune* präparierten Filter hielten sich ab dem ersten Versuchstag zum jeweiligen Zeitpunkt der fotografischen Dokumentation keine Asseln auf. Ein schwach weiß-rosafarbener Bakterienfilm war jedoch über die gesamte Versuchsdauer auf der Filteroberfläche erkennbar. Asselkot-Pellets zeigten sich auf diesem Filter, wie auch auf dem Kontrollfilter, nur vereinzelt. Ob die stäbchenförmigen Zellen der Bakterienart *A. commune* mit einer Länge von nur 2-4 µm und einem Durchmesser von ca. 0,5 µm beim Auftragen auf die Filteroberfläche mittels Wasserstrahlpumpe eventuell zu stark in das Gewebe eingepresst werden und den Isopoden somit als Nahrung nicht zur Verfügung stehen, konnte im Rahmen dieser Untersuchung nicht abschließend geklärt werden. Im Fokus zukünftiger Arbeiten sollte daher vor allem die Suche nach geeigneten Materialoberflächen sein, die einen definierten Bakterienbewuchs erlauben. So produzierte Biofilme könnten dann in Fressversuchen Isopoden als potentielle Nahrungsquelle angeboten werden. Des Weiteren wäre eine Infrarot-Videoüberwachung der Versuchsanordnung als ergänzende Untersuchungsmethode zum Fressverhalten von Isopoden geeignet. In der hier beschriebenen Versuchsanordnung wurde das Bakterientaxon *Marmoricola spec.* von *Asellus aquaticus* bevorzugt gefressen.

4.4.2 Prokaryota und Fungi

In einem zweiten Fressversuch wurde überprüft, ob *Asellus aquaticus* Pilzmyzelien (*Cladosporium herbarum*) oder Bakterienzellen (*Marmoricola spec.*) als Nahrungsquelle bevorzugt (Abschn. 2.2.3.4 und 3.3.2). Zwar dokumentieren Abb. 20.1-20.3 für den jeweiligen Bildaufnahmezeitpunkt zumeist den „*Cladosporium*-Filter“ als bevorzugten Aufenthaltsort der Wasserasseln, doch auch die Biomasse auf dem „*Marmoricola*-Filter“ nahm im Verlauf der ersten 4 Versuchstage stetig ab. Zudem zeigten sich Assel-

kot-Pellets über die gesamte Versuchsanordnung verstreut. Es ist daher davon auszugehen, dass sich die Tiere im Tagesverlauf auch auf dem „Bakterien-Filter“ aufhielten und diese Biomasse, wie auf dem „Pilz-Filter“, aktiv abgefressen haben. Ab dem 5. Versuchstag waren beide Filteroberflächen fast vollständig abgeweidet und die Isopoden begannen nun verstärkt damit, im Versuchsansatz umherzuwandern. Am 7. Tag wurde eine tote Assel im Reaktor aufgefunden. 24 Stunden später war das Tier bis auf Extremitätenfragmente und Teile des Cephalothorax vollständig aufgeessen. WÄGELE (2007) beschreibt, dass Wasserasseln bei der Hälterung in Aquarien auch Aas fressen. Doch im Gegensatz zu anderen Krebstaxa würden sie nicht aktiv von Aas angelockt. Die Ergebnisse des durchgeführten Fressversuchs zeigen, dass Pilzmyzelien, Bakterienzellen und selbst tote Artgenossen geeignete Nahrungsquellen für Wasserasseln darstellen. Um noch detailliertere Informationen über die Ernährungsweise von Isopoden in Trinkwasserverteilungssystemen zu erhalten, werden im Abschn. 4.5 die Ergebnisse der durchgeführten molekularbiologischen Darminhaltsuntersuchungen (Abschn. 2.2.9-2.2.12 und 3.5) diskutiert.

4.5 Molekularbiologische Untersuchungen

Im Folgenden werden die Ergebnisse der im Rahmen der molekularbiologischen Untersuchungen durchgeführten DNA-Analysen der unterschiedlichen Darminhaltsproben (Abschn. 3.5) diskutiert.

4.5.1 Laborversuche

Um grundlegende Erkenntnisse über mögliche Nahrungspräferenzen von Wasserasseln zu gewinnen, wurden Individuen von *Asellus aquaticus* unter definierten Versuchsbedingungen unterschiedliche Futterquellen angeboten und anschließend die Nahrungsbreie molekularbiologisch untersucht (Abschn. 4.5.1.1 und 4.5.1.2).

GRUNER et al. (1993) weisen darauf hin, dass Isopoden eine reiche Darmflora besitzen, die aus aeroben und fakultativ anaeroben Mikroorganismen besteht. Bei Untersuchungen an Landasseln (*Trachelipus rathkii*) seien hierbei die Bakterientaxa *Pseudomonas spec.* und *Flavobacterium spec.* dominant gewesen. Um detaillierte Informationen über die mikrobielle Intestinalflora von Wasserasseln zu erhalten, wurden

über Hydrantenspülungen gesammelte Isopoden für die Dauer von 6 Wochen nicht gefüttert und danach die Darminhalte molekularbiologisch untersucht (Abschn. 4.5.1.3).

4.5.1.1 Fressversuch *Asellus aquaticus* / *Cladosporium herbarum*

Um zu überprüfen, ob Wasserasseln Schimmelpilze als Nahrung nutzen und inwiefern die Zugabe einer definierten Futterquelle ergänzende Informationen über die Zusammensetzung der bakteriellen Intestinalflora der Versuchstiere liefert, wurden Myzelien von *Cladosporium herbarum* unter definierten Versuchsbedingungen Individuen von *Asellus aquaticus* als Nahrung angeboten (Abschn. 2.2.3.1) und die Darminhalte dieser Isopoden nach Versuchsende molekularbiologisch untersucht (Abschn. 3.5.1). Die 18S rDNA-Untersuchungen zeigen in den vorderen Darmabschnitten (Probe 10E) für 67 % und in den hinteren Darmabschnitten (Probe 11E) für 38 % der ermittelten Sequenzen als nächsten bekannten Verwandten die angebotene Nahrungsquelle *Cladosporium herbarum* an. Da die Pilzart im Rahmen dieser Arbeit bei Probenahmen in unterschiedlichen Trinkwassersystemen nachgewiesen werden konnte (Abschn. 2.1.2) und die durchgeführten Fressversuche (Abschn. 3.3.2) sowie die dargestellten molekularbiologischen Darminhaltsuntersuchungen belegen, dass Individuen von *Asellus aquaticus* Myzelien dieses Pilzes aktiv von Oberflächen abweiden, könnte *Cladosporium herbarum* eine natürlich genutzte Nahrungsquelle für Wasserasseln in Trinkwasserverteilungssystemen darstellen. Da auch in den hinteren Darmabschnitten noch Pilz-DNA vorzufinden war, ist davon auszugehen, dass Isopoden bei Futterüberschuss nicht den gesamten Nahrungsbrei physiologisch aufschließen und resorbieren. Ob und wie viel Nahrung hierbei unverdaut wieder ausgeschieden wird könnte über molekularbiologische Untersuchungen frischer Asselkot-Pellets geklärt werden. Die restlichen, im Rahmen der durchgeführten 18S rDNA-Untersuchungen ermittelten und analysierten DNA-Sequenzen in den vorderen und hinteren Darmabschnitten zeigen jeweils als nächstes bekannte Taxon *Asellus aquaticus* selbst an. Darmepithelzellen, welche eventuell beim Ausstreichen der Nahrungsbreie aus den Därmen mit in die DNA-Extraktionsproben überführt werden, könnten hierfür eine Erklärung sein. Doch auch die von WÄGELE (2007) beschriebene kannibalische, aasfressende Ernährungsweise von Wasserasseln stellt eine mögliche Aufnahmequelle arteigener DNA dar. Da bei der Durchführung dieses Fressversuches jedoch alle Versuchstiere bis zum Ende überlebten, ist eine Herkunft der nachgewiesenen Eigen-DNA aus den Darmepithelien der Tiere als

wahrscheinlich anzunehmen. Die 16S rDNA-Untersuchung der vorderen Darmabschnitte (Probe 10P) zeigt für 71 % aller ermittelten Sequenzen als jeweils nächstes bekannte Taxon die als mikrobielle Darmflora von Isopoden (GRUNER et al. 1993) und anderen Euarthropoden (HUANG et al. 2012; ZHOU et al. 2010) beschriebenen Bakteriengattungen und -arten *Pseudomonas* spec., *Flavobacterium* spec., *Flavobacterium denitrificans*, *Flavobacterium resistens* und *Stenotrophomonas* spec. an. Die 5 aufgeführten Taxa gehören zu den Bacteroidetes und Gammaproteobacteria. Für die Gattungen *Sphingomonas* spec. liegen Nachweise aus finnischen und schwedischen Biofilmen in Trinkwasserverteilungssystemen (KOSKINEN et al. 2000) und für *Micrococcus* spec. aus Trinkwasserproben (SUTHAR et al. 2009) vor. Die beiden zuletzt genannten Gattungen gehören zu den Alphaproteobacteria und Actinobacteria. Auch in den hinteren Darmabschnitten (Probe 11P) zeigen sich bei der 16S rDNA-Untersuchung für 71 % aller ermittelten Sequenzen als nächste bekannte Verwandte die schon in den vorderen Darmabschnitten identifizierten Bakterientaxa *Pseudomonas* spec., *Flavobacterium* spec., *Flavobacterium denitrificans* und *Flavobacterium resistens*. Daneben wurden mit *Rhodobacter megalophilus* und *Aeromonas hydrophila* auch zwei von WANG et al. (2007) als symbiotische Bakterien der Mitteldarmdrüsen von *Asellus aquaticus* beschriebene Arten dokumentiert. Die restlichen 29 % der ermittelten Sequenzen zeigen hier als nächste bekannte Verwandte folgende aus Trinkwasserproben beschriebenen Bakterientaxa an: *Sphingomonas* spec., *Micrococcus* spec., *Microbacterium oxydans* (WANG et al. 2009), *Mycobacterium* spec. (MARSHALL et al. 2011), *Caulobacter* spec. (JUNGFER et al. 2007) und *Acidovorax* spec. (GIÃO et al. 2011).

Vor allem die dokumentierten Vertreter der Gammaproteobacteria und Bacteroidetes scheinen in den hier untersuchten Darmabschnitten den Großteil an bakterieller Intestinalflora auszumachen, wohingegen die restlichen Taxa wohl eher als Besiedler von Trinkwasserbiofilmen definiert werden können. Da das in den Hälterungs- und Fütterungsreaktoren verwendete Trinkwasser über einen 0,2 µl-Filter sterilfiltriert wurde ist davon auszugehen, dass vermeintliche Trinkwasserbakterien über andere Eintragswege in die Versuchsanordnungen gelangten. So stellen die Körperoberflächen von Wasserasseln – obwohl die Versuchstiere vor dem Einsetzen in die Exsikkatoren für ca. 2 Sekunden in 30 %-igem Propanol und anschließend für ca. 5 Sekunden in VE-Wasser gewaschen wurden – Orte steter mikrobieller Besiedlung dar. Im Rahmen dieser Arbeit konnte zudem beobachtet werden, dass frische Häutungsexuvien von Isopoden aktiv gefressen werden, wodurch die Nachweise von Trinkwasserbakterien in den

Darminhalten der Tier erklärbar sind. Gezielte Untersuchungen der bakteriellen Besiedlung der Körperoberflächen von Süßwasserasseln könnten hierüber zukünftig detailliertere Informationen liefern.

4.5.1.2 Fressversuch *Asellus aquaticus* / Schwarzerlenblätter

Um zu überprüfen, ob wie von GRAÇA et al. (1993a, b; 1994) beschreiben, der Pilzaufwuchs von Schwarzerlenblättern eine wichtige Nahrungsquelle für *Asellus aquaticus* darstellt, wurden Laubblätter im Freiland gesammelt, für die Dauer von 6 Wochen in 0,2 µl-sterilfiltriertem Wasser quellen gelassen und anschließend ausgewählten Individuen von *Asellus aquaticus* als Futter angeboten (Abschn. 2.2.3.2). Die 18S rDNA-Untersuchungen zeigen in den vorderen und hinteren Darmabschnitten (Probe B1E und B2E) jeweils nur Eigen-DNA der Krebsart an. DNA-Sequenzen, welche Schimmelpilz-taxa zugeordnet werden könnten, wurden nicht ermittelt. Da die Schwarzerlenblätter jedoch direkt vom Baum gepflückt und anschließend zum Quellen in sterilfiltriertes Wasser überführt wurden, waren die Blattoberflächen eventuell frei von Pilzsporen, bzw. Pilzmyzelien. Die nachgewiesene Eigen-DNA könnte, wie schon in Abschn. 4.5.1.1 diskutiert, von Darmepithelzellen stammen, welche beim Ausstreichen der Nahrungsbreie mit in die PCR-Tubes überführt worden sind. Bei der 16S rDNA-Untersuchung dominieren in den vorderen Darmabschnitte (Probe B1P) mit 88 % aller ermittelten Sequenzen als nächste bekannte Verwandte die Gammaproteobacteria mit den Taxa *Aeromonas salmonicida*, *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, *Enterovibrio* spec., *Photobacterium* spec., *Pseudomonas* spec. und *Pseudomonas mandelii*. Eine Zuordnung dieser Taxa zur Intestinalflora von Wasserasseln ist wahrscheinlich. Daneben wurden mit den Taxa *Caulobacter* spec., *Hyphomicrobium facile* subsp. *facile*, *Hyphomicrobium vulgare*, *Methylocapsa aurea* und *Crenothrix polyspora* Bakterientaxa identifiziert, die entweder über die Schwarzerlenblätter oder über die Körperoberflächen der Tiere mit in den Reaktor eingeführt wurden. Auch in den hinteren Darmabschnitten (Probe B2P) zeigen sich mit den ermittelten Taxa *Flavobacterium hercynium*, *Rhodobacter* spec., *Aeromonas hydrophila* subsp. *hydrophila*, *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, *Pseudomonas* spec. und *Enterovibrio* spec. Bakterientaxa, welche vermutlich Bestandteile der Darmflora von Wasserasseln sind. Die genannten Arten und Gattungen entsprechen 60 % aller ermittelten Sequenzen und können den Gammaproteobacteria, Bacteroidetes und Alphaproteobacteria zugeordnet werden. Die restlichen

identifizierten Bakterientaxa gelangten wahrscheinlich über die Schwarzerlenblätter oder die Körperoberflächen der Tiere mit in den Reaktor. Einige ermittelte DNA-Sequenzen lagen bei den durchgeführten 16S rDNA-Untersuchungen unterhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen, womit eine sichere Zuordnung dieser Sequenzen nicht möglich ist (Abschn. 3.5.3).

4.5.1.3 Hungerversuch *Asellus aquaticus*

Um ergänzende Informationen über die Zusammensetzung der bakteriellen Darmflora von Wasserasseln zu erhalten, wurden in einem weiteren definierten Versuch Individuen von *Asellus aquaticus* für die Dauer von 6 Wochen nicht gefüttert und anschließend deren Darminhalte molekularbiologisch untersucht (Abschn. 3.5.2). In den vorderen Darmabschnitten (Probe 12P) zeigen sich bei der 16S rDNA-Untersuchung für 96 % aller ermittelten Sequenzen als nächste bekannte Verwandte Bakteriengattungen und Bakterienarten, welche von unterschiedlichen Autoren zur Intestinalflora von Euarthropoden gezählt werden und ausnahmslos dem Taxon Gammaproteobacterium zugeordnet werden können: *Pseudomonas putida* für landlebende Isopoda (KOSTANJŠEK et al. 2002), *Enterobacter* spec. und *Enterobacter cloacae* subsp. *cloacae* für landlebende Insecta (ADAMS & BOOPATHY 2005) sowie die im Abschn. 4.5.1 als symbiotische Bakterien in den Mitteldarmdrüsen von *Asellus aquaticus* beschriebenen Gattungen *Pseudomonas* spec. und *Aeromonas* spec.. Das aus Trinkwasserproben beschriebene Taxon *Afipia* spec. (ZHANG et al. 2009) und die Bakterienart *Arthrobacter oxidans*, welche aktuell keine klare ökologische Zuordnung zulässt, zeigen sich zusammen mit einem prozentualen Anteil von 4 % aller ermittelten Sequenzen. Auch in den hinteren Darmabschnitten (Probe 13P) dominieren mit einem Anteil von 92 % die in der Fachliteratur als Bestandteile der Darmflora von Euarthropoden genannten Gammaproteobakterien *Aeromonas sobria*, *Enterobacter cloacae*, *Enterobacter* spec., *Pseudomonas putida*, *Pseudomonas* spec. und *Stenotrophomonas rhizophila*. Das Taxon *Chitinibacter* spec. zählt zu den chitinzersetzenden Bakterien (CHERN et al. 2004) und wird wahrscheinlich über das Fressen von Häutungsexuvien von den Tieren aufgenommen. Für die Gattung *Achromobacter* spec. konnte in der Literatur keine eindeutige ökologische Zuordnung gefunden werden.

4.5.2 Freilandproben

Um neue Erkenntnisse zur Ernährungsweise von Wasserasseln in Trinkwasserverteilungssystemen und gleichzeitig detailliertere Informationen über die komplexen Lebensgemeinschaften in diesen abgeschlossenen Ökosystemen zu gewinnen, wurden aus unterschiedlichen deutschen Trinkwassersystemen über Hydrantenspülungen Individuen von *Asellus aquaticus* und *Proasellus cavaticus* entnommen und deren Darminhalte molekularbiologisch untersucht (Abschn. 3.5.4-3.5.6).

4.5.2.1 Freilandprobe *Asellus aquaticus*

Die 18S rDNA-Untersuchung der gesamten Darminhalte ausgewählter Individuen von *Asellus aquaticus* (Probe Br1E) zeigen für 100 % der ermittelten Sequenzen als nächstes bekannte Taxon die artspezifische DNA der Tiere an. Ob die nachgewiesene DNA von den Darmepithelzellen der Asseln selbst oder von gefressenen, toten Artgenossen stammt bleibt jedoch ungeklärt. Die 16S rDNA-Untersuchung (Probe Br1P) zeigt 4 unterschiedliche Taxa an, wobei die Gattung *Rhodobacter spec.* als symbiotisches Bakterium der Mitteldarmdrüsen von *Asellus aquaticus* beschrieben ist. Für das Taxon *Arenimonas spec.*, welches sich mit einem prozentuellen Anteil von 83 % aller ermittelten DNA-Sequenzen zeigt, liegen Artbeschreibungen aus unterschiedlichen asiatischen Habitaten vor: *Arenimonas oryziterrae* aus einem koreanischen Reisfeld (ASLAM et al. 2009), *A. donghaensis* aus koreanischem Meeressand (KWON et al. 2007), *A. aquaticum* aus einem koreanischen Süßwasserreservoir (KIM et al. 2012), *A. metalli* aus einer chinesischen Eisenmine (CHEN et al. 2012), *A. daechungensis* aus dem Sediment eines eutrophen Süßwasserreservoirs (HUY et al. 2013) und *A. daejeonensis* aus Kompost (JIN et al. 2012). Bei den genannten Arten handelt es sich stets um gram-negative, aerobe Bakterien. Eventuell stellen auch Bodensedimente in Stagnationsbereichen von Trinkwasserverteilungssystemen bevorzugte Habitate für *Arenimonas spec.* dar und Wasserasseln nutzen diese Nahrungsquellen. Auch hier lagen einige ermittelte DNA-Sequenzen bei den durchgeführten 16S rDNA-Untersuchungen unterhalb des Schwellenwerts für Arten oder Gattungen, womit eine sichere Zuordnung dieser Sequenzen nicht möglich ist (Abschn. 3.5.4.1).

4.5.2.2 Freilandproben *Proasellus cavaticus*

Individuen von *Proasellus cavaticus* wurden an zwei Probenahmestellen eines Trinkwasserverteilungssystems im März 2012, September 2012 und November 2012 gesammelt (Abschn. 2.2.1). Die Ergebnisse der 18S rDNA-Untersuchungen der Darminhalte aus beiden März-Proben (Proben E1E und E45E) zeigen dabei ähnliche Zusammensetzungen der ermittelten eukaryotischen Taxa an: Fungi, Amoebozoa, Heterolobosea und arteigene DNA von *Proasellus cavaticus*. In den Ergebnissen der September- (Proben EVE und EVIIE) und November-Proben (Proben EVIE und EVIIE) fehlen hingegen Protozoen gänzlich. Innerhalb der auch in Süßwasserhabitaten und feuchter Erde lebenden amöboiden Amoebozoa (hier *Protacanthamoeba bohemica*) und der teils flagellaten Heterolobosea (hier *Naegleria spec.*) sind neben vielen gesundheitlich unbedenklichen, bakterienfressenden oder endosymbiontisch lebenden Taxa auch pathogene Formen bekannt (z. B. DYKOVÁ et al. 2005; MACLEAN et al. 2004; HAUSMANN et al. 2003). Auch die Ergebnisse der 16S rDNA-Untersuchungen zeigen für beide März-Proben (Proben E1P und E45P) ähnliche Zusammensetzungen der ermittelten prokaryotischen Taxa an. Die Gattung *Arenimonas spec.* ist hierbei mit einem prozentuellen Anteil von 67 %, bzw. 54 % das dominante Taxon. In den Ergebnissen der September- (Proben EIP und EIIP) und November-Proben (Proben EIIP und EIVP) fehlen hingegen Nachweise von *Arenimonas spec.* gänzlich. Stattdessen dominiert hier in allen Proben das zu den Betaproteobacteria zählende Taxon *Acidovorax spec.* mit einem prozentuellen Anteil von 96 % bis 100 % aller ermittelten Sequenzen deutlich. Die Ergebnisse der molekularbiologischen Untersuchungen lassen darauf schließen, dass über die im März 2012 durchgeführten Spülmaßnahmen in diesem Trinkwasserverteilungssystem eine veränderte Nahrungsgrundlage für die hier lebende Population von *Proasellus cavaticus* geschaffen wurde. Es kann angenommen werden, dass der dokumentierte Austrag großer Mengen flockigen, eisenhaltigen Bodensediments während der Probenahme (Abschn. 3.1) das Verschwinden von Taxa wie *Arenimonas spec.*, *Naegleria spec.* oder *Protacanthamoeba bohemica* impliziert, welche wahrscheinlich bevorzugt diese Lebensräume besiedeln. Aufgrund ihrer omnivoren Ernährungsweise können Wasserasseln jedoch auch andere Futterquellen nutzen – auch Biofilme mit den darin eingebetteten Bakterien, wie *Acidovorax spec.* und anderen Taxa.

4.5.3 Fazit

Bei der Auswertung von DNA-Sequenzierungs-Ergebnissen ist zu berücksichtigen, dass die Zuordnung einer Sequenzabfolge zum nächsten verwandten Taxon stets nur dem Aktualisierungsstand des verwendeten Datensatzes zum Zeitpunkt der Bearbeitung entspricht. Unbekannte oder in die Datenbank noch nicht aufgenommene Taxa werden folglich bei der Auswertung nicht berücksichtigt. Eine kritische Prüfung der Daten auf Plausibilität ist daher mit entscheidend.

Wie die Ergebnisse der durchgeführten DNA-Analysen zeigen, scheinen Wasserasseln bei ihrer Nahrungssuche in Trinkwasserverteilungssystemen Bodensedimente in Stagnationsbereichen bevorzugt aufzusuchen. Dabei stellen neben unterschiedlichen Bakterientaxa auch Protozoen und insbesondere Schlauchpilze (Ascomycota) eine bevorzugte Futterquelle dar. Ein Nachweis hygienisch relevanter Taxa im Trinkwasser ist über die hier vorgestellte, innovative Untersuchungsmethode möglich. Die im Nahrungsbrei der Tiere vorgefundene Eigen-DNA stammt entweder von Darmepithelzellen der Tiere selbst oder weist auf die teilweise kannibalische, aasfressende Ernährungswiese der Tiere hin. Wie die unterschiedlichen Laborversuche zeigen, setzt sich die bakterielle Intestinalflora der Tiere überwiegend aus Vertretern der Taxa Gammaproteobacteria und Bacteroidetes zusammen. Die auf den Körperoberflächen der Asseln lebenden Mikroorganismen scheinen über die Wanderbewegungen der Tiere im System verbreitet zu werden. Molekularbiologische Untersuchungen der Darminhalte von Wasserasseln aus Trinkwasserverteilungssystemen ermöglichen eine Charakterisierung der Biozöosen und somit eine biologische Beurteilung dieser geschlossenen Ökosysteme. Auch können hierüber Veränderungen der Rohwasserzusammensetzung, Lecks im Rohrsystem oder Fremdwassereinspeisungen erkannt, bzw. die Effektivität von Rohrnetzspülungen überprüft werden. Wasserasseln stellen somit gute Indikatororganismen zur Beurteilung der jeweiligen Trinkwasserqualität dar und erlauben zudem eine frühzeitige Erkennung von technischen Problemen in Versorgungsnetzen.

Zentrales Ergebnis der vorliegenden Arbeit ist, dass molekularbiologische Untersuchungen von Tieren, hier der Darminhalte von Asseln, geeignet sind, neue Erkenntnisse zur Ernährungsweise von Wasserasseln in Trinkwassersystemen zu gewinnen. Die im Nahrungsbrei von Wasserasseln ermittelten Pro- und Eukaryonten be-

legen, dass die Methode geeignet ist, diese zu identifizieren und damit Belastungen im Trinkwasser zu erkennen und zu bewerten.

Diese neue, innovative Vorgehensweise bedarf noch der weiteren Absicherung. Da die Frage der prinzipiellen Machbarkeit im Fokus stand, war die Analyse potenzieller Fehlerquellen zunächst nachrangig. Dies ist Aufgabe nachfolgender Arbeiten, wobei vor allem folgende Fehlerpotenziale statistisch zu analysieren sind:

- Art der Rohrleitungen (Werkstoffeigenschaften, Wartung, Zustand, Alter, Stagnationszonen)
- Herkunft und Beschaffenheit des Rohwassers (Kontaminationsquellen)
- Physikalische und chemische Parameter des Trinkwassers
- Art der Probenahme (Dauer und Häufigkeit der Spülungen)
- Nährstoffeintrag
- Saisonale Populationsdynamik

Der Einfluss dieser Faktoren konnte im Verlaufe der vorliegenden Arbeit wegen ihrer gegebenen Variationsbreite und Nicht-Beeinflussbarkeit nicht analysiert werden.

5 Zusammenfassung

Wasserasseln können sich als „Allesfresser“ von Bakterien, Pilzen, Pflanzen und Tieren ernähren (WÄGELE 2007). Doch welche Nahrungsquellen werden im primär nährstoffarmen Trinkwasser genutzt, welche werden präferiert? Um diese Fragen beantworten zu können, wurden Isopoden aus unterschiedlichen deutschen Trinkwasserverteilungssystemen über Hydrantenspülungen gesammelt und parallel hierzu Tiere im Labor unter definierten Bedingungen gehältert und mit unterschiedlichen Nahrungsquellen gefüttert. Die Darminhalte ausgewählter Asseln wurden molekularbiologisch auf Basis der 16S und 18S rDNA untersucht und charakterisiert. Ergänzend hierzu wurden rasterelektronenmikroskopische EDX-Untersuchungen durchgeführt. Ziel der vorliegenden Arbeit war es zu klären, ob über diese Untersuchungsmethoden neue Erkenntnisse zur Ernährungsweise von Wasserasseln in Trinkwassersystemen und gleichzeitig detailliertere Informationen über die komplexen Lebensgemeinschaften, einschließlich der für den Menschen hygienisch relevanten Taxa, in diesen abgeschlossenen Ökosystemen gewonnen werden können. Auch sollte geklärt werden, ob sich Isopoden als mögliche Indikatororganismen zur Beurteilung der jeweiligen Trinkwasserqualität eignen.

→ Die Anwesenheit von Isopoden und anderen Metazoen in Trinkwasserverteilungssystemen ist allgemein bekannt, aber wenig untersucht. Oftmals steht sie mit der Wasserqualität in Zusammenhang, denn das Massenvorkommen von Wasserasseln zeigt stets eine Störung, wie z. B. erhöhte Nährstoffkonzentrationen im System an.

→ Da eine eindeutige Artbestimmung der heimischen Wasserasseln momentan nur über die Betrachtung der Gonopoden möglich ist, wurden alle im Rahmen dieser Arbeit untersuchten Individuen entsprechend lichtmikroskopisch identifiziert. Die hier aus Trinkwassersystemen gesammelten Tiere konnten so eindeutig den Taxa *Asellus aquaticus* (LINNÉ, 1758) und *Proasellus cavaticus* (LEYDIG, 1871) zugeordnet werden. Da jedoch allein für *Proasellus cavaticus* etliche Unterarten angenommen werden (HENRY 1976), die sich lediglich über minimale Variationen im Körperbau voneinander unterscheiden, kann nur eine Kombination aus klassischen, morphologischen Artbeschreibungen und modernen, genetischen Populationsanalysen zur Klärung der Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb dieser Taxa beitragen. Voraussetzungen hierfür sind neben detaillierteren Kenntnissen über die Verbreitungsareale der Taxa auch die Zugänglichkeit dieser Lebensräume für eine Beprobung. Als Eintragswege von Isopoden in Trinkwas-

serverteilungssysteme können unterschiedliche Quellen angenommen werden. Für Arten, die wie *Asellus aquaticus* primär in Oberflächengewässern anzutreffen sind, stellen wohl Leckagen und Rohr-Reparaturstellen präferierte Eintragswege dar. Doch Taxa, welche wie *Proasellus cavaticus* bislang vor allem in unterirdischen Habitaten angetroffen wurden und morphologisch wie ökologisch optimal an diese Lebensräume angepasst sind, werden wohl eher über das Grundwasser in Trinkwasserverteilungsnetze eingespült.

→ Ein dichotomer Bewertungsschlüssel könnte zukünftig Wasserwerkern dabei helfen, über die Ökologie der unterschiedlichen Taxa die jeweilige Trinkwasserqualität noch umfassender zu beurteilen, bzw. Störungen im Rohrnetz effektiver zu erkennen. So lässt sich z. B. über die Körperfärbung von *Asellus aquaticus* auf die Herkunft der Tiere schließen. Oberirdisch lebende Populationen sind meist dunkelbraun oder graubraun gefärbt, wohingegen Individuen aus unterirdischen Gewässern meist weniger oder nicht pigmentiert sind und zudem stark zurückgebildete Augen besitzen. D. h. über die Morphologie der Taxa lässt sich auf den Einfluss eutrophen Oberflächenwassers oder oligotrophen Grundwassers schließen. Der Umgang mit so einem Bewertungsschlüssel setzt jedoch eine exakte morphologische Bestimmung der Tiere voraus.

→ Die durchgeführten rasterelektronenmikroskopischen EDX-Untersuchungen eignen sich als ergänzende Methode zur Charakterisierung von Asseldarminhalten. Eisenhaltige Partikel im Nahrungsbrei von Isopoden können somit auf Verockerungen und/oder Stagnationsbereiche in Graugussrohrabschnitten hinweisen. Detailliertere Informationen über die Zusammensetzung der Darminhalte, bzw. eine konkrete Nennung der aufgenommenen Nahrung, sind hierüber jedoch nicht möglich.

→ Fressversuche weisen darauf hin, dass Pilzmyzelien, Bakterienzellen und selbst tote Artgenossen geeignete Nahrungsquellen für Wasserasseln darstellen – Schimmelpilze werden hierbei präferiert.

→ Die Ergebnisse der durchgeführten DNA-Analysen zeigen, dass Wasserasseln bei ihrer Nahrungssuche in Trinkwasserverteilungssystemen Bodensedimente in Stagnationsbereichen bevorzugt aufsuchen. Dabei stellen neben unterschiedlichen Bakterientaxa auch Protozoen und insbesondere Schlauchpilze (Ascomycota) bevorzugte Futterquellen dar.

→ Ein Nachweis hygienisch relevanter Mikroorganismen im Trinkwasser ist über die in dieser Arbeit vorgestellte, innovative Untersuchungsmethode möglich.

→ Wie die unterschiedlichen Laborversuche zeigen, setzt sich die bakterielle Intestinalflora der Krebstiere überwiegend aus Vertretern der Taxa Gammaproteobacteria und Bacteroidetes zusammen.

→ Molekularbiologische Untersuchungen der Darminhalte von Wasserasseln aus Trinkwasserverteilungssystemen ermöglichen eine Charakterisierung der Biozöosen und somit eine biologische Beurteilung dieser geschlossenen Ökosysteme. Auch können hierüber Veränderungen der Rohwasserzusammensetzung, Lecks im Rohrsystem oder Fremdwassereinspeisungen erkannt, bzw. die Effektivität von Rohrnetzspülungen überprüft werden.

→ Wasserasseln stellen gute Indikatororganismen zur Beurteilung der jeweiligen Trinkwasserqualität dar und erlauben zudem eine frühzeitige Erkennung von technischen Problemen in Versorgungsnetzen. So können z. B. über die beschriebenen Darminhaltsuntersuchungen Organismen, welche über das Rohwasser in das Verteilungssystem eingebracht werden identifiziert und somit mögliche Störungen im Rohwasserweg erkannt, zurückverfolgt und behoben werden. Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurde die praktische Anwendbarkeit dieser Methode an mehreren Beispielen erfolgreich überprüft. Eine Beschreibung der durchgeführten Untersuchungen ist jedoch aus rechtlichen Gründen nicht möglich.

→ Das Konzept der vorliegenden Arbeit, über die Nahrung der Isopoden Lebensgemeinschaften in Trinkwasserverteilungssystemen zu charakterisieren, könnte in nachfolgenden Arbeiten auf weitere Makroinvertebraten übertragen werden. Insbesondere Brunnenkrebse (Bathynellacea), Flohkrebse (Amphipoda) und Milben (Acari), welche in Trinkwassersystemen angetroffen werden können und dabei gut präparierbar sind, stellen hierfür geeignete Untersuchungsobjekte dar.

6 Literaturverzeichnis

- ADAMS, L. & BOOPATHY, R. 2005. Isolation and characterization of enteric bacteria from the hindgut of Formosan termite. *Bioresource Technology* **96**, 1592-1598.
- ASLAM, Z., PARK, J. H., KIM S. W., JEON, C. O. & CHUNG, Y. R. 2009. *Arenimonas oryziterrae* sp. nov., isolated from a field of rice (*Oryza sativa* L.) managed under a no-tillage regime, and reclassification of *Aspromonas composti* as *Arenimonas composti* comb. nov.. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **59**, 2967-2972.
- BASCHIEN, C., RHODE, G., BÖCKELMANN, U. GÖTZ, P. & SZEWZYK, U. 2009. Interactions between hyphosphere-associated bacteria and the fungus *Cladosporium herbarum* on aquatic leaf litter. *Microbial Ecology* **58**, 642–650.
- BEGER, H., GERLOFF, J. & LÜDEMANN, D. 1966. *Leitfaden der Trink- und Brauchwasserbiologie*, 2. überarbeitete und ergänzte Auflage, 1-360. Gustav Fischer, Stuttgart.
- BRESSLER, D., BALZER, M., DANNEHL, A., FLEMMING, H.-C. & WINGENDER, J. 2009. Persistence of *Pseudomonas aeruginosa* in drinking-water biofilms on elastomeric material. *Water Science and Technology: Water Supply* **9**(1), 81-87.
- CHEN, F., SHI Z. & WANG G. 2012. *Arenimonas metalli* sp. nov., isolated from an iron mine. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **62**, 1744-1749.
- CHERN, L.-L., STACKEBRANDT, E., LEE, S.-F., LEE, F.-L., CHEN, J.-K. & FU, H.-M. 2004. *Chitinibacter tainanensis* gen. nov., sp. nov., a chitin-degrading aerobe from soil in Taiwan. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **54**, 1387-1391.

- CHRISTENSEN, S. C. B. 2011a. *Asellus aquaticus* and other invertebrates in drinking water distribution systems – occurrence and influence on microbial water quality. PhD Thesis, Technical University of Denmark, Kongens Lyngby.
- CHRISTENSEN, S. C. B., NISSEN, E., ARVIN, E. & ALBRECHTSEN, H.-J. 2011b. Distribution of *Asellus aquaticus* and microinvertebrates in a non-chlorinated drinking water supply system – Effects of pipe material and sedimentation. *Water Research* **45**, 3215-3224.
- CHRISTENSEN, S. C. B., NISSEN, E., ARVIN, E. & ALBRECHTSEN, H.-J. 2012. Influence of *Asellus aquaticus* on *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Campylobacter jejuni* and naturally occurring heterotrophic bacteria in drinking water. *Water Research* **46**, 5279-5286.
- DEELEMEN-REINHOLD, C. L. 1965. Contributions à la connaissance du genre *Asellus* en Yougoslavie et en Turquie. *Zoologische Mededelingen Rijksmuseum van Natuurlijke Historie te Leiden* **40**, 151-170.
- DOMSCH, K. H., GAMS, W. & ANDERSON T. H. 1980. *Compendium of soil fungi, Volumes 1 & 2*, 1-1266. Academic Press, London.
- DONLAN, R. M. 2002. Biofilms: microbial life on surfaces. *Emerging Infectious Diseases* **8**(9), 881-890.
- DYKOVÁ, I., VEVERKOVÁ-FIALOVÁ, M., FIALA, I. & DVOŘÁKOVÁ, H. 2005. *Protacanthamoeba bohemica* sp. n., Isolated from the Liver of Tench, *Tinca tinca* (Linnaeus, 1758). *Acta Protozoologica* **44**, 369-376.
- ENGLISH, E. 1958. Biological problems in distribution systems – infestations of water mains. *Proceedings of the Society for Water Treatment and Examination* **7**, 127-143.
- FEAZEL, L. M., BAUMGARTNER, L. K., PETERSON, K. L., FRANK, D. N., HARRIS, J. K. & PACE, N. 2009. Opportunistic pathogens enriched in showerhead biofilms. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **106**(38), 16393-16399.

- FLEMMING, H.-C., PERCIVAL, S. & WALKER, J. T. 2002. Contamination potential of biofilms in drinking water distribution systems. *Water Science & Technology: Water Supply* **2**, 271–280.
- FLEMMING, H.-C. 2009. Why Microorganisms Live in Biofilms and the Problem of Biofouling. In FLEMMING, H.-C., MURTHY, P. S., VENKATESAN, R. & COOKSEY, K. *Marine and Industrial Biofouling, Springer Series on Biofilms*, 4. Auflage, 1-348. Springer, Berlin ,Heidelberg.
- FLEMMING, H.-C. & WINGENDER, J. 2010. The biofilm matrix. *Nature Reviews Microbiology* **8**(9), 623-633.
- FUHLROTT, C. 1849. Nachtrag (zu Caspary, R.: *Gammarus puteanus* Koch). *Verhandlungen des Naturhistorischen Vereins der Preussischen Rheinlande und Westfalens* **6**, 47-48.
- GAMS, W. & MEYER, W. 1998. What exactly is *Trichoderma harzianum*? *Mycologia* **90**, 904–915.
- GIÃO, M. S., AZEVEDO, N. F., WILKS, S. A., VIEIRA, M. J. & KEEVIL, C. W. 2011. Interaction of *legionella pneumophila* and *helicobacter pylori* with bacterial species isolated from drinking water biofilms. *BioMed Central Microbiology* **11**(57) 1-10.
- GRAÇA, M. A. S., MALTBY, L. & CALOW, P. 1993a. Importance of fungi in the diet of *Gammarus pulex* and *Asellus aquaticus* I: feeding strategies. *Oecologia* **93**, 139-144.
- GRAÇA, M. A. S., MALTBY, L. & CALOW, P. 1993b. Importance of fungi in the diet of *Gammarus pulex* and *Asellus aquaticus* II. Effects on growth, reproduction and physiology. *Oecologia* **96**, 304-309.
- GRAÇA, M. A. S., MALTBY, L. & CALOW, P. 1994. Comparative ecology of *Gammarus pulex* (L.) and *Asellus aquaticus* (L.) II: fungal preferences. *Hydrobiologia* **281**, 163-170.

- GRUNER, H. E. 1965. V. Isopoda. In DAHL, F. (Hrsg): *Die Tierwelt Deutschlands und der angrenzenden Meeresteile. 51. Teil: Krebstiere oder Crustacea*, 1. Lieferung, 1-149. Gustav Fischer Verlag, Jena.
- GRUNER, H.-E. (Hrsg.), MORITZ, M. & DUNGER, W. 1993. Band I: Wirbellose Tiere, 4. Teil: Arthropoda (ohne Insecta). In KAESTNER, A. (Begr.) *Lehrbuch der Speziellen Zoologie*, 4. völlig neu bearbeitete und stark erweiterte Auflage, 1-1279. Gustav Fischer Verlag Jena, Stuttgart, New York.
- GUNKEL, G. & SCHEIDELER, M. 2011. Wasserasseln in Trinkwasser-Verteilungssystemen. *gwf-Wasser/Abwasser* **4**, 380-388.
- HAUSMANN, K., HÜLSMANN, N. & RADEK, R. 2003. *Protistology*, 3. vollständig überarbeitete Auflage, 1-379. E. Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung, Berlin, Stuttgart.
- HENRY, J.-P. 1974. Sur la présence d'Asellus hypogés aux Pays-Bas: *Proasellus cavaticus* et *Proasellus hermallensis* (Crustacea, Isopoda, Asellota). *Bulletin Zoologisch Museum Universiteit van Amsterdam* **3**(24), 221-228.
- HENRY, J.-P. 1976. Recherches sur les Asellidae hypogés de la lignée *cavaticus*. *Thèse Université de Dijon*, 1-270.
- HENRY, J.-P., MAGNIEZ, G., STOCK, J. H. & VERMEULEN, J. 1994. Les Asellidae (Crustacea Isopoda Aselloidea) de Madère et leur intérêt biogéographique. *Mémoires de Biospéologie* **21**, 75-79.
- HENRY, J.-P. & MAGNIEZ, G. 1995. Nouvelles stations d'Asellus (*Asellus*) *aquaticus* (Crustacea, Isopoda, Asellota, Asellidae) dans l'île de Madère. *Bulletin Scientifique de Bourgogne* **47**, 27-30.
- HOLLAND, G. J. 1956. The eradication of *Asellus aquaticus* from water supply mains. *Journal of the Institute of Water Engineers* **10**, 221-241.

- HUANG, S., SHENG., P. & ZHANG, H. 2012. Isolation and Identification of Cellulolytic Bacteria from the Gut of *Holotrichia parallela* Larvae (Coleoptera: Scarabaeidae). *International Journal of Molecular Sciences* **13**, 2563-2577.
- HUSSON, R. & DAUM, J. 1955. Über Haltung und Biologie von *Asellus cavaticus* Leydig. *Annales Universitatis Saraviensis Scientia* **4**, 137-144.
- HUY, H., JIN, L., LEE, Y.-K., LEE, K. C., LEE, J.-S., YOON, J.-H., AHN, C.-Y. & OH, H.-M. 2013. *Arenimonas daechungensis* sp. nov., isolated from the sediment of a eutrophic reservoir. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **63**, 484-489.
- JIN, L., KIM, K. K., AN, K.-G., OH, H.-M. & LEE S.-T. 2012. *Arenimonas daejeonensis* sp. nov., isolated from compost. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **62**, 1674-1678.
- JUNGFER, C., SCHWARTZ, T. & OBST, U. 2007. UV-induced dark repair mechanisms in bacteria associated with drinking water. *Water Research* **41**, 188-196.
- KALMBACH, S., MANZ, W., WECKE, J. & SZEWZYK, U. 1999. *Aquabacterium* gen. nov., with description of *Aquabacterium citratiphilum* sp. nov., *Aquabacterium parvum* sp. nov. and *Aquabacterium commune* sp. nov., three *in situ* dominant bacterial species from the Berlin drinking water system. *International Journal of Systematic Bacteriology* **49**, 769-777.
- KEINÄNEN, M. M., MARTIKAINEN, P. J. & KONTRO, M. H. 2004. Microbial community structure and biomass in developing drinking water biofilms. *Canadian Journal of Microbiology* **50**(3), 183-191.
- KEMPER, H. 1933a. Versuche über die Wirkung von Pyrethrumblütenpulver auf Tiere verschiedener Klassen mit besonderer Berücksichtigung der wasserbewohnenden Arten. *Gesundheitstechnik und Städtehygiene* **3**, 150-164.

- KEMPER, H. 1933b. Zweiter Beitrag zur Frage der Anwendbarkeit des Pyrethrumblütenpulvers bei der Bekämpfung tierischer Schädlinge in Wasserversorgungs- und Abwasserbehandlungsanlagen. *Gesundheitstechnik und Städtehygiene* **12**, 682-690.
- KIM, A-R., LEE, S., HAN, K. & AHN, T.-Y. 2012. *Arenimonas aquaticum* sp. nov., a Member of the Gammaproteobacterium, Isolated from a Freshwater Reservoir. *The Journal of Microbiology* **50**(2), 354-358.
- KONSTANTINIDIS, K. T. & TIEDJE, J. M. 2007. Prokaryotic taxonomy and phylogeny in the genomic era: advancements and challenges ahead. *Current Opinion in Microbiology* **10**, 504-509.
- KOSKINEN, R., ALI-VEHMAS, T., KÄMPFER, P., LAURIKKALA, M., TSITKO, I., KOSTYAL, E., ATROSHI, F. & SALKINOJA-SALONEN, M. 2000. Characterization of *Sphingomonas* isolates from Finnish and Swedish drinking water distribution systems. *Journal of Applied Microbiology* **89**, 687-696.
- KOSTANJŠEK, R., ŠTRUS, J. & AVGUŠTIN, G. 2002. Genetic diversity of bacteria associated with the hindgut of the terrestrial crustacean *Porcellio scaber* (Crustacea: Isopoda). *Federation of European Microbiological Societies Microbiology Ecology* **40**, 171-179.
- KWON, S.-W., KIM, B.-Y., WEON, H.-Y., BEAK, Y.-K. & GO, S.-J. 2007. *Arenimonas donghaensis* gen. nov., sp. nov., isolated from seashore sand. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **57**, 954-958.
- MACLEAN, R. C., RICHARDSON, D. J., LEPARDO, R. & MARCIANO-CABRAL, F. 2004. The identification of *Naegleria fowleri* from water and soil samples by nested PCR. *Parasitology Research* **93**(3), 211-217.
- MARCHESI, J. R., SATO, T., WEIGHTMAN, A. J., MARTIN, T. A., FRY, J. C., HOIM, S. J. & WADE, W. G. 1998. Design and Evaluation of Useful Bacterium-Specific PCR Primers That Amplify Genes Coding for Bacterial 16S rRNA. *Applied and Environmental Microbiology* **64**(2), 795-799.

- MARSHALL, H. M., CARTER, R., TORBEY, M. J., MINION, S., TOLSON, C., SIDJABAT, H. E., HUYGENS, F., HARGREAVES, M. & THOMSON, R. M. 2011. *Mycobacterium lentiflavum* in Drinking Water Supplies, Australia. *Emerging Infectious Diseases* **17**(3), 395-402.
- MITCHAM, R. P. & SHELLY, M. W. 1980. The control of animals in water mains using permethrins, a synthetic pyrethroid. *Journal of the Institution of Water Engineers and Scientists* **34**, 474-483.
- MORITZ, M. M., FLEMMING, H.-C. & WINGENDER, J. 2010. Integration of *Pseudomonas aeruginosa* and *Legionella pneumophila* in drinking water biofilms grown on domestic plumbing materials. *International Journal of Hygiene and Environmental Health* **213**(3), 190-197.
- PRABHAKARAN, N. & RANU GUPTA 1990. Filamentous Fungi Isolated from the EEZ along the West Coast of India. *Fishery Technology* **27**, 69-74.
- RACOVITZA, E. G. 1919. Notes sur les Isopodes. 1. *Asellus aquaticus* auct. est une erreur taxonomique. 2. *A. aquaticus* L. et *A. meridianus* n. sp.. *Archives de Zoologie Expérimentale et Générale* **58**, 31-43.
- RATHSACK, U. & MICHELS, U. 2006. Zur Populationsdynamik von Asseln und anderen Invertebraten in Wasserversorgungssystemen und Konsequenzen für die Wasseraufbereitung. *gwf-Wasser/Abwasser* **147**(2), 134-140.
- SCHLEGEL, H. G. & JANNASCH, H. W. 2006. Prokaryotes and Their Habitats, Chapter 1.6. In DWORKIN, M., FALKOW, S., ROSENBERG, E., SCHLEIFER, K.-H. & STACKEBRANDT, E. *The Prokaryotes – A Handbook on the Biology of Bacteria – Volume 1: Symbiotic Associations, Biotechnology, Applied Microbiology*, 3. Auflage, 1-959. Springer, New York.
- SCHMALFUSS, H. & SCHAWALLER, W. 1984. Die Fauna der Ägäis-Insel Santorin. Teil 5. Arachnida und Crustacea. *Stuttgarter Beiträge zur Naturkunde, Serie A* **371**, 1-16.

- SCHRÖDER, J. 2011. Persönliche Mitteilung. Fachgebiet Umweltmikrobiologie, Technische Universität Berlin.
- SCHUBERT, K. 2005. Morphotaxonomic revision of foliicolous *Cladosporium* species (hyphomycetes). Dissertation, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- SCHUBERT, K., GROENEWALD, J. Z., BRAUN, U., DIJKSTERHUIS, J., STARINK, M., HILL, C. F., ZALAR, P., DE HOOG, G. S. & CROUS, P. W. 2007. Biodiversity in the *Cladosporium herbarum* complex (*Davidiellaceae*, *Capnodiales*), with standardisation of methods for *Cladosporium* taxonomy and diagnostics. *Studies in Mycology* **58**, 105-156.
- SCHWARZ, H. R., KUCERA, H., KRAMER, H., KLAPPER, R. & SCHUSTER, W. 1966. Erfahrungen bei der Bekämpfung von *Asellus aquaticus* in den Wasserversorgungsanlagen der Stadt Marburg. *Fortschritte der Wasserchemie und ihrer Grenzgebiete* **4**, 96-127.
- STACKEBRANDT, E. & 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**(4), 846-849.
- STAMMER, H. J. 1932. Zur Kenntnis der Verbreitung und Systematik der Gattung *Asellus*, insbesondere der mitteleuropäischen Arten. *Zoologischer Anzeiger für Deutschland* **99**, 113-131.
- STEENKEN, B. 1998. *Die Grundwasserfauna – Ein Vergleich zweier Grundwasserlandschaften in Baden-Württemberg*, *Umweltforschung in Baden-Württemberg*, 1-160. ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg.
- SUTHAR, S., CHHIMPA, V. & SINGH, S. 2009. Bacterial contamination in drinking water: a case study in rural areas of northern Rajasthan, India. *Environmental Monitoring and Assessment* **159**, 43-50.

- SZEWZYK, U., SZEWZYK, R., MANZ, W., & SCHLEIFER, K. H. 2000. Microbiological safety of drinking water. *Annual Review of Microbiology* **54**, 81-127.
- THOMAS, V., HERRERA-RIMANN, K., BLANC, D. S. & GREUB, G. 2006. Biodiversity of Amoebae and Amoeba-Resisting Bacteria in a Hospital Water Network. *Applied and Environmental Microbiology* **72**(4), 2428-2438.
- TrinkwV (2001). *Verordnung über die Qualität von Wasser für den menschlichen Gebrauch* (Trinkwasserverordnung – TrinkwV 2001) vom 21. Mai 2001. BGBl. I S. 959, novelliert durch Artikel 1 BGBl. I S. 2562 am 05.12.2012.
- TURNER, M. E. D. 1956. *Asellus aquaticus* in a public water supply distribution system. *Proceedings of the Society for Water Treatment and Examination* **5**, 67-80.
- VAN DER KOOIJ, D. 1999. Potential for biofilm development in drinking water distribution systems. *Journal of Applied Microbiology* **85**, 39-44.
- VAN HEUSDEN, G. P. 1948. *Asellus aquaticus* in het Amsterdamse Leidingnet. *Water* **32**, 109-113.
- VAN LIEVERLOO, J. H. M., BOSBOOM, D. W., BAKKER, G. L., BROUWER, A. J., VOOGT, R. & ROOS, J. E. M. 2004. Sampling and quantifying invertebrates from drinking water distribution mains. *Water Research* **38**, 1101-1112.
- VAN LIEVERLOO, J. H. M., HOOGENBOEZEM, W., VEENENDAAL, G. & VAN DER KOOIJ, D. 2012. Variability of invertebrate abundance in drinking water distribution systems in the Netherlands in relation to biostability and sediment volumes. *Water Research* **46**, 4918-4932.
- WÄCHTLER, W. 1937. Ordnung Isopoda, Asseln. In BROHMER, P., EHRMANN, P. & ULMER, G. (Hrsg.): *Die Tierwelt Mitteleuropas Band 2*, Lieferung 2b. Quelle und Meyer, Leipzig.

- WÄGELE, J. W. 2007. Isopoda (Asseln). In SCHMINKE, K. H. (Hrsg.) & GAD, G. (Hrsg): *Grundwasserfauna Deutschlands – Ein Bestimmungswerk*, 1-628. Deutsche Vereinigung für Wasserwirtschaft, Abwasser und Abfall e. V., Hennef.
- WANG, Y., BRUNE, A. & ZIMMER, M. 2007. Bacterial symbionts in the hepatopancreas of isopods: diversity and environmental transmission. *Federation of European Microbiological Societies Microbiology Ecology* **61**, 141-152.
- WANG, Y., ZANG, X., FENG, S., NIU, Z. & CHEN, C. 2009. Study on inactivation of iron bacteria isolated from real drinking water distribution systems by free chlorine and chloramine. *Annals of Microbiology* **59**(2), 353-358.
- ZHANG, P., HOZALSKI, R. M., LEACH, L. H., CAMPER, A. K., GOSLAN, E. H., PARSONS, S. A., XIE, Y. F. & LAPARA T. M. 2009. Isolation and characterization of haloacetic acid-degrading *Afipia* spp. from drinking water. *Federation of European Microbiological Societies Microbiology Letters* **297**, 203-208.
- ZHOU, J., SHI, P., HUANG, H., CAO, Y., MENG, K., YANG, P., ZHANG, R., CHEN, X. & YAO, B. 2010. A new α -galactosidase from symbiotic *Flavobacterium* sp. TN17 reveals four residues essential for α -galactosidase activity of gastrointestinal bacteria. *Applied Microbiology and Biotechnology* **88**(6), 1297-1309.

7 Anhang

Im Abschn. 7.1 sind für alle genannten Taxa der jeweilige Streubereich der ermittelten maximalen Identitäten und der hieraus berechnete Mittelwert tabellarisch dargestellt. Die Übersichtsdiagramme im Abschn. 7.2 zeigen für jede Einzelprobe die Sequenzlängen und maximalen Identitäten aller insgesamt 1104 bearbeiteten DNA-Sequenzen. Die Zuordnungen der im Abschnitt 7.2 verwendeten Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa sind über die Tab. 14-37 im Abschn. 7.3 möglich. Die Originalsequenzen der über die Datenbank BLAST (Abschn. 2.2.12) ermittelten Art- und Gattungsnamen sind im Abschn. 7.4 alphabetisch sortiert dargestellt.

7.1 Streubereiche und Mittelwerte der maximalen Identitäten

Anzahl Klone	nächster Verwandter	Accession-Nr.	Identität	Identität \bar{x}
Probe 10P				
4	<i>Micrococcus</i> spec.	JQ658423.1	95-99 %	96,8 %
3	<i>Flavobacterium</i> spec.	HE612094.1	99 %	99,0 %
3	<i>Flavobacterium denitrificans</i>	EU599190.1	96-98 %	97,0 %
9	<i>Flavobacterium resistens</i>	NR_044292.1	97-99 %	98,2 %
9	<i>Sphingomonas</i> spec.	FJ581440.1	98-99 %	98,9 %
16	<i>Pseudomonas</i> spec.	AB685628.1	97-99 %	98,4 %
4	<i>Stenotrophomonas</i> spec.	JQ435720.1	96-99 %	97,8 %
Probe 11P				
6	<i>Micrococcus</i> spec.	JQ658423.1	96-99 %	98,2 %
1	<i>Microbacterium oxydans</i>	JQ890539.1	97 %	97,0 %
2	<i>Mycobacterium</i> spec.	FJ544445.1	97 %	97,0 %
5	<i>Flavobacterium</i> spec.	JQ928691.1	96-99 %	97,6 %
4	<i>Flavobacterium denitrificans</i>	EU599190.1	98-99 %	98,3 %
17	<i>Flavobacterium resistens</i>	NR_044292.1	98-99 %	98,9 %
1	<i>Caulobacter</i> spec.	AJ227762.1	97 %	97,0 %
3	<i>Rhodobacter megalophilus</i>	JQ692104.1	96-97 %	96,7 %
3	<i>Sphingomonas</i> spec.	JQ014557.1	98-99 %	98,7 %
1	<i>Acidovorax</i> spec.	GU372408.1	99 %	99,0 %
2	<i>Aeromonas hydrophila</i>	JX029046.1	99 %	99,0 %
3	<i>Pseudomonas</i> spec.	AB685628.1	99 %	99,0 %
Probe 12P				
1	<i>Arthrobacter oxydans</i>	AB648980.1	99 %	99,0 %
1	<i>Afiplia</i> spec.	GU377117.1	99 %	99,0 %
1	<i>Aeromonas</i> spec. (c55(2012))	JQ781549.1	99 %	99,0 %
3	<i>Aeromonas</i> spec. (156B)	JF444782.1	98-99 %	98,3 %
8	<i>Enterobacter</i> spec. (S6BB)	AB428448.1	96-99 %	98,5 %
1	<i>Enterobacter</i> spec. (HWE-103)	JQ723720.1	98 %	98,0 %
1	<i>Enterobacter cloacae</i> subsp. <i>cloacae</i>	CP003737.1	98 %	98,0 %
15	<i>Pseudomonas</i> spec. (JCM 5415)	AB685628.1	96-99 %	98,7 %
1	<i>Pseudomonas</i> spec. (R-41390)	FR682933.1	99 %	99,0 %
16	<i>Pseudomonas putida</i>	JX237836.1	97-100 %	99,0 %
Probe 13P				
3	<i>Achromobacter</i> spec.	JQ746486.1	99 %	99,0 %
1	<i>Chitinibacter</i> spec.	JN981166.1	98 %	98,0 %
7	<i>Aeromonas sobria</i>	JQ795757.1	97-99 %	98,7 %
2	<i>Enterobacter</i> spec. (S6BB)	AB428448.1	99 %	99,0 %
1	<i>Enterobacter</i> spec. (HWE-103)	JQ723720.1	98 %	98,0 %
1	<i>Enterobacter cloacae</i>	JQ038222.1	99 %	99,0 %
8	<i>Pseudomonas</i> spec. (JCM 5415)	AB685628.1	98-99 %	98,8 %
3	<i>Pseudomonas</i> spec. (R-41390)	FR682933.1	99 %	99,0 %
1	<i>Pseudomonas putida</i> (strain CY04)	JX082200.1	99 %	99,0 %
3	<i>Pseudomonas putida</i> (strain SXMAS-6)	JN606325.1	99-100 %	99,3 %
10	<i>Pseudomonas putida</i> (strain MPV2)	JX237836.1	98-100 %	99,0 %
6	<i>Pseudomonas putida</i> (strain MC4)	JF825523.2	99 %	99,0 %
2	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	JQ890538.1	99 %	99,0 %
Probe B1P				
1	<i>Caulobacter</i> spec.	AM940947.1	99 %	99,0 %
1	<i>Hyphomicrobium facile</i> subsp. <i>tolerans</i>	NR_027611.1	97 %	97,0 %
2	<i>Hyphomicrobium vulgare</i>	AB543807.2	95-97 %	96,0 %
1	<i>Methylocapsa aurea</i>	FN433469.1	97 %	97,0 %
5	<i>Aeromonas salmonicida</i> (strain E84)	JF683662.1	99 %	99,0 %
7	<i>Aeromonas salmonicida</i> (strain ZHYYZ-5)	JN106379.1	99 %	99,0 %
5	<i>Aeromonas salmonicida</i> subsp. <i>salmonicida</i>	AB680308.1	99-100 %	99,2 %
1	<i>Crenothrix polyspora</i>	DQ295890.1	93 %	93,0 %
14	<i>Enterovibrio</i> spec.	HM566000.1	93-95 %	94,1 %
6	<i>Photobacterium</i> spec.	AB038032.1	93-94 %	93,5 %
1	<i>Pseudomonas</i> spec.	FJ984605.1	99 %	99,0 %
4	<i>Pseudomonas mandelii</i>	JQ317812.1	99 %	99,0 %
Probe B2P				
1	<i>Gaiella occulta</i>	JF423906.1	93 %	93,0 %
3	<i>Flavobacterium hercynium</i>	AM177627.1	95-96 %	95,3 %
1	<i>Hyphomicrobium facile</i> subsp. <i>tolerans</i>	NR_027611.1	98 %	98,0 %
1	<i>Hyphomicrobium vulgare</i>	AB543807.2	96 %	96,0 %

1	<i>Methylobacterium zatmanii</i>	NR_041031.1	99 %	99,0 %
3	<i>Methylocapsa aurea</i>	FN433469.1	95-97 %	96,3 %
1	<i>Methylocystis echinoides</i>	AJ458502.1	97 %	97,0 %
1	<i>Methylosinus trichosporium</i>	AJ431385.2	98 %	98,0 %
1	<i>Rhizobiales bacterium</i>	JQ773444.1	94 %	94,0 %
1	<i>Rhodobacter spec.</i>	FJ195995.1	96 %	96,0 %
1	<i>Pedomicrobium fusiforme</i>	Y14313.1	97 %	97,0 %
2	<i>Pedomicrobium manganicum</i>	GU269549.1	97 %	97,0 %
1	<i>Sphingomonas spec.</i>	EU131005.1	96 %	96,0 %
1	<i>Sphingopyxis spec.</i>	FN386734.1	96 %	96,0 %
1	<i>Geobacter metallireducens</i>	CP000148.1	91 %	91,0 %
2	<i>Aeromonas hydrophila</i> subsp. <i>hydrophila</i>	AB680394.1	99 %	99,0 %
23	<i>Aeromonas salmonicida</i> subsp. <i>salmonicida</i>	AB680308.1	99 %	99,0 %
1	<i>Ectothiorhodospira spec.</i>	EU252492.1	91 %	91,0 %
1	<i>Enterovibrio spec.</i>	HM566000.1	95 %	95,0 %
1	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	FJ226759.1	98 %	98,0 %
Probe Br1P				
6	<i>Haematobacter massiliensis</i>	DQ342308.1	94 %	94,0 %
1	<i>Rhodobacter spec.</i>	FR691419.1	98 %	98,0 %
1	<i>Erwinia persicina</i>	JN167937.1	100 %	100 %
40	<i>Arenimonas spec.</i>	JN033774.1	94-96 %	95,4 %
Probe E1P				
1	<i>Pantoea agglomerans</i>	JN084142.1	99 %	99,0 %
1	<i>Pseudomonas denitrificans</i>	JQ612512.1	91 %	91,0 %
1	<i>Aciditerrimonas spec.</i>	JN033775.1	93 %	93,0 %
1	<i>Microbacterium lacus</i>	FR691402.1	99 %	99,0 %
1	<i>Microbacterium oxydans</i>	JN411364.1	99 %	99,0 %
1	<i>Flavobacterium spec.</i>	FR682719.1	98 %	98,0 %
1	<i>Exiguobacterium undae</i>	AB334767.1	99 %	99,0 %
1	<i>Brevundimonas bullata</i>	JF276904.1	99 %	99,0 %
1	<i>Caulobacter vibrioides</i>	JQ675297.1	97 %	97,0 %
1	<i>Afipia spec.</i>	FM998728.1	100 %	100 %
1	<i>Rhizobium spec.</i>	AY599702.1	99 %	99,0 %
2	<i>Haematobacter massiliensis</i>	DQ342309.1	94-95 %	94,5 %
2	<i>Pseudorhodobacter spec.</i>	HQ825033.1	98 %	98,0 %
2	<i>Rastonia picketii</i>	JQ689181.1	99-100 %	99,5 %
31	<i>Arenimonas spec.</i>	JN033774.1	94-96 %	95,4 %
Probe EIP				
2	<i>Pelomonas saccharophila</i>	AB681917.1	99 %	99,0 %
46	<i>Acidivorax spec.</i>	AY093698.1	95-100 %	98,8 %
Probe EIIP				
48	<i>Acidivorax spec.</i>	AY093698.1	96-100 %	98,7 %
Probe E45P				
1	<i>Microbacterium paraoxydans</i>	EU714356.1	99 %	99,0 %
2	<i>Flavobacterium spec.</i>	HM776981.1	96 %	96,0 %
5	<i>Exiguobacterium undae</i>	AB334767.1	99 %	99,0 %
2	<i>Haematobacter massiliensis</i>	DQ342308.1	94 %	94,0 %
3	<i>Rhodobacter changlensis</i>	NR_042564.1	98-99 %	98,3 %
1	<i>Rhodobacter spec. (CCBAU 10883)</i>	HQ437162.1	97 %	97,0 %
1	<i>Rhodobacter spec. (R-36943)</i>	FR691419.1	98 %	98,0 %
1	<i>Rhodobacter ovatus</i>	AM690348.2	97 %	97,0 %
1	<i>Pseudorhodobacter spec.</i>	HQ825033.1	99 %	99,0 %
1	<i>Erwinia rhapontici</i>	U80206.1	99 %	99,0 %
1	<i>Acinetobacter johnsonii</i>	FJ976603.1	99 %	99,0 %
1	<i>Pseudomonas spec.</i>	JQ762269.1	92 %	92,0 %
1	<i>Steroidobacter denitrificans</i>	NR_044309.1	91 %	91,0 %
1	<i>Steroidobacter spec.</i>	AB548216.1	91 %	91,1 %
26	<i>Arenimonas spec.</i>	JN033774.1	94-96 %	95,3 %
Probe EIIP				
1	<i>Mycobacterium spec.</i>	HE575946.1	99 %	99,0 %
1	<i>Bradyrhizobium spec.</i>	FM998034.1	99 %	99,0 %
46	<i>Acidivorax spec.</i>	AY093698.1	97-100 %	98,8 %
Probe EIVP				
2	<i>Hyphomicrobium spec.</i>	FJ711209.1	94-96 %	95,0 %
46	<i>Acidivorax spec.</i>	AY093698.1	97-100 %	98,9 %

Tab. 12: Streubereiche und Mittelwerte der maximalen Identitäten (Prokaryota); Proben 10P, 11P, 12P, 13P, B1P, B2P, Br1P, E1P, EIP, EIIP, E45P, EIIP, EIVP

Anzahl Klone	nächster Verwandter	Accession-Nr.	Identität	Identität \bar{x}
Probe 10E				
8	<i>Asellus aquaticus</i>	AJ287055.1	99 %	99,0 %
16	<i>Davidiella tassiana</i>	HQ533794.1	100 %	100 %
Probe 11E				
15	<i>Asellus aquaticus</i>	AJ287055.1	99 %	99,0 %
9	<i>Davidiella tassiana</i>	HQ533794.1	100 %	100 %
Probe B1E				
48	<i>Asellus aquaticus</i>	AJ287055.1	99 %	99,0 %
Probe B2E				
48	<i>Asellus aquaticus</i>	AJ287055.1	99 %	99,0 %
Probe Br1E				
48	<i>Asellus aquaticus</i>	AJ287055.1	99 %	99,0 %
Probe E1E				
1	<i>Protacanthamoeba bohemica</i>	AY960120.1	98 %	98,0 %
5	<i>Naegleria spec.</i>	DQ768723.1	99 %	99,0 %
11	<i>Gibberella moniliformis</i>	AM946177.1	98-99 %	98,9 %
4	<i>Acremonium strictum</i>	HM216184.1	99 %	99,0 %
1	<i>Pichia spec.</i>	EF119340.1	99 %	99,0 %
26	<i>Proasellus slavus (cavaticus)</i>	AF496662.1	99 %	99,0 %
Probe EVE				
2	<i>Cladosporium spec.</i>	JX273057.1	99 %	99,0 %
4	<i>Fusarium spec.</i>	JQ934487.1	99 %	99,0 %
17	<i>Gibberella moniliformis</i>	AM946177.1	98-99 %	98,7 %
2	<i>Phoma spec.</i>	JQ838011.1	99 %	99,0 %
23	<i>Proasellus slavus (cavaticus)</i>	AF496662.1	98-99 %	98,9 %
Probe EVIE				
14	<i>Aspergillus spec.</i>	AB713913.1	99 %	99,0 %
14	<i>Gibberella moniliformis</i>	AM946177.1	98-99 %	98,9 %
20	<i>Proasellus slavus (cavaticus)</i>	AF496662.1	98-99 %	98,9 %
Probe E45E				
3	<i>Protacanthamoeba bohemica</i>	AY960120.1	98 %	98,0 %
19	<i>Naegleria spec.</i>	DQ768723.1	99 %	99,0 %
8	<i>Gibberella moniliformis</i>	AM946177.1	99 %	99,0 %
2	<i>Sarocladium kiliense</i>	HQ232198.1	99 %	99,0 %
16	<i>Proasellus slavus (cavaticus)</i>	AF496662.1	98-99 %	98,8 %
Probe EVIIE				
9	<i>Gibberella moniliformis</i>	AM946177.1	98-99 %	98,8 %
39	<i>Proasellus slavus (cavaticus)</i>	AF496662.1	98-99 %	98,9 %
Probe EVIIIE				
13	<i>Gibberella moniliformis</i>	AM946177.1	98-99 %	98,9 %
35	<i>Proasellus slavus (cavaticus)</i>	AF496662.1	98-99 %	98,9 %

Tab. 13: Streubereiche und Mittelwerte der maximalen Identitäten (Eukaryota); Proben 10E, 11E, B1E, B2E, Br1E, E1E, EVE, EVIE, E45E, EVIIE, EVIIIE

7.2 Sequenzlängen und maximale Identitäten

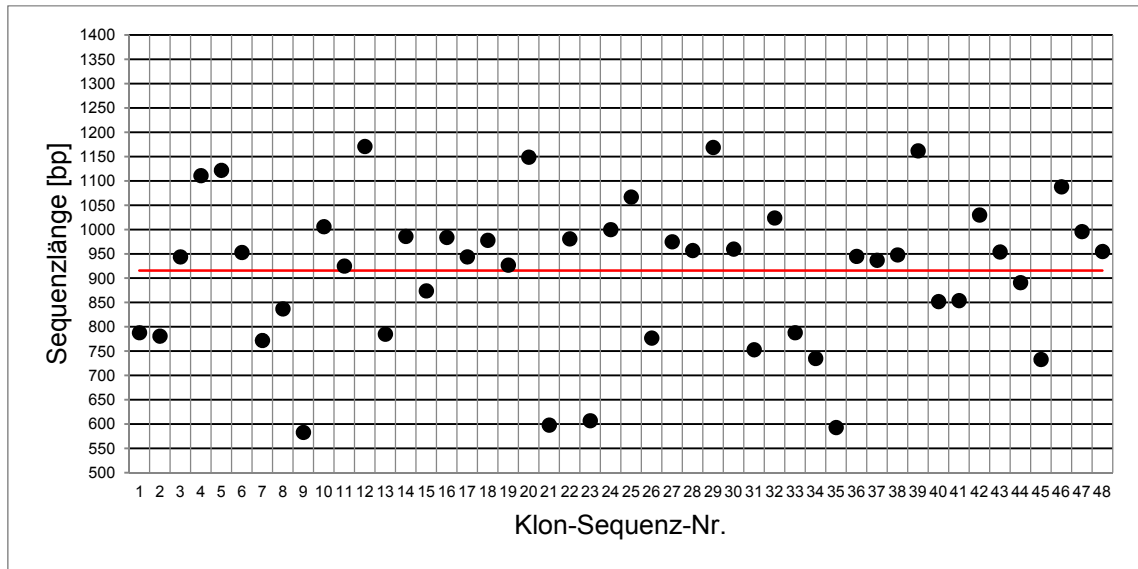


Abb. 53: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe 10P

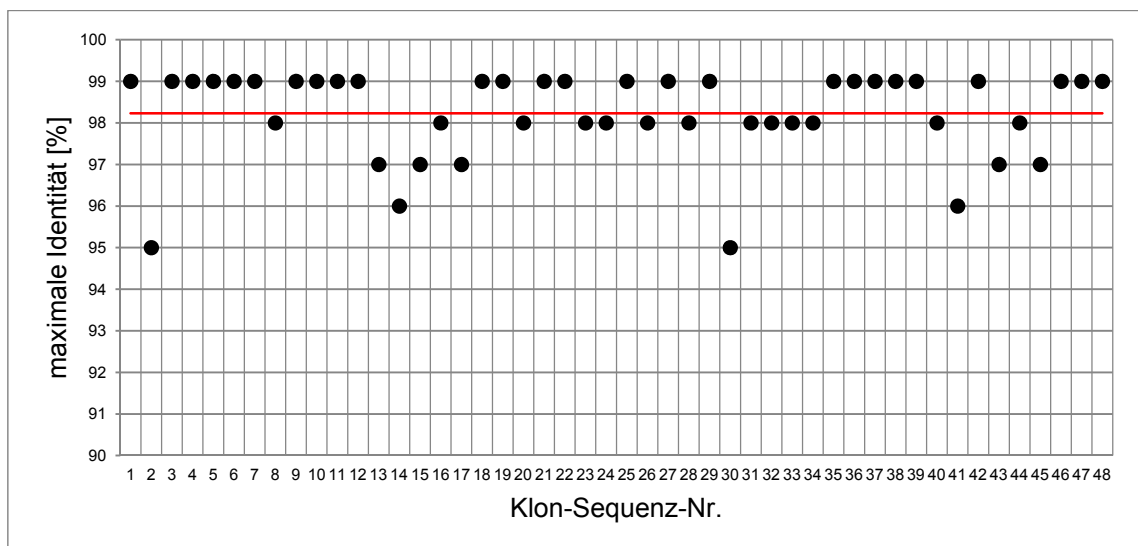


Abb. 54: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe 10P

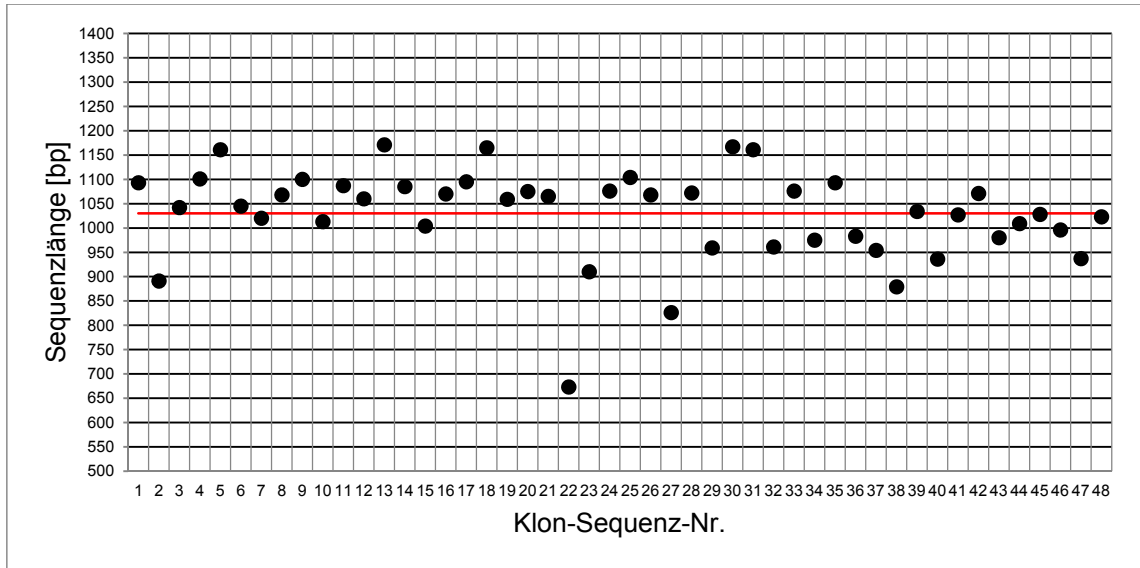


Abb. 55: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe 11P

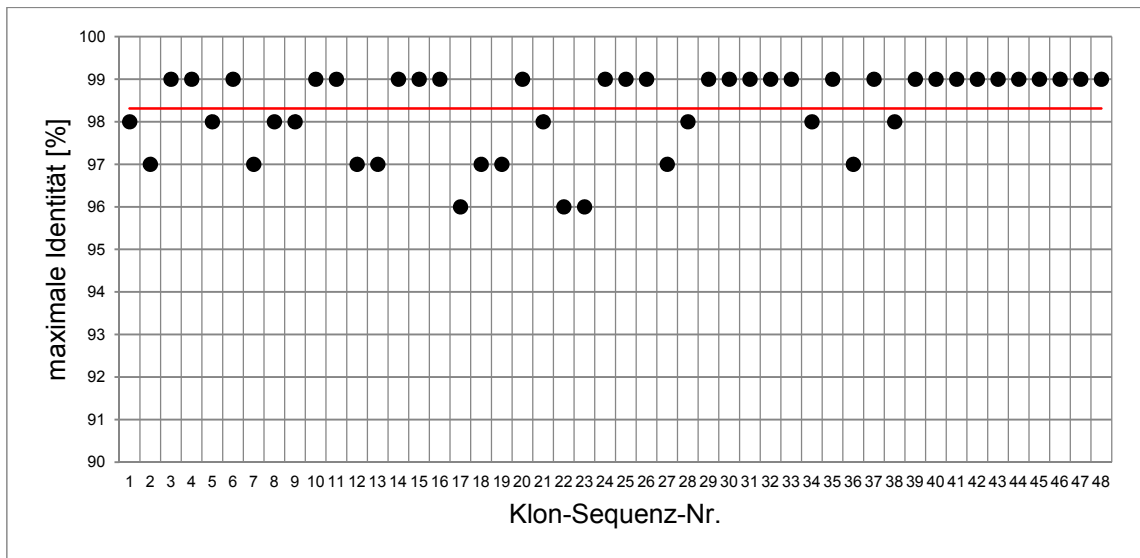


Abb. 56: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe 11P

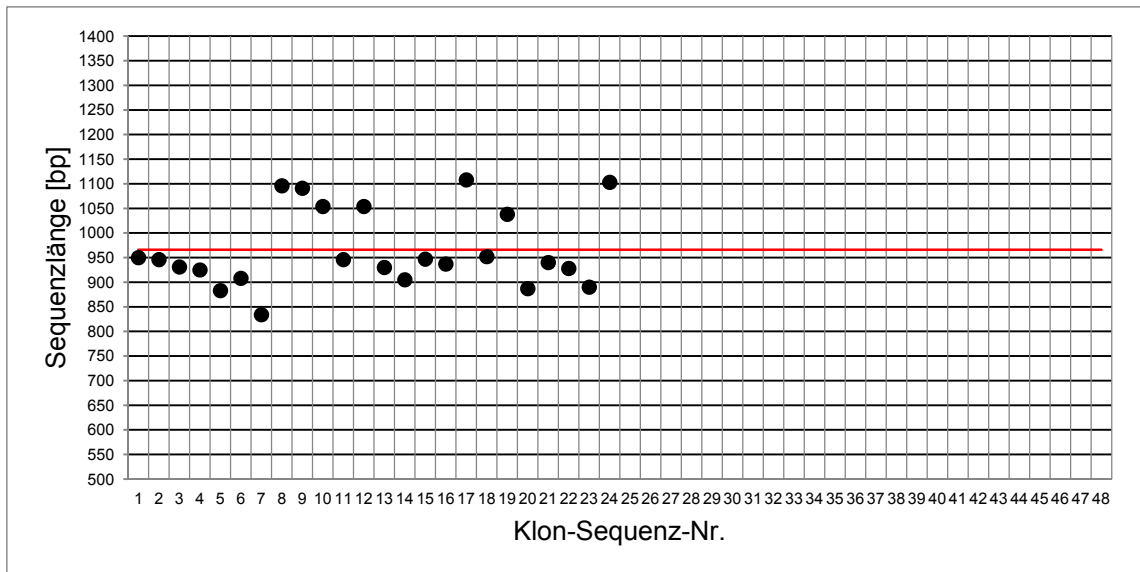


Abb. 57: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-24; Probe 10E

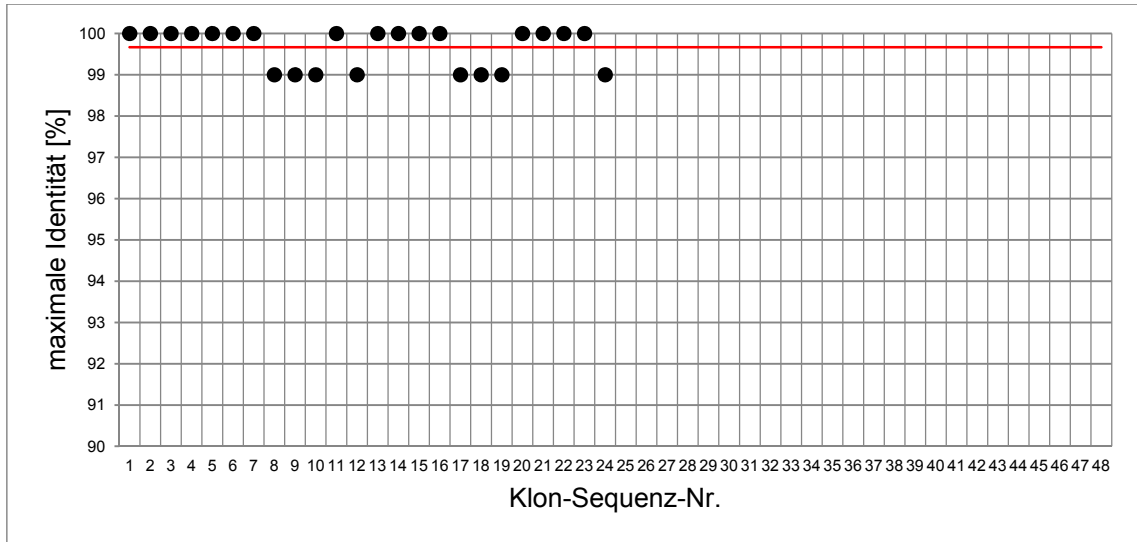


Abb. 58: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-24; Probe 10E

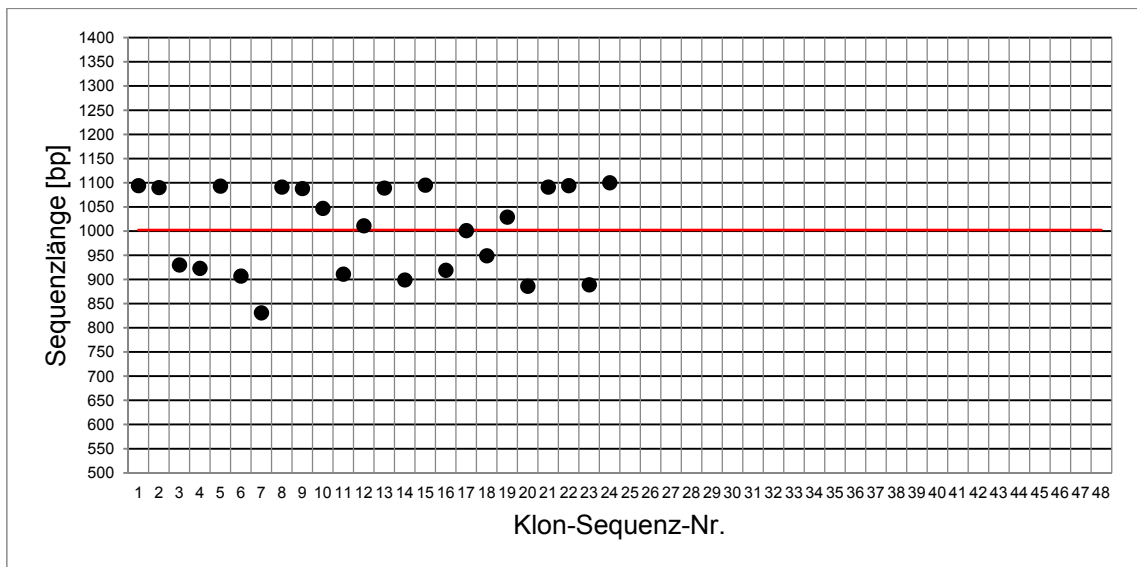


Abb. 59: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-24; Probe 11E

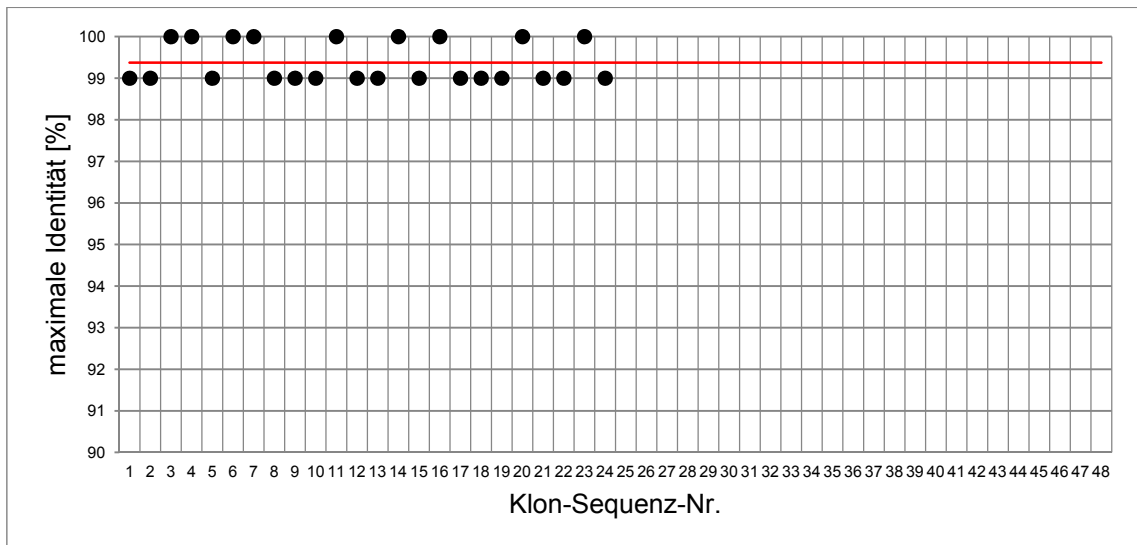


Abb. 60: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-24; Probe 11E

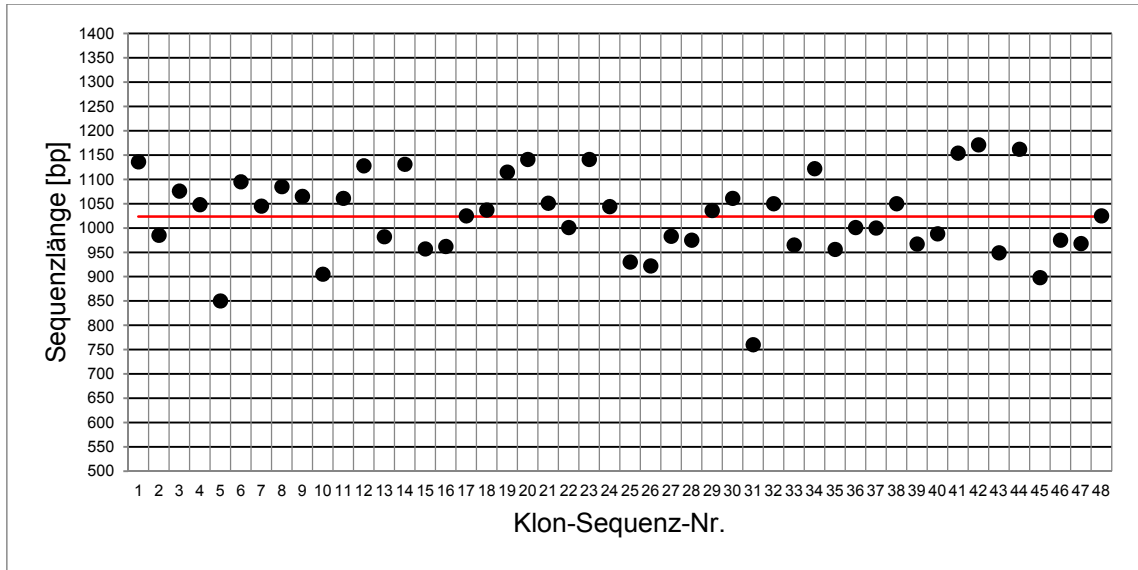


Abb. 61: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe 12P

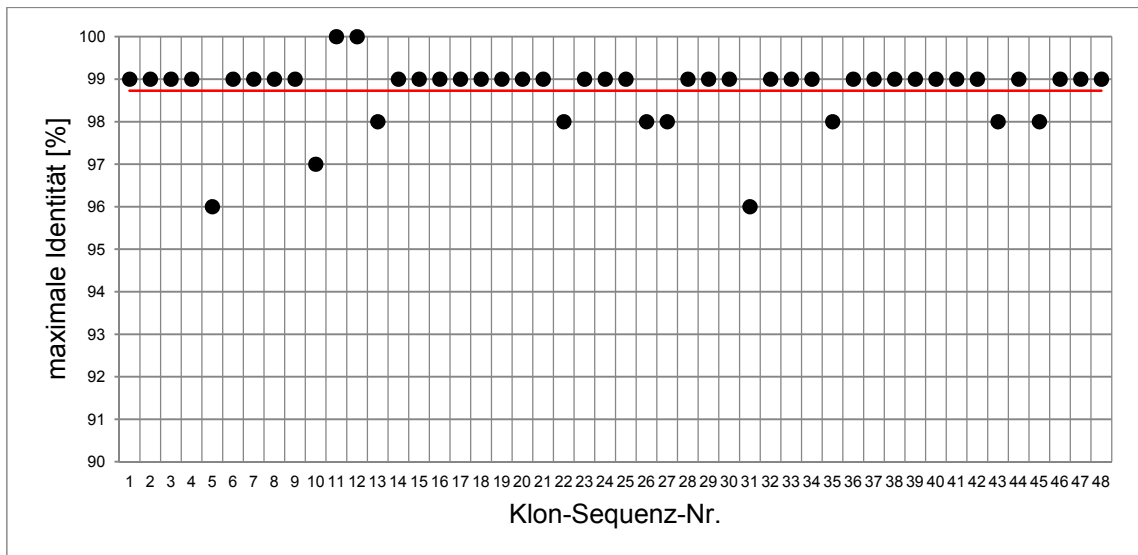


Abb. 62: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe 12P

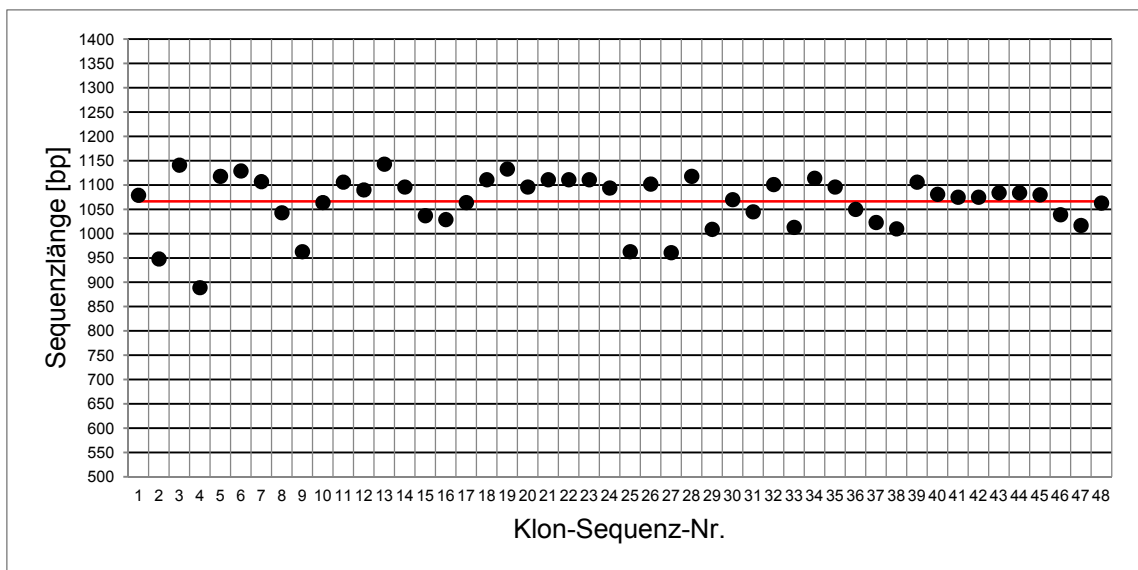


Abb. 63: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe 13P

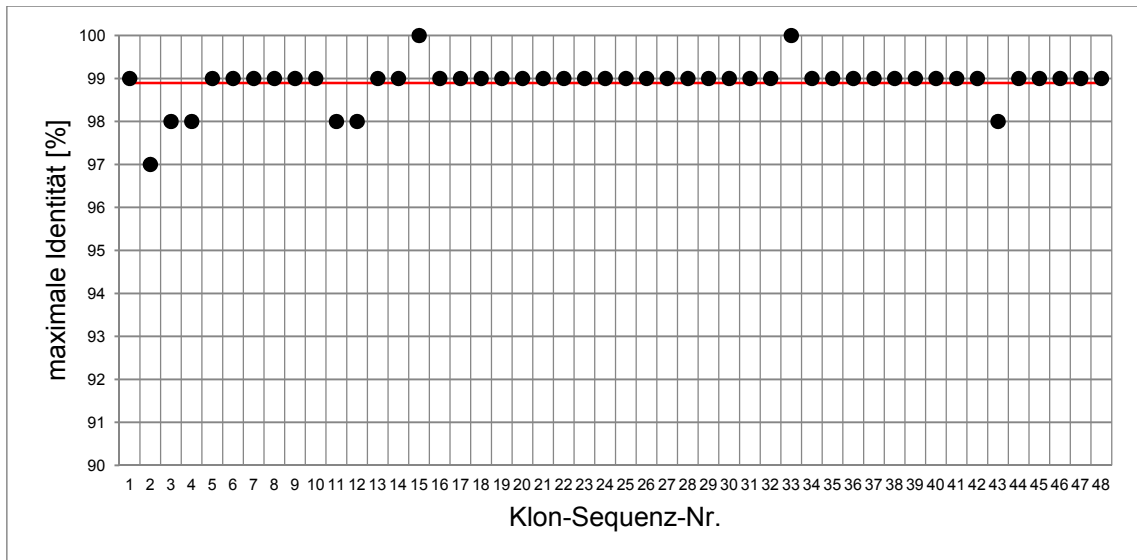


Abb. 64: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe 13P

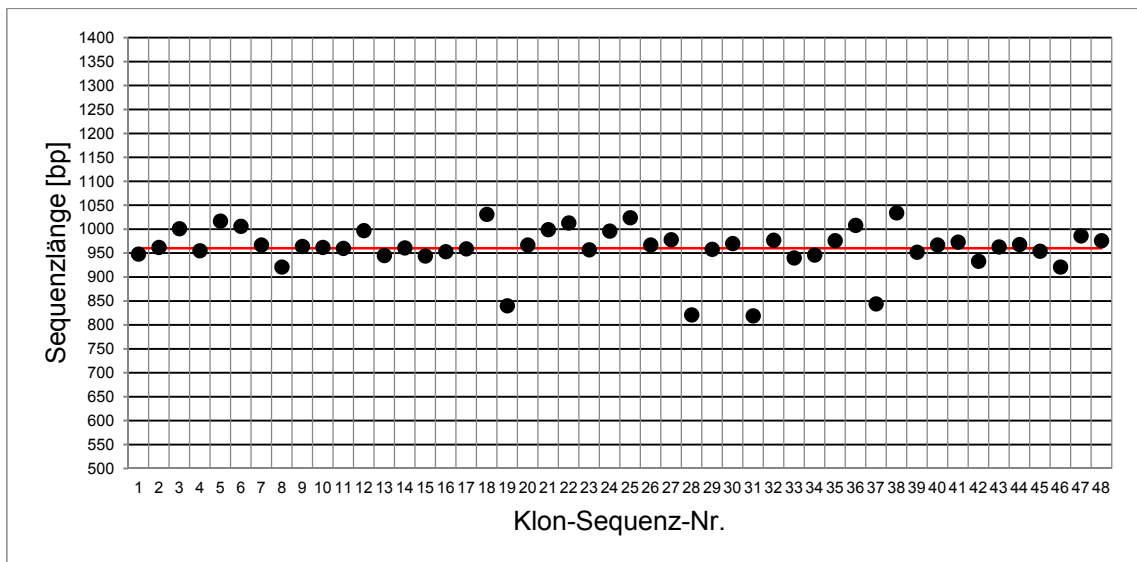


Abb. 65: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe B1P

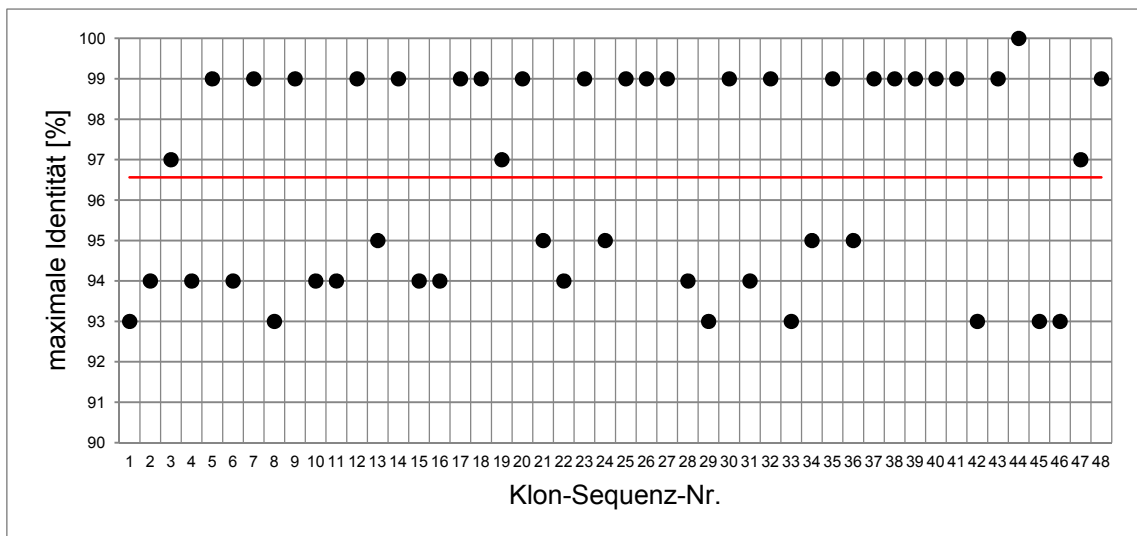


Abb. 66: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe B1P

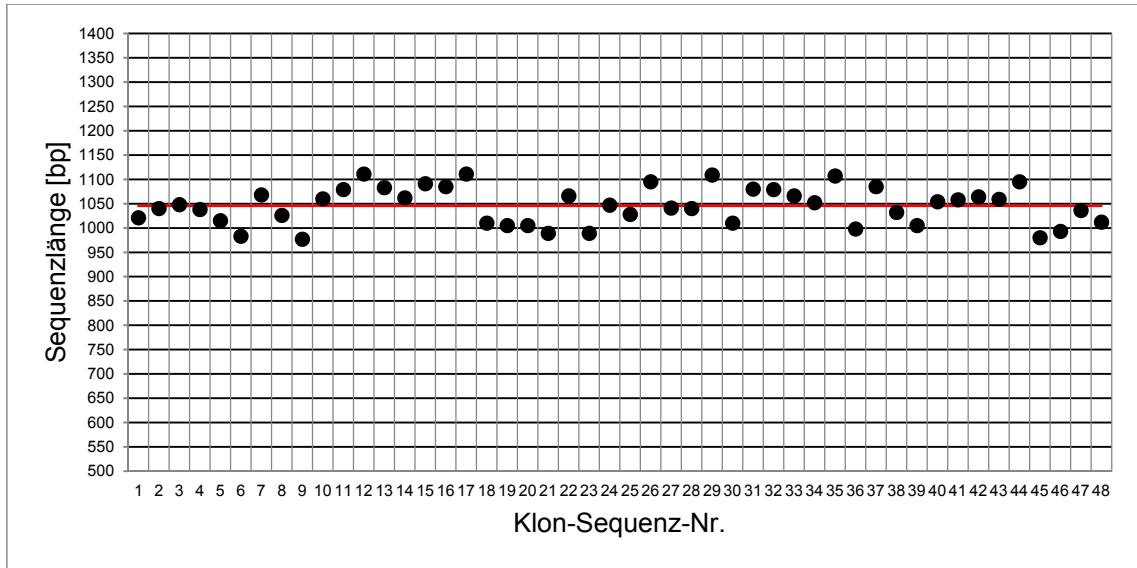


Abb. 67: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe B2P

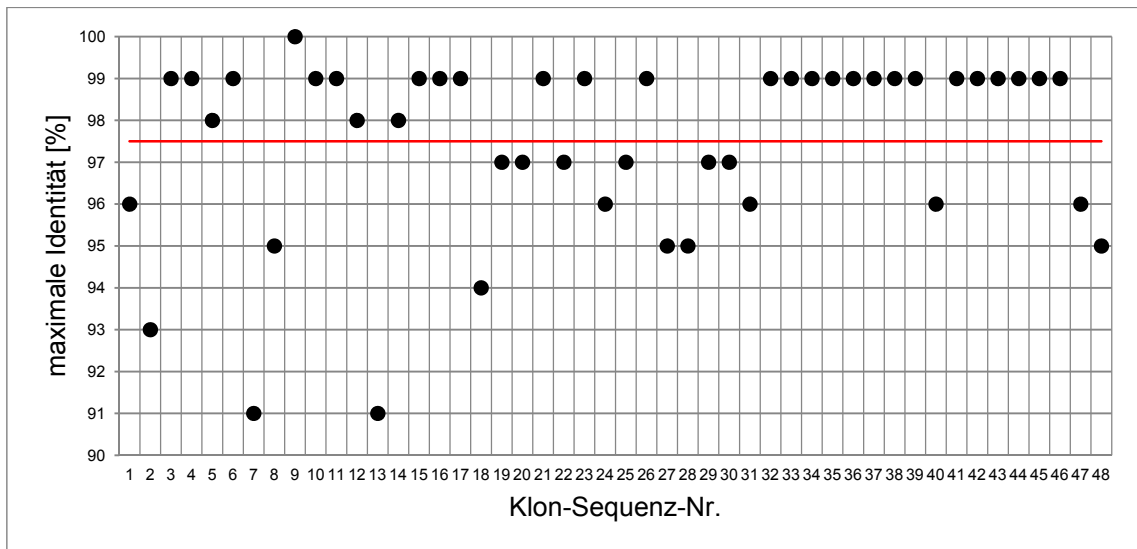


Abb. 68: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe B2P

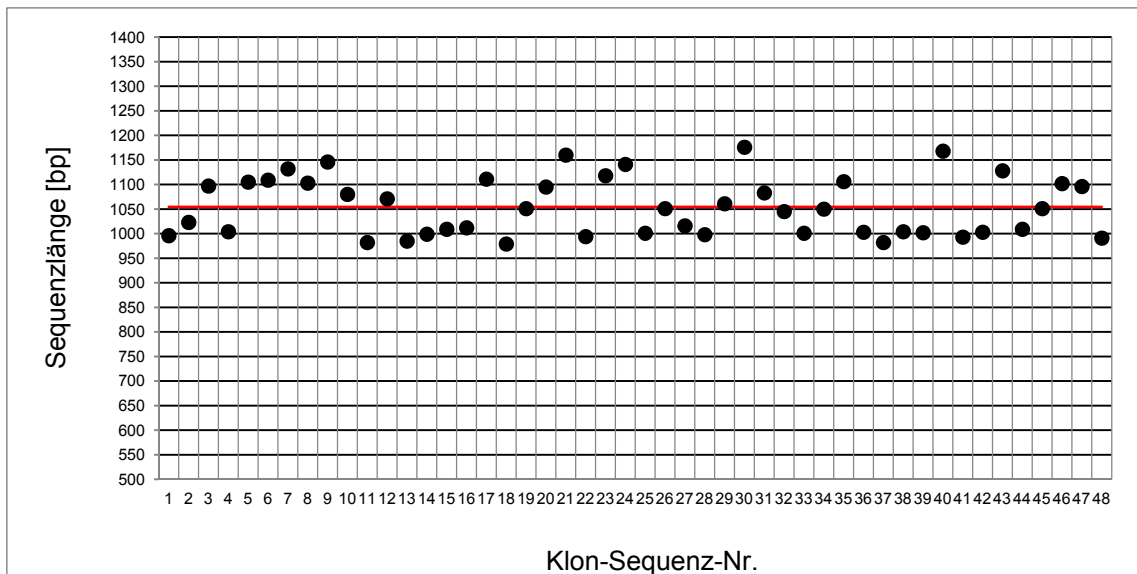


Abb. 69: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe B1E

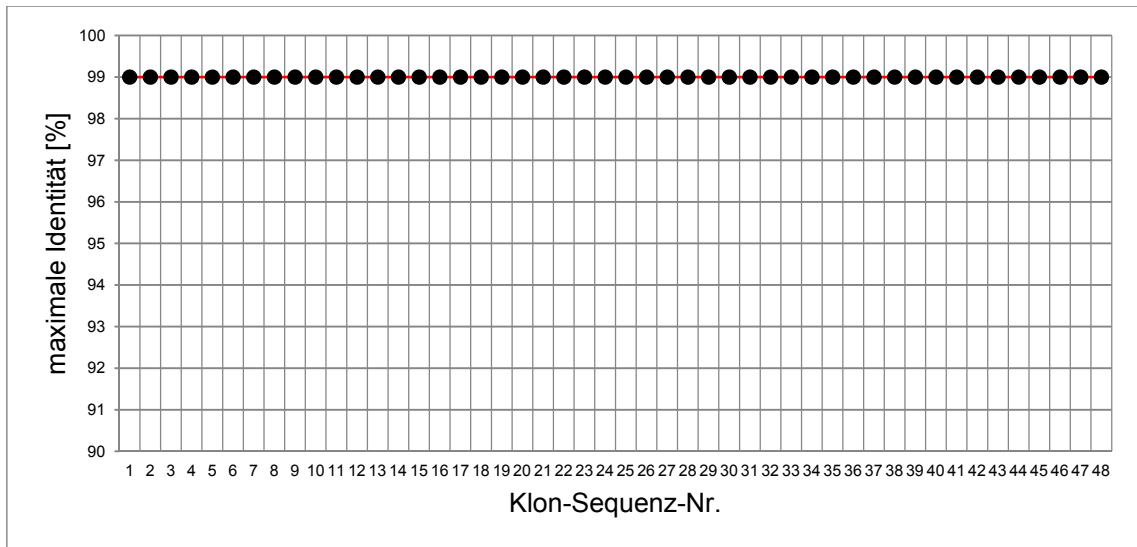


Abb. 70: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe B1E

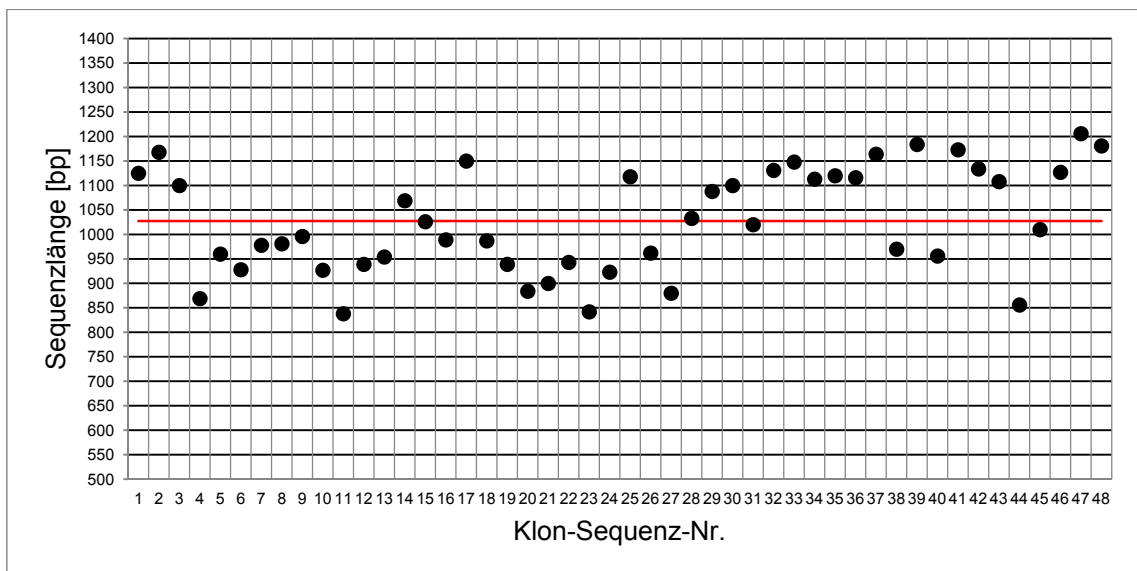


Abb. 71: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe B2E

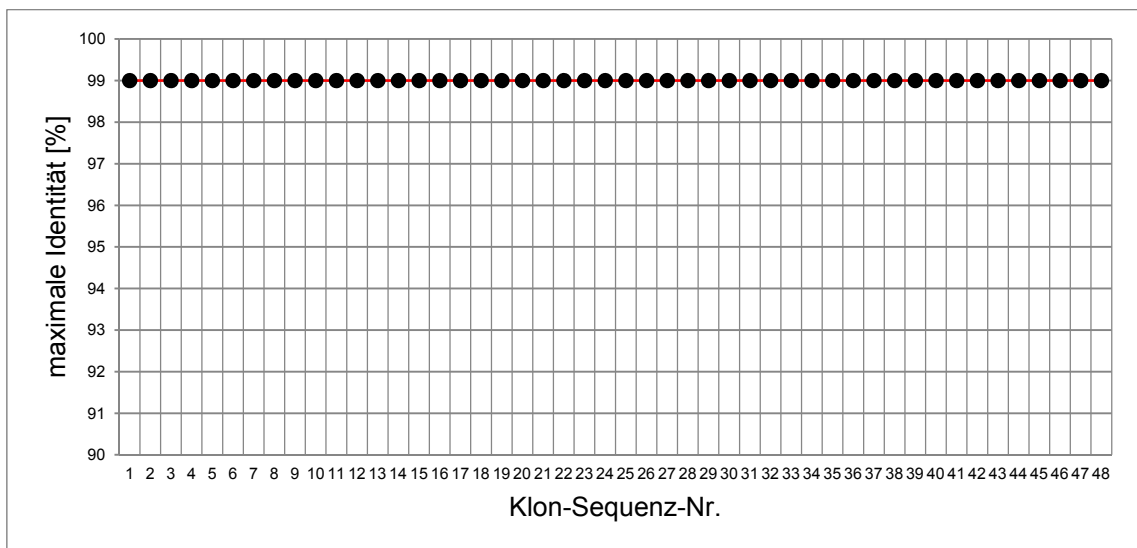


Abb. 72: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe B2E

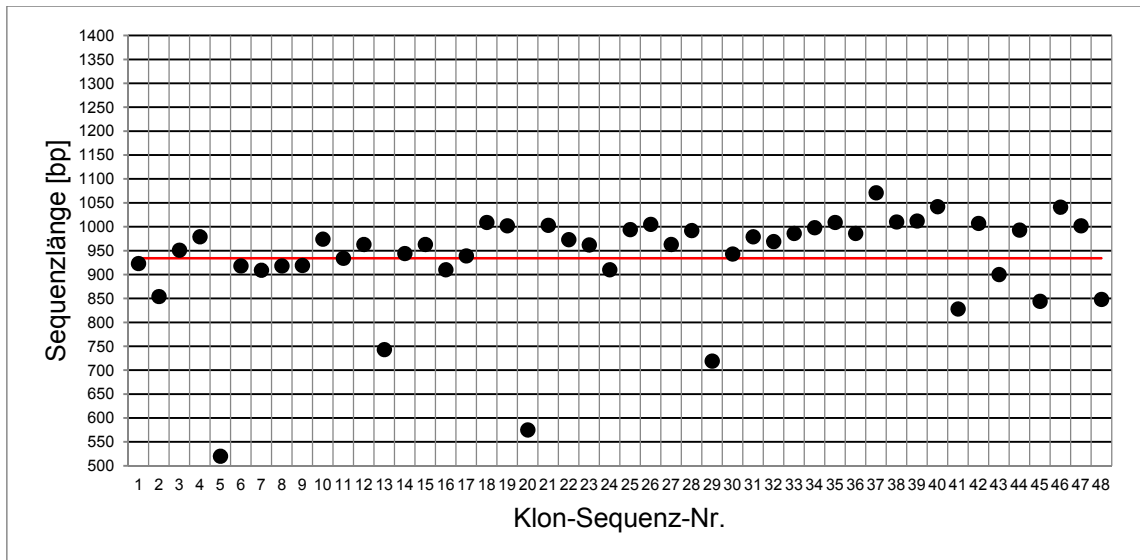


Abb. 73: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe Br1P

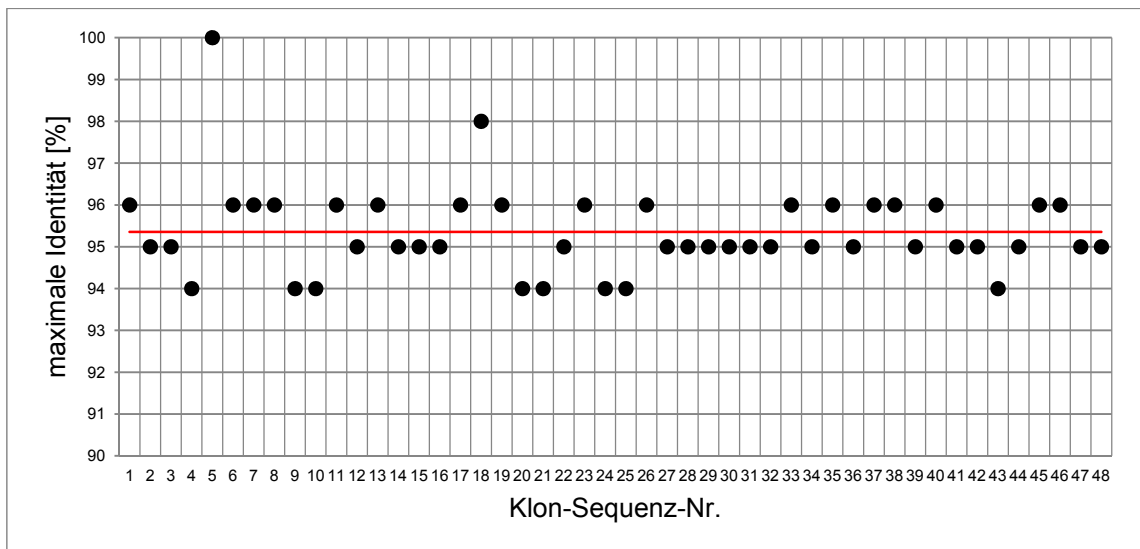


Abb. 74: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe Br1P

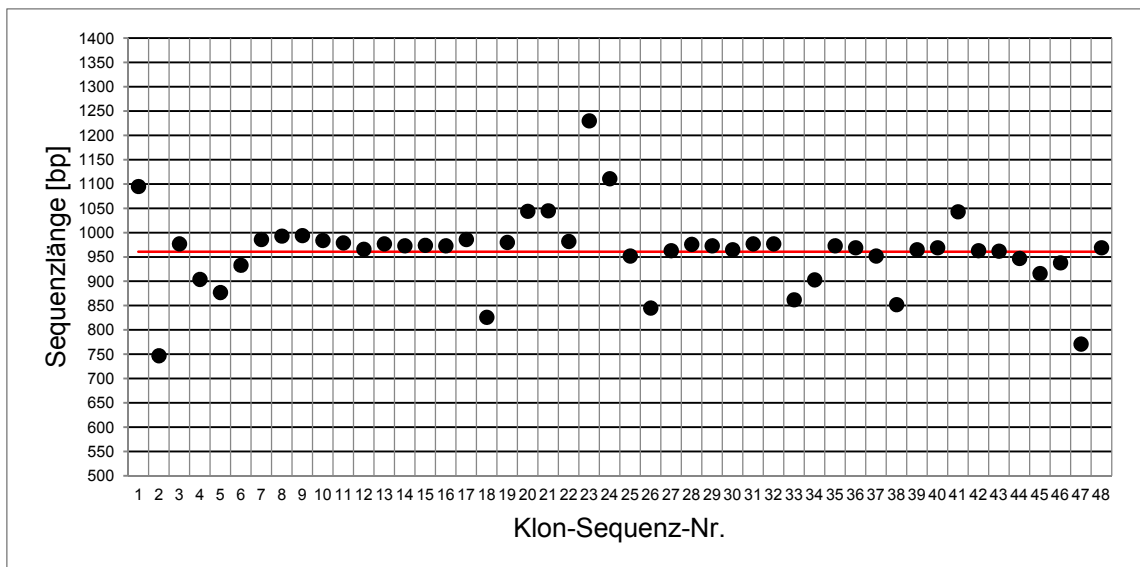


Abb. 75: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe Br1E

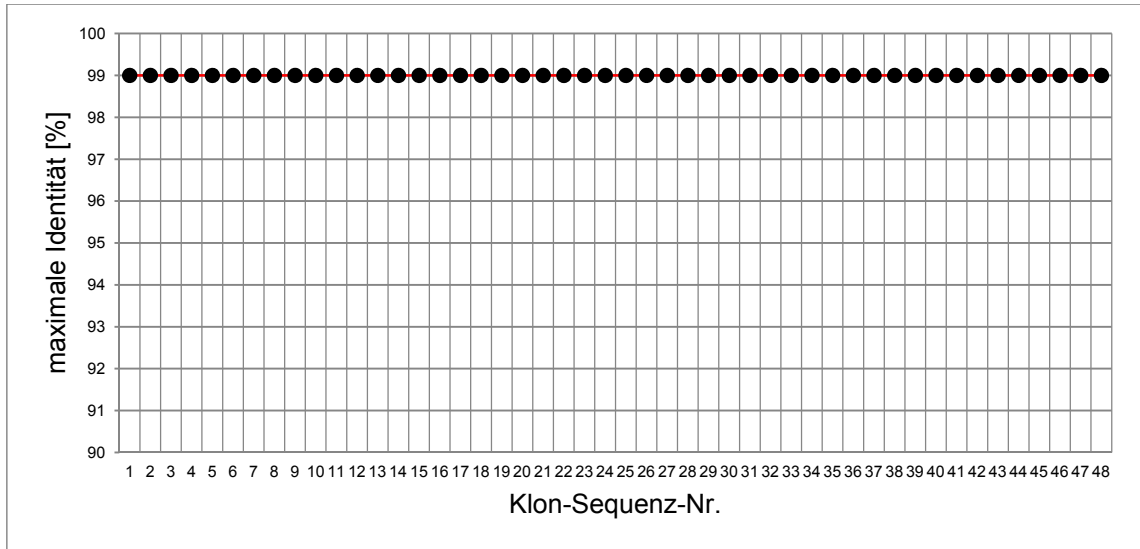


Abb. 76: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe Br1E

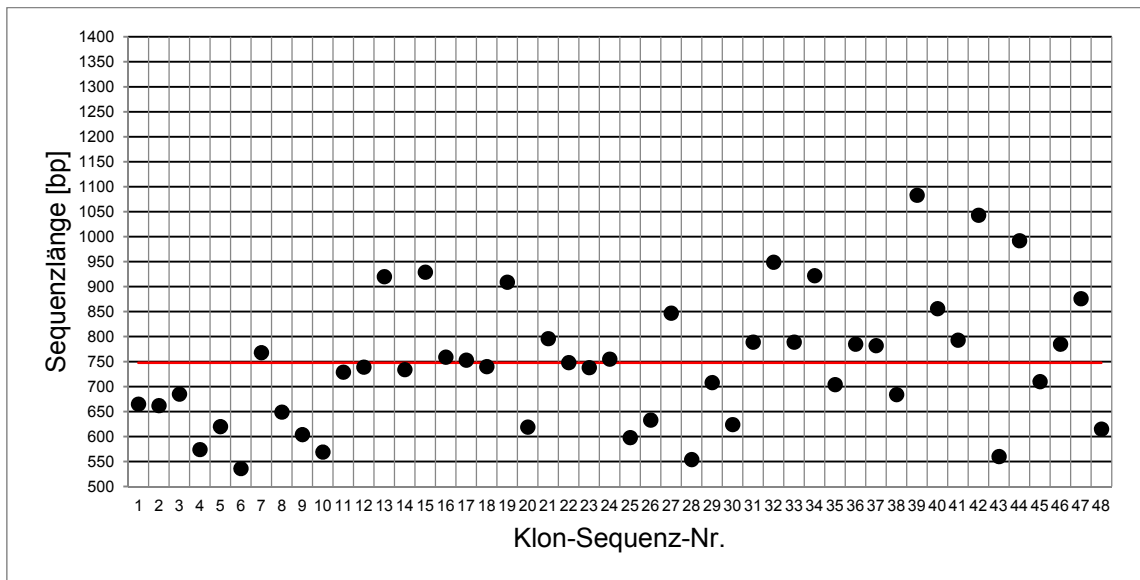


Abb. 77: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe E1P

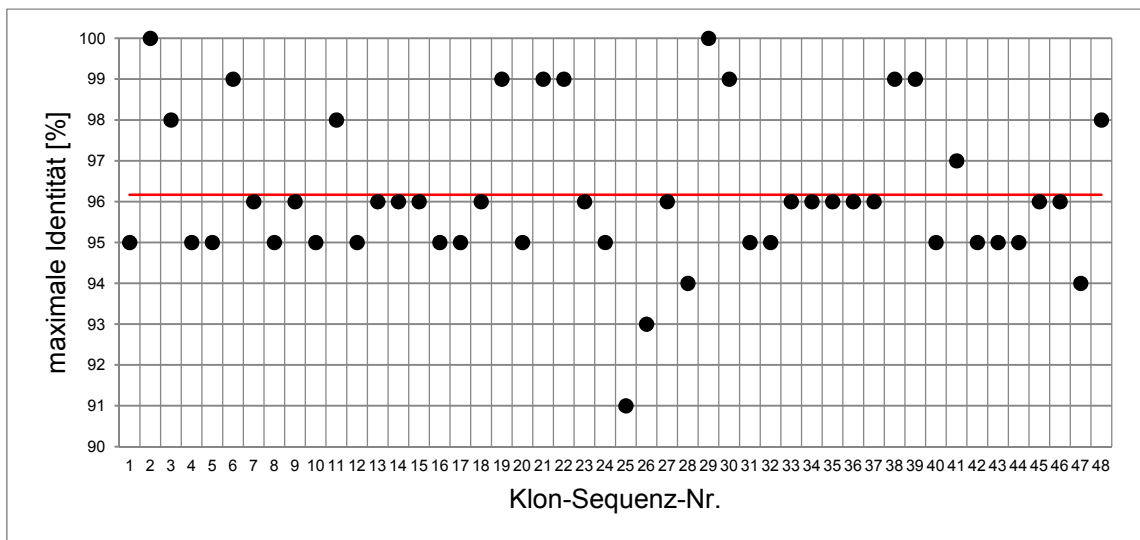


Abb. 78: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe E1P

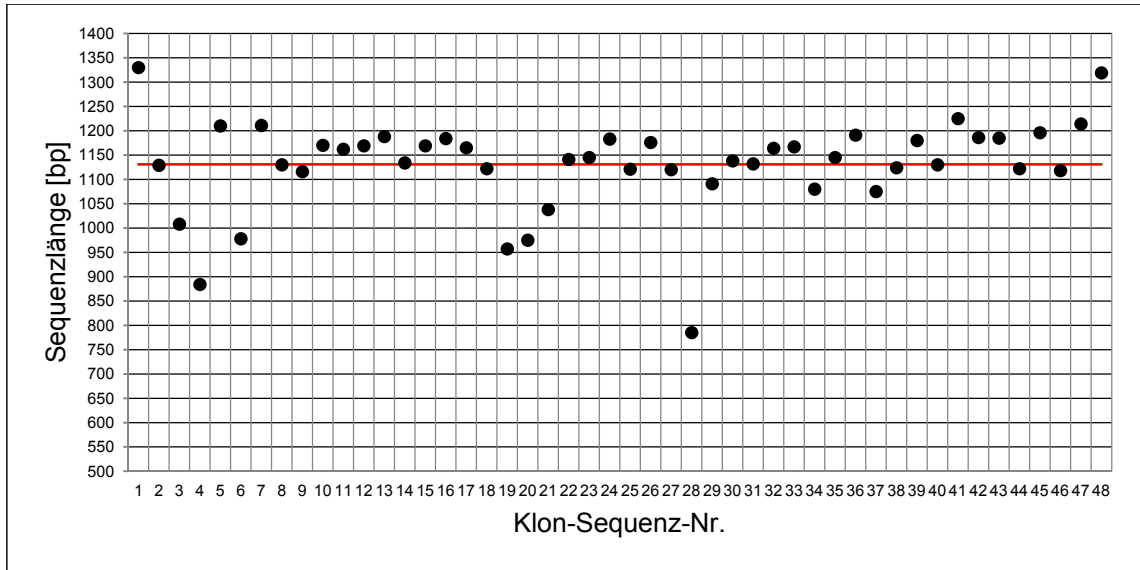


Abb. 79: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EIP

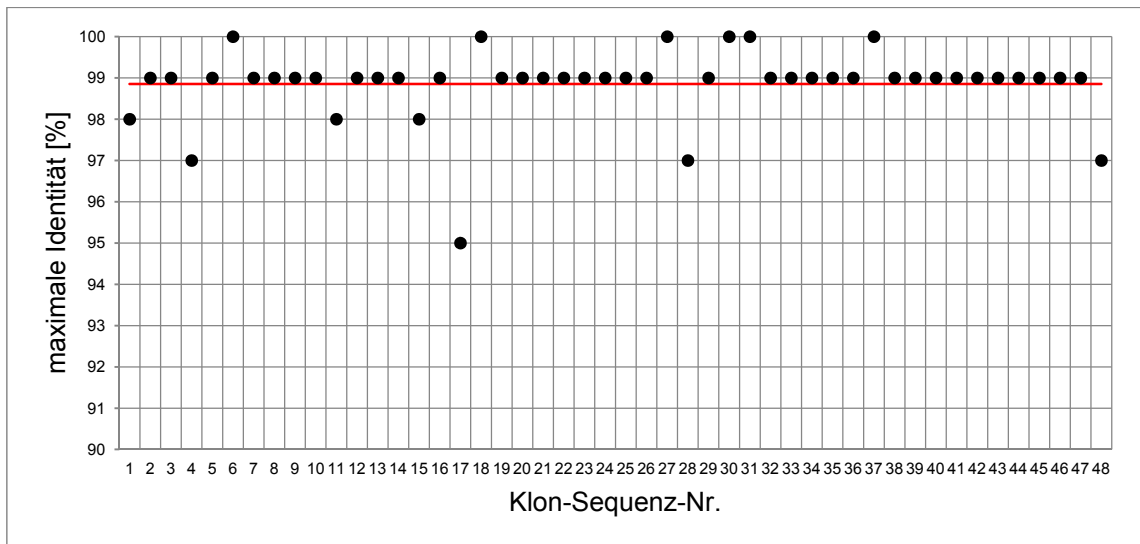


Abb. 80: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EIP

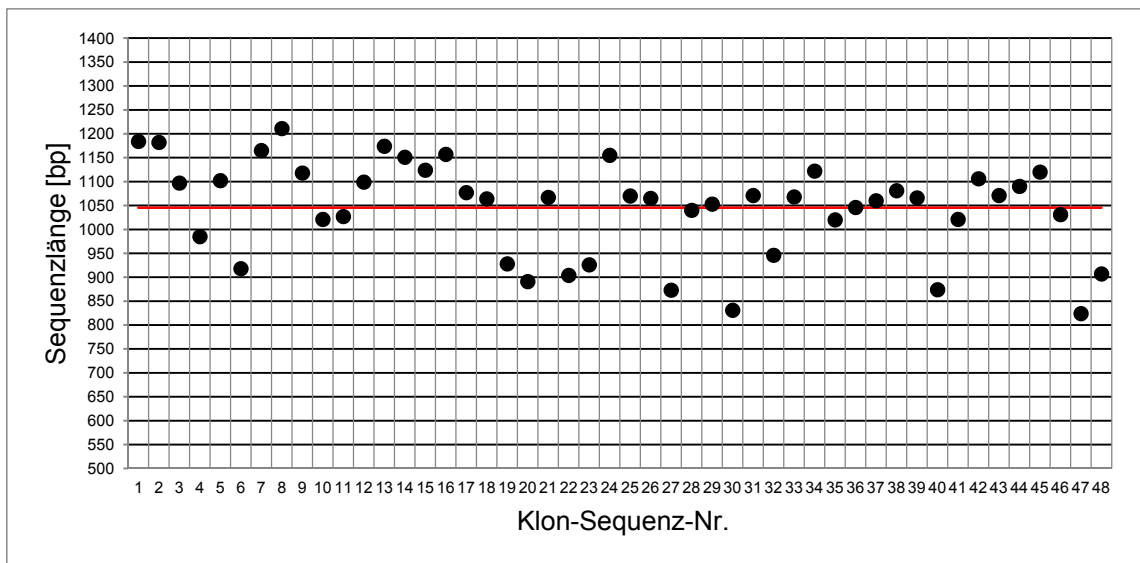


Abb. 81: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EIIP

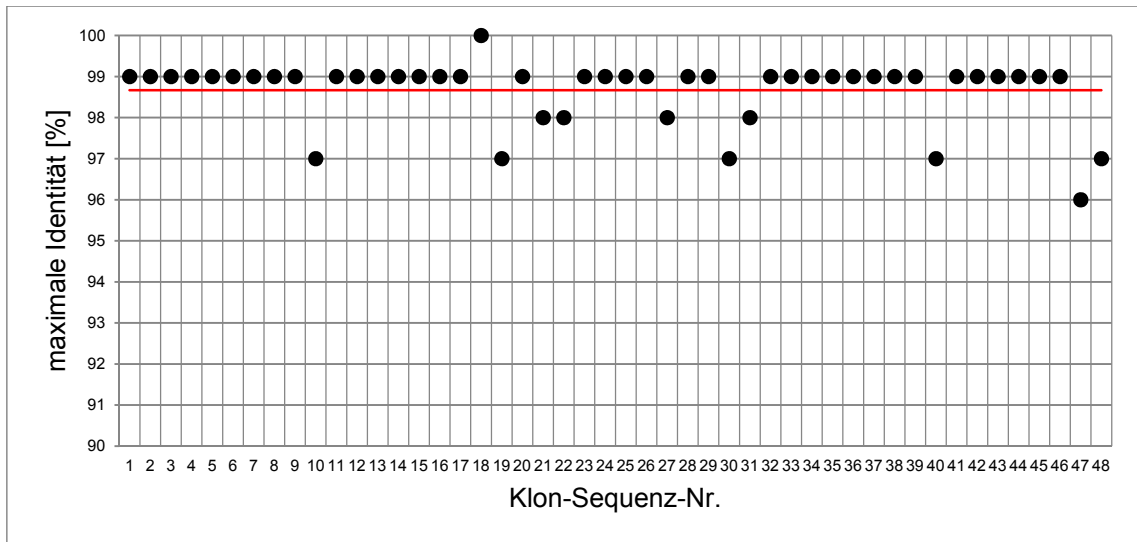


Abb. 82: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EIIP

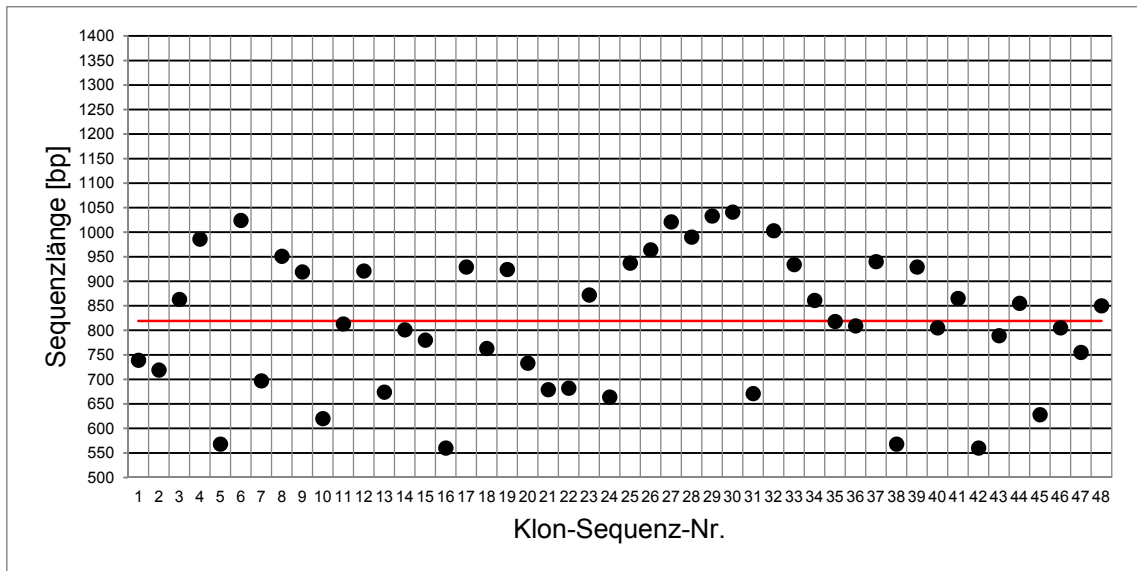


Abb. 83: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe E45P

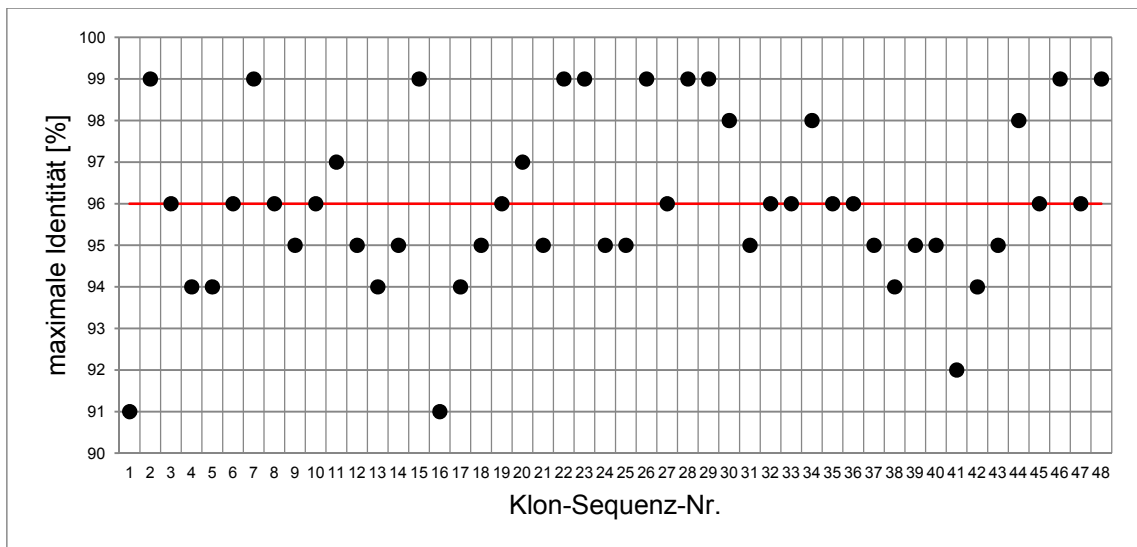


Abb. 84: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe E45P

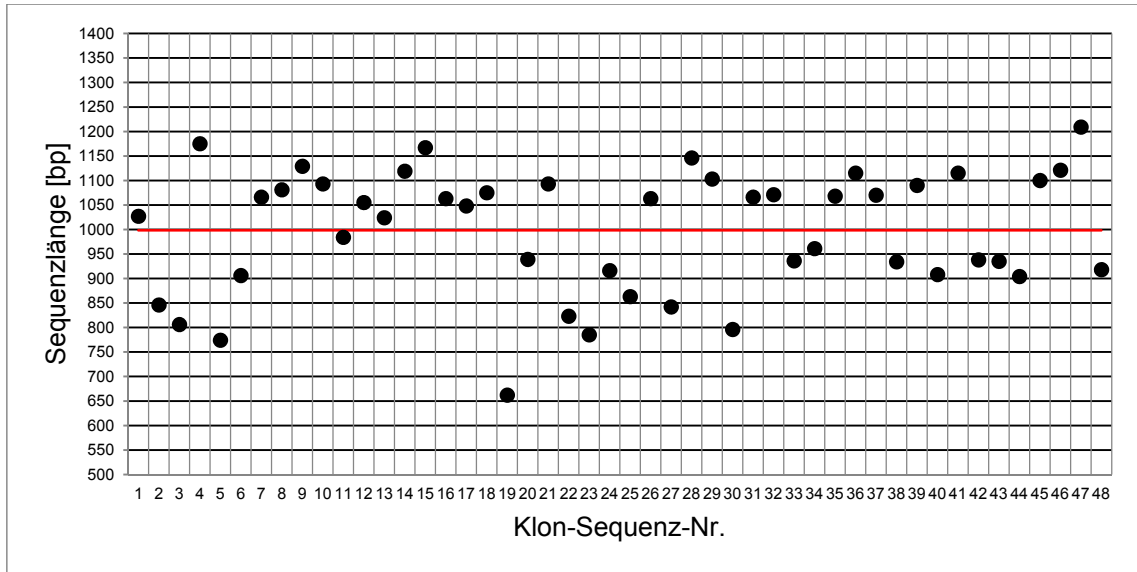


Abb. 85: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EIIP

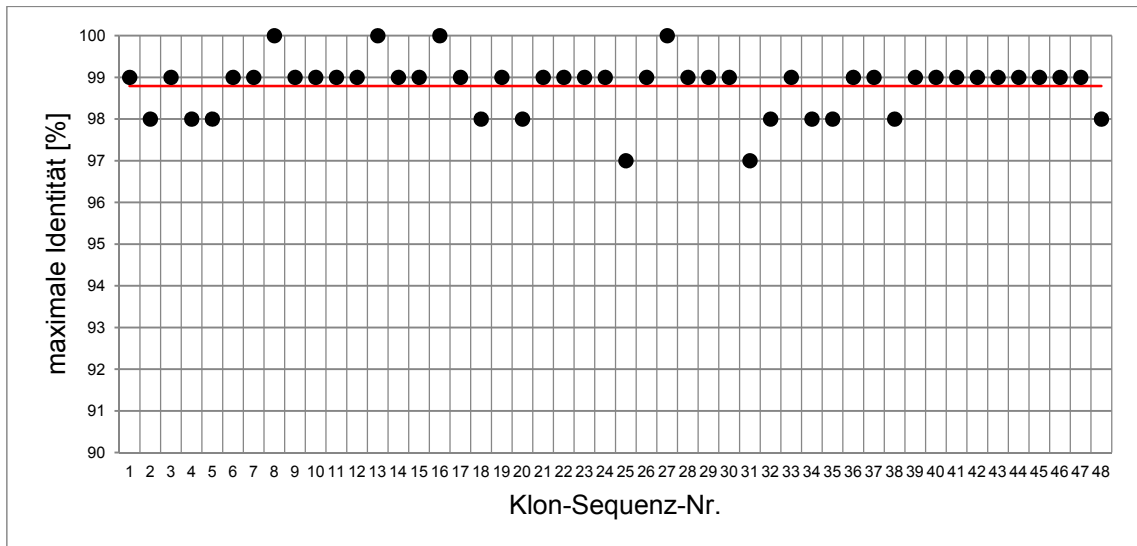


Abb. 86: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EIIP

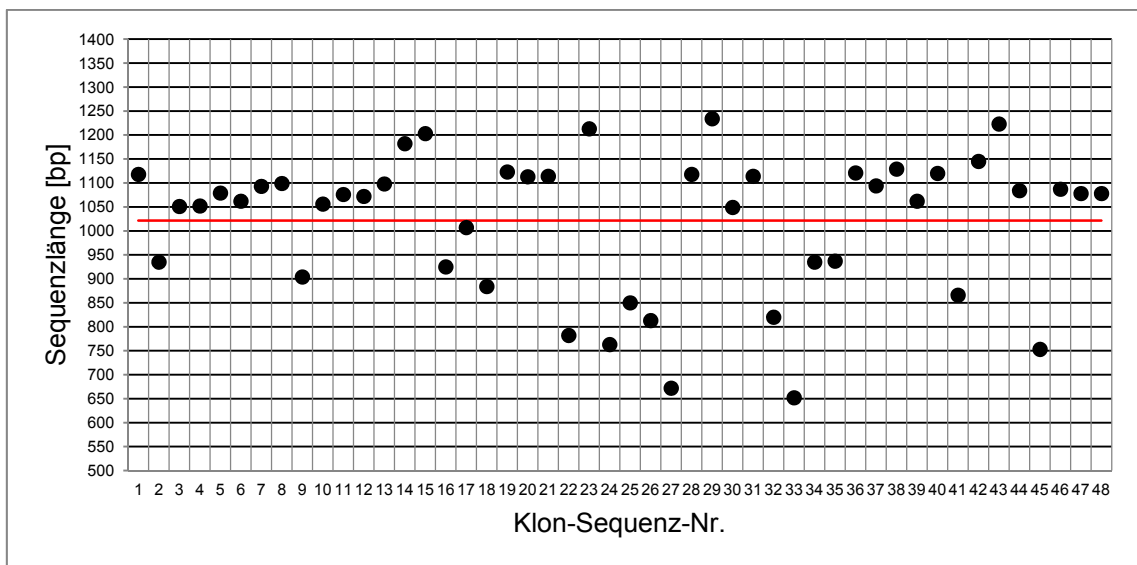


Abb. 87: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EIIP

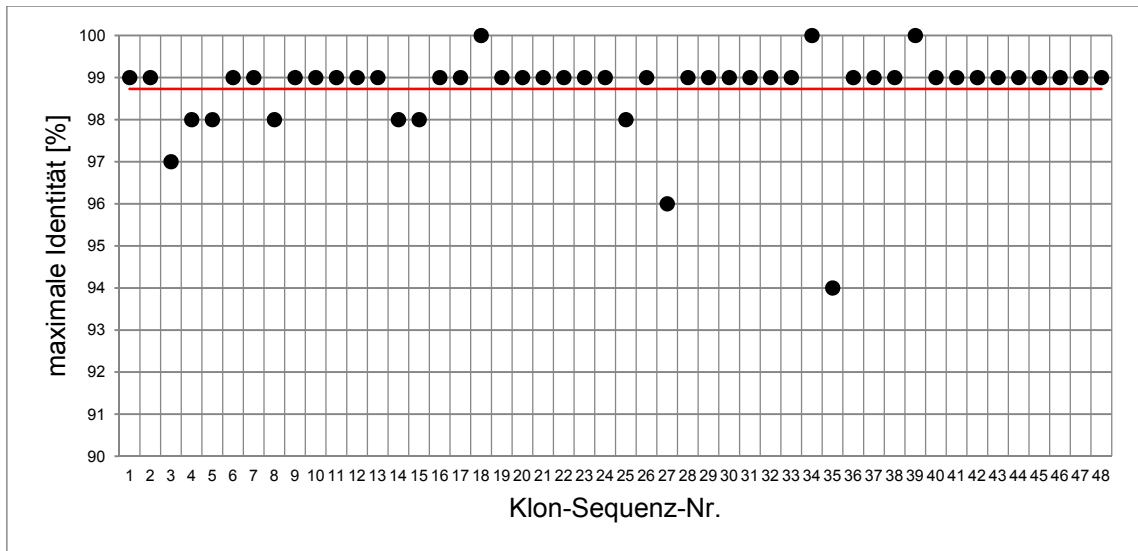


Abb. 88: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EIVP

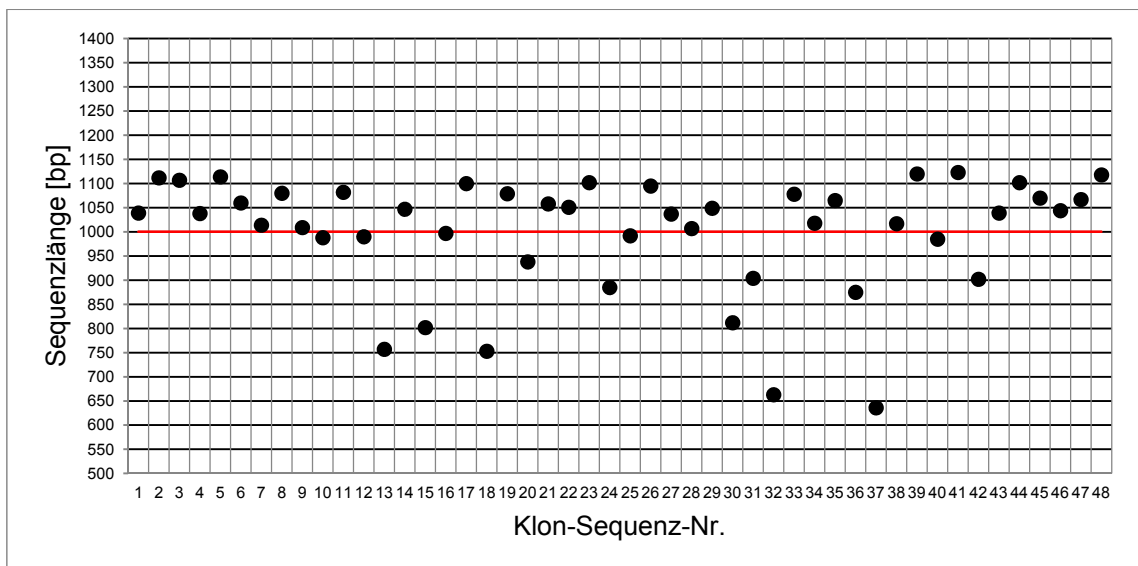


Abb. 89: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe E1E

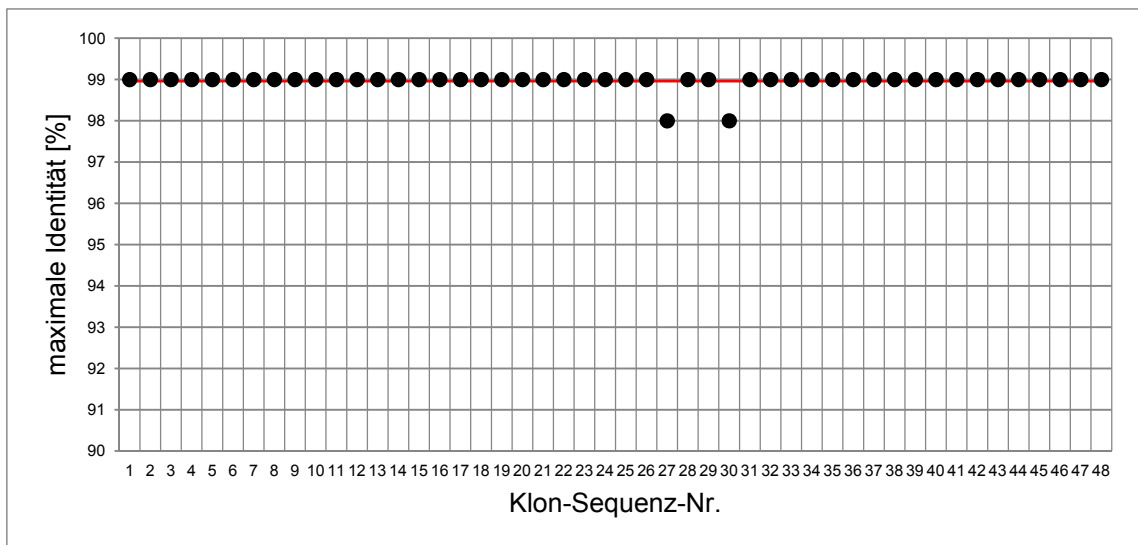


Abb. 90: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe E1E

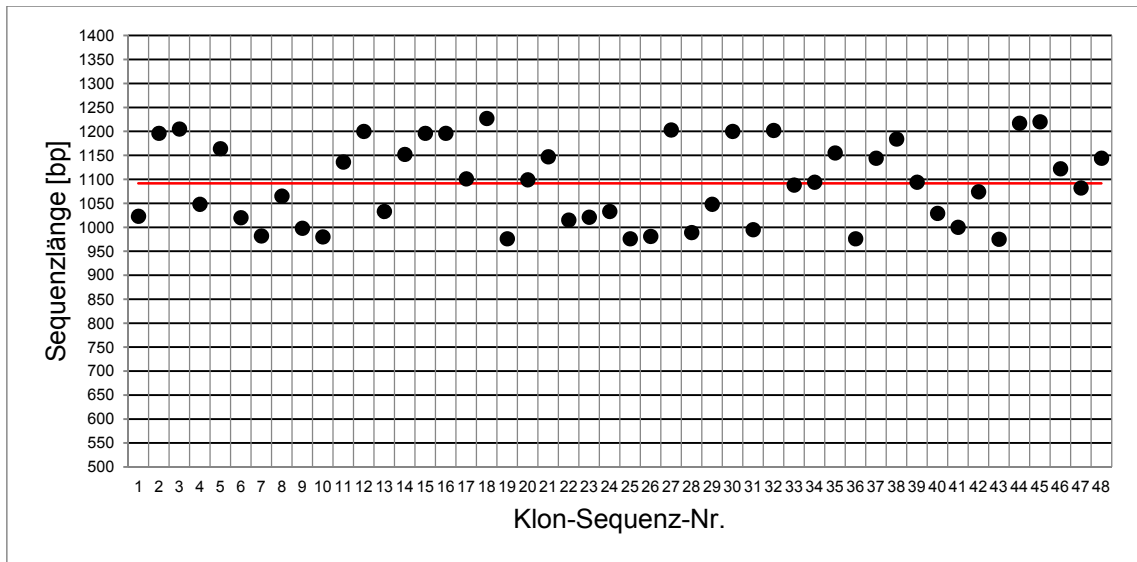


Abb. 91: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EVE

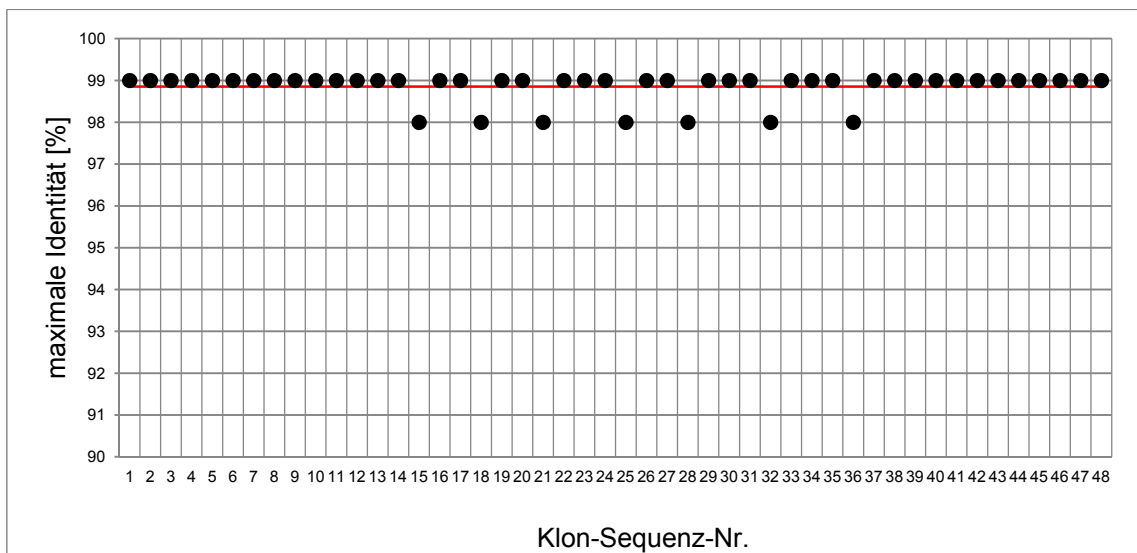


Abb. 92: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EVE

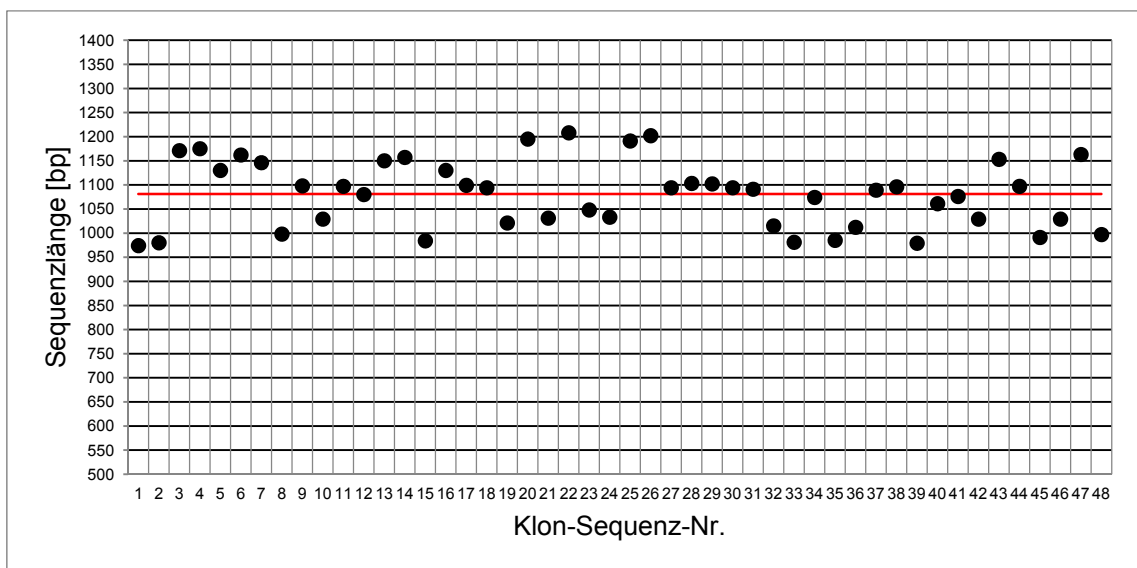


Abb. 93: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EVIE



Abb. 94: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EVIE

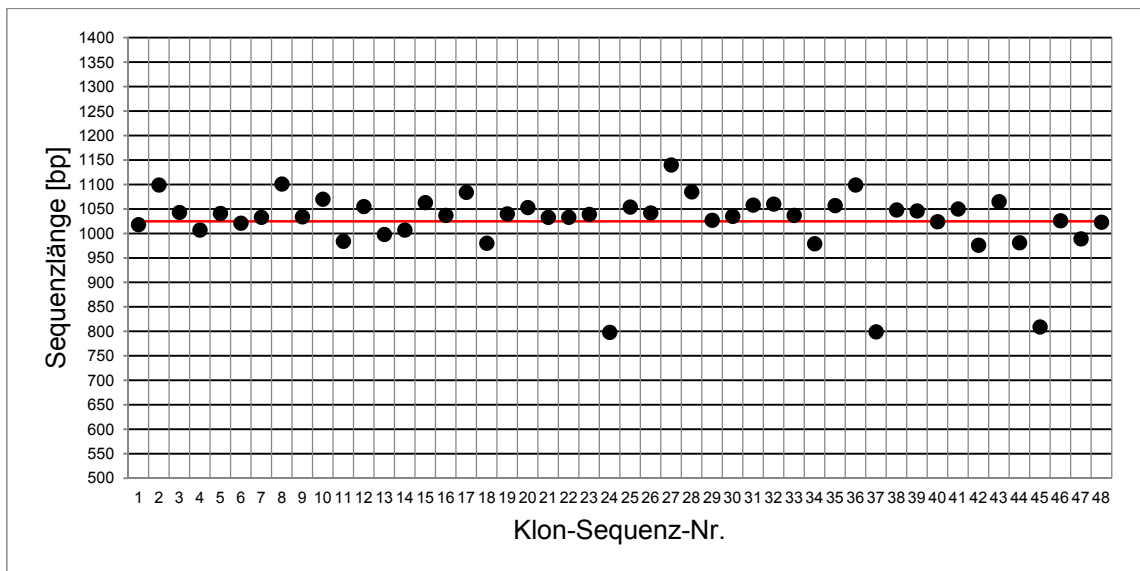


Abb. 95: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe E45E

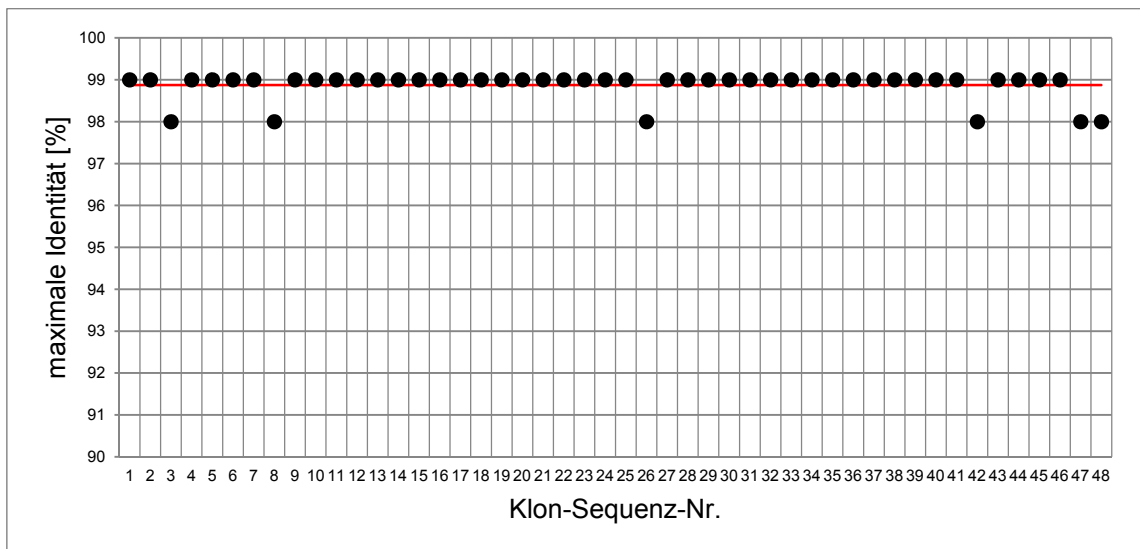


Abb. 96: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe E45E

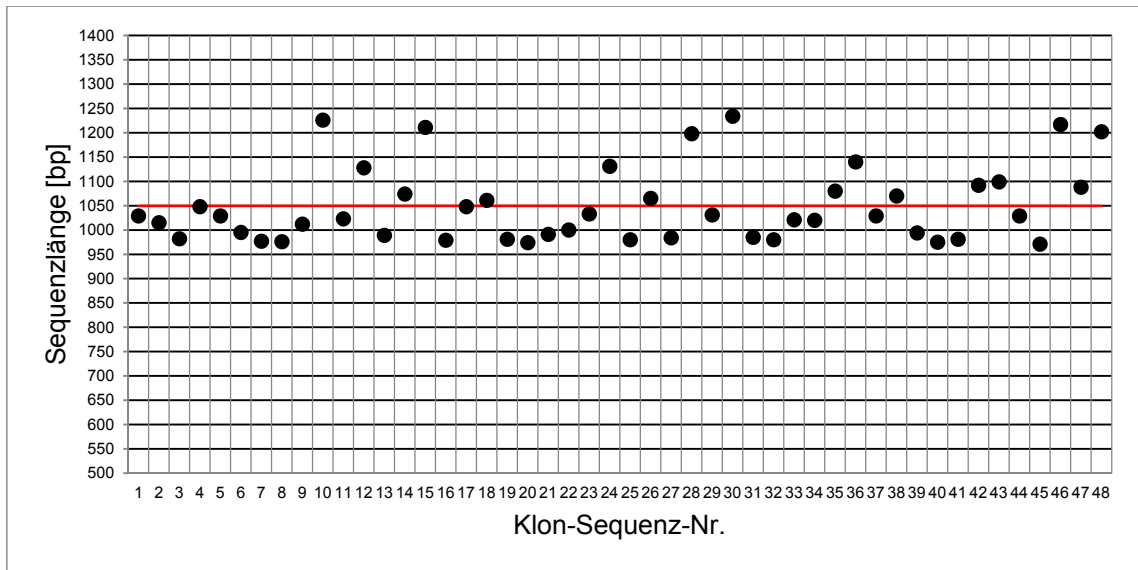


Abb. 97: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EVIIE

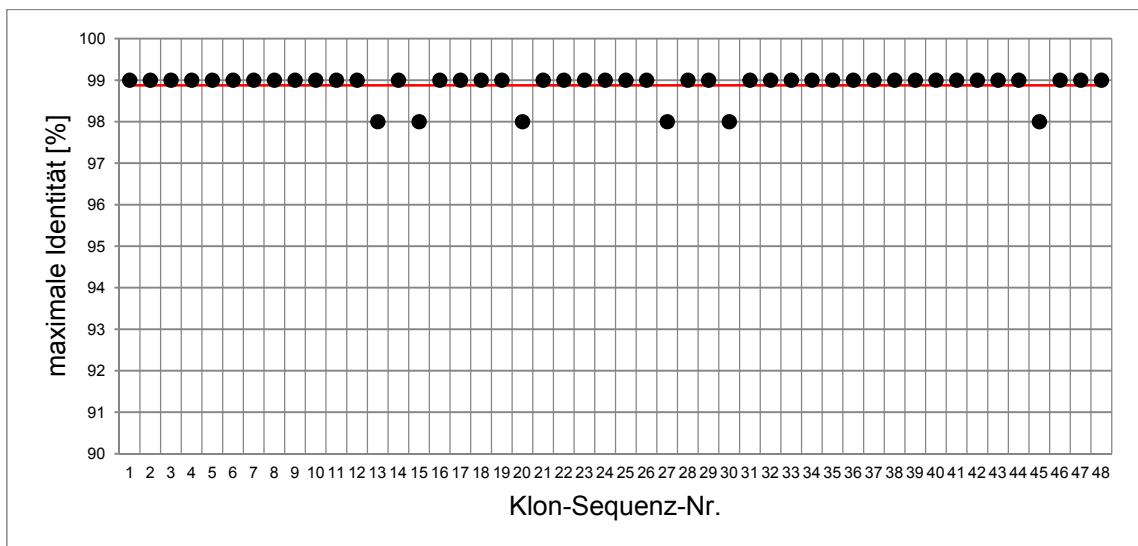


Abb. 98: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EVIIE

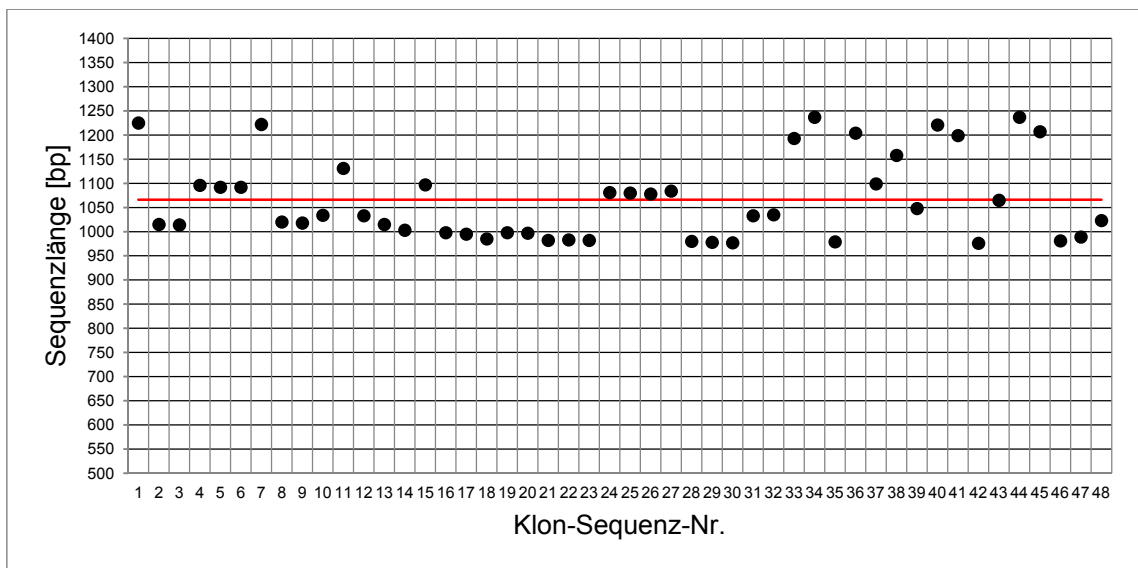


Abb. 99: Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EVIIE

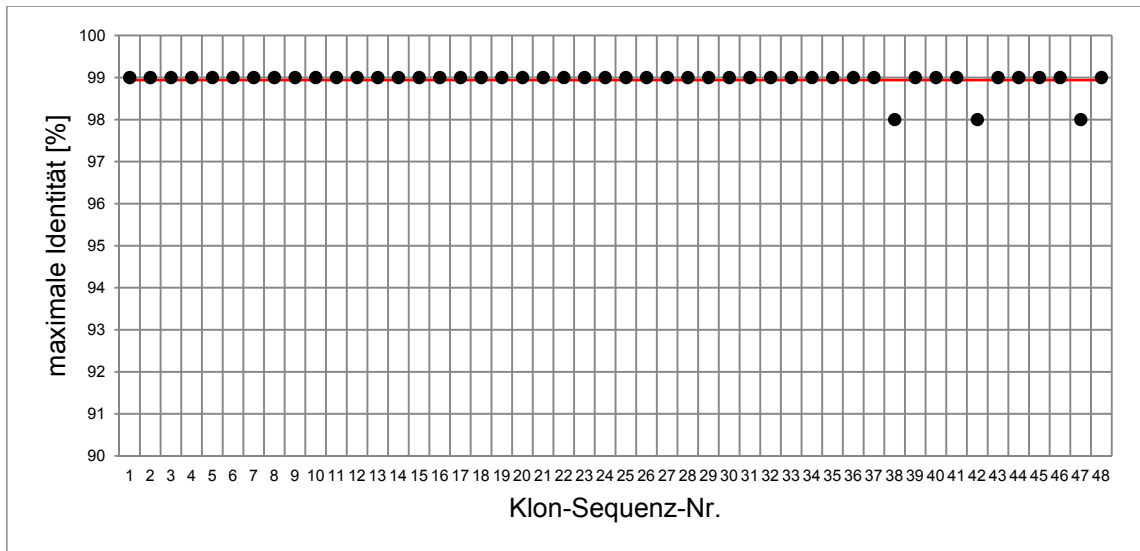


Abb. 100: maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EVIII E

7.3 Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern

Klon-Nr.: 10_1,3,41,43
nächster bekannter Verwandter: <i>Stenotrophomonas</i> spec. DD7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ435720.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Xanthomonadaceae; <i>Stenotrophomonas</i>
Klon-Nr.: 10_2,12,24,30
nächster bekannter Verwandter: <i>Micrococcus</i> spec. HEXBA04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ658423.1
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococcineae; Micrococcaceae; <i>Micrococcus</i>
Klon-Nr.: 10_4,5,7,8,9,13,19,21,23,26,29,34,35,42,44,45
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas</i> spec. JCM 5415 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB685628.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 10_6,18,22,25,36,38,40,47,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Sphingomonas</i> spec. Q5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: FJ581440.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Sphingomonadales; Sphingomonadaceae; <i>Sphingomonas</i>
Klon-Nr.: 10_10,11,16,17,27,28,31,32,33
nächster bekannter Verwandter: <i>Flavobacterium resistens</i> strain BD-b365 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: NR_044292.1
Taxonomie: Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>
Klon-Nr.: 10_14,15,20
nächster bekannter Verwandter: <i>Flavobacterium denitrificans</i> strain JS14-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: EU599190.1
Taxonomie: Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>
Klon-Nr.: 10_37,39,46
nächster bekannter Verwandter: <i>Flavobacterium</i> spec. 1126-1H-08 partial 16S rRNA gene, strain 1126-1H-08 Accessions-Nr.: HE612094.1
Taxonomie: Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>

Tab. 14: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 10P

Klon-Nr.: 10_8,9,10,12,17,18,19,24
nächster bekannter Verwandter: <i>Asellus aquaticus</i> 18S rRNA gene Accessions-Nr.: AJ287055.1
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Asellus</i>
Klon-Nr.: 10_1,2,3,4,5,6,7,11,13,14,15,16,20,21,22,23
nächster bekannter Verwandter: <i>Davidiella tassiana</i> strain UFMGCB 3684 18S ribosomal RNA gene, partial sequence (anamorph: <i>Cladosporium herbarum</i>) Accessions-Nr.: HQ533794
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Dothideomycetidae; Capnodiales; Davidiellaceae; <i>Davidiella</i>

Tab. 15: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 10E

Klon-Nr.: 11_12,22,25,31,41,46
nächster bekannter Verwandter: <i>Micrococcus</i> spec. HEXBA04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ658423.1

Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococcineae; Micrococcaceae; <i>Micrococcus</i>
Klon-Nr.: 11_6,10,30
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas</i> spec. JCM 5415 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB685628.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 11_3,4,5,16,20,24,28,29,32,33,37,39,40,42,43,44,45
nächster bekannter Verwandter: <i>Flavobacterium resistens</i> strain BD-b365 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: NR_044292.1
Taxonomie: Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>
Klon-Nr.: 11_1,8,34,47
nächster bekannter Verwandter: <i>Flavobacterium denitrificans</i> strain JS14-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: EU599190.1
Taxonomie: Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>
Klon-Nr.: 11_2,27
nächster bekannter Verwandter: <i>Mycobacterium</i> spec. S061 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: FJ544445.1
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Corynebacterineae; Mycobacteriaceae; <i>Mycobacterium</i>
Klon-Nr.: 11_7,13,17
nächster bekannter Verwandter: <i>Rhodobacter megalophilus</i> strain R6W-5-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ692104.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>
Klon-Nr.: 11_9,14,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Sphingomonas</i> spec. LC435 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ014557.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Sphingomonadales; Sphingomonadaceae; <i>Sphingomonas</i>
Klon-Nr.: 11_11,35
nächster bekannter Verwandter: <i>Aeromonas hydrophila</i> strain QDC01 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JX029046.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>
Klon-Nr.: 11_15,18,21,23,38
nächster bekannter Verwandter: <i>Flavobacterium</i> spec. R7Sb-3-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ928691.1
Taxonomie: Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>
Klon-Nr.: 11_19
nächster bekannter Verwandter: <i>Caulobacter</i> spec. DNA for 16S ribosomal RNA, strain FWC08 Accessions-Nr.: AJ227762.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Caulobacterales; Caulobacteraceae; <i>Caulobacter</i>
Klon-Nr.: 11_26
nächster bekannter Verwandter: <i>Acidovorax</i> spec. S4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: GU372408.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Comamonadaceae; <i>Acidovorax</i>
Klon-Nr.: 11_36
nächster bekannter Verwandter: <i>Microbacterium oxydans</i> strain O-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ890539.1
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococcineae; Microbacteriaceae; <i>Microbacterium</i>

Tab. 16: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 11P

Klon-Nr.: 11_1,2,5,8,9,10,12,13,15,17,18,19,21,22,24
nächster bekannter Verwandter: <i>Asellus aquaticus</i> 18S rRNA gene Accessions-Nr.: AJ287055.1
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Asellus</i>
Klon-Nr.: 11_3,4,6,7,11,14,16,20,23
nächster bekannter Verwandter: <i>Davidiella tassiana</i> strain UFMGCB 3684 18S ribosomal RNA gene, partial sequence (anamorph: <i>Cladosporium herbarum</i>) Accessions-Nr.: HQ533794
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Dothideomycetidae; Capnodiales; Davidiellaceae; <i>Davidiella</i>

Tab. 17: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 11E

Klon-Nr.: 12_1,2,3,6,8,9,14,20,22,26,29,31,34,41,47
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas</i> spec. JCM 5415 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB685628.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 12_4,10,11,12,16,17,18,23,24,25,30,36,37,38,39,42
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas putida</i> strain MPV2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JX237836.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 12_5,7,15,21,32,33,44,45
nächster bekannter Verwandter: <i>Enterobacter</i> spec. S6BB gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB428448.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Enterobacter</i>
Klon-Nr.: 12_13,27,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Aeromonas</i> spec. 156B 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JF444782.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>
Klon-Nr.: 12_19
nächster bekannter Verwandter: <i>Arthrobacter oxydans</i> gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: S32219 Accessions-Nr.: AB648980.1
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococcineae; Micrococcaceae; <i>Arthrobacter</i>
Klon-Nr.: 12_28
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas</i> spec. R-41390 partial 16S rRNA gene, strain R-41390 Accessions-Nr.: FR682933.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 12_35
nächster bekannter Verwandter: <i>Enterobacter</i> spec. HWE-103 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ723720.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Enterobacter</i>
Klon-Nr.: 12_40
nächster bekannter Verwandter: <i>Aeromonas</i> spec. c55(2012) 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ781549.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>
Klon-Nr.: 12_43
nächster bekannter Verwandter: <i>Enterobacter cloacae</i> subsp. <i>cloacae</i> ENHKU01, complete genome Accessions-Nr.: CP003737.1
Taxonomie:

Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; <i>Enterobacter cloacae</i> complex
Klon-Nr.: 12_46
nächster bekannter Verwandter: <i>Afiplia</i> spec. sptzw29 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: GU377117.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Bradyrhizobiaceae; <i>Afiplia</i>

Tab. 18: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 12P

Klon-Nr.: 13_2,8,18,30,41,44,45
nächster bekannter Verwandter: <i>Aeromonas sobria</i> strain M-T-TSA 98 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ795757.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>
Klon-Nr.: 13_5,6,29
nächster bekannter Verwandter: <i>Achromobacter</i> spec. CCUG 3353 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ746486.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Alcaligenaceae; <i>Achromobacter</i>
Klon-Nr.: 13_7
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas putida</i> strain CY04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JX082200.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 13_15,27,28
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas putida</i> strain SXMAS-6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN606325.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 13_4,12,13,14,21,22,46,47
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas</i> spec. JCM 5415 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB685628.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 13_9,11,16,20,25,26,33,34,35,38
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas putida</i> strain MPV2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JX237836.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 13_17,19,36,39,40,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas putida</i> strain MC4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JF825523.2
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 13_24,32
nächster bekannter Verwandter: <i>Stenotrophomonas rhizophila</i> strain N-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ890538.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Xanthomonadaceae; <i>Stenotrophomonas</i>
Klon-Nr.: 13_37
nächster bekannter Verwandter: <i>Enterobacter cloacae</i> strain MS-27 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ038222.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; <i>Enterobacter cloacae</i> complex
Klon-Nr.: 13_43
nächster bekannter Verwandter: <i>Chitinibacter</i> spec. SK16 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN981166.1
Taxonomie:

Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Neisseriales; Neisseriaceae; <i>Chitinibacter</i>
Klon-Nr.: 13_10,23
nächster bekannter Verwandter: <i>Enterobacter</i> spec. S6BB gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB428448.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Enterobacter</i>
Klon-Nr.: 13_1,31,42
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas</i> spec. R-41390 partial 16S rRNA gene, strain R-41390 Accessions-Nr.: FR682933.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: 13_3
nächster bekannter Verwandter: <i>Enterobacter</i> spec. HWE-103 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ723720.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Enterobacter</i>

Tab. 19: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 13P

Klon-Nr.: B1_1,2,6,10,11,13,21,22,28,29,31,33,34,36
nächster bekannter Verwandter: <i>Enterovibrio</i> spec. 09BSKS-4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: HM566000.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Vibrionales; Vibrionaceae; <i>Enterovibrio</i>
Klon-Nr.: B1_4,8,15,16,42,46
nächster bekannter Verwandter: <i>Photobacterium</i> spec. HAR72 gene for 16S rRNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB038032.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Vibrionales; Vibrionaceae; <i>Photobacterium</i>
Klon-Nr.: B1_5,14,40,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas mandelii</i> strain McBRA2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ317812.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Proben: B1_7,12,17,18,25
nächster bekannter Verwandter: <i>Aeromonas salmonicida</i> strain E84 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JF683662.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>
Klon-Nr.: B1_9,20,26,30,32,37,43
nächster bekannter Verwandter: <i>Aeromonas salmonicida</i> strain ZHYZ-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN106379.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>
Klon-Nr.: B1_19
nächster bekannter Verwandter: <i>Hyphomicrobium facile</i> subsp. tolerans strain IFAM I-551 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: NR_027611.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Hyphomicrobium</i>
Klon-Nr.: B1_23
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas</i> spec. gyq9 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: FJ984605.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: B1_3,24
nächster bekannter Verwandter: <i>Hyphomicrobium vulgare</i> gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB543807.2
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Hyphomicrobium</i>
Klon-Nr.: Br1_27

nächster bekannter Verwandter: <i>Caulobacter</i> spec. ECN-2008 partial 16S rRNA gene Accessions-Nr.: AM940947.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Caulobacterales; Caulobacteraceae; <i>Caulobacter</i>
Klon-Nr.: B1_35,38,39,41,44
nächster bekannter Verwandter: <i>Aeromonas salmonicida</i> subsp. <i>salmonicida</i> gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: NBRC 12659 Accessions-Nr.: AB680308.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>
Klon-Nr.: B1_45
nächster bekannter Verwandter: <i>Crenothrix polyspora</i> clone 23 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: DQ295890.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Methylococcales; Crenotrichaceae; <i>Crenothrix</i>
Klon-Nr.: B1_47
nächster bekannter Verwandter: <i>Methylocapsa aurea</i> partial 16S rRNA gene, type strain KYGT Accessions-Nr.: FN433469.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Beijerinckiaceae; <i>Methylocapsa</i>

Tab. 20: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe B1P

Klon-Nr.: B1_1 bis B1_48
nächster bekannter Verwandter: <i>Asellus aquaticus</i> 18S rRNA gene Accessions-Nr.: AJ287055.1
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Asellus</i>

Tab. 21: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe B1E

Klon-Nr.: B2_1
nächster bekannter Verwandter: <i>Rhodobacter</i> spec. ZS2-22 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: FJ195995.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>
Klon-Nr.: B2_2
nächster bekannter Verwandter: <i>Gaiella occulta</i> strain F2-233 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JF423906.1
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Rubrobacteridae; Gaiellales; Gaiellaceae; <i>Gaiella</i>
Klon-Nr.: B2_3,4,6,9,10,11,15,16,17,21,23,32,33,34,36,37,38,41,42,43,44,45,46
nächster bekannter Verwandter: <i>Aeromonas salmonicida</i> subsp. <i>salmonicida</i> gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: NBRC 12659 Accessions-Nr.: AB680308.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>
Klon-Nr.: B2_5
nächster bekannter Verwandter: <i>Methylosinus trichosporium</i> 16S rRNA gene, strain KS21 Accessions-Nr.: AJ431385.2
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Methylocystaceae; <i>Methylosinus</i>
Klon-Nr.: B2_7
nächster bekannter Verwandter: <i>Ectothiorhodospira</i> spec. AM4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: EU252492.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Chromatiales; Ectothiorhodospiraceae; <i>Ectothiorhodospira</i>
Klon-Nr.: B2_8

nächster bekannter Verwandter: <i>Enterovibrio</i> spec. 09BSKS-4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: HM566000.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Vibrionales; Vibrionaceae; <i>Enterovibrio</i>
Klon-Nr.: B2_12
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas fluorescens</i> strain EvS4-B1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: FJ226759.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: B2_13
nächster bekannter Verwandter: <i>Geobacter metallireducens</i> GS-15, complete genome Accessions-Nr.: CP000148.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Deltaproteobacteria; Desulfuromonadales; Geobacteraceae; <i>Geobacter</i>
Klon-Nr.: B2_14
nächster bekannter Verwandter: <i>Hyphomicrobium facile</i> subsp. <i>tolerans</i> strain IFAM I-551 16S ribosom Accessions-Nr.: NR_027611.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Hyphomicrobium</i>
Klon-Nr.: B2_18
nächster bekannter Verwandter: <i>Rhizobiales bacterium</i> SK12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ773444.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales
Klon-Nr.: B2_19,30
nächster bekannter Verwandter: <i>Pedomicrobium manganicum</i> strain ATCC 33121 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: GU269549.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Pedomicrobium</i>
Klon-Nr.: B2_20
nächster bekannter Verwandter: <i>Pedomicrobium fusiforme</i> partial 16S rRNA gene, strain DSM 5304 (Organsim: <i>Filomicrobium fusiforme</i>) Accessions-Nr.: Y14313.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Filomicrobium</i>
Klon-Nr.: B2_22,25,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Methylocapsa aurea</i> partial 16S rRNA gene, type strain KYGT Accessions-Nr.: FN433469.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Beijerinckiaceae; <i>Methylocapsa</i>
Klon-Nr.: B2_24,27,28
nächster bekannter Verwandter: <i>Flavobacterium hercynium</i> partial 16S rRNA gene, strain WB 4.2-78 Accessions-Nr.: AM177627.1
Taxonomie: Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>
Klon-Nr.: B2_26,35
nächster bekannter Verwandter: <i>Aeromonas hydrophila</i> subsp. <i>hydrophila</i> gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: NBRC 13286 Accessions-Nr.: AB680394.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>
Klon-Nr.: B2_29
nächster bekannter Verwandter: <i>Methylocystis echinoides</i> partial 16S rRNA gene, strain 2 Accessions-Nr.: AJ458502.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Methylocystaceae; <i>Methylocystis</i>
Proben: B2_31
nächster bekannter Verwandter: <i>Hyphomicrobium vulgare</i> gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB543807.2
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Hyphomicrobium</i>

Klon-Nr.: B2_39
nächster bekannter Verwandter: <i>Methylobacterium zatmanii</i> strain DSM 5688 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: NR_041031.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Methylobacteriaceae; <i>Methylobacterium</i>
Klon-Nr.: B2_40
nächster bekannter Verwandter: <i>Sphingopyxis</i> spec. Sco-B12 partial 16S rRNA gene, strain Sco-B12 Accessions-Nr.: FN386734.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Sphingomonadales; Sphingomonadaceae; <i>Sphingopyxis</i>
Klon-Nr.: B2_47
nächster bekannter Verwandter: <i>Sphingomonas</i> spec. BAC151 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: EU131005.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Sphingomonadales; Sphingomonadaceae; <i>Sphingomonas</i>

Tab. 22: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe B2P

Klon-Nr.: B2_1 bis B2_48
nächster bekannter Verwandter: <i>Asellus aquaticus</i> 18S rRNA gene Accessions-Nr.: AJ287055.1
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Asellus</i>

Tab. 23: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe B2E

Klon-Nr.: Br1_1,2,3,6,7,8,11,12,13,14,15,16,17,19,20,22,23,26,27,28,29,30,31,32,33,34,35,36,37,38,39,40,41,42,43,44,45,46,47,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Arenimonas</i> spec. CH15-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN033774.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Xanthomonadaceae; <i>Arenimonas</i>
Klon-Nr.: Br1_4,9,10,21,24,25
nächster bekannter Verwandter: <i>Haematobacter massiliensis</i> strain H2136 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: DQ342308.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Haematobacter</i>
Klon-Nr.: Br1_5
nächster bekannter Verwandter: <i>Erwinia persicina</i> strain mskrs1ap 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN167937.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Erwinia</i>
Klon-Nr.: Br1_18
nächster bekannter Verwandter: <i>Rhodobacter</i> spec. R-36943 partial 16S rRNA gene, strain R-36943 Accessions-Nr.: FR691419.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>

Tab. 24: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe Br1P

Klon-Nr.: Br1_1 bis Br1_48
nächster bekannter Verwandter: <i>Asellus aquaticus</i> 18S rRNA gene Accessions-Nr.: AJ287055.1
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Asellus</i>

Tab. 25: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe Br1E

Klon-Nr.: E1_1,4,5,7,8,9,10,12,13,14,15,16,17,18,23,24,27,28,31,32,33,34,35,36,37,40,42,43,44,45,46
nächster bekannter Verwandter: <i>Arenimonas</i> spec. CH15-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN033774.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Xanthomonadaceae; <i>Arenimonas</i>
Klon-Nr.: E1_2
nächster bekannter Verwandter: <i>Afipia</i> spec. BALT12-S13 16S rRNA gene, isolate BALT12-S13 Accessions-Nr.: FM998728.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Bradyrhizobiaceae; <i>Afipia</i>
Klon-Nr.: E1_3,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudorhodobacter</i> spec. KOPRI 25878 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: HQ825033.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Pseudorhodobacter</i>
Klon-Nr.: E1_6
nächster bekannter Verwandter: <i>Microbacterium lacus</i> partial 16S rRNA gene, strain R-43968 Accessions-Nr.: FR691402.1
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococccineae; Microbacteriaceae; <i>Microbacterium</i>
Klon-Nr.: E1_11
nächster bekannter Verwandter: <i>Flavobacterium</i> spec. R-36233 partial 16S rRNA gene, strain R-36233 Accessions-Nr.: FR682719.1
Taxonomie: Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>
Klon-Nr.: E1_19
nächster bekannter Verwandter: <i>Brevundimonas bullata</i> strain BW56UT1570 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JF276904.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Caulobacterales; Caulobacteraceae; <i>Brevundimonas</i>
Klon-Nr.: E1_20,47
nächster bekannter Verwandter: <i>Haematobacter massiliensis</i> strain CCUG 47968 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: DQ342309.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Haematobacter</i>
Klon-Nr.: E1_21
nächster bekannter Verwandter: <i>Microbacterium oxydans</i> strain IARI-K-83 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN411364.1
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococccineae; Microbacteriaceae; <i>Microbacterium</i>
Klon-Nr.: E1_22
nächster bekannter Verwandter: <i>Exiguobacterium undae</i> gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB334767.1
Taxonomie: Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillales Family XII. Incertae Sedis; <i>Exiguobacterium</i>
Klon-Nr.: E1_25
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas denitrificans</i> strain KH-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ612512.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: E1_26
nächster bekannter Verwandter: <i>Aciditerrimonas</i> spec. CH22-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN033775.1
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Acidimicrobidae; Acidimicrobiales; Acidimicrobinae; <i>Aciditerrimonas</i>
Klon-Nr.: E1_29,38
nächster bekannter Verwandter: <i>Ralstonia pickettii</i> strain B1RO1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ689181.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Burkholderiaceae; <i>Ralstonia</i>

Klon-Nr.: E1_30
nächster bekannter Verwandter: <i>Rhizobium</i> spec. TB2-10-I 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: AY599702.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Rhizobiaceae; Rhizobium/Agrobacterium group; <i>Rhizobium</i>
Klon-Nr.: E1_39
nächster bekannter Verwandter: <i>Pantoea agglomerans</i> strain CE21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN084142.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Pantoea</i>
Klon-Nr.: E1_41
nächster bekannter Verwandter: <i>Caulobacter vibrioides</i> strain JCT-7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ675297.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Caulobacterales; Caulobacteraceae; <i>Caulobacter</i>

Tab. 26: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe E1P

Klon-Nr.: E1_2,5,6,7,8,10,11,13,14,15,16,17,19,20,22,24,25,26,29,33,34,35,38,40,44,46
nächster bekannter Verwandter: <i>Proasellus slavus</i> 18S ribosomal RNA gene, complete sequence (= <i>Proasellus cavaticus</i>) Accessions-Nr.: AF496662.1
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Proasellus</i>
Klon-Nr.: E1_1,3,18,23,27,28,39,41,45,47,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Gibberella moniliformis</i> p450-4 gene for ent-kaurene oxidase, exons 1-4, strain A-00149 Accessions-Nr.: AM946177.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; <i>Gibberella</i>
Klon-Nr.: E1_4,21,32,37,43
nächster bekannter Verwandter: <i>Naegleria</i> spec. SUM3V/I small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: DQ768723.1
Taxonomie: Eukaryota; Heterolobosea; Schizopyrenida; Vahlkampfiidae; <i>Naegleria</i> ; unclassified <i>Naegleria</i>
Klon-Nr.: E1_9,31,36,42
nächster bekannter Verwandter: <i>Acremonium strictum</i> strain DS1bioAY4a 18S ribosomal RNA gene, partial sequence (= <i>Sarocladium strictum</i>) Accessions-Nr.: HM216184.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; mitosporic Hypocreales; <i>Sarocladium</i>
Klon-Nr.: E1_12
nächster bekannter Verwandter: <i>Pichia</i> spec. LHY1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: EF119340.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes; Saccharomycetales; Pichiaceae; <i>Pichia</i>
Klon-Nr.: E1_30
nächster bekannter Verwandter: <i>Protacanthamoeba bohemica</i> small subunit ribosomal RNA gene, complete sequence Accessions-Nr.: AY960120.1
Taxonomie: Eukaryota; Amoebozoa; Centramoebida; Acanthamoebidae; <i>Protacanthamoeba</i>

Tab. 27: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe E1E

Klon-Nr.: E45_1
nächster bekannter Verwandter: <i>Steroidobacter denitrificans</i> strain FS 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: NR_044309.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Sinobacteraceae; <i>Steroidobacter</i>
Klon-Nr.: E45_2

nächster bekannter Verwandter: <i>Erwinia rhapontici</i> 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: U80206.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Erwinia</i>
Klon-Nr.: E45_3,5,6,9,10,12,13,14,18,19,21,24,25,27,31,32,33,36,37,38,39,40,42,43,45,47
nächster bekannter Verwandter: <i>Arenimonas</i> spec. CH15-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN033774.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Xanthomonadaceae; <i>Arenimonas</i>
Klon-Nr.: E45_4,17
nächster bekannter Verwandter: <i>Haematobacter massiliensis</i> strain H2136 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: DQ342308.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Haematobacter</i>
Klon-Nr.: E45_7,22,26,28,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Exiguobacterium undae</i> gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB334767.1
Taxonomie: Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillales Family XII. Incertae Sedis; <i>Exiguobacterium</i>
Klon-Nr.: E45_8,35
nächster bekannter Verwandter: <i>Flavobacterium</i> spec. HME6120 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: HM776981.1
Taxonomie: Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>
Klon-Nr.: E45_11
nächster bekannter Verwandter: <i>Rhodobacter ovatus</i> partial 16S rRNA gene, type strain JA234T Accessions-Nr.: AM690348.2
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>
Klon-Nr.: E45_15
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudorhodobacter</i> spec. KOPRI 25878 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: HQ825033.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Pseudorhodobacter</i>
Klon-Nr.: E45_16
nächster bekannter Verwandter: <i>Steroidobacter</i> spec. ZUMI 37 gene for 16S rRNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB548216.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Sinobacteraceae; <i>Steroidobacter</i>
Klon-Nr.: E45_20
nächster bekannter Verwandter: <i>Rhodobacter</i> spec. CCBAU 10883 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: HQ437162.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>
Klon-Nr.: E45_23,34,44
nächster bekannter Verwandter: <i>Rhodobacter changlensis</i> strain : JA139 16S ribosomal RNA, complete sequence Accessions-Nr.: NR_042564.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>
Klon-Nr.: E45_29
nächster bekannter Verwandter: <i>Microbacterium paraoxydans</i> strain 3200 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: EU714356.1
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococccineae; Microbacteriaceae; <i>Microbacterium</i>
Klon-Nr.: E45_30
nächster bekannter Verwandter: <i>Rhodobacter</i> spec. R-36943 partial 16S rRNA gene, strain R-36943 Accessions-Nr.: FR691419.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>

Klon-Nr.: E45_41
nächster bekannter Verwandter: <i>Pseudomonas</i> spec. NEAU-ST5-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ762269.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>
Klon-Nr.: E45_46
nächster bekannter Verwandter: <i>Acinetobacter johnsonii</i> 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: FJ976603.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Moraxellaceae; <i>Acinetobacter</i>

Tab. 28: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe E45P

Klon-Nr.: E45_1,2,6,9,13,17,18,30,34,36,38,42,43,44,47,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Proasellus slavus</i> 18S ribosomal RNA gene, complete sequence (= <i>Proasellus cavaticus</i>) Accessions-Nr.: AF496662.1
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Proasellus</i>
Klon-Nr.: E45_4,7,10,15,19,24,39,40
nächster bekannter Verwandter: <i>Gibberella moniliformis</i> p450-4 gene for ent-kaurene oxidase, exons 1-4, strain A-00149 Accessions-Nr.: AM946177.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; <i>Gibberella</i>
Klon-Nr.: E45_5,11,12,16,20,21,22,23,25,27,29,31,32,33,35,37,41,45,46
nächster bekannter Verwandter: <i>Naegleria</i> spec. SUM3V/I small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: DQ768723.1
Taxonomie: Eukaryota; Heterolobosea; Schizopyrenida; Vahlkampfiidae; <i>Naegleria</i> ; unclassified <i>Naegleria</i>
Klon-Nr.: E45_3,8,26
nächster bekannter Verwandter: <i>Protacanthamoeba bohémica</i> small subunit ribosomal RNA gene, complete sequence Accessions-Nr.: AY960120.1
Taxonomie: Eukaryota; Amoebozoa; Centramoebida; Acanthamoebidae; <i>Protacanthamoeba</i>
Klon-Nr.: E45_14,28
nächster bekannter Verwandter: <i>Sarocladium kiliense</i> strain CBS 122.29 18S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: HQ232198.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; mitosporic Hypocreales; <i>Sarocladium</i>

Tab. 29: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe E45E

Klon-Nr.: EI_1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16,17,18,19,20,21,22,23,24,25,26,27,28,29,30,31,32,33,35,36,37,38,39,40,41,42,43,44,46,47,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Acidovorax</i> spec. 'smarlab 133815' 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: AY093698.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Comamonadaceae; <i>Acidovorax</i>
Klon-Nr.: EI_34,45
nächster bekannter Verwandter: <i>Pelomonas saccharophila</i> gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: NBRC 103037 Accessions-Nr.: AB681917.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Comamonadaceae; <i>Pelomonas</i>

Tab. 30: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EIP

Klon-Nr.: EV_2,3,5,12,15,16,18,21,27,30,32,35,37,38,44,45,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Gibberella moniliformis</i> p450-4 gene for ent-kaurene oxidase, exons 1-4, strain A-00149

Acessions-Nr.: AM946177.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; <i>Gibberella</i>
Klon-Nr.: EV_1,4,6,7,8,9,10,13,20,22,23,25,26,28,29,31,33,36,39,40,41,42,43
nächster bekannter Verwandter: <i>Proasellus slavus</i> 18S ribosomal RNA gene, complete sequence = <i>Proasellus cavaticus</i> Acessions-Nr.: AF496662.1
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Proasellus</i>
Klon-Nr.: EV_11,14,17,47
nächster bekannter Verwandter: <i>Fusarium</i> spec. ZLH-X6 18S ribosomal RNA gene, partial sequence Acessions-Nr.: JQ934487.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; mitosporic Nectriaceae; <i>Fusarium</i>
Klon-Nr.: EV_19,34
nächster bekannter Verwandter: <i>Cladosporium</i> spec. 2 FW1PhC3-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence Acessions-Nr.: JX273057.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Dothideomycetidae; Capnodiales; Davidiellaceae; mitosporic Davidiellaceae; <i>Cladosporium</i>
Klon-Nr.: EV_24,46
nächster bekannter Verwandter: <i>Phoma</i> spec. ZHA 18S ribosomal RNA gene, partial sequence Acessions-Nr.: JQ838011.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Pleosporomycetidae; Pleosporales; Pleosporineae; Didymellaceae; mitosporic Didymellaceae; <i>Phoma</i>

Tab. 31: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EVE

Klon-Nr.: EII_1 bsi EOII_48
nächster bekannter Verwandter: <i>Acidovorax</i> spec. 'smarlab 133815' 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Acessions-Nr.: AY093698.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Comamonadaceae; <i>Acidovorax</i>

Tab. 32: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EIIP

Klon-Nr.: EVI_3,4,5,6,7,13,14,16,20,22,25,26,43,47
nächster bekannter Verwandter: <i>Gibberella moniliformis</i> p450-4 gene for ent-kaurene oxidase, exons 1-4, strain A-00149 Acessions-Nr.: AM946177.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; <i>Gibberella</i>
Klon-Nr.: EVI_1,2,8,10,12,15,17,19,21,32,33,34,35,36,39,40,42,45,46,48
nächster bekannter Verwandter: <i>Proasellus slavus</i> 18S ribosomal RNA gene, complete sequence = <i>Proasellus cavaticus</i> Acessions-Nr.: AF496662.1
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Proasellus</i>
Klon-Nr.: EVI_9,11,18,23,24,27,28,29,30,31,37,38,41,44
nächster bekannter Verwandter: <i>Aspergillus</i> spec. han-1 gene for 16S rRNA, partial sequence Acessions-Nr.: AB713913.1
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Trichocomaceae; mitosporic Trichocomaceae; <i>Aspergillus</i>

Tab. 33: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EVIE

Klon-Nr.: EIII_1,2,3,5,6,7,8,9,10,11,12,13,15,16,17,18,19,20,21,22,23,24,25,26,27,28,29,30,31,32,33,34,35,36,37,38, 39,40,41,42,43,44,45,46,47,48
nächster bekannter Verwandter:

<p><i>Acidovorax</i> spec. 'smarlab 133815' 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Acessions-Nr.: AY093698.1</p>
<p>Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Comamonadaceae; <i>Acidovorax</i></p>
<p>Klon-Nr.: EIII_4</p>
<p>nächster bekannter Verwandter: <i>Bradyrhizobium</i> spec. RS-46 partial 16S rRNA gene, strain RS-46 Acessions-Nr.: FM998034.1</p>
<p>Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Bradyrhizobiaceae; <i>Bradyrhizobium</i></p>
<p>Klon-Nr.: EIII_14</p>
<p>nächster bekannter Verwandter: <i>Mycobacterium</i> spec. 12/13.28 AW partial 16S rRNA gene, strain 12/13.28 AW Acessions-Nr.: HE575946.1</p>
<p>Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Corynebacterineae; Mycobacteriaceae; <i>Mycobacterium</i></p>
<p>Tab. 34: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EIIP</p>

<p>Klon-Nr.: EVII_10,12,15,24,28,30,36,46,48</p>
<p>nächster bekannter Verwandter: <i>Gibberella moniliformis</i> p450-4 gene for ent-kaurene oxidase, exons 1-4, strain A-00149 Acessions-Nr.: AM946177.1</p>
<p>Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; <i>Gibberella</i></p>
<p>Klon-Nr.: EVII_1,2,3,4,5,6,7,8,9,11,13,14,16,17,18,19,20,21,22,23,25,26,27,29,31,32,33,34,35,37,38,39,40,41,42,43,44, 45,47</p>
<p>nächster bekannter Verwandter: <i>Proasellus slavus</i> 18S ribosomal RNA gene, complete sequence = <i>Proasellus cavaticus</i> Acessions-Nr.: AF496662.1</p>
<p>Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Proasellus</i></p>
<p>Tab. 35: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EVIIE</p>

<p>Klon-Nr.: EIV_1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16,17,18,19,20,21,22,23,24,25,26,28,29,30,31,32,33,34,36,37,38,39, 40,41,42,43,44,45,46,47,48</p>
<p>nächster bekannter Verwandter: <i>Acidovorax</i> spec. 'smarlab 133815' 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Acessions-Nr.: A8Y093698.1</p>
<p>Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Comamonadaceae; <i>Acidovorax</i></p>
<p>Klon-Nr.: EIV_27,35</p>
<p>nächster bekannter Verwandter: <i>Hyphomicrobium</i> spec. KC-IT-W2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Acessions-Nr.: FJ711209.1</p>
<p>Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Hyphomicrobium</i></p>
<p>Tab. 36: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EIVP</p>

<p>Klon-Nr.: EVIII_1,3,7,11,15,33,34,36,38,40,41,44,45</p>
<p>nächster bekannter Verwandter: <i>Gibberella moniliformis</i> p450-4 gene for ent-kaurene oxidase, exons 1-4, strain A-00149 Acessions-Nr.: AM946177.1</p>
<p>Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; <i>Gibberella</i></p>
<p>Klon-Nr.: EVIII_2,4,5,6,8,9,10,12,13,14,16,17,18,19,20,21,22,23,24,25,26,27,28,29,30,31,32,35,37,39,42,43,46,47,48</p>
<p>nächster bekannter Verwandter: <i>Proasellus slavus</i> 18S ribosomal RNA gene, complete sequence = <i>Proasellus cavaticus</i> Acessions-Nr.: AF496662.1</p>
<p>Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Proasellus</i></p>
<p>Tab. 37: Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EVIIE</p>

7.4 Originalsequenzen der ermittelten Taxa

<i>Achromobacter</i> spec. CCUG 3353 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ746486.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Alcaligenaceae; <i>Achromobacter</i>						
Origin:						
1	gtggcgagtg	gcgaacgggt	gagtaatgta	tcggaacgtg	cctagtagcg	ggggataact
61	acgcgaaagc	gtagctaata	ccgcatacgc	cctacggggg	aaagcagggg	atcgcaagac
121	cttgcactat	tagagcggcc	gatatcggat	tagctagtgt	gtggggtaac	ggctcaccaa
181	ggcgacgac	cgtagctggt	ttgagaggac	gaccagccac	actgggactg	agacacggcc
241	cagactccta	cgggagggcag	cagtggggaa	ttttggacaa	tgggggaaac	cctgatccag
301	ccatcccgcg	tgtgcatgta	aggccttcgg	gttgtaaagc	acttttggca	ggaagaagaa
361	gtcatgggct	aataccccgt	gaaactgacg	gtacctgcag	aataagcacc	ggctaactac
421	gtgccagcag	ccgcggtaat	acgtagggtg	caagcgtaaa	tcggaattac	tgggcgtaaa
481	gcgtgcgcag	gcbggttcgga	aagaaagatg	tgaaatccca	gagcttaact	ttggaactgc
541	atttttaact	accgagctag	agtgtgtcag	agggaggtgg	aattccgcgt	gtagcagtga
601	caagcggtag	tatgcggagg	aacaccgatg	gcgaaggcag	cctcctggga	taacactgac
661	gctcatgcac	gaaagcgtgg	ggagcaaaca	ggattagata	ccctggtagt	ccacgccta
721	aacgatgtca	actagctggt	ggggccttcg	ggccttggtg	gcbgagctaa	cgcgtgaagt
781	tgaccgcctg	gggagtagcg	tcgcaagatt	aaaactcaaa	ggaattgacg	gggacccgca
841	aggtggtgg	atgatgtgga	ttaatcgcag	gcaacgcgaa	aaaccttacc	taccttgac
901	atgtctggaa	ttccgaagag	atltggaagt	gctcgcgaag	gaaccggaac	acaggtgctg
961	catggctgtc	gtcagctcgt	gtcgtgagat	gltgggttaa	gtcccgcac	gagcgcaccc
1021	cttgctatta	gttgctacga	aagggcactc	taatgagact	gcccgtgaca	aaccggagga
1081	aggtggggat	gacgtcaagt	cctcatggcc	cttatgggta	gggcttcaca	cgtcatacaa
1141	tggtcgggac	agagggctgc	caaccgcgca	gggggagcca	atcccagaaa	cccgatcgta
1201	gtccgcatcg	cagtctgcaa	ctcgactcgc	tgaagtcgga	atcgctagta	atcgcgatc
1261	agcatgtcgc	ggtgaatacg	ttcccgggtc	ttgtacacac	cgcccgtca	

Tab. 38: DNA-Sequenz von *Achromobacter* spec. CCUG 3353 aus der Datenbank BLAST

<i>Aciditerrimonas</i> spec. CH22-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN033775.1						
Taxonomie: Bacteria; Actinobacteria; Acidimicrobiales; Acidimicrobiales; Acidimicrobinae; <i>Aciditerrimonas</i>						
Origin:						
1	gacgaacgct	ggcggcgtgc	ctaacacatg	caagtogaac	gaggtccatc	ctttgggaga
61	agacctagtg	gcgaacgggt	gagtaaacacg	tgaagaacct	gccccgaaga	ccgggataaac
121	cctccgaaag	gagagctaata	accggataacc	cccaccgagc	cgcatggttt	ggtgaggaaa
181	tggattccgc	ttcgggaggg	cttcgcggcc	tatcagctag	ttgggtgggt	aacggccac
241	caaggcatcg	acgggtagct	ggtctgagag	gacgatcagc	cacactggga	ctgagacacg
301	gcccagactc	ctacgggagg	cagcagtggtg	gaatcttgcg	caatgggcca	aagcctgacg
361	cagcaacgcc	gcgtggggga	tgaaggtctc	cgggttgtaa	acccttttca	gcagggaaga
421	atcaagacgg	tacctgcaga	agaagccccg	gctaactacg	tgccagcagc	cgcggtaaaca
481	cgtagggggc	aagcgttgtc	cggatttatt	gggcgtaaa	agctcgtagg	tggctgagta
541	agtcggatgt	taaatcccca	ggctcaacct	gggacaccac	ccgatactgc	tctggctaga
601	gtccggtagg	ggagcgtgga	attcctgggtg	tagcggtgaa	atgcgcagat	atcaggagga
661	acaccagcgg	cgaaggcggc	gctctgggcc	ggtactgaca	ctgaggagcg	aaagcgtggg
721	tagcaaacag	gattagatac	cctgtagtgc	cacgocgtaa	acgttgggca	ctagggtggtg
781	ggtctattca	acggactccg	tgccgtagct	aacgcattaa	gtgccccgcc	tggggagtac
841	ggccgcaagg	ctaaaactca	aaggaattga	cgggggcccc	cacaagcagc	ggagcatggt
901	gcttaattcg	aggcaacgca	aagaacctta	cctgggtttg	acatgtagag	aaaagccata
961	gagatatggt	gtccttcggg	gttctacaca	ggtggtgcat	ggttgctgct	agctcgtgct
1021	gtgagatggt	gggttaagtc	ccgcaacgag	cgcaaccctt	gtcctatggt	gccagcacgt
1081	catgggtggg	actcgtagga	gactgccggg	gtcaactcgg	aggaaggtgg	ggacgacgct
1141	aaatcatcat	gccccttata	tccagggtcg	caaacatgct	acaatggccg	gtacaaaagg
1201	ctgcccgaacc	gcbgagtgga	gcgaatccca	gaaagccggg	ctcagttcgg	attggagtct
1261	gcaactgcag	tcocatgaagc	tggagttgct	agtaatcccc	gatcagcaac	gcccgggtga
1321	atacgttccc	gggccttgta	cacaccgccc	gtcacacccat	gaaagttgga	aacgcccgaa
1381	gccagtgccc	gaaccgcgaa	gggacgggagc	tgctgaaggt	ggaatcagcg	attaggggtg

Tab. 39: DNA-Sequenz von *Aciditerrimonas* spec. CH22-21 aus der Datenbank BLAST

<i>Acidovorax</i> spec. 'smarlab 133815' 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: AY093698.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Comamonadaceae; <i>Acidovorax</i>						
Origin:						
1	ttgatcctgg	ctcagattga	acgctggcgg	catgccttac	acatgcaagt	cgaacggtaa
61	caggtcttcg	gatgctgacg	agtggcgaac	gggtgagtaa	tacatcggaa	cgtgcccagag
121	agtgggggat	aacgaagcga	aagccttgct	aataccgcat	agatctcag	gatgaaagca
181	ggggaccgca	aggccttgcg	ctcacgggagc	ggccgatggc	agataggta	gttggtggga
241	taaaagctta	ccaagccgac	gatctgtagc	tggtctgaga	ggacgaccag	ccacactggg
301	actgagacac	ggcccagact	cctacgggag	gcagcagtg	ggaattttgg	acaatgggcg

361	caagcctgat	ccagccatgc	cgcgtgcagg	atgaaggcct	tcgggttgta	aaactgctttt
421	gtacggaaacg	aaaagactcc	ttctaataaa	gggggtccat	gacggtagccg	taagaataag
481	caccggctaa	ctacgtgcca	gcagccgcg	taatacgtag	ggtgcgagcg	ttaatcgaa
541	ttactgggcg	taaagcgtgc	gcagggcgtg	atgtaagaca	gatgtgaaat	ccccgggctc
601	aacctgggaa	ctgcatttgt	gactgcatcg	ctggagtgcg	gcagaggggg	atggaattcc
661	gcgtgtagca	gtgaaatgcg	tagatatgcy	gaggaacacc	gatggcgaa	gcaatcccct
721	ggcctgcac	tgacgctcat	gcacgaaagc	gtggggagca	aacaggatta	gataccctgg
781	tagtccacgc	cctaaacgat	gtcaactggt	tgttgggtct	tactgactc	agtaacgaag
841	ctaaccgctg	aagttgaccg	cctggggagt	acggccgcaa	ggtgaaact	caaaaggaatt
901	gacggggacc	cgcacaagcg	gtggatgatg	tggtttaatt	cgatgcaacg	cgaaaaacct
961	taccacctt	tgacatgtac	ggaatccttt	agagatagag	gagtgtcga	aagagagccg
1021	taacacaggt	gctgcatggc	tgctgcagc	tcgtgctgcy	agatggtggg	ttaagtcccg
1081	caacgagcgc	aacccttgcc	attagttgct	acgaaagggc	actctaattg	gactgcccgt
1141	gacaaaccgg	aggaaggtgg	ggatgacgtc	aagtccctcat	ggcccttata	ggtggggcta
1201	cacacgtcat	acaatggctg	gtacagaggg	tgccaaccct	gcgaggggga	gccaatccca
1261	caaagccagt	cgtagtccgg	atcgcagctc	gcaactcgac	tgctggaagt	cggaatcgc
1321	agtaatcgcg	gatcagaatg	tcgcggtgaa	tacgttccc	ggtctgtac	acaccgccc
1381	tcacaccatg	ggagcgggtt	ctgccagaag	tagttagcct	aaccgcaagg	agggcgatta
1441	ccacggcagg	gttcgtgact	ggggtgaagt	cgtaacaagg	ta	

Tab. 40: DNA-Sequenz von *Acidovorax* spec. 'smarlab 133815' aus der Datenbank BLAST

<i>Acidovorax</i> spec. S4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: GU372408.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Comamonadaceae; <i>Acidovorax</i>						
Origin:						
1	ctacctgcag	tgcagcgtaa	caggtcttcg	gatgctgacg	agtggcgaa	gggtgagtaa
61	tacatcggaa	cgtgcccag	agtgggggat	aacgaggcga	aagctttgct	aataccgcat
121	acgatctcag	gatgaaagca	ggggaccgca	aggccttgcg	ctcacggagc	ggccgatggc
181	agattaggta	gttggtggga	taaaagctta	ccaagccgac	gatctgtagc	tggtctgaga
241	ggacgaccag	ccacactggg	actgagacac	ggcccagact	cctacgggag	gcagcagtg
301	ggaattttgg	acaatgggcy	caagcctgat	ccagccatgc	cgcgtgcagg	atgaaggcct
361	tcgggttgta	aaactgctttt	gtacggaaacg	aaaagactcc	ttctaataaa	gggggtccat
421	gaggtaccg	taagaataag	caccggctaa	ctacgtgcca	gcagccgcyg	taatacgtag
481	ggtgcgagcg	ttaatcggaa	ttactgggcy	taaagcgtgc	gcagggcgtt	atataagaca
541	gatgtgaaat	ccccgggctc	aacctgggaa	ctgcatttgt	gactgtatag	ctagagtagc
601	gcagaggggg	atggaattcc	gcgtgtagca	gtgaaatgcy	taaataatgcy	gaggaacacc
661	gagggcgaag	gcaatcccct	gggctgtac	tgacgctcat	gcacgaaagc	gtggggagca
721	aacaggatta	gataccctgg	tagtccacgc	cctaaacgat	gtcaactggt	tgttgggtct
781	tactgactc	agtaacgaag	ctaaccgctg	aagttgaccg	cctggggagt	acggccgcaa
841	ggttgaact	caaaggaatt	gacggggacc	cgcacaagcg	gtggatgatg	tggtttaatt
901	cgatgcaacg	cgaaaaacct	taccacctt	tgacatgtat	ggaatcctt	agagatagag
961	gagtgtcga	aagagagcca	taacacaggt	gctgcatggc	tgtcgtcagc	tcgtgctgcy
1021	agatggtggg	ttaagtccc	caacgagcgc	aacccttgcc	attagttgct	acgaaagggc
1081	actctaattg	gactgcccgt	gacaaaccgg	aggaaggtgg	ggatgacgtc	aagtccctcat
1141	ggcccttata	ggtggggcta	cacacgtcat	acaatggctg	gtacagaggg	tgccaacc
1201	gcgaggggga	gccaatccca	taaagccagt	cgtagtccgg	atcgcagctc	gcaactcgac
1261	tgctggaagt	cggaatcgc	agtaatcgcg	gatcagaatg	tcgcggtgaa	tacgttccc
1321	ggtctgtaca	caccaaccgt	cacaccatgg	gagcgggttc	tgccagaagt	agtagctaac
1381	cgacggagcg	gtaccgc				

Tab. 41: DNA-Sequenz von *Acidovorax* spec. S4 aus der Datenbank BLAST

<i>Acinetobacter johnsonii</i> 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: FJ976603.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Moraxellaceae; <i>Acinetobacter</i>						
Origin:						
1	gcgcgctta	cacatgcaag	tcgagcggg	aagggtagct	tgctacctga	cctagcggcg
61	gacgggtgag	taatgcttag	gaatctgcct	attagtgggg	gacaacattc	cgaaggaat
121	gctaataaccg	catacgccct	acgggggaaa	gcaggggatc	ttcggacctt	cgctaatag
181	atgagcctaa	gtcagattag	ctagttgggt	gggtaaaggc	ctaccaaggc	gacgatctgt
241	agcgggtctg	agaggatgat	ccgccacact	gggactgaga	cacggcccag	actcctacgg
301	gaggcagcag	tggggaatat	tggacaatgg	gcgaaagcct	gatccagcca	tgccgcgtg
361	gtgaagaagg	ccttttggtt	gtaaagcact	ttaagcagag	aggaggctac	cgagattaat
421	actcttggat	agtggacggt	actcgcagaa	taagcaccgg	ctaactctgt	gccagcagcc
481	gcggtataac	agaggggtgcg	agcgttaatc	ggatttactg	ggcgtaaagc	gtgcttaggc
541	ggctttttaa	gtcggatgty	aaatccctga	gcttaactta	ggaattgcat	tcgatactgg
601	gaagtagag	tatggagag	gtaggtagaa	ttccaggtgt	agcggtgaaa	tgcttagaga
661	tctggaggaa	taccgatggc	gaaggcagcc	atctggccta	atactgacgc	tgaggtacga
721	aagcatgggg	agcaaacag	attagatacc	ctggtagtcc	atgccgtaaa	cgatgtctac
781	tagccgttgg	ggcctttgag	gcttttagtg	cgcagctaac	gcgataagta	gaccgcctgg
841	ggagtagcgt	cgcaagacta	aaactcaaat	gaattgacgg	ggcccgctac	aagcgggtgga
901	cgatgtggtt	taattcgatg	caacgcgaag	aaccttacct	ggtcttgaca	tagtaagaac
961	tttccagaga	tggattggty	ccttcgggaa	cttacatata	ggtgtgcat	ggctgtctc
1021	agctcgtgct	gtgagatggt	gggttaagtc	ccgcaacgag	cgcaaccctt	ttccttattt

1081	gccagcgggt	taagccggga	actttaagga	tactgccagt	gacaaactgg	aggaagggcg
1141	ggacgacgtc	aagtcacat	ggcccttacg	accaggggta	cacacgtgct	acaatggctg
1201	gtacaaaagg	ttgtaccta	cgcataggat	gctaactcca	aaaagccgat	cgtagtcggg
1261	attggagtct	gcaactcgac	tccatgaagt	cggaatcgct	agtaatcgcg	gatcagaatg
1321	ccgcggtgaa	tacgttccc	ggctctgaca	caccgaaaac	tggcgcaaat	tgataccctg
1381	cctttgggg					

Tab. 42: DNA-Sequenz von *Acinetobacter johnsonii* aus der Datenbank BLAST

<i>Acremonium strictum</i> strain DS1bioAY4a 18S ribosomal RNA gene, partial sequence (= <i>Sarcocladium strictum</i>)						
Accessions-Nr.: HM216184.1						
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; mitosporic Hypocreales; <i>Sarcocladium</i>						
Origin:						
1	gcaattatac	agcgaaactg	cgaatgagct	cattatataa	gttatcgttt	atitgatagt
61	gccttactac	ttggataaacc	gtggtaattc	tagagctaat	acatgctaaa	aaccccgcact
121	tcggaagggg	tgtatttatt	agatacaaaa	ccaatgccct	tcggggctcc	ttggtgattc
181	atgataacta	tacgaatcgc	acggccttgc	gccggcgatg	gttcattcaa	atitcttccc
241	tatcaacttt	cgatgtttgg	gtattggcca	acatgggttg	caacgggtaa	cggaggggta
301	gggctcgacc	ccggagaagg	agcctgagaa	acggctacta	catccaagga	aggcagcagg
361	cgcgcaaat	acccaatccc	gactcgggga	ggtagtgaca	ataaactctg	atacagggcc
421	ctttcgggcc	ttgtaattgg	aatgagtaca	atttaaatcc	cttaacgagg	aacaattgga
481	gggcaagtct	ggtgccagca	gccgcggtaa	ttccagctcc	aatagcgtat	atataagttg
541	ttgtggttaa	aaagctcgct	agttgaacct	tgggcctggc	tggccgggtc	gcctcaccgc
601	gtgactggtt	ccggccgggc	ctttccctct	gtggaacccc	atacccttca	ctgggcgtgg
661	cggggaacaa	ggacatttac	tttgaaaaaa	ttagagtgtc	ccagggcaggc	ctatgctcga
721	atacattagc	atggaataat	aaaataggac	gcccggttct	atitgtttgg	ttataggac
781	cgccgtaatg	attaataggg	acagtcgggg	gcacagatg	tcaactgtca	gaggtgaaat
841	tcttggatca	gttgaagact	aactactgcg	aaagcatttg	ccaaggatgt	ttcattaat
901	caggaacgaa	agtttagggga	tcgaagacga	tcagataacc	tcgtagtctt	aaccataaac
961	tatgccgact	agggatcgga	cggtgttatt	catgacccgt	tcggcacctt	acgagaaatc
1021	aaagtgcctg	ggctccaggg	ggagtatggt	cgcaaggctg	aaacttaaag	aaattgacgg
1081	aagggcacca	ccaggggtgg	agcctgccc	ttaatgtgac	tcaacacggg	gaaactcacc
1141	aggtccagac	acaataagga	ttgacagatt	gagagctctt	ctttagtttt	gtgggtgctg
1201	gtgcatggcc	gttcttagtt	gggtgggtga	cttgtctgct	taattgcatg	aacgaacgag
1261	accttaacct	gctaaatagc	ccgcattgct	ccggcagctg	gctggcttct	tagagggact
1321	ttcggtctc					

Tab. 43: DNA-Sequenz von *Acremonium strictum* DS1bioAY4a aus der Datenbank BLAST

<i>Aeromonas hydrophila</i> strain QDC01 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JX029046.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>						
Origin:						
1	cdstcaatgg	gggcgggctt	tacacatgca	agtcgagcgg	cagcgggaaa	gtagcttctg
61	acttttgccc	gcgagcggcg	gacgggtgag	taatgcctgg	gaaattgccc	agtcgagggg
121	gataacagtt	ggaaacgact	gctaataacc	catagccctt	acgggggaaa	gcaggggacc
181	ttcgggcctt	ccgcgattgg	atagccccag	gtgggattag	ctagttggtg	aggtaatggc
241	tcaccaaggg	gacgatccct	agctggctct	agaggatgat	cagccacact	ggaactgaga
301	cacggtccag	actcctacgg	gaggcagcag	tggggaatat	tgcaaatggg	gggaaacctt
361	gatgcagcca	tgccgcgtgt	gtgaagaagg	ccttcggggt	gtaaaagcact	ttcagcggag
421	agggaaagtt	gatgcctaac	acgtatcaac	tgtgagttta	ctcgcagaag	aagcaccggc
481	taactccggt	ccagcagccg	cggttaatac	gaggggtgca	gcgttaatcg	gaattactgg
541	gcgtaaaagc	cacgcagggc	gtttgataag	ttagatgtga	aagccccggg	ctcaacctgg
601	gaattgcatt	taaaactgtc	cagctagagt	ctttagtagg	ggggtagaat	ttcaggtgta
661	gcgggtgaaat	gcgtagagat	ctggaggaat	accggtggcg	aagcgggccc	cctggacaaa
721	gactgacgct	caggtgcgaa	agcgtgggga	gcaaacagga	ttagataacc	tggtagtcca
781	cgccgtaaac	gatgtcgatt	tggaggctgt	gtccttgaga	cgtggcttcc	ggagctaacg
841	cgttaaatcg	accgcctggg	gagtagcggc	gcaaggttaa	aactcaaatg	aattgacggg
901	ggcccgcaca	agcgtgggag	catgtggttt	aattcgatgc	aacgcgaaga	acctacctg
961	gccttgacat	gtctggaatc	ctgcagagat	gcccggagtgc	cttcgggaat	cagaacacag
1021	gtgctgcatg	gctgtcgta	gctcgtgctg	tgagatggtg	ggtaagtcc	cgcaacgagc
1081	gcaacccctg	tcctttgttg	ccagcacgta	atggtgggaa	ctcaagggag	actgcccgtg
1141	ataaacccga	ggaaggtggg	gatgacgtca	agtcactatg	gccttacgg	ccagggctac
1201	acacgtgcta	caatggcggc	tacagagggc	tgcaagctag	cgatagtgag	cgaatcccaa
1261	aaagcgcgct	gtagtcggga	tcggagctct	caactcgact	ccgtgaagtc	ggaatcgcta
1321	gtaatcgcaa	atcagaatgt	tgccgtgaaat	acgttcccgg	gccttgta	caccgcccgt
1381	cacaccatgg	gagtggtgtg	caccagaagt	agatagctta	accttcggga	gggctgtacc
1441	acgggtatac	gttgg				

Tab. 44: DNA-Sequenz von *Aeromonas hydrophila* QDC01 aus der Datenbank BLAST

<i>Aeromonas hydrophila</i> subsp. <i>hydrophila</i> gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: NBRC 13286						
Accessions-Nr.: AB680394.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>						

Origin:						
1	attgaaacgct	ggcggcaggg	ctaacacatg	caagtcgagc	ggcagcggga	aagtagcttg
61	ctactttttg	cggcgagcgg	cggacgggtg	agtaatgcct	gggatcctgc	ccagtcgagg
121	gggataacag	ttggaaacga	ctgctaatac	cgcatacgc	ctacggggga	aaggaggggga
181	ccttcggggc	tttcgcgatt	ggatgaaccc	aggtgggatt	agctagttgg	tggggtaatg
241	gctcaccacg	gcgacgatcc	ctagctggtc	tgagaggatg	atcagccaca	ctggaactga
301	gacacggctc	agactcctac	gggaggcagc	agtggggaat	attgcacaat	gggggaaacc
361	ctgatgcagc	catgcccgcg	gtgtgaagaa	ggccttcggg	ttgtaaagca	ctttcagcga
421	ggaggaaagg	ttgggcocct	atacgtgtca	actgtgacgt	tactcgcaga	agaagcaccg
481	gctaactccg	tgccagcagc	cgcggtaata	cggaggggtg	aagcgttaat	cggaattact
541	gggcgtaaa	cgcacgcagg	cggttggata	agttagatgt	gaaagccccg	ggctcaacct
601	gggaattgca	tttaaaactg	tccagctaga	gtcttgtaga	ggggggtaga	attccaggtg
661	tagcggtgaa	atgcgtagag	atctggagga	ataccgggtg	cgaaggcggc	cccctggaca
721	aagactgacg	ctcagggtgc	aaagcgtggg	gagcaaacag	gattagatac	cctggtagtc
781	cacgcgtaa	acgatgtcga	tttgaggcct	gtgtccttga	aacgtggctt	cggagctaa
841	cgcgttaaat	cgaccgcctg	gggagtacgg	cgcgaagggt	aaaactcaaa	tgaattgacg
901	ggggcccgcg	caagcgggtg	agcatgtggg	ttaattcgat	gcaacgcgaa	gaaacttacc
961	tggccttgac	atgtctggaa	tcctcagag	atgcccggag	gccttcggga	atcagaacac
1021	aggtgctgca	tggtctgctg	cagctcgtgt	cgtgagatgt	tgggttaagt	cccgcaacga
1081	gcgcaacccc	tgtcctttgt	tgccagcacg	taatgggtgg	aactcaaggg	agactgcggg
1141	tgataaaccc	gaggaagggt	gggatgacgt	caagtcacat	tgcccttac	ggccagggct
1201	acacacgtgc	tacaatggcg	cgtacagagg	gctgcaagct	agcgtatgtg	agcgaatccc
1261	aaaaagcgcg	tcgtagtccg	gatcggagtc	tgcaactcga	ctccgtgaa	tcggaatcgc
1321	tagtaatcgc	gaatcagaat	gtcgcgggtg	atacgttccc	gggccttcta	caacccggcc
1381	gtcacacccat	gggagtgggt	tgaccagaaa	gtagatagct	taaccttcgg	gagggcgctt
1441	accacgggtg	gattcatgac	tggggtagag			

Tab. 45: DNA-Sequenz von *Aeromonas hydrophila* subsp. *hydrophila* NBRC 13286 a. d. D. BLAST

<i>Aeromonas salmonicida</i> strain E84 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JF683662.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>						
Origin:						
1	gacgggtgag	taatgcctgg	ggatctgccc	agtcgagggg	gataacagtt	gaaacgact
61	gctaataacc	catacgcctc	acgggggaaa	ggaggggacc	ttcgggcctt	tcgcgattgg
121	atgaaccocg	gtgggattag	ctagttgggt	gggtaatggc	tcaccaaggc	gacgatccct
181	agctggctcg	agaggatgat	cagccacact	ggaactgaga	cacggtccag	actcctacgg
241	gaggcagcag	tggggaaatg	tgcaacaatg	gggaaaccct	gatgcagcca	tgccgcgtgt
301	gtgaagaagg	ccttcggggt	gtaaagcact	ttcagcgagg	aggaaagggt	ggcgcctaat
361	acgtgtcaac	tgtgacgtta	ctcgcagaag	aagcaccggc	taactccctg	ccagcagccg
421	cggtaatacg	gaggggtgca	cggttaatcg	gaattactgg	gcgtaaagcg	cacgcaggcg
481	gctggataag	ttagatgtga	aagccccggg	ctcaacctgg	gaattgcatt	taaaactgtc
541	cagctagagt	cttgtagagg	ggggtagaat	tccaggtgta	gcggtgaaat	gcgtagagat
601	ctggaggaat	accggtggcg	aaggcggccc	cctggacaaa	gactgacgct	caggtgcgaa
661	agcgtgggga	gcaaacagga	ttagataccc	tggtagtcca	cgccgtaaac	gatgtcgatt
721	tggaggctgt	gtccttgaga	cgtggcttcc	ggagctaacg	gcttaaatcg	accgcctggg
781	gagtacggcc	gcaaggttaa	aactcaaatg	aattgacggg	ggcccgcaca	agcgggtggg
841	catgtggttt	aattcgatgc	aacgcgaaga	accttacctg	gccttgacat	gtctggaatc
901	ctgtagagat	acgggagtg	cttcgggaat	cagaacacag	gtgctgcatg	gctgtcgtca
961	gctcgtgctg	tcagatgttg	ggttaagtcc	cgcaacgagc	gcaaccctg	tcctttgttg
1021	ccagcacgta	atgggtggaa	ctcaagggag	actgccggtg	ataaacggga	ggaaggtggg
1081	gatgacgtca	agtcacatg	gcccttacgg	ccagggctac	acacgtgcta	caatggcgcg
1141	tacagagggc	tgcaagctag	cgatagtgag	cgaatcccaa	aaagcgcgtc	gtagtccgga
1201	tcggagtctg	caactcgact	ccgtgaagtc	ggaatcgcta	gtaatcgcga	atcagaatgt
1261	cgcggtgaat	acgttcccgg	gccttgtaga	caccggcc		

Tab. 46: DNA-Sequenz von *Aeromonas salmonicida* E84 aus der Datenbank BLAST

<i>Aeromonas salmonicida</i> strain ZHYZ-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JN106379.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>						
Origin:						
1	gtgcatgcgc	agactaccat	gcaagtcgag	cggcagcggg	aaagtagctt	gctacttttg
61	ccggcgagcg	gcgagcgggt	gagtaatgcc	tggggatctg	cccagtcgag	ggggataaca
121	gttggaaacg	actgctaata	cgcatacgc	cctacggggg	aaaggagggg	accttcgggc
181	ctttcgcgat	tgatgaaccc	caggtgggat	tagctagttg	gtggggtaat	ggctcaccaa
241	ggcgacgatc	cctagctggg	ctgagaggat	gatcagccac	actggaactg	agacacggtc
301	cagactccta	cgggagcgag	cagtggggaa	tattgcacaa	tgggggaaac	cctgatgcag
361	ccatgcgcgc	tgtgtgaaga	aggccttcgg	gttgtaaagc	actttcagcg	aggaggaaag
421	gttggcgoc	aatacgtgtc	aactgtgacg	ttactcgcag	aagaagcacc	ggctaactcc
481	gtgccagcag	ccgcggtaat	acggaggggt	caagcgttaa	tcggaattac	tgggcgtaaa
541	cagactccta	cgggagcgag	aagttagatg	tgaaagcccc	gggctcaacc	tgggaattgc
601	atttaaaact	gtccagctag	agtctttaga	aggggggtag	aattccagggt	gtagcgggtg
661	aatgcgtaga	gatctggagg	aataccgggt	gcgaagggcg	cccctgggac	aaagactgac
721	gctcaggtgc	gaaagcgtgg	ggagcaaaaa	ggattagata	ccctggtagt	ccacgcgcta

781	aacgatgtcg	at ttggaggc	tgtgtccttg	agacgtggct	tccggagcta	acgcgttaaa
841	tcgaccgcct	ggggagtacg	gccgcaaggt	taaaactcaa	atgaattgac	gggggccccc
901	acaagcggtg	gagcatgtgg	t ttaattcga	tgcaacgcga	agaaccttac	ctggccttga
961	catgtctgga	atcctgcaga	gatgctggag	tgcttcggg	aatcagaaca	cagggtgctgc
1021	atggctgtcg	tcagctcgtg	tcgtgagatg	ttgggttaag	tcccgcaacg	agcgaaccc
1081	ctgtcctttg	ttgccagcac	gtaatgggtg	gaactcaagg	gagactgccg	gtgataaacc
1141	ggaggaaggt	ggggatgacg	tcaagtcatc	atggccctta	cggccagggc	tacacacgtg
1201	ctacaatggc	gcgtacagag	ggctgcaagc	tagcgatagt	gagcgaatcc	caaaaagcgc
1261	gtcgtagtcc	ggatcggagt	ctgcaactcg	actccgtgaa	gtcggaatcg	ctagtaatcg
1321	cgaatcagaa	tgctcgggtg	aatacgttcc	cgggccttgt	acacaccgcc	cgtcacacca
1381	tgggagtggg	ttgcac				

Tab. 47: DNA-Sequenz von *Aeromonas salmonicida* ZHYYZ-5 aus der Datenbank BLAST

<i>Aeromonas salmonicida</i> subsp. <i>salmonicida</i> gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: NBRC 12659						
Accessions-Nr.: AB680308.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>						
Origin:						
1	attgaacgct	ggcggcaggg	ctaacacatg	caagtgcgag	ggcagcggga	aagtagcttg
61	ctacttttgc	ggcgagcggg	cggacggggtg	agtaatgcct	ggggatctgc	ccagtgcagg
121	gggataaacg	ttggaacgca	ctgctaatac	cgcatacgcc	ctacggggga	aaggagggga
181	ccttcggggc	tttcgcgatt	ggatgaaccc	aggtgggatt	agctagttag	tggggtaatg
241	gctcaccagg	gogacgatcc	ctagctggtc	tgagaggatg	atcagccaca	ctggaactga
301	gacacgggtc	agactcctac	gggagggcagc	agtggggaat	attgcacaat	gggggaaacc
361	ctgtagcagc	catgcccgct	gtgtgaagaa	ggccttcggg	ttgtaaagca	cttcagcga
421	ggaggaagg	ttggcccta	atactgtgca	actgtgacgt	tactcgcaga	agaagcaccg
481	gctaactcgc	tgccagcagc	cgcggtaata	cggagggtgc	aagcgttaat	cggaattact
541	gggcgtaaac	cgcacgcagg	cggttgggata	agttagatgt	gaaagccccc	ggctcaacct
601	gggaattgca	tttaaaactg	tccagctaga	gtctttaga	ggggggtaga	atccaggtg
661	tagcggtgaa	atgcgtagag	atctggagga	ataccgggtg	cgaaggcggc	ccctggaca
721	aagactgacg	ctcaggtgcg	aaagcgtggg	gagcaaacag	gattagatac	cctggtagtc
781	cacgcgtaaa	acgatgtcga	tttggaggct	gtgtccttga	gacgtggctt	ccggagctaa
841	cgcgttaaat	cgaccgcctg	gggagtacgg	ccgcaaggtt	aaaactcaa	tgaattgacg
901	ggggcccgca	caagcgggtg	agcatgtggt	ttaattcgat	gcaacgcgaa	gaaccttacc
961	tggccttgac	atgtctggaa	tcctgtagag	atacgggagt	gccttcggga	atcagaacac
1021	aggtgctgca	tggctgtcgt	cagctcgtgt	cgtgagatgt	tgggttaagt	cccgcaacga
1081	gcgcaacccc	tgctccttgg	tgccagcagc	taatgggtgg	aactcaaggg	agactgccgg
1141	tgataaaccc	gaggaagggtg	gggatgacgt	caagtcoatca	tggcccttac	tggcagggtc
1201	acacacgtgc	tacaatggcg	cgtacagagg	gctgcaagct	agcgatagtg	agcgaatccc
1261	aaaaagcgcg	tcgtagtccg	gatcggagtc	tgcaactcga	ctccgtgaag	tcggaatcgc
1321	tagtaatcgc	gaatcagaat	gtcgcgggtg	atacgttccc	gggccttcta	cacaccgccc
1381	gtcacaccat	gggagtgggt	tgcaaccagaa	gtagatagct	taaccttcgg	gagggcgctt
1441	accacggtgt	gattcatgac	tggggtgaag			

Tab. 48: DNA-Sequenz von *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* NBRC 12659 a. d. D. BLAST

<i>Aeromonas sobria</i> strain M-T-TSA 98 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ795757.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>						
Origin:						
1	tcatggctca	gattgaacgc	tggcggcagg	cctaacacat	gcaagtcgag	cggcagcggg
61	aaagtagctt	gctacttttg	ccggcgagcg	gcggacgggt	gagtaatgcc	tggggatctg
121	cccagtcgag	ggggataaca	gttggaaacg	actgctaata	ccgcatacgc	cctacggggg
181	aaaggagggg	accttcgggc	ctttcggcat	tggatgaacc	cagggtggat	tagctagttag
241	gtggggtaat	ggctcaccaa	ggcgacgatc	cctagctggt	ctgagaggat	gatcagccac
301	actggaactg	agacacggtc	cagactccta	cgggagggcag	cagtggggaa	tattgcacaa
361	tgggggaaac	cctgatgcag	ccatgcccg	tggtggaaga	aggccttcgg	gttgtaaaag
421	actttcagcg	aggaggaaag	ggtggcagct	aatactgtgc	agctgtgacg	ttactcgcag
481	aagaagcacc	ggctaactcc	gtgccagcag	ccgcggtaat	acggagggtg	caagcgttaa
541	tcggaattac	tggggcgtaaa	gcgcacgcag	gcggttggat	aagttagatg	tgaagcccc
601	gggctcaacc	tgggaattgc	at ttaaaact	gttcagctag	agtctttag	aggggggtag
661	aattccaggt	gtagcgggtg	aatgcgtaga	gatctggagg	aataccgggtg	gcgaaggcgg
721	ccccctggac	aaagactgac	gctcaggtgc	gaaagcgtg	ggagcaaaaca	ggattagata
781	ccctggtagt	ccacgcgcta	aacgatgtcg	at tttggaggc	tgtgtccttg	agacgtggct
841	tcggagctta	acgcgttaaa	tcgaccgcct	ggggagtacg	gccgcaaggt	taaaactcaa
901	atgaattgac	ggggggccgc	acaagcgggtg	gagcatgtgg	t ttaattcga	tgcaacgcga
961	agaaccttac	ctggccttga	catgtctgga	atcctgtaga	gatacgggag	tgcttcgggg
1021	aatcagaaca	caggtgctgc	atggtctgctg	tcagctcgtg	tcgtgagatg	ttgggttaag
1081	tcccgcacac	agcgcacacc	ctgtcctttg	ttgccagcag	gtaatgggtg	gaactcaagg
1141	gagactgccg	gtgataaacc	ggaggaaaggt	ggggatgacg	tcaagtcatc	atggccctta
1201	cggccagggc	tacacacgtg	ctacaatggc	gcgtacagag	ggctgcaagc	tagcgatagt
1261	gagcgaatcc	caaaaagcgc	gtcgtagtcc	ggatcggagt	ctgcaactcg	actccgtgaa
1321	gtcggaaatcg	ctagtaatcg	caaatcagaa	tggtcgggtg	aatacgttcc	cgggccttgt
1381	acacaccgcc	cgtcacacca	tgggagtggg	ttgcaccaga	agtagatagc	ttaaccttcg
1441	ggagggcgt					

Tab. 49: DNA-Sequenz von *Aeromonas sobria* M-T-TSA 98 aus der Datenbank BLAST

<i>Aeromonas</i> spec. c55(2012) 16S ribosomal RNA gene, partial sequence							
Accessions-Nr.: JQ781549.1							
Taxonomie:							
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>							
Origin:							
1	tgcaagt	cgagc	gaaag	tgctact	gcccggc	gacg	gacg
61	tgagta	ctggg	gcccag	ggggg	agttg	gactg	gactg
121	accgc	ccctac	gaaag	gacct	ccttg	ttgat	ttgat
181	ccaggt	ttagct	ggtgag	tggtc	aggcg	ccctag	ccctag
241	tctgag	tgatc	cactg	gagac	ccagac	acggg	acggg
301	gcagt	atatt	atggg	ccctg	gccat	gtgtg	gtgtg
361	aaggc	ggttg	cactt	gaggag	ggttg	taata	taata
421	cagct	gttact	gaaga	cggct	cgtgc	gccgc	gccgc
481	tacgg	gcaag	atcgg	ctggg	agcgc	ggcgg	ggcgg
541	taagt	gtgaa	cgggt	ctggg	cattt	tgccag	tgccag
601	gagtc	gtgaa	ggaat	tgtag	aaatg	agact	agact
661	gaata	ggcga	gcccc	caaag	cgctc	cgaaag	cgaaag
721	gggag	aggat	accct	tccac	aaacg	gattt	gattt
781	ctgtg	gagac	ttccg	aacgc	atcga	tgggg	tgggg
841	gagtc	gaaag	aatga	cgggg	cacaag	gagca	gagca
901	gttta	atgca	aaga	cctgg	acatg	aatcct	aatcct
961	agatg	gtgct	gaatc	acag	catgg	gtcag	gtcag
1021	gtcgt	gttgg	gtccc	gagc	cctgt	gttgc	gttgc
1081	cgta	gga	ggag	ggtg	cggag	tgggg	tgggg
1141	ttca	catg	acgg	ctaca	gctac	cgct	cgct
1201	gggct	ctacc	tga	ccaaa	cgct	cgga	cgga
1261	tctg	caact					

Tab. 50: DNA-Sequenz von *Aeromonas* spec. c55(2012) aus der Datenbank BLAST

<i>Aeromonas</i> spec. 156B 16S ribosomal RNA gene, partial sequence							
Accessions-Nr.: JF444782.1							
Taxonomie:							
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Aeromonadales; Aeromonadaceae; <i>Aeromonas</i>							
Origin:							
1	gcccggc	ggcgg	tgagta	ctgggg	gcccag	ggggg	ggggg
61	agttg	gactg	accgc	ccctac	gaaag	gacct	gacct
121	ccttt	tgatg	ccaggt	ttagc	ggtgg	tggtc	tggtc
181	aggcg	ccctag	tctgag	tgatc	cactg	gagac	gagac
241	ccagac	acggg	gcagt	atatt	atggg	ccctg	ccctg
301	gccat	gtgtg	aaggc	ggttg	cactt	gaggag	gaggag
361	ggttg	taata	cagct	gttact	gaaga	cggta	cggta
421	cgtgc	gcccg	tacgg	gcaag	atcgg	ctggg	ctggg
481	agcgc	ggcgg	taagt	gtgaa	cgggt	ctggg	ctggg
541	cattt	tgctc	gagtc	gaggg	gaatc	tgtag	tgtag
601	aaatg	agact	gaata	ggcga	gcccc	caaag	caaag
661	cgctc	cgaa	gggag	aggat	accct	tccac	tccac
721	aaacg	gattt	ctgtg	gagac	ttccg	aacgc	aacgc
781	atcga	tgggg	ggccc	taaa	aatga	cgggg	cgggg
841	caca	ggag	gttta	atgca	aaga	cctgg	cctgg
901	acatg	aatc	agata	gtgct	gaat	acagg	acagg
961	catgg	ctcag	gtcgt	gttgg	gtccc	gagcg	gagcg
1021	cctgt	gttgc	cgtaa	gga	ggag	ggtg	ggtg
1081	cggag	tgggg	gtcaa	catgg	acggc	ctaca	ctaca
1141	gctac	cgct	gggct	ctag	tgag	ccaaa	ccaaa
1201	cgct	cgga	tctg	gact	agtc	gtag	gtag
1261	gca	atg	gaata	ccgg	taca	ccgt	ccgt
1321	catg	gggag	gag	gct			

Tab. 51: DNA-Sequenz von *Aeromonas* spec. 156B aus der Datenbank BLAST

<i>Afipia</i> spec. BALT12-S13 16S rRNA gene, isolate BALT12-S13							
Accessions-Nr.: FM998728.1							
Taxonomie:							
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Bradyrhizobiaceae; <i>Afipia</i>							
Origin:							
1	catgca	gagcg	ttcgg	gcccg	ggtgag	gcgtg	gcgtg
61	gtgcc	gtacc	actga	acttc	atacc	tgcc	tgcc
121	gggaa	tatcg	ggagc	gcgtt	aggtag	tgagg	tgagg
181	gctca	cctac	atagc	tgagag	atcag	ctggg	ctggg
241	gacac	agact	gggag	agtag	cctgc	ggcga	ggcga
301	ctgac	catgc	gaatg	ggtct	ttgta	ctttc	ctttc
361	ggacg	gacgg	ggaga	ccccg	cctcg	gcagc	gcagc
421	taata	gggg	ttgct	ttact	taaag	gtagg	gtagg
481	agtt	gag	cccag	aacct	ttgc	tactg	tactg
541	cttg	gaag	gtgga	gagtg	gtgaa	tagat	tagat
601	gaaga	agtg	gcgac	ggtcc	tgacg	gctcg	gctcg

661	gtggggagca	aacaggatta	gataccctgg	tagtccacgc	cgtaaacgat	gagtgctagt
721	tgtcggcatg	catgcatgtc	ggtagcgcag	ctaacgcatt	aagcactccg	cctgggggagt
781	acgggtcgca	gattaaaact	caaaggaatt	gacgggggoc	cgcaacaagc	gtggagcatg
841	tggtttaatt	cgaagcaacg	cgcagaacct	taccaccttt	tgacatgccc	ggaccaccag
901	agagatctgg	ctttcccttc	ggggactggg	acacagtgct	gcatggctgt	cgtcagctcg
961	tgtcgtgaga	tgttgggtta	agtcccgcac	gagcgaacc	cacgccatta	gttgccatca
1021	tttagttggg	cactctaattg	ggaccg			

Tab. 52: DNA-Sequenz von *Afipia* spec. BALT12-S13 aus der Datenbank BLAST

<i>Afipia</i> spec. sptzw29 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: GU377117.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Bradyrhizobiaceae; <i>Afipia</i>						
Origin:						
1	ttaccatgca	gtcgcagggc	atcttcggat	gctagtggca	gacgggtgag	taacacgtgg
61	gaacgtacct	ttcggttcgg	aataatacag	ggaaacttgt	actaataccg	gatacgcctt
121	tcgggggaaa	gatttatcgc	cgatagatcg	gcccgcgtct	gattagctag	ttggtgaggt
181	aatggctcac	caaggcgacg	atcagttagct	ggctctgagag	gatgatcagc	cacactggga
241	ctgagacacg	gcccagactc	ctacgggagg	cagcagtggg	gaatattgga	caatgggcga
301	aagcctgatac	cagccatgcc	gcgtgtgtga	tgaaggcctt	agggttgtaa	agcacttttg
361	tccgggaaga	taatgactgt	accggaagaa	taagcccggg	ctaacttctg	gccagcagcc
421	gcggtaatac	gaagggggct	agcgttgctc	ggaatcaactg	ggcgtaaaag	gcgcgtaggg
481	ggactcttaa	gtcgggggtg	aaagcccagg	gctcaaccct	ggaattgctt	tcgatactga
541	gagtccttgg	tccggaagag	gttggtggaa	ctgcgagtg	agaggtgaaa	ttcgtagata
601	ttcgcaagaa	caccagtggc	gaaggcggcc	aactggctcg	atactgacgc	tgaggcgcga
661	aagcgtgggg	agcaaacagg	attagatacc	ctggtagtcc	acgccgtaaa	cgatgaatgc
721	cagccgttgg	ggtgcatgca	cctcagtggc	gcagtaacg	ctttaagcat	ttccgctggg
781	gagtaaggct	gcaagattaa	aactcaaagg	aattgacggg	ggcccgcaca	agcgggtggag
841	catgtggttt	aattcgaagc	aacgcgcaga	accttaccag	cttttgacat	gtccggtttg
901	atcggcagag	atgcctttct	tcagttcggc	tggccggaac	acaggtgctg	catggctgtc
961	gtcagctcgt	gtcgtgagat	gttggttaa	gtcccgaac	gagcggcaac	cctcgcccct
1021	agttgcatc	attcagttgg	gaactctagg	gggactgccc	gtgataagcc	gagaggaagg
1081	tggggatgac	gtcaagtcct	catggccctt	acaggtggg	ctacacacgt	gctacaattg
1141	cggtgacaat	gggcagcgaa	ggagcgatcc	ggtgctaact	ccaaaaagc	gtctcagttc
1201	agattgcact	ctgcaactcg	agtgcataaa	ggtggaatcg	ctagtaatcg	tggatcagca
1261	tgccacgggtg	aatacgttcc	cgggccttgt	acacaccgcc	cgtcacacca	tgggagttgg
1321	gtttaccoga	aggcgtcgcg	ctaaccgcaa	ggaggcaggc	gaccacggta	ggctcagcga
1381	ctgggggtgaa	gc				

Tab. 53: DNA-Sequenz von *Afipia* spec. sptzw29 aus der Datenbank BLAST

<i>Arenimonas</i> spec. CH15-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JN033774.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Xanthomonadaceae; <i>Arenimonas</i>						
Origin:						
1	acggcagcac	agcagtagca	atactgtggg	tggcgagtgg	cggacgggtg	aggaatacat
61	cggaatctac	cttgtcgtgg	gggataacgt	agggaaactt	acgctaatac	cgcatacgaa
121	ctatggttga	aagcggcgga	ccgcgaaggc	tcgcgcgatt	ggatgagccg	atgtccgatt
181	agctagtgtg	cggggtaaag	gcccaccaag	gcgacgatcg	gtagctggtc	tgagaggatg
241	atcagccaca	ctggaactga	gacacgggtc	agactcctac	gggaggcagc	agtggggaat
301	attggacaat	gggcgcaagc	ctgatccagc	catgccgcgt	gtgtgaagaa	ggccttcggg
361	ttgtaaagca	cttttggttg	ggaagaaaag	ccgctgggta	atacccgggtg	gtcatgacgg
421	tacccaaaga	ataagcaccg	gctaacttcg	tgccagcagc	cgcggtaata	cgaaggggtg
481	aagcgttact	cggaattact	gggcgtaaa	cgtgcgtagg	tggttcgta	agtctgtcgt
541	gaaagccccg	ggctcaacct	gggaatggcg	atggatactg	gccccgctaga	gtcgggtaga
601	ggagagtggg	attcccggtg	tagcagtgaa	atgcgtagag	atcgggagga	acatcagttg
661	cgaagggcgc	tctctggacc	agcactgaca	ctgaggcacg	aaagcgtggg	gagcaaacag
721	gattagatac	cctggtagtc	cacgccttaa	acgatgcgaa	ctggacgttg	ggagcaatta
781	ggctctcagt	gtcgaagcta	acgcgttaag	ttcggccctt	ggggagtacg	gtcgaagac
841	tgaactcaa	aggaattgac	ggggccccc	acaagcgggtg	gagtatgtgg	tttaattcga
901	tgcaacgcgc	agaaccttac	ctggccttga	catccacgga	atccttgaga	gatcagggag
961	tgccctcggg	aaccgtgaga	caggtgctgc	atggctgtcg	tcagctcgtg	tcgtgagatg
1021	ttgggttaa	tcccgcaacg	agcgaaccc	ttgtccttag	ttgccagcga	gtaatgtcgg
1081	gaactctaag	gagactgcgc	gtgacaaaac	ggaggaaggt	ggggatgacg	tcaagtcac
1141	atggccctta	cggccagggc	tacacacgta	ctacaatggt	ggggacagag	ggtcgcgaag
1201	cgcgagggcg	gagccaatcc	cagaaccccc	atcttagtcc	ggatcggagt	ctgcaactcg
1261	actccgtgaa	gtcggaaatcg	ctagtaatcg	cggatcagca	ttgccggcgt	gaatacgttc
1321	ccgggccttg	tacacaccgc	cgtcacacc	atgggagttt	gttgaccagc	aagcaggtag
1381	cttaaccgca	agggggggcg	ttgccacggg	gtggccgatg	actgggggtg	agtcgtaaa

Tab. 54: DNA-Sequenz von *Arenimonas* spec. CH15-1 aus der Datenbank BLAST

<i>Arthrobacter oxydans</i> gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: S32219						
Accessions-Nr.: AB648980.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococccineae; Micrococccaceae; <i>Arthrobacter</i>						

Origin:						
1	gagtttgatc	ctggetcagg	atgaacgctg	gcggcgtgct	taacacatgc	aagtcgaacg
61	atgatgccag	cttgctggtg	gattagtggc	gaacgggtga	gtaacacgtg	agtaaacctgc
121	ccttaactct	gggataagcc	tgggaaactg	ggtctaatac	cggatatgac	tcctcatcgc
181	atgggtgggg	gtggaaagct	ttattgtggt	tttggatgga	ctcgcggcct	atcagcttgt
241	tggtgaggta	atggctcacc	aaggcgacga	cgggtagccg	gcctgagagg	gtgaccggcc
301	acactgggac	tgagacacgg	cccagactcc	tacgggagcg	agcagtgggg	aatattgcac
361	aatgggcgaa	agcctgatgc	agcgacgccc	cgtgagggat	gacggccttc	gggttgtaaa
421	cctctttcag	tagggaagaa	gcgaaagtga	cggtacctgc	agaagaagcg	ccggctaact
481	acgtgcccag	agccgcggta	atacgtaggg	cgcaagcgtt	atccggaatt	attggggcgt
541	aagagctcgt	agggcgtttg	tcgctctgct	cgtgaaagtc	cggggctcaa	ctccgatctc
601	gcggtggtta	cgggcagact	agagtgatgt	aggggagact	ggaattcctg	gtgtagcggg
661	gaaatgcgca	gatatcagga	ggaacaccga	tggcgaaggc	aggtctctgg	gcattaactg
721	acgctgagga	gcgaaaagcat	ggggagcgaa	caggattaga	taccttggtg	gtccatgccc
781	taaactgttg	gcactaggtg	tgggggacat	tccacgtttt	ccgcgccgta	gctaaccgat
841	taagtgcgcc	ccctggggag	tacggccgca	aggctaaaac	tcaaaggaat	cgacgggggc
901	ccgcacaagc	ggcggagcat	gctggattaat	tcgatgcaac	gcgaagaacc	ttaccaaggc
961	ttgacatgaa	ccggaaayac	ctggaacacg	gtgccccgct	tgccgctcgt	ttacaggtgg
1021	tgcattggtg	tcgtcagctc	gtgtcgtgag	atgttgggtt	aagtcccgca	acgagcgcga
1081	ccctcgttct	atgttgccag	cgcttatagg	cggggactca	taggagactg	ccggggctcaa
1141	ctcggaggaa	ggtggggacg	acgtcaaatac	atcatgcccc	ttatgtcttg	ggcttcacgc
1201	atgctacaat	ggccgggtaca	aagggttgccg	atactgtgag	gtggagctaa	tcccaaaaaa
1261	ccggctcag	ttcggattgg	ggtctgcaac	tcgaccccat	gaagtcggag	tcgctagtaa
1321	tcgagatca	gcaacgctgc	gggtaatacg	ttcccgggcc	ttgtacacac	cgcccgctcaa
1381	gtcacgaaag	ttggtaacac	ccgaagccgg	tggcctaacc	ccttgtggga	gggagctgtc
1441	gaagtggtgga	ctggcgattg	ggactaagtc	gtaacaaggt	agcc	

Tab. 55: DNA-Sequenz von *Arthro bacter oxydans* S3219 aus der Datenbank BLAST

<i>Asellus aquaticus</i> 18S rRNA gene						
Accessions-Nr.: AJ287055.1						
Taxonomie:						
Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Asellus</i>						
Origin:						
1	aacctggttg	atcctgccag	tagtcatatg	cttgtctcaa	agattaagcc	atgcatgtct
61	cagtacagcc	ctttctaagg	cgaaaccgcg	aatggctcat	taaatcagtc	atgattcatt
121	ggattaagcc	aagaatttac	ttggataact	gtggtaattc	tagagctaat	acacgcaact
181	gagctccgac	ccggctcgtca	gactggggaa	gggcgcattt	attagatcaa	aaaccgatcg
241	gactccggtc	cgtctcaaat	gagctgtgat	gactctgaat	aacttagccg	agcgtacccg
301	tcttcgtacc	ggcgccgtat	ctttcaagtg	tctgccttat	cagctttcga	ttgtaggtta
361	tacgcctaca	atggctgtaa	cgggtaaccg	ggaatcaggg	ttcgattccg	gagaggggagc
421	ctgagaaacg	gctaccacat	ctaaggaagg	cagcaggcac	gcaaattacc	cactcccggc
481	ccggggagg	agtgacgaaa	aataacgatg	cgggactctt	ccgaggcctc	gcaatcggaa
541	tgagttcag	ttaaatcctt	ggacgaggat	ccattggagg	gcaagctctg	tgccagcagc
601	cgcggtaatt	ccagctccaa	tagcgtatat	taaagttgct	gcggttaaaa	agctcgtagt
661	tgagatctct	atctggaccg	gcggcccact	caaggatcgc	cctcgtgtaa	aatgggtgat
721	gcttttcgcc	cctttcgtgc	cgctcgcaac	gtcgcgggtc	ctcttcgggg	gtcgtctcgc
781	ggttagcttc	ggaacaacgc	gtcccgggacg	tgggcgctgc	tacaggtggg	taagcgatct
841	ccgtggttaa	ctgaccggct	ccggattgaa	aatgccctcg	gctcgcacgg	ggtgctcttc
901	ctgagatgtc	ccgcgcggcc	gcacaagtca	ctttgaaaaa	attagagtgc	tcaaagcagg
961	caacaactca	cgctggaatg	gtgttgcatg	gaatgatgga	acaggacctc	ggttctgtcc
1021	ttttcattgg	ttttaagaac	ccgaggtaat	gattaacggg	aacagacggg	ggcattagta
1081	ttgagcagct	agaggtgaaa	ttcttgacc	gtcgaagac	taactactgc	gaaagcattt
1141	gccaagaatg	ttttcattaa	tcaagaacga	aagttagagg	atcgaaggcg	atcagatacc
1201	gcccagttc	taaccataaa	cgatgctaac	tggcgatccg	tcggcgtcat	tcccacgact
1261	cgacggggag	ccccgggaa	accaaagtct	ttgagttccg	ggggaagtat	ggttgcaaaag
1321	ctgaaactta	aaggaattga	cggaaaggca	ccaccaggag	tggagctcgc	gcttaatttg
1381	actcaacacg	ggaaacctca	ccaggcccgg	acaccgaaag	gattgacaga	ttgagagctc
1441	tttcttgatt	cggtgggtgg	tggtgcattg	ccgttcttag	ttgggtggagc	gatctgtctg
1501	ggtgattccg	ataacgaacg	agactctacc	ctgctaacta	gtcggcgaat	cgtctcccga
1561	gagggggcct	tcccagaggt	aacgcttccc	cctcgcceca	gcgtcgttgt	cggttcgctg
1621	gcgcgctcgt	tggttaagcga	aggatggcgt	cctcgcgggt	ggtccaact	agggcgcttc
1681	gtcgcaacat	cttcttagag	ggatcagcgg	cgctccagccg	cacgaaaaag	agcaataaca
1741	ggtctgtgat	goccttagat	cctctgggccc	gcacgcgcgc	tacaatgaag	ggatcagcgt
1801	gctttcccc	tccgaaagga	gcgggtaacc	cgatgaaacc	ccttcccgat	tgggattggg
1861	gcttgcaagt	gtttccatg	aacagggaaat	tcccagtaag	cgcaagtcac	cagcttgcgt
1921	tgattacgct	cctgcctttt	gtacacaccg	cccgtcgtca	ctaccgattg	aatgattcag
1981	tgagggcatc	ggactgtcgc	cttcggttgt	cccgcgctaa	cgccacgagc	gcctttggct
2041	gacggaaaga	tgctccaact	tgatcattta	gaggaagtaa	aagtcgtaac	aaggtttccc
2101	taggtgaacc	tgcggaagga	tca			

Tab. 56: DNA-Sequenz von *Asellus aquaticus* aus der Datenbank BLAST

<i>Aspergillus</i> spec. han-1 gene for 16S rRNA, partial sequence						
Accessions-Nr.: AB713913.1						
Taxonomie:						

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Trichocomaceae; mitosporic Trichocomaceae; <i>Aspergillus</i>						
Origin:						
1	gcac	tttata	ctgtg	aaact	gcgaatggct	cattaaatca gttatcg
61	ac	ttactac	atggg	at	ac	atgctaaa aacctcgact
121	tc	ggaagggg	tgtattt	tatt	agataaaaaa	ccaatg
181	ata	ataaactt	aacgaat	cg	atggccttgc	gccgggatg gttcattca
241	tac	caacttt	cgatgg	tagg	atagtgccct	accatgg
301	gg	ttcgatt	cgggag	agg	agcctgagaa	acggctacca catccaagga
361	cg	cgcaaat	acc	caatccc	gacacgggga	ggtagtgaca ataaatactg
421	ct	tttggg	tc	gtaattgg	aatgag	taca atctaaatcc cttaacgagg
481	gg	gcaagt	ct	ggtgccagca	gccg	cggtaa ttccagctcc aatagcgtat
541	tt	gcag	ttaa	aaagctcg	ta	ggtgaa
601	agt	actgg	tc	cg	ctggacc	tttcctctg gggaaacctca
661	gg	gaaccag	g	acttttactg	tg	aaaaaatt agagtgttca
721	ac	attagcat	gga	ataatag	agc	gttctat g
781	cc	gta	atgat	ta	atagggat	agtcggggc gtcag
841	tt	ggatt	tg	c	gaagactaa	ctactgcgaa agcattcgcc
901	gg	gaacg	aaa	g	ttaggggat	cgaagacgat
961	at	g	ccaact	g	ggg	ctggg
1021	caa	ag	ttttt	gg	gttctggg	gggag
1081	ga	agg	gcacc	aca	aggcgtg	gagcctgcg
1141	cag	gtccaga	ca	aaataag	attg	acagat
1201	ggt	gcaatggc	cg	ttcttagt	tg	gtggagtg
1261	gac	ctcg	gcc	ct	taaatagc	ccggtccgcg

Tab. 57: DNA-Sequenz von *Aspergillus* spec. aus der Datenbank BLAST

<i>Bradyrhizobium</i> spec. RS-46 partial 16S rRNA gene						
Accessions-Nr.: FM998034.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Bradyrhizobiaceae; <i>Bradyrhizobium</i>						
Origin:						
1	gg	ctcagagc	gaac	gctggc	ggcaggctta	acacatgcaa gtcgagcggg
61	cg	t	cagcggc	agac	gggtga	gtaacgcg
121	gg	gaaact	tg	ctaatacc	ggataagccc	ttacggggaa agatttatcg
181	gg	ccccgctc	tg	attagcta	g	ttggtgagg taacggctca
241	tg	gtctgaga	ggat	gatcag	ccacattggg	actgagacac ggcccaaact
301	gc	agcag	tg	gg	ggaatattgg	acaatggggc caagcctgat
361	at	gaaggccc	tag	gggttgta	aagctctttt	gtgcgggaag ataatgacgg
421	ata	agccccg	g	ctaactctc	tgccagcagc	cgcgtaata cgaagggggc
481	cg	gaatcact	gg	gcgtaaa	gg	gtgcgtagg cgggtcttta
541	ag	ctcaactc	cg	aaactgccc	cttgatactg	aggatcttga gttcgggaga
601	act	gcgagtg	tag	agg	tgaa	attcgtagat attcgcgaaga
661	tc	actggccc	ga	ta	ctgacg	ctgaggcacg aaagcgtggg
721	cc	tggtagtc	ca	gc	cgtaa	acgatgaatg ccagccgttg
781	c	gagcctaac	g	ctttaaagca	ttccgcctgg	ggagtagcgt cgaagatta
841	ga	attgacgg	gg	ccccgcac	aagcgg	tgga gcatgtgggt
901	aa	cttacc	ga	cccttgaca	tcccggctgc	ggtttccaga gatggattcc
961	ct	ggaccgg	g	acaggtgct	gcatggctgt	cgtcagctcg tgtcgtgaga
1021	ag	tc	ccgca	cgagcgaac	ccccgtcctt	agttgctacc atttagttga
1081	ga	gactgccc	gt	gataagcc	gcgaggaagg	tggggatgac gtcaagtcct
1141	ac	gggctggg	ct	acacacg	gctacaatgg	cggtgacaat gggacgctaa
1201	tt	cgcaaatc	t	caaaaagcc	gtctcagttc	ggattgggct ctgcaactcg
1261	gt	ctggaatcg	ct	agtaatcg	tggtacagca	tgccacgggt aatcagttcc
1321	ac	acaccg	cc	ctcacacca	tgggagttgg	ttttaccgaa gacgggtg
1381	gg	ggcagccc	g	ccacggta		

Tab. 58: DNA-Sequenz von *Bradyrhizobium* spec. RS-46 aus der Datenbank BLAST

<i>Brevundimonas bullata</i> strain BW56UT1570 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JF276904.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Caulobacteriales; Caulobacteraceae; <i>Brevundimonas</i>						
Origin:						
1	gg	cc	taacac	atg	caagtcg	aacggaccct
61	c	gtggg	aa	c	g	tccttagg
121	g	cccttc	gg	g	g	g
181	g	aggt	aat	g	g	g
241	t	ggg	atg	ag	acacggcccc	agcagatcag
301	g	gcg	aaagcc	tg	acgcaagcc	atgcccgtg
361	tt	cacc	ggg	g	at	g
421	c	agcc	g	gg	t	agcgt
481	t	agg	cg	g	g	g
541	a	ct	gg	g	g	g
601	a	g	at	at	tc	g
661	c	g	ca	aa	agc	g

721	atgtagt	gtcgggctgc	atgcagttcg	gtgacgcagc	taacgcatta	agcaatccgc
781	ctgggggagta	cggtcgcaag	attaaaactc	aaaggaattg	acgggggccc	gcacaagcgg
841	tggagcatgt	ggtttaattc	gaagcaacgc	gcagaacctt	accacctttt	gacatgcctg
901	gaccgccacg	gagacgtggc	tttctcttcg	gagactagga	cacaggtgct	gcatggctgt
961	cgtagctcg	tgtc				

Tab. 59: DNA-Sequenz von *Brevundimonas bullata* strain BW56UT1570 aus der Datenbank BLAST

<i>Caulobacter vibrioides</i> strain JCT-7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ675297.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Caulobacterales; Caulobacteraceae; <i>Caulobacter</i>						
Origin:						
1	gtcgaacgga	tccttcggga	ttagtggcgg	acgggtgagt	aacacgtggg	aacgtgcctt
61	ttggttcgga	acaactcagg	gaaacttgag	ctaataccgg	atgtgccctt	cgggggaaaag
121	atttatcgcc	attggagcgg	cccgcgtctg	attagctagt	tgggtgggta	aaggcccacc
181	aaggcgacga	tcagtagctg	gtctgagagg	atgatcagcc	acattggggac	tgagacacgg
241	cccaaactcc	taooggaggc	agcagtgggg	aatcttgcgc	aatgggcgaa	agcctgacgc
301	agccatgcc	cgtgaatgat	gaaggtctta	ggattgtaaa	attctttcac	cggggaagat
361	aatgacggta	ccgggagaag	aagcccggc	taacttcgtg	ccagcagccg	cggtaatacg
421	aagggggcta	gcgttgctcg	gaattactgg	gcgtaaaggg	agcgtaggcg	gactgttaag
481	ttagaggtga	aagcccaggg	ctcaaccttg	gaattgcctt	tgatactggc	agtcttgagt
541	acggaagagg	tatgtggaac	tccgagtgtg	gaggtgaaat	tcgtagatat	tcgggaagaac
601	accagtggcg	aaggcgacat	actggtccgt	tactgacgct	gaggctcgaa	agcgtgggga
661	gcaaacagga	ttagataccc	tggtagtcca	cgccgtaaac	gatgagtgct	agttgtcggc
721	atgcatgcat	gtcggtgacg	cagctaacgc	attaagcact	ccgcctgggg	agtaacggctg
781	caagattaaa	actcaaaagga	attgacgggg	gcccgcacaa	cggtgggagc	atgtgggtta
841	attcgaagca	acgcgacaga	ccttaccacc	ttttgacatg	octggaccgc	cacagagatg
901	tggttttccc	ttcggggact	gggacat			

Tab. 60: DNA-Sequenz von *Caulobacter vibrioides* JCT-7 aus der Datenbank BLAST

<i>Caulobacter</i> spec. DNA for 16S ribosomal RNA, strain FWC08						
Accessions-Nr.: AJ227762.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Caulobacterales; Caulobacteraceae; <i>Caulobacter</i>						
Origin:						
1	agcgaacgct	ggcggcaggc	ctaacacatg	caagtgcgaac	ggatccttcg	ggattagtgg
61	cggacggggt	agtaaacacgt	gggaacgtgc	cctttgggtc	ggaacaactc	agggaaactt
121	gagctaatac	cggatgtgcc	cttcggggga	aagatttatc	gccattggag	cgcccgcggt
181	ctgattagct	agttgggtgag	gtaaaggctc	accaaggcga	cgatcagtag	ctggtctgag
241	aggatgatca	gccacattgg	gactgagaca	cggcccaaac	tcctacggga	ggcagcagtg
301	gggaatcttg	cgcaatgggc	gaaagcctga	cgcagccatg	ccgcgtgaat	gatgaaggtc
361	ttaggattgt	aaaattcttt	caccggggac	gataatgacg	gtaccocggg	aagaagcccc
421	ggctaacttc	gtgccagcag	ccgcggtaat	acgaaggggg	ctagcgttgc	tcggaattac
481	tgggcgtaaa	gggagcgtag	gcggactggt	tagtcagagg	tgaagggcca	gggctcaacc
541	ttggaattgc	ctttgatact	ggcagctctg	agtacggaag	aggtatgtgg	aactccgagt
601	gtagaggtga	aattcgtaga	tattcggaa	aacaccagtg	gcgaaggcga	catactggtc
661	cgttactgac	gctgaggctc	gaaagcgtgg	ggagcaaa	ggattagata	ccctggtagt
721	ccacgccgta	aacgatgagt	gctagtgtgc	ggcatgcatg	catgtcggtg	acgcagctaa
781	cgcaattaagc	actccgcctg	gggagtacgg	tcgcaagatt	aaaactcaaa	ggaattgacg
841	ggggcccgca	caagcgggtg	agcatgtggt	ttaattcgaa	gcaacgcgca	gaaccttacc
901	accttttgac	atgcccggac	cacctcagag	atgaggcttt	cccttcgggg	actgggacac
961	aggtgctgta	tggctgtcgt	cagctcgtgt	cgtgagatgt	tgggttaagt	ccgcacaaga
1021	gcgcaacct	cgcgattagt	tgccatcagg	tttggctggg	cactctaatac	gtactgccgg
1081	agttaatccg	gaggaaggcg	gggatgacgt	caagtccctca	tggcccttac	aaggtgggct
1141	acacacgtgc	tacaatggcg	actacagagg	gctgcaatcc	cgcgaggggg	agccaatccc
1201	taaaagtctg	ctcagttcgg	attgttctct	gcaactcgag	agcatgaaat	tggaatcgct
1261	agtaatcgcg	gatcagcatg	ccgcggtgaa	tacgttcccg	ggccttgtag	acaccgcccg
1321	tcacaccatg	ggagttggct	ttaccggaag	gcgctgcgct	aactcgcaag	agaggcagcg
1381	gaccacggta	gggtcagcga	ctggggtgaa	gtcgtaaaca	ggtagccgta	ggggaacctg
1441	c					

Tab. 61: DNA-Sequenz von *Caulobacter* spec. FWC08 aus der Datenbank BLAST

<i>Caulobacter</i> spec. ECN-2008 partial 16S rRNA gene						
Accessions-Nr.: AM940947.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Caulobacterales; Caulobacteraceae; <i>Caulobacter</i>						
Origin:						
1	ggcaggccta	acacatgcaa	gtcgaacgga	tccttcggga	ttagtggcgg	acgggtgagt
61	aacacgtggg	aacgtgcctt	ttggttcgga	acaacgcaga	gaaatttgcg	ctaataccga
121	atgtgcccct	cgggggaaaag	atztatcgcc	attagagcgg	cccgcgtctg	attagctagt
181	tggtagggtg	aaggctcacc	aaggctacga	tcagtagctg	gtctgagagg	atgatcagcc
241	acattggggac	tgagacacgg	cccaaactcc	tacgggaggc	agcagtgggg	aatcttgcgc
301	aatgggcgaa	agcctgacgc	agccatgccg	cgtgaatgat	gaaggtctta	ggattgtaaa
361	attctttcac	cggggacgat	aatgacggta	cccggagaag	aagcccggc	taacttcgtg
421	ccagcagccg	cggtaatacg	aagggggcta	gcgttgctcg	gaattactgg	gcgtaaaggg

481	agcgtagcgg	gatagtttag	tcagaggtga	aagcccaggg	ctcaaccttg	gaattgcctt
541	tgatactggc	tatcttgagt	ttgggagagg	tgagtggaa	tccgagtgta	gaggtgaaat
601	tcgtagatat	tcggaagaac	accagtggcg	aaggcgactc	actggcccaa	tactgacgct
661	gaggctcgaa	agcgtgggga	gcaaacagga	ttagataccc	tggtagtcca	cgccgtaaac
721	gatgagtgct	agttgtcggc	atgcatgcat	gtcggtgacg	cagctaaccg	attaagcact
781	ccgcctgggg	agtacggctg	caagattaaa	actcaaagga	attgacgggg	gcccgcacaa
841	cgggtggagc	atgtggttta	attcgaagca	acgcgcagaa	ccttaccacc	ttttgacatg
901	ctgggaccgc	tgacagatg	cagttttccc	ttcggggacc	aggacacagg	tgctgcatgg
961	ctgtcgtcag	ctcgtgctcg	gagatggttg	gttaagtccc	gcaacgagcg	caaccacg
1021	ctttagttag	catcatttag	ttgggcaact	taaagggacc	gcccgtggta	agccggagga
1081	aggtgtggat	gacgtcaagt	cctcatggcc	cttacaggg	gggctacaca	cgtgctacaa
1141	tggcgactac	agagggttgc	aagccagcga	tggtgagcca	atccctaaaa	gtcgtctcag
1201	ttcggattgt	tctctgcaac	tcgagagcat	gaagttggaa	tcgctagtaa	tcgcgatca
1261	gcatgcgccg	gtgaatacgt	tcccgggctc	tgtacacacc	gcccgtcaca	ccatgggagt
1321	tggttctacc	cgaagcgatg	cgtaaccgc	aaggaggcag	tcgaccacg	tagggtcagc
1381	gactgggg					

Tab. 62: DNA-Sequenz von *Caulobacter* spec. ECN-2008 aus der Datenbank BLAST

<i>Chitinibacter</i> spec. SK16 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JN981166.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Neisseriales; Neisseriaceae; <i>Chitinibacter</i>						
Origin:						
1	gctgctgctg	ctttaacatg	cagtcgaacg	gcagcacgga	cttcggctcg	gtggcgagtg
61	gcgaacgggt	gagtaataca	tcggaacgta	cccagtaatg	ggggataact	atccgaagg
121	atagctaata	ccgcatacgc	cctacggggg	aaagaggggg	atcgcaagac	ctcttggtat
181	tggagcggcc	gatggctgat	tagctagttg	gtagggtaaa	ggcctacca	ggcaacgatc
241	agtagcgggt	cttagaggac	gatccgccac	actggaactg	agacacggtc	cagactccta
301	cgggagcgag	cagtggggaa	tcttgacaaa	tgggcaag	cctgatccag	caatgcccg
361	tgcgtaaga	aggccttcgg	gttgtaaagc	gctttgtca	gggagcaaat	ccttggtgct
421	aataccacc	gggatgaga	gtacctgaag	aataaggacc	ggctaactac	gtgccagcag
481	ccgcggtaat	acgtagggtc	caagcgttaa	tcggaattac	tgggcgtaaa	gcgtgcgcag
541	gtggtttggt	aagcacgatg	tgaatcccc	gagctcaact	tgggaattgc	atgtgaaact
601	ggctaactag	agtacggcag	aggggggtg	aattccactg	gtagcagtag	aatgcgtaga
661	gatgtggagg	aacaccgatg	gcgaaggcaa	ccccctgggc	tgatactgac	actcatgcac
721	gaaagcgtgg	ggagcaaaaca	ggattagata	ccctggtagt	ccacgccccta	aacgatgtct
781	actagtgtgt	gggcttttcg	gagcttagta	acgcagctaa	cgcgtgaagt	agaccgcctg
841	gggagtaacg	tcgcaagact	aaaactcaaa	ggaattgacg	ggggcccgca	caagcgttgg
901	atgatgtgga	ttaattcgat	gcaacgcgaa	aaaccttacc	tggtcttgac	atgtacggaa
961	tcctttagag	atagaggagt	gccttcggga	accgtaaac	aggtgctgca	tggtctgctg
1021	cagctcgtgt	cgtgagatgt	tgggttaagt	cccgaacga	gcgcaaccct	tgccactagt
1081	tgctaccatt	cagttgagca	ctttagtggg	actgcccggg	acaaccgga	ggaaggtggg
1141	gatgacgtca	agtcctcatg	gcccttatga	ccagggcttc	acacgtcata	caatggctcg
1201	tacagagggt	cgctaaccgc	cgagggggtg	ccaatctcac	aaaaccgatc	gtagtccgga
1261	ttgcaactctg	caactcgagt	gcatgaagtc	ggaatcgcta	gtaatcgcg	atcagcatgt
1321	cgcggtgaat	acgttcccgg	gccttgtaaca	caccgcccgt	cacaccatgg	gagtggtttt
1381	caccagaagt	aggtaggcta	accgtaagga	ggccgcttac	cacggtggga	ttcatgactg
1441	gggtgaagtc	gaacaaggag	cgagg			

Tab. 63: DNA-Sequenz von *Chitinibacter* spec. SK16 aus der Datenbank BLAST

<i>Cladosporium</i> spec. 2 FW1PhC3-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JX273057.1						
Taxonomie:						
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Dothideomycetidae; Capnodiales; Davidiellaceae; mitosporic Davidiellaceae; <i>Cladosporium</i>						
Origin:						
1	gtctaagtat	aagcaactat	acggtgaaac	tgcgaaatggc	tcattaaatc	agttatcgtt
61	tatttgatag	tacctacta	catggataac	cgtggtaatt	ctagagctaa	tacatgctaa
121	aaacctcgac	ttcgggaagg	gtgtatttat	tagataaaaa	accaatgccc	ttcggggctc
181	cttggtgaat	cataataact	taacgaatcg	catggccttg	cgccggcgat	ggttcattca
241	aatttctgcc	ctatcaactt	tcgatggtag	gatagtggcc	taccatggta	tcaacgggta
301	acggggaatt	agggttcgac	tccggagagg	gagcctgaga	aacggctacc	acatccaagg
361	aaggcagcag	gcgcgcaaat	taccacaatc	cgacacgggg	aggtagtgac	aataaatact
421	gatacagggc	tctttgggt	cttgtaattg	gaatgagtag	aatttaaatc	ccttaacgag
481	gaacaattgg	agggcaagtc	tggtgccagc	agcccgggta	attccagctc	caatagcgtg
541	tattaaagtt	gttgcagtta	aaaagctcgt	agttgaaact	tgggcctggc	tggccggctc
601	gcctcaccgc	gtgtactgg	ccggccgggc	ctttccttct	ggggaacctc	atgcccttca
661	ctggcggtgt	tggggaacca	ggacttttac	tttgaaaaaa	ttagagtgtt	caaagcagc
721	ctttgctcga	atacattagc	atggaataat	agaataggac	gtgtgggtct	attttggtgg
781	tttctaggac	cgccgtaaat	attaatagg	atagtgggg	gcatcagtag	tcaatcgtca
841	gaggtgaaat	tcttggtatg	attgaagact	aactactcgc	aaagcatttg	ccaaggtatg
901	tttcattaat	cagtgaaacg	aagtagggg	atcgaagacg	atcagatacc	ctcgtatctc
961	taaccataaa	ctatgccgac	tagggatcgg	acgggtttag	tattttgacc	cgttcggcac
1021	cttacagaaa	atcaaagttt	ttgggttctg	gggggagtag	ggtcgcaagg	ctgaaactta
1081	aagaaattga	cggaagggca	ccaccaggcg	tggagcctgc	ggcttaattt	gactcaacac

1141	ggggaaactc	accaggtcca	gacacaataa	ggattgacag	attgagagct	ctttcttgat
1201	tttgtgggtg	gtgggtgc atg	gccgttctta	gttgggtggag	tgattttgtct	gcttaattgc
1261	gataacgaaac	gagaccttaa	cctgtataat	agccaggccc	gctttggcgg	gtcgccggct
1321	tcttagaggg	actatcggct	caagccgatg	gaagtttgag	gcaataacag	gtctgtgatg
1381	cccttagatg	ttctgggccc	cacgcgcgct	acactgacag	agccaacgag	ttcatttcct
1441	tagccgaaaag	gtttgggtaa	tcttgttaaa	ctctgtcgtg	ctggggatag	agcattgcaa
1501	ttattgtctc	tcaacgagga	atgcctagta	agcgc atgtc	atcagcatgc	gttgattacg
1561	tccctgccct	ttgtacacac	cgcccgtcgc	tactaccgat	tgaatggctc	ggtgaggcct
1621	tcggactggc	ccaggagggt	cggcaacgac	caccaggggc	cggaaagtgt	gtcaaacccg
1681	gtcatttaga	ggaagtaaaa	gtcgtataca	ggt		

Tab. 64: DNA-Sequenz von *Cladosporium* spec. 2 FW1PhC3-1 aus der Datenbank BLAST

<i>Crenothrix polyspora</i> clone 23 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: DQ295890.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Methylococcales; Crenotrichaceae; <i>Crenothrix</i>						
Origin:						
1	agagtttgat	catggctcag	attgaacgct	ggcggtatgc	ttaacacatg	caagtcgaac
61	ggtagcaggc	cttcggggcg	tgacgagtgg	cggacgggtg	agtaacgctg	aggaatctgc
121	ctgttagtgg	gggacaacgt	gtggaaacgc	acgtaatac	cgcatacggc	ctacggggga
181	aaggggggga	ccttcggggc	tttcgctaac	agatgagcct	gcgttggatt	agctagtgtg
241	tagggtaaaag	gacctaccaag	gcgacgatcc	atagctggtc	tgagaggacg	atcagccaca
301	ctgggactga	gacacggccc	agactcctac	gggaggcagc	agtggggaat	attggacaat
361	gggcgcaagc	ctgatccagc	aatacgcgct	gtgtgaagaa	ggccttaggg	ttgtaaaaga
421	ctttcaatgg	ggaggaaaaa	ggcaagccca	atcgttttgc	ccttgacatt	accatacaca
481	gaagcaccgg	ctaactccgt	tgaggcacga	gcggtataac	ggaggggtga	agcgttaatc
541	ggaattactg	ggcgtaaagc	gtgcgtaggc	ggcctgttaa	gtcagatgtg	aaagccccgg
601	gcttaacctg	ggaactgcat	ttgaaactgg	caggctagag	ttgggtagag	gggagtggaa
661	tttcaggtgt	agcggtgaaa	tgcgtagata	tctgaaggaa	caccagtggc	gaaggcgact
721	ccctggacc	aaactgacgc	tgaggcacga	aagcgtgggt	agcaaacagg	attagatacc
781	ctggtagtcc	acgccgtaaa	cgatgtcgac	tagccgttgg	gtccttttag	ggtttagtgg
841	cgcagctaac	gcattaagtc	gaccgcctgg	ggagtacggc	cgcaagggtta	aaactcaaat
901	gaattgacgg	gggcccgcac	aagcggtgga	gcatgtgggt	taattcgatg	caacgcgaag
961	aaacttaact	acccttgaca	tgctgaaaat	ccctgagaga	ttggggagtg	ccttcgggaa
1021	tcagaacaca	ggtgctgcat	ggctgtcgtc	agctcgtgtc	gtgagatgtt	gggttaagtc
1081	ccgtaacgag	cgcaaccctt	gtccttagtt	gccagcgcgt	aatggcggga	actctaggga
1141	gactgcgggt	gataaacggg	aggaagggtg	ggacgacgtc	aagtcatcat	ggcctttatg
1201	ggtagggcta	cacacgtgct	acaatggccc	gtacagaggt	ctgcgaactt	gcgaaagtaa
1261	gccaatccca	gaaagccggg	cccagtcggg	attggagtct	gcaactcgac	tccatgaagt
1321	cggaaatcgt	agtaatcgcg	aatcagaatg	tcgcggtgaa	tacgttcccg	ggccttgtag
1381	acaccgccc	tcacaccatg	ggagtgggtt	gcaaaagaag	taggtagtct	aaccgcaagg
1441	agggcgctta	ccactttgtg	attcatgact	ggggtgaagt	cgtaaccaagg	tagcc

Tab. 65: DNA-Sequenz von *Crenothrix polyspora* aus der Datenbank BLAST

<i>Davidiella tassiana</i> strain UFMGCB 3684 18S ribosomal RNA gene, partial sequence						
(anamorph: <i>Cladosporium herbarum</i>)						
Accessions-Nr.: HQ533794						
Taxonomie:						
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Dothideomycetidae; Capnodiales; Davidiellaceae; <i>Davidiella</i>						
Origin:						
1	cgccgggctt	ggcctgttta	tcataaccct	ttgttgcga	ctctgttgc	cggggcgac
61	ctgccttcgg	gcgggggctc	cgggtggaca	cttcaaaact	ttgcgtaact	ttgcagctcg
121	agtaaaactta	ttaataaatt	aaaactttta	acaacggatc	tcttggttct	ggcatcgatg
181	aagaacgcag	cgaaatcgca	taagtaatgt	gaattgcaga	attcagtgaa	tcatcgaatc
241	tttgaacgca	cattgcgcc	cctgtattc	cggggggcat	gcctgttcca	gcgtcatttc
301	accactcaag	cctcgcttgg	tattgggcaa	cgcggtccgc	gcgtgctcaa	tcgtccggct
361	gggtcttctg	t				

Tab. 66: DNA-Sequenz von *Davidiella tassiana* UFMGCB 3684 aus der Datenbank BLAST

<i>Ectothiorhodospira</i> spec. AM4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: EU252492.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Chromatiales; Ectothiorhodospiraceae; <i>Ectothiorhodospira</i>						
Origin:						
1	gattagagtt	tgatcctggc	tcagattgaa	cgctggcggc	atgcttaaca	catgcaagtc
61	gaacggtaac	aggccttcgg	gcgctgacga	gtggcggacg	ggtgagtaac	gcgtaggaaat
121	ctgcctggta	gtgggggaca	acccggggaa	actcgggcta	ataccgcata	cgccctaagg
181	gggaaagcgg	gggctcttcg	gacctcgcgc	tatcagatga	gcctgcgtcc	gattagctag
241	ttgggtgggt	aatggccac	caaggcgacg	atcggtagct	ggtctgagag	gatgatcagc
301	cacactggga	ctgagacacg	gcccagactc	ctacgggagg	cagcagtggtg	gaatattgga
361	caatggggcg	aagcctgatc	cagcaatgcc	gcgtgtgtga	agaaggcctg	cgggttgtaa
421	agcactttca	gtggggagga	aaagcgggtg	cctaatacgt	gcctgacttg	acgttaccca
481	cagaagaagc	accggctaac	tcctgtccag	cagccggcgt	aatacggagg	gtgcaagcgt
541	taatcggaat	tactggcgct	aaagcgcacg	taggtgggtga	tgtcagtcag	atgtgaaagc

601	cctgggctca	acctgggaac	tgcactctgat	actgcatggc	tagagtttg	tagaggagag
661	tggaaatttc	ggtgtagcgg	tgaaatgcgt	agatatcgg	aggaacacca	gtggcgaagg
721	cgactctctg	gactaaaact	gacactgagg	tgcgaaagc	tggggagcaa	acaggattag
781	ataccctggt	agtccacgcc	gtaaacgatg	agaactagcc	gttgggaggg	tttaacctct
841	tagtggcgca	gcaaacgcgt	taagtctctc	gcctggggag	tacggccgca	aggttgaaac
901	tcaaaggaat	tgacgggggc	ccgcacaagc	ggtggagcat	gtggtttaat	tcgatgcaac
961	gcgaagaacc	ttacctgccc	ttgacatcct	cggaatcctg	cagagatgtg	ggagtgcctt
1021	cggaaccca	gtgacaggtg	ctgcatggct	gtcgtcagct	cgtgctgta	gatgttgggt
1081	taagtcccg	aacgagcgca	acccttgtcc	ctagttgcc	acactttggg	tgggaactct
1141	agggagactg	ccggtgacaa	accggaggaa	ggtggggatg	acgtcaagtc	atcatggccc
1201	ttatgggag	ggctacacac	gtgctacaat	ggccagtaca	gtgggttgcc	aagccgcgag
1261	gtggagctaa	tcccaaaaag	ctggctgtag	tccggattgg	agtctgcaac	tcgactccat
1321	gaagtcgaa	tcgctagtaa	tcgcagatca	gcattgctgc	ggtgaatacg	ttccggggcc
1381	ttgtacacac	cgcccgtcac	accatgggg	ttgctgac	cagaagtgga	tagtccaacc
1441	ttcgggagga	cgttcaccac	ggtgtggtca	atgactgggg	tgaagtctga	acaaggtagc
1501	cg					

Tab. 67: DNA-Sequenz von *Ectothiorhodospira spec.* AM4 aus der Datenbank BLAST

<i>Enterobacter cloacae</i> strain MS-27 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ038222.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; <i>Enterobacter cloacae</i> complex						
Origin:						
1	ccttgccgca	gctacacatg	caagtgcgaac	ggtagcacag	agagcttgct	ctcgggtgac
61	gagtgccgga	cggtgagta	atgtctggga	aactgcctga	tggaggggga	taactactgg
121	aaacggtagc	taataccgca	taacgtcgca	agaccaaaga	gggggacctt	cgggcctctt
181	gccatcagat	gtgccagat	gggattagct	agtagggtgg	gtaacggctc	acctaggcga
241	cgatccctag	ctggctgag	aggatgacca	gccacactgg	aactgagaca	cggtccagac
301	tcctacggga	ggcagcagtg	gggaatattg	cacaatgggc	gcaagcctga	tcgagccatg
361	ccgctgtgat	gaagaaggcc	ttcgggttgt	aaagtacttt	cagcggggag	gaaggtgttg
421	tggttaataa	ccgcagcaat	tgacgttacc	cgcagaagaa	gcaccggcta	actccgtgcc
481	agcagccgcg	gtaatacgg	gggtgcaagc	gttaatcgg	attactgggc	gtaaagcgca
541	cgcagccgct	ctgtcaagtc	ggatgtgaaa	tccccgggct	caacctggga	actgcattcg
601	aaactggcag	gctagagtct	tgtagagggg	ggtagaattc	caggtgtagc	ggtgaaatgc
661	gtagagatct	ggaggaatac	cggtggcgaa	ggcggccccc	tggacaaaaga	ctgacgctca
721	ggtgcgaaag	cgtggggagc	aaacaggatt	agataccctg	gtagtccacg	cgtaaacga
781	tgtcgacttg	gaggttctgc	ccttgaggcg	tggcttccgg	agctaaccg	ttagctgac
841	cgctggggga	gtacggccgc	aaggttaaaa	ctcaaatgaa	ttgacggggg	cccgcacaag
901	cggtggagca	tgtggtttaa	ttcgatgcaa	cgcgaagaac	cttacctact	cttgacatcc
961	agagaactta	gcagagatgc	tttgggtcct	tcgggaactc	tgagacaggt	gctgcatggc
1021	tgtctgcagc	tcgtgttgtg	aaatgttggg	ttaagtcccc	caacgagcgc	aaccttatac
1081	ctttgtgtgc	agcggctcgg	ccgggaactc	aaaggagact	gccagtgata	aactggagga
1141	aggtggggat	gacgtcaagt	catcatggcc	cttacgagta	gggctacaca	cgtgctacaa
1201	tggcgcatac	aaagagaagc	gaactcgcca	gagcaagcgg	acctcataaa	gtgctgctga
1261	gtccggattg	gagcttgcaa	ctcgactcca	tgaagtccga	atcgctagta	atcgtagatc
1321	agaatgctac	ggtgaatacg	ttccccggcc	ttgtacacac	cgcccgtcac	accatgggag
1381	tgggttgcaa	aagaagtagg	tagcttaacc	ttcgggaggg	cgcttaccac	tttggatcag
1441	atg					

Tab. 68: DNA-Sequenz von *Enterobacter cloacae* MS-27 aus der Datenbank BLAST

<i>Enterobacter cloacae</i> subsp. <i>cloacae</i> ENHKU01, complete genome						
Accessions-Nr.: CP003737.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; <i>Enterobacter cloacae</i> complex						
Origin: –						
Complete genome: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/400173048?report=genbank&log\$=nucltop&blast_rank=19&RID=MB9HUZY014 (Stand: 20.08.2012)						

Tab. 69: DNA-Sequenz von *Enterobacter cloacae* subsp. *cloacae* ENHKU01 aus der Datenbank BLAST

<i>Enterobacter spec.</i> HWE-103 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ723720.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Enterobacter</i>						
Origin:						
1	gggctcagag	tgcactgtgg	cgacagggcat	cacacacaca	tctagcgcta	tcgcacgaaa
61	actttctctt	cggtgacga	gcggcggagc	ggtgagtaat	gtctgggaaa	ctgcctgatg
121	gagggggata	actactggaa	acggtagcta	ataccgcata	acgtcgcaag	accaaagagg
181	gggaccttcg	ggcctcttgc	catcagatgt	gccacagatg	gattagctag	taggtggggg
241	aacggctcac	ctaggcagc	atccctagct	ggtctgagag	gatgaccagc	cactactggaa
301	ctgagacacg	gtccagactc	ctacgggag	cagcagtggt	gaatattgca	caatggggcg
361	aagcctgatg	cagccatgcc	gcgtgtatga	agaaggcctt	cggttggtaa	agtactttca
421	gcgaggagga	aggcattgtg	gttaataacc	gcagtgattg	acgttactcg	cagaagaagc

481	accggctaac	tccgtgccag	cagccgcggt	aatacggagg	gtgcaagcgt	taatcggaat
541	tactggggcgt	aaagcgcacg	cagggcggtct	gtcaagtcgg	atgtgaaatc	cccgggctca
601	acctgggaac	tgcatcogaa	actggcaggc	tagagtcttg	tagagggggg	tagaattcca
661	gggtgtagcgg	tgaaatgcbt	agagatctgg	aggaataaccg	gtggcgaaag	cggccccctg
721	gacaaagact	gacgctcagg	tgcgaaagcg	tggggagcaa	acaggattag	ataccctggg
781	agtccacgcc	gtaaacgatg	tcgacttgga	ggttgttccc	ttgaggagtg	gcttccggag
841	ctaacgcggt	aagtcgaccg	cctggggagt	acggccgcaa	ggtaaaaact	caaatgaatt
901	gacggggggc	cgcacaagcg	gtggagcatg	tggtttaatt	cgatgcaacg	cgaagaacct
961	tacctactct	tgacatccac	agaatttagc	agagatgctt	tagtgccttc	gggaaccgtg
1021	agacaggtgc	tgcatggctg	tcgctcagctc	gtgttgtaa	atgttgggtt	aagtcccga
1081	acgagcgaac	cccttatcct	ttgttgccag	cggttcggcc	gggaactcaa	aggagactgc
1141	cagtgataaa	ctggagggaag	gtggggatga	cgtcaagtca	tcattggcct	tacgagtagg
1201	gctacacacg	tgctacaatg	gcgcatacaa	agagagcgca	cctcgcgaga	gcaagcggac
1261	ctcataaagt	gcgtcgtagt	ccggattgga	gtctgcaact	cgactccatg	aagtcggaat
1321	cgctagtaat	cgtagatcag	aatgctacgg	tgaatacgtt	cccgggcctt	gtacacaccg
1381	cccgtcacac	catgg				

Tab. 70: DNA-Sequenz von *Enterobacter* spec. HWE-103 aus der Datenbank BLAST

<i>Enterobacter</i> spec. S6BB gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence						
Accessions-Nr.: AB428448.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Enterobacter</i>						
Origin:						
1	gcctaacaca	tgcaagtcga	gcggtagcac	agagagcttg	ctctcgggtg	acgagcggcg
61	gacgggtgag	taatgtctgg	gaaactgcct	gatggagggg	gataactact	ggaacgggta
121	gctaataaccg	cataacgtcg	caagacccaa	gagggggacc	ttcgggcctc	ttgccatcag
181	atgtgcccag	atgggattag	ctagtaggtg	gggtaatggc	tcacctaggc	gacgatccct
241	agctggtctg	agaggatgac	cagccacact	ggaactgaga	cacgggccag	actcctacgg
301	gaggcagcag	tggggaatat	tgcaaatgg	gcgcaagcct	gatgcagcca	tgccgcgtgt
361	atgaagaagg	ccttcggggtt	gtaaaagtact	ttcagcgagg	aggaaggcat	agtggttaat
421	aaccacagtg	attgacgtta	ctcgcagaag	aagcaccggc	taactccgtg	ccagcagccg
481	cggtaatacg	gagggtgcaa	gcgttaatcg	gaattactgg	gcgtaaagcg	cacgcagggc
541	gtctgtcaag	tcggatgtga	aatccccggg	ctcaacctgg	gaactgcatt	cgaactggc
601	aggctagagt	cttgtagagg	ggggtagaat	tccagggtga	gcggtgaaat	agctagagat
661	ctggaggaa	accggtggcg	aaggcggccc	cctggacaaa	gactgacgct	caggtgcgaa
721	agcgtgggga	gcaaacagga	ttagataccc	tggtagtcca	cgccgtaaac	gatgtcgact
781	tgaggtgtg	tccttgagg	agtggcttcc	ggagctaacg	cgttaagtgc	accgctggg
841	gagtaaggcc	gcaagggttaa	aactcaaatg	aattgacggg	ggcccgcaac	agcggtgag
901	catgtggttt	aattcgatgc	aacgcgaaga	accttaccta	ctcttgacat	ccagagaact
961	tagcagagat	gctttgggtgc	cttcgggaac	tctgagacag	gtgctgcatg	gctgtcgtca
1021	gctcgtgttg	tgaaatgttg	ggttaagtcc	cgcaacgagc	gcaaccctta	tcctttgtg
1081	ccagcggttc	ggccgggaac	tcaaaaggaga	ctgccagtga	taaaactggg	gaaggtggg
1141	atgacgtcaa	gtcatcatgg	cccttacgag	taggggtaca	cacgtgctac	aatggcatat
1201	acaaagagaa	gcgacctcgc	gagagcaagc	ggacctcaca	aagtatgtcg	tagtccggat
1261	cggagtctgc	aactcgactc	cgtgaaagtc	gaatcgctag	taatcgtaga	tcagaatgct
1321	acgggtaata	cgttcccggg	ccttgtaacac	accgcccgtc	acaccatggg	agtgggttg
1381	aaaagaagta	ggtagcttaa	ccttcgggag	ggcgcttacc	actttgtgat	tcagtactgg
1441	ggtgaagtcg	taacaaggta	gcca			

Tab. 71: DNA-Sequenz von *Enterobacter* spec. S6BB aus der Datenbank BLAST

<i>Enterovibrio</i> spec. 09BSKS-4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: HM566000.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Vibrionales; Vibrionaceae; <i>Enterovibrio</i>						
Origin:						
1	gagcttgctt	ttgaagatga	cgagcggcgg	acgggtgagt	aatggctggg	aaactgcctc
61	gacgtggggg	ataacagttg	gaaacgactg	ctaataccgc	atgatgtcta	cggaccaaag
121	agggggatct	tcggacctct	cgctcgggga	tgggcccagt	tgggattagc	tagttggtga
181	ggtaatggct	caccaaggcg	acgatcccta	gctggtttga	gaggatgac	agccacactg
241	gaactgagac	acgggtccaga	ctcctacggg	aggcagcagt	ggggaatatt	gcacaatggg
301	cgcaagcctg	atgcagccat	gcccgcgtgtg	tgaagaaggc	cctcgggttg	taaagcactt
361	tcagcagtg	ggaagggttg	tacgttaata	gcgtattgat	ttgacgttag	ctgcagaaga
421	agcaccggct	aactccgtgc	cagcagccgc	ggtaatacgg	aggggtgcgag	cgtaaatcgg
481	aattactggg	cgtaaagcgc	atgcagggcg	ttgtttaagc	aagatgtgaa	agccccggc
541	tcaacctggg	aaccgcattt	tgaactggca	ggctagagtc	ttgtagaggg	gggtagaatt
601	tcaggtgtag	cggtgaaatg	cgtagagatc	tgaaggaaat	ccggtggcga	aggcggcccc
661	ctggacaaa	actgacgctc	agatgcgaaa	gcgtggggag	caaacaggat	tagataacct
721	ggtagtccac	cgctgaaacg	atgctactt	ggaggtgtgt	gcctagagcc	gtggcttcog
781	gagctaacgc	gttaagttag	ccgcctggg	agtacggctg	caagattaaa	actcaaatga
841	attgacgggg	gcccgcacaa	gcggtggagc	atgtggttta	attcgatgca	acgcgaagaa
901	ccttacctac	tcttgacatc	cacagaattc	gctagagata	gcttagtgcc	ttcgggaact
961	gtgagacagg	tgctgcatgg	ctgctgctag	ctcgtgttgt	gaaatgttgg	gtaagtccc
1021	gcaacagagc	caacccttat	ccttgtttgc	cagcgagtaa	tgtcgggaac	tccagggaga
1081	ctgccgggtg	taaaccggag	gaaggtgggg	acgacgtcaa	gtcatcatgg	cccttacgag
1141	tagggctaca	cacgtgctac	aatggcgtat	acagagggca	gcaagaccgc	gaggtggagc

1201 gaatcccaga aagtacgtcg tagtccggat cggagtctgc aactcgactc cgtgaagtgc
 1261 gaatcgctag taatcgtgga tcagaatgcc acggtgaata cgttcccggg ccttgtagac
 1321 accgcccgtc acaccatggg agtgggctgc accagaag

Tab. 72: DNA-Sequenz von *Enterovibrio* spec. 09BSKS-4 aus der Datenbank BLAST

<i>Erwinia persicina</i> strain mskrs1ap 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JN167937.1	
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Erwinia</i>	
Origin: 1 acagagagct tgctctcggg tgacgagtg gggacgggtg agtaatgtct gggaaactgc 61 ctgatggagg gggataacta ctggaaacgg tagctaatac cgcataacgt cttcggacca 121 aagtggggga ccttcgggcc tcaccaccatc ggatgtgccc agatgggatt agctagtagg 181 tggggtaatg gctcacctag gcgacgatcc cttagctggtc tgagaggatg accagccaca 241 ctggaactga gacacgggtc agactcctac gggaggcagc agtggggaat attgcacaat 301 gggcgcaagc ctgatgcagc catgccgcgt gtatgaagaa ggccttcggg ttgtaaagta 361 ctttcagcgg ggaggaaggg gataaggtta ataacctgtg cgattgacgt taccgcaga 421 agaagcaccg gctaactccg tgcacgcagc cgcggttaata cggaggggtg aagcgttaat 481 cggaaattact gggcgtaaa ggcacgcagg cggctgtgca agtcagatgt gaaatccccg 541 gcttaacct gggaaactgca tttgaaactg gcaggctaga gtctgtaga ggggggtaga 601 attccaggtg tagcggtgaa atgcgtagag atctggagga ataccgggtg cgaaggcggc 661 ccctggaca aagactgacg ctcaggtgcg aaagcgtggg gagcaaacag gattagatc 721 cctggtagtc cagccgtaa acgatgtcga cttggaggtt gtgcccttga ggcgtggctt 781 cggagctaa cgcgttaagt gcaccgctg gggagtacgg ccgcaagggt aaaactcaaa 841 tgaattgacg gggcccgcga caagcgggtg agcatgtggt ttaattcgat gcaacg	

Tab. 73: DNA-Sequenz von *Erwinia persicina* mskrs1ap aus der Datenbank BLAST

<i>Erwinia rhapontici</i> 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: U80206.1	
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Erwinia</i>	
Origin: 1 aacacatgca agtcgaacgg tagcacagag gagcttgctc tctgggtgac gagtggcgga 61 cgggtgagta atgcctggga aactgcccga tggaggggga taactactgg aaacggtagc 121 taataccgca taacgtcttc ggaccaaaagt gggggacctc cgggctcac accatcggat 181 gtgcccagggt gggattagct agtaggtggg gtaatggctc acctaggcga cgtaccctag 241 ctggtctgag aggatgacca gccacactgg aactgagaca cggctccagc tcctacggga 301 ggcagcagtg gggaaatattg caccaatgggc gcaagcctga tgcagccatg ccgctgtat 361 gaagaaggcc ttcgggtgtg aaagtacttt cagtggggag gaaggcagat aggttaatat 421 cctcgtcagc tgacgttacc cgcagaagaa gcaccggcta actccgtgcc agcagcccg 481 gtaatacggg ggggtgcaagc gttaatcgga attactgggc gtaaagcgca cgcagggcgg 541 ctgtcaagtc ggatgtgaaa tccccgggct caacctggga actgcattcg aaactggcag 601 actagagtct tgtagagggg ggtagaattc caggtgtagc ggtgaaatgc gtagagatct 661 ggaggaatac cgggtggcga ggcggcccc tggacaaaaga ctgacgctca ggtgcgaaag 721 cgtggggagc aaacaggatt agataccctg gtagtccacg ccgtaaacga tgtcgacttg 781 gaggtgtgct ccttgaggcg tggcttccgg agctaaccg ctaagtcgac cgctgggga 841 gtacggccgc aaggttaaaa ctcaaatgaa ttgacggggg cccgcacaag cgggtggagca 901 tctggtttaa ttcgatgcaa cgcgaagaac cttacctggc cttgacatcc acggaattcg 961 gcagagatgc cttagtgcct tcgggaaccg tgagacaggt gctgcatggc tgtcgtcagc 1021 tctgtgtgtg aaatgttggg ttaagtccc caacgagcgc aaccttatc cttgtgtgcc 1081 agcagtaaat gtcgggaact caaaggagac tgccgggtgat aaaccggagg aaggtgggga 1141 tgacgtcaag tcatcatggc ccttacggcc agggctacac acgtgctaca atggcgata 1201 caaagagaag cgacctcgc agagcaagc gacctcataa agtgcgtcgt agtccggatc 1261 ggagtctgca actcgactcc gtgaagtcgg aatcgtagt aatcgtagat cagaatgcta 1321 cggtgaatac gttcccgggc cttgtacaca ccgcccgtca caccatggga gtgggtgca 1381 aaagaagtag gtactttaac cttcgggagg gcgcttacca cttgtgatt catgactggg 1441 gtgaagtcgt aacaaggt	

Tab. 74: DNA-Sequenz von *Erwinia rhapontici* aus der Datenbank BLAST

<i>Exiguobacterium undae</i> gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB334767.1	
Taxonomie: Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillales Family XII. Incertae Sedis; <i>Exiguobacterium</i>	
Origin: 1 agagtttgat cctggctcag gacgaacgct ggcggcgtgc ctaatacatg caagtcgagc 61 gcaggaaagct cacggaactc ttcggagggg agtgaaggga atgagcggcg gacgggtgag 121 taacacgtaa ggaacctgcc ccaaggattg ggataactcc gagaaatcgg agctaatacc 181 gaatagtctc tcagaccgca tggctctgatg atgaaaggcg ctncggcgtc accttgggat 241 ggccttcggg tgcattagct agttgggtgg gtaacggctc accaaggcga cgtatgcatg 301 ccgacctgag aggggtgatc gccacactgg gactgagaca cggcccagac tctacaggga 361 ggcagcagta gggaaatcttc caccaatggac gaaagtctga tggagcaacg ccgctgagat 421 gatgaagggt ttcggatcgt aaaactctgt tgaagggaa gaacaagtac gagaggtaat 481 gctcgtacct tgacggtaac ttgcgagaaa gccacggcta actacgtgcc agcagcccg 541 gtaatacgtg ggtggcaagc gttgtccgga attattgggc gtaaacggcg cgcagggcgc 601 gttttaagtc tgatgtgaaa gccccggct caaccgggga gggctattgg aaactggaag	

661	gcttgagtagc	agaagagaag	agtggaattc	catgtgtagc	ggtgaaatgc	gtagagatgt
721	ggaggaacac	cagtgggcga	ggcgactcct	tggtctgtaa	ctgacgctga	ggcgcgaaa
781	ctgtggggagc	aaacagggatt	agataccctg	gtagtccacg	ccgtaaacga	tgagtctag
841	gtgttggggg	gtttccgccc	ctcagtgctg	aagctaacgc	attaagcact	ccgcctgggg
901	agtacggccg	caaggctgaa	actcaaagga	attgacgggg	accgcacaa	gcggtggagc
961	atgtggttta	attcgaagca	acgcgaagaa	ccttaccaac	tcttgacatc	cccttgaccg
1021	cttgagagat	caagttttcc	cttcggggac	aagggtgaca	ggtggtgcat	ggttgctgtc
1081	agctcgtgtc	gtgagatggt	gggttaagtc	ccgcaacgag	cgcaaccctt	atccttagtt
1141	gccagcattt	agttgggcac	tctagggaga	ctgccgggta	caaaccggag	gaaggtgggg
1201	atgacgtcaa	atcatcatgc	cccttatgag	ttgggctaca	cacgtgctac	aatggacggt
1261	acaaagggca	gcgagaccgc	gaggtggagc	caatcccaga	aagccgttcc	cagttcggat
1321	tgcaggctgc	aactcgcctg	catgaagtcg	gaatcgctag	taatcgcagg	tcagcatact
1381	gcggtgaata	cgttccgggg	tcttgtagac	accgcccgtc	acaccacgag	agtttgcaac
1441	acccgaagcc	ggtgaggtaa	ccgnaaggag	ccagccgctg	aaggtggggg	agatgattgg
1501	ggtgaagtcg	taacaaggta	acc			

Tab. 75: DNA-Sequenz von *Exiguobacterium undae* aus der Datenbank BLAST

<i>Flavobacterium denitrificans</i> strain JS14-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: EU599190.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>						
Origin:						
1	tgcaagtcga	ggggtagggc	acttcggtgc	ttgagaccgg	cgcaagggtg	cgtaacgcgt
61	atgcaatctg	cctttcacag	agggatagcc	cagagaaatt	tggattaata	cctcatagca
121	ttacgggatg	gcatcatcct	gcaattaaag	tcacaacggt	gaaagatgag	catgcgctcc
181	attagctagt	tggtaaaggta	acggcttacc	aaggcaacga	tgggtagggg	tctgagagg
241	gagatccccc	acactggtag	tgagacacgg	accagactcc	tacgggaggc	agcagtgagg
301	aatattgggtc	aatgggcgca	agcctgaacc	agccatgccc	cgtgcaggat	gacggctcta
361	tggattgtaa	actgcttttg	tacgggaaga	aactcctct	cgtgaaggag	cttgacggta
421	ccgtaagaat	aaggatcggc	taactccgtg	ccagcagccg	cggtaatcac	gaggatccaa
481	gcggtatccg	gaatcattgg	gtttaaaggg	tccgtaggcg	gtctggttaag	tcagtgggtga
541	aagcccctcg	ctcaacgggtg	gaacggccat	tgatactgct	ggacttgaat	tactgggaag
601	caactagaat	atgtagtgtg	gcggtgaaat	gcttagagat	tacatggaat	accaattgcy
661	agggcagggt	gtaccagtg	gtatgacgct	gatggacgaa	agcgtgggta	gcgaacagga
721	ttagataccc	tggtagtcca	cgccgtaaac	gatggatact	agctgttggg	agcaatctca
781	gtggctaagc	gaaagtgata	agtatcccac	ctggggagta	cgttcgcaag	aatgaaactc
841	aaaggaattg	acggggggccc	gcacaagcgg	tggagcatgt	ggtttaattc	gatgatacgc
901	gaggaacctt	accaagggctt	aaatgcagac	tgaccgattt	ggaacacagat	ccttcgcaag
961	acagtttaca	aggtgctgca	tggttgtcgt	cagctcgtgc	cgtgaggtgt	caggttaagt
1021	cctataacga	gcgcaacccc	tggtgttagt	tgccagcgag	tagtgctcggg	aactcctaaca
1081	agactgccag	tgcaaaactgt	gaggaaggtg	gggatgacgt	caaatcatca	cgcccttac
1141	gccttgggct	acacacgctg	tacaatggcc	ggtacagaga	gcagccacct	cgcgaggggg
1201	agcgaatcta	taaagccggg	cacagttcgg	atcggagtct	gcaactcgac	tccgtgaagc
1261	tggaaatcgt	agtaatcgga	tatcagccat	gatccgggtg	atagcttccc	ggccttcta
1321	cacaccgccc	gtcaagccat	ggaagctggg	ggtgcctgaa	gtcggtgacc	gcaaggagc

Tab. 76: DNA-Sequenz von *Flavobacterium denitrificans* JS14-1 aus der Datenbank BLAST

<i>Flavobacterium hercynium</i> partial 16S rRNA gene, strain WB 4.2-78						
Accessions-Nr.: AM177627.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>						
Origin:						
1	tggtctcagga	tgaacgctag	cggcaggcctt	aacacatgca	agtcgagggg	tagagtagca
61	atacttgaga	ccggcgcaac	gggtcgtaac	gcgtatgcaa	tctacctttt	acagagggat
121	agcccagaga	aattttggatt	aatacctcat	agattatag	aatggcatca	ttttataatt
181	aaagtcacaa	cggtaaaaga	tgagcatgcg	tccattagc	tagttggtaa	ggtaacggct
241	taccaaggct	acgatgggta	ggggctcctga	gagggagatc	ccccacactg	gtactgagac
301	acggaccaga	ctcctacggg	aggcagcagt	gaggaatatt	ggacaatggg	cgcaagcctg
361	atccagccat	gccgcgtgca	ggatgacggg	cctatggatt	gtaaaactgt	ttatacagag
421	aagaaacact	acttcgtgaa	gtagcttgac	ggatcgttaa	gaataaggat	cggttaactc
481	cgtgccagca	gccgcggtaa	tacggaggat	ccaagcgtta	tccggaatca	ttgggtttaa
541	agggctcgtg	ggcggtttag	taagtcagtg	gtgaaagccc	atcgtctaac	ggtggaacgg
601	ccattgatac	tgctgaactt	gaattattag	gaagtaacta	gaatatgtag	tgtagcgggtg
661	aaatgcttag	agattacatg	gaataccaat	tgcaagggca	ggttactact	aatgtattga
721	cgctgatgga	cgaaagcgtg	ggtagcgaac	aggattagat	accctggtag	tccacgcccgt
781	aaacgatgga	tactagctgt	tgggagcaat	ctcagtggtc	aagcgaaggt	gataagatc
841	ccacctgggg	agtagcttcc	caagaatgaa	actcaaagga	attgacgggg	gcccgcacaa
901	gcggtggagc	atgtggttta	atcagatgat	acgcgaggaa	ccttaccgaag	gcttaaatgt
961	agtttgaccg	atgtggaaac	agatccttcc	caagacaaat	tacaaggtgc	tgcatggttg
1021	tcgctcagctc	gtgcccgtgag	gtgtcagggt	aagtcctata	acgagcgcaa	ccctgttgt
1081	tagttgccag	cgagtcagtg	cgggaaactct	aacaagactg	ccagtgcaaa	ctgtgaggaa
1141	gggtgggatg	acgtcaaatc	atcacggccc	ttacgccttg	ctctacacac	gtgctacaat
1201	ggccgggtaca	gagagcagcc	actggggcag	caggagcgaa	tctataaaac	cggtcacagt
1261	tcggatcgga	gtctgcaact	cgactccggtg	aagctggaaat	cgctagtaat	cggatatacag
1321	ccatgatccg	gtgaatacgt	tcccgggccc	tgtacacacc	gcccgtcaag	ccatggaagc

1381 tgggggtgcc tgaagtcggt gaccgcaagg agctgcctag ggtaaaactg gtaactaggg
 1441 ctaagtcgta acaaggtagc cgtaccggaa ggtgcggctg gatcacctcc t

Tab. 77: DNA-Sequenz von *Flavobacterium hercynium* WB 4.2-78 aus der Datenbank BLAST

<i>Flavobacterium resistens</i> strain BD-b365 16S ribosomal RNA, partial sequence						
Accessions-Nr.: NR_044292.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>						
Origin:						
1	agagtttgat	catggctcag	gatgaacgct	agcggcaggc	ttaacacatg	caagtcgagg
61	ggtatagttc	ttcggagcta	gagaccggcg	cacgggtgcy	taacgcgat	gcaatctacc
121	tttcacagag	ggatagccca	gagaaatttg	gattaatacc	tcatagtatt	acgaccggcg
181	atcgggatgt	aattaaagtc	acaacggatg	aagatgagca	tgcgctccc	tagtactgtg
241	gtaaggtaac	ggcttaccac	ggcaacgatg	ggtaggggtc	ctgagaggga	gatccccac
301	actggtaact	agacacggac	cagactccta	cgggaggcag	cagtgaggaa	tattgggtcaa
361	tgggcgcaag	cctgaaccag	ccatgccgcy	tgcaggatga	cggtcctatg	gattgtaaac
421	tgcttttcta	cgagaagaaa	caacattacg	tgtaatgtct	tgacggatc	gtaagaataa
481	ggatcggtta	actccgtgcy	agcagccgcy	gtaatacggg	ggaaccaagc	gttatccgga
541	atcattgggt	ttaaagggtc	cgtagggcgt	ttagtaagtc	agtggtgaaa	gcccacgct
601	caacgggtga	acggccattg	atactgctga	acttgaatta	ttaggaagta	actagaatat
661	gtagtgtagc	ggtgaaatgc	ttagagatta	catggaatac	caattgcaaa	ggcaggttac
721	tactaatgta	ttgacgctga	tggacgaaa	cgtgggtagc	gaacaggatt	agataccctg
781	gtagtccacg	cogtaaacga	tggatactag	ctgtggggg	caacttcagt	ggctaagcga
841	aagtgtatag	tatcccacct	ggggagtagc	ttcgcaagaa	tgaactcaa	aggaattgac
901	ggggcccgcy	acaagcgggt	gagcatgtgg	ttaattcga	tgatccgca	ggaaccttac
961	caaggcttaa	atgtagattg	acggtttgg	aaacagatct	ttcgcaagac	aatttacaag
1021	gtgctgcatg	gttgctgctc	gctcgtgccc	tgagggtgca	ggtaagtcc	tataacgagc
1081	gcaaccctcg	ttgttagttg	ccagcgagtc	atgtcgggaa	ctctaacaag	actgccagtg
1141	caaactgtga	ggaaggtggg	gatgacgtca	aatcatcacg	gccttacgc	ctggggccta
1201	cacacgtgct	acaatggccg	gtacagagag	cagccactgg	gtgaccagga	gcaaatctac
1261	aaagccggct	acagttcgga	tcggagctcg	caactcgact	ccgtgaagct	ggaatcgcta
1321	gtaatcggat	atcagccatg	atccgggtga	tacgttccc	ggccttgtag	acaccgccc
1381	tcaagccatg	gaagctgggg	gtgctggaag	tcggtgaccg	caaggagctg	cctagggtaa
1441	aactggtaac	tagggctaag	tcgtaacaag	gtaaccgta		

Tab. 78: DNA-Sequenz von *Flavobacterium resistens* BD-b365 aus der Datenbank BLAST

<i>Flavobacterium</i> spec. HME6120 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: HM776981.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>						
Origin:						
1	cggcagctta	ccatgcagtc	gaggggtata	ggttttcgga	cctagagacc	ggcgcacggg
61	tgcgtaacgc	gtatgcaatc	tacctttcac	agagggatag	cccagagaaa	tttgatttaa
121	tacctcatag	tatatcgagt	tggcatcaac	atgatattaa	agatttatcg	gtgaaagatg
181	agcatgcgct	ccattagcta	gttgggtatg	taacggcata	ccaaggctac	gatgggtagg
241	ggctcctgaga	gggagatccc	ccacactggt	actgagacac	ggaccagact	cctacgggag
301	gcagcagtag	ggaatattgg	acaatgggcy	caagcctgat	ccagccatgc	cgctgacagg
361	atgacggctc	tatggattgt	aaactgcttt	tatacagaaa	gaaacactcc	ttcgtgaagg
421	agcttgacgg	tatcgtaaga	ataaggatcg	gctaactccg	tgccagcagc	cgcggtataa
481	cggaggatcc	aagcgttatc	cggaatcatt	gggtttaaag	ggtccgtagg	cggtttagta
541	agtcaagtgt	gaaagcccat	cgctcaacgg	tggaaacggc	attgatactg	ctagacttga
601	atgtattaga	agtaactaga	atagttagtg	tagcgggtgaa	atgcttagag	attacatgga
661	ataccaattg	cgaaggcagg	ttactactaa	ttgattgacg	ctgatggacg	aaagcgtggg
721	tagcgaacag	gattagatac	cctggtagtc	cacgcccgtaa	acgatggata	ctagctgttg
781	ggagcaatth	cagtggctaa	gcgaaagtga	taagtatccc	acctggggag	tacgaacgca
841	agtttgaaac	tcaaaggaat	tgacgggggc	ccgcacaagc	ggtggagcat	gtggtttaat
901	tcgatgatac	gcgaggaacc	ttaccaaggc	ttaaattgtag	attgaccggt	ttggaacag
961	acttttcgca	agacaattta	caaggtgctg	catggttgct	gtcagctcgt	gcccgtgaggt
1021	gtcagggttaa	gtcctataac	gagcgcaacc	cctgttggtta	ggtgccagcg	agtcagtctg
1081	ggaactctaa	cgagactgcy	agtgcaaaact	gtgaggaagg	tggggatgac	gtcaaatcat
1141	cacggccctt	acgccttggg	ctacacacgt	gctacaatgg	ccggtacaga	gagcagccac
1201	tgggtgacca	ggagcgaatc	tacaaaaccg	gtcacagttc	ggatcggagt	ctgcaactcg
1261	actccgtgaa	gctggaatcg	ctagtaatcg	gatacagcc	atgatccggt	gaatacgttc
1321	ccgggcccct	tacacaccgc	ccgtcaagcc	atggaagctg	ggggtgcctg	aagtcgggtga
1381	ccgcaaggag	ctgcctaggt	aa			

Tab. 79: DNA-Sequenz von *Flavobacterium* spec. HME6120 aus der Datenbank BLAST

<i>Flavobacterium</i> spec. R-36233 partial 16S rRNA gene						
Accessions-Nr.: FR682719.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>						
Origin:						
1	gatgaacgct	agcggcaggc	ttaacacatg	caagtogagg	ggtatagtag	caatactaga
61	gaccggcgca	cgggtgcgta	acgcgatgcy	aatctacctt	tcacagagg	atagcccaga
121	gaaatttggg	ttaatacctc	atagtattat	agaatggcat	cattttataa	ttaaagtcac

181	aacggtgaaa	gatgagcatg	cgtccatta	gtagttggt	aagtaacg	cttaccaaga
241	ctacgatggg	taggggtcct	gagagggaga	tccccacac	tggtactgag	acacggacca
301	gactcctacg	ggaggcagca	gtgaggaata	ttggacaatg	ggcgcaagcc	tgatccagcc
361	atgcccgctg	caggatgacg	gtcctatgga	ttgtaaaactg	cttttgcaca	ggaagaaaca
421	acattacgtg	taatgtcctg	acggtactgt	gagaataaag	atcggctaac	tccgtgccag
481	cagcccgcgt	aatacggagg	atccaagcgt	tatccggaat	catggggtt	aaagggctcg
541	taggcggctc	tataagtcag	tggtgaaatc	tccccgtca	acggggaaac	ggccattgat
601	actgtaggac	ttgaattatt	aggaagtaac	tagaatatgt	agtgtagcgg	tgaatgctt
661	agagattaca	tggaaatcca	attgcgaagg	caggttacta	ctaattgatt	gacgctgatg
721	gacgaaagcg	tggttagcga	acaggattag	ataccctggt	agtccacgcc	gtaaaccgatg
781	gatactagct	gttgggcgca	agttcagtg	ctaagcgaaa	gtgataagta	tcccactgg
841	ggagtagcaa	cgcaagtttg	aaactcaaag	gaattgacgg	gggcccgcac	aagcggtgga
901	gcatgtgggt	taattcgatg	atcacgagg	aacctacca	aggctaaat	gtagattgac
961	cggtttgaaa	acagactttt	cgcaagacaa	tttacaaggt	gctgcatggt	tgtcgtcagc
1021	tcgtgcccgt	aggtgtcagg	ttaagtccta	taacgagcgc	aacctcgtt	gtagttgcc
1081	agcgagtcaa	gtcgggaact	ctaacgagac	tgccagtgca	aactgagagg	aagtggggga
1141	tgacgtcaaa	tcatcacggc	ccttacgcct	tggtctacac	acgtgctaca	atggccggta
1201	cagagagcag	ccactgggcg	accagagcgc	aatctacaaa	accggtcaca	gttcggatcg
1261	gagctgcaa	ctgactccg	tgaagctgga	atcgctagta	atcggatata	agccatgatc
1321	cggtgaaata	gttcccgggc	cttgtaacaa	ccgcccgtca	agccatggaa	gtcgggggtg
1381	cctgaagtcg	gtgaccgcaa	ggagctgcct	agggtaaaac	tggttaactag	ggctaagtcg
1441	taacaaggta	gccgtaccgg	aagg			

Tab. 80: DNA-Sequenz von *Flavobacterium* spec. R-36233 aus der Datenbank BLAST

<i>Flavobacterium</i> spec. R7Sb-3-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ928691.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>						
Origin:						
1	tgacgtcgag	gggtagggca	cttcggtgct	tgagaccggc	gcacgggtgc	gtaacgcgta
61	tgcaatctgc	ctttcacaga	gggatagccc	agagaaattt	ggattaatac	ctcatagcat
121	tatcggatgg	catcatctga	taattaaagt	cacaacgggtg	aaagatgagc	atgctgcca
181	ttagctagtt	ggtaaggtaa	cggttaccac	aggcgacgat	gggtaggggt	cctgagaggg
241	agatccccca	cactggtaact	gagacacgga	ccagactcct	acgggaggca	gcagtggaga
301	atattggtca	atggggccaa	gcctgaacca	gccatgccgc	gtgcaggatg	acggtcctat
361	ggattgtaaa	ctgcttttgt	acgggaagaa	acactccttc	gtgaaggagc	ttgacggtac
421	cgtaagaata	aggatcggct	aactccgtgc	cagcagccgc	ggtaatacgg	aggatccaag
481	cgttatccgg	aatcatggg	tttaaagggt	ccgtagggcg	tttgataagt	cagtggtgaa
541	agcccatcgc	tcaacgggtg	aacggccatt	gatactgtca	aacttgaatt	actgggaagt
601	aactagaata	tgtagtgtag	cggtgaaatg	cttagagatt	acatgggaata	ccaattgoga
661	aggcaggtta	ctaccgggtg	attgacgctg	atggacgaaa	gcgtgggtag	cgaacaggat
721	tagataccct	ggtagtccac	ggcgtaaacg	atggataacta	gctggtggcg	gcaagttcag
781	tggttaagcg	aaagtgataa	gtatcccacc	tggtggagtac	gaacgcaagt	ttgaaactca
841	aaggaattga	cgggggcccc	cacaagcggg	ggagcatgtg	gtttaattcg	atgatacgcg
901	aggaacctta	ccaaggctta	aatgcagact	gaccgatttg	gaaacagatc	tttcgcaaga
961	cgttttacaa	gggtgctgcat	ggttgtcgtc	acgtcgtgcc	gtgaggtgtc	aggttaagtc
1021	ctataacgag	cgcaaccctc	ggtgttagtt	gccagcgagt	gatgtcggga	actctaacia
1081	gactgcccag	gcaaacgtgt	aggaagggtg	ggatgacgtc	aaatcatcac	ggcccttacg
1141	ccttgggcta	caacgctgct	acaatggccg	gtacagagag	cagccacctc	gcgaggggga
1201	gcgaatctat	aaagccggtc	acagttcggg	tcggagtctg	caactcgact	ccgtgaagct
1261	ggaatcgcta	gtaatcggat	atcagccatg	atccggtgaa	tacgttcccg	ggccttgtac
1321	acaccgcccg	tcaagccatg	gaagctgggg	gtgctggaag	tcggtgaccg	caa

Tab. 81: DNA-Sequenz von *Flavobacterium* spec. R7Sb-3-1 aus der Datenbank BLAST

<i>Flavobacterium</i> spec. 1126-1H-08 partial 16S rRNA gene						
Accessions-Nr.: HE612094.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Bacteroidetes; Flavobacteriia; Flavobacteriales; Flavobacteriaceae; <i>Flavobacterium</i>						
Origin:						
1	gtttgatcat	ggctcaggat	gaacgctagc	ggcaggctta	acacatgcaa	gtcagggggt
61	atatgtcttc	ggatatagag	accggcgcac	gggtgcgtaa	cgcgatgca	atctaccttt
121	tacagagggg	tagcccagag	aaatttggat	taataacctca	tagtatagct	ctaccgcatg
181	gtagtactat	taaagtcaca	acggtaaaag	atgagcatgc	gtcccattag	ctagttggta
241	aggtaacggc	ttaccaaggc	aacgatgggt	aggggtcctg	agagggagat	ccccacact
301	ggtactgaga	cacggaccag	actcctacgg	gaggcagcag	tgaggaatat	tggacaatgg
361	gcgcaagcct	gatccagcca	tgcccgtgct	aggatgacgg	tcctatggat	tgtaaactgc
421	ttttgtacga	gaagaaacac	tgcttcgtga	agcagcttga	cggtatcgta	agaataagga
481	tcggtaactc	ccgtgcccagc	agcccggtga	atacggagga	tccaagcgtt	atccggaatc
541	attgggttta	aagggctcgt	aggcggttta	gtaagtcagt	gggtgaaagcc	catcgctcaa
601	cggtggaacg	gccattgata	ctgctgaact	tgaattatta	ggaagtaact	agaatatgta
661	gtgtagcggg	gaaatgctta	gagattacat	ggaataccaa	ttgcgaaggg	aggttactac
721	taattgattg	acgctgatgg	acgaaagcgt	ggggagcga	caggattaga	tacctggta
781	gtccacgccc	taaagcatgg	atactagctg	ttgggagcaa	tctcagtgcc	taagcgaag
841	tgataagtat	cccacctggg	gagtagcttc	gcaagaatga	aactcaaagg	aattgacggg
901	ggcccgcaca	agcgggtggag	catgtgggtt	aattcgatga	tacggagga	accttaccaa

961	ggcttaaatg	tagattgacc	ggtttgaaa	cagatctttc	gcaagacaat	ttacaagggtg
1021	ctgcatgggt	gtcgtcagct	cgtgcccgtga	ggtgtcagggt	taagtccctat	aacgagcgca
1081	accocctgtt	ttagttgcca	gcgagtcctg	tcgggaactc	taacaagact	gccagtgcaa
1141	actgtgagga	aggtggggat	gacgtcaaat	catcacggcc	cttacgcctt	gggtacaca
1201	cgtgctacaa	tggccgggtac	agagagcagc	cactgggcca	ccaggagcga	atctataaaa
1261	ccggtcacag	ttcggatcgg	agtctgcaac	tcgactccgt	gaagctggaa	tcgctagtaa
1321	tcggatatca	gccatgatcc	ggtgaatacg	ttcccgggcc	ttgtacacac	cgcccgtcaa
1381	gccatggaag	ctgggggtgc	ctgaaagtcg	tgaccgcaag	gagctgccta	gggtaaaaa
1441	ggtaactagg	gctaagt				

Tab. 82: DNA-Sequenz von *Flavobacterium* spec. 1126-1H-08 aus der Datenbank BLAST

<i>Fusarium</i> spec. ZLH-X6 18S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ934487.1						
Taxonomie:						
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; mitosporic Nectriaceae; <i>Fusarium</i>						
Origin:						
1	gctattatac	agctgaaact	gcgaatggct	cattatataa	gttatcgttt	atttgatagt
61	acottactac	ttggataacc	gtggtaattc	tagagtaaat	acatgctaaa	aatcccgact
121	tcggaagggg	tgtatttatt	agattaaaaa	ccaatgccct	ccggggctca	ctggtgattc
181	atgataaact	ctcgaatcgc	atggccttgc	gccggcgatg	gttcattcaa	atttcttccc
241	tatcaacttt	cgatgcttgg	gtattggcca	aacatgggtg	caacgggtaa	cggagggtta
301	gggctcgacc	ccggagaagg	agcctgagaa	acggctacta	catccaagga	aggcagcagg
361	cgcgcaaat	acccaatccc	gactcgggga	ggtagtgaca	ataaatactg	atacagggct
421	cttttgggct	ttgtaattgg	aatgagtaca	atttaaatcc	cttaacgagg	aacaattgga
481	gggcaagtct	ggtgcccagca	gccgctgtaa	ttccagctgt	aatagcgtat	attaaagtgt
541	ttgtgggtaa	aaagctcgta	gttgaacctt	gggcctggct	ggccggctcg	cctcaccgcy
601	tgtactggct	cgccggggcc	tttcctctg	tggaaaccca	tgcccttcac	tgggtgtggc
661	gggaaacag	gacttttact	gtgaaaaaat	tagagtgtct	caggcaggcc	tatgctcgaa
721	tacattagca	tggaaataata	gaataggacg	tgtggttcta	ttttgttgg	ttctaggacc
781	gccgtaata	ttaataggga	cagtcggggg	catcagtatt	caattgtcag	aggtgaaatt
841	cttggattta	ttgaagacta	actactgcga	aagcatttgc	caaggatggt	ttcattaatc
901	aggaacgaaa	gtaggggat	cgaagacgat	cagataccgt	cgtagtctta	accataaact
961	atgccgacta	gggatcggac	gatgttatat	tttgactcgt	tcggcacctt	acgagaaaac
1021	aaagtgcttg	ggctccaggg	ggagtatggt	cgcaaggctg	aaacttaaag	aaattgacgg
1081	aagggcacca	ccaggggtgg	agcctgcggc	ttaatttgac	tcaacacggg	gaaactcacc
1141	aggtccagac	acaatgagga	ttgacagatt	gagagctctt	tcttgatttt	gtgggtgggtg
1201	gtgcatggcc	gttcttagtt	ggtggagtga	ttgtctgct	taattgcgat	aacgaacgag
1261	accttaacct	gctaaatagc	ccgtattgct	tggcagtacg	c	

Tab. 83: DNA-Sequenz von *Fusarium* spec. ZLH-X6 aus der Datenbank BLAST

<i>Gaiella occulta</i> strain F2-233 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JF423906.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Actinobacteria; Rubrobacteridae; Gaiellales; Gaiellaceae; <i>Gaiella</i>						
Origin:						
1	tgagtttgat	cctggctcag	gacgaacgct	ggcggcgcgc	ttaacacatg	caagtcgagc
61	gagaaccggg	acttcggtcc	tggggacagc	ggcgaacggg	tgagtaaac	gtgggtaatc
121	tgccctcgat	tctgggatag	cccggggaaa	cccggattaa	taccgggatag	cctttcgagc
181	tccagggccc	ggaagaaaag	gtagcttcgg	cctccgatcg	aggatgagcc	cgcggtggat
241	tagcttggtg	cgggggtaac	ggcccaccaa	ggcgaacgat	catagctggt	ctgagaggac
301	gatcagccc	actgggactg	agacacggcc	cagactccta	cgggaggcag	cagtggggaa
361	tcttgccgaa	tggggcgaag	cctgacgcag	cgacgcgcgc	tgggggaaga	aggccttcgg
421	gtagtaaac	tctttcaggt	gggacgaagc	cactcggggtg	aatagcccag	agggtgacgg
481	taccaccaga	agaagccccg	gctaactacg	tgccagcagc	cgcggttaata	cgtagggggc
541	aagcgttgct	cggatttatt	gggcgtaaag	agcgtgtagg	cgccaggtta	ggtcggttgt
601	gaaaactgga	ggctcaacct	tcagacgtcg	accgaaacct	cctggctaga	gtccggaaga
661	ggagaatgga	attcctgggtg	tagcgggtgaa	atgcgcagat	atcaggaaga	acaccctggt
721	cgaaagcgg	tctctgggac	ggtactgacg	ctgagacgcg	aaagcgtggg	gagcgaacag
781	gattagatac	cctggtagtc	cacgcccgtaa	acgatgggtg	ctaggtgtgg	ggggtgtcga
841	ctcccccg	gccgaagcta	acgcattaag	caccccgctt	ggggagtacg	gccgcaaggc
901	taaaactcaa	aggaattgac	ggggcccgcg	acaagcagcg	gagcatgtgg	tttaattcga
961	cgcaacgcga	agaaccttac	caaggcttga	catgcacttg	aaaagcgtag	aaatacgttc
1021	cctcttcgga	gcaagtgcac	aggtggtgca	tggctgtcgt	cagctcgtgt	cgtgagatgt
1081	tgggttaagt	cccgcacaga	gcgcaacccc	tgtcctatgt	tgccagcag	tgatgtcggg
1141	gactcatagg	agactgccgg	tgacaaatcg	gaggaaaggtg	gggatgacgt	caagtcatac
1201	tgccccttat	gtcttgggct	acacacgtgc	tacattggcc	ggtaaaaagg	gctgcaaac
1261	tgcgaggggtg	agcgaatccc	aaaaagccgg	tcccggttcg	gattggaggc	tgaactcgc
1321	ctccatgaag	gcggagttgc	tagtaatcgc	gaatcagcaa	cgtcgcgggtg	aatacgttcc
1381	cgggccttgt	acacaccgcc	cgtcacacca	cgaagtcgg	caataccgga	agccgggtgg
1441	ctaaccgcga	agggaggcag	ccgtcgaagg	tagggctgat	gattgggggtg	aagtcgtaac
1501	aaggtagccc	tagcgggaagc	tgcggctgga	tcacctcctt	tcta	

Tab. 84: DNA-Sequenz von *Gaiella occulta* F2-233 aus der Datenbank BLAST

<i>Geobacter metallireducens</i> GS-15, complete genome Accessions-Nr.: CP000148.1
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Deltaproteobacteria; Desulfuromonadales; Geobacteraceae; <i>Geobacter</i>
Complete genome: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/78192483?report=genbank&log\$=nucltop&blast_rank=15&RID=MB984R1Z01R (Stand: 13.08.2012)

Tab. 85: DNA-Sequenz von *Geobacter metallireducens* GS-15 aus der Datenbank BLAST

<i>Gibberella moniliformis</i> p450-4 gene for ent-kaurene oxidase, exons 1-4, strain A-00149							
Accessions-Nr.: AM946177.1							
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; <i>Gibberella</i>							
Origin:							
1	aaggcggaca	ggtatccggg	aagcggcagg	gtcggaacag	gagagcgcac	gagggagc	gagggagc
61	ccagggggaa	acgcctggta	tctttatagt	cctgtcgggt	tccgccacct	ctgacttgag	ctgacttgag
121	cgctgatttt	tgtgatgctc	gtcagggggg	cggagcctat	ggaaaaacgc	cagcaacgcg	cagcaacgcg
181	gcctttttac	ggttcctggc	cttttgctgg	ccttttgctc	acatgttctt	tcctgcgta	tcctgcgta
241	tcccctgatt	ctgtggataa	ccgtattacc	gcctttgagt	gagctgatac	cgctcgccgc	cgctcgccgc
301	agccgaacga	ccgagcgag	cgagtcagtg	agcggaggaag	cggaaagagc	ccaataacgc	ccaataacgc
361	aaaccgcctc	tcccgcgcg	ttggccgatt	cattaatgca	gctggcacga	caggtttccc	caggtttccc
421	gactggaag	ggggcagtg	gcgcaacgca	attaatgtga	gtagctcac	tcattagcca	tcattagcca
481	ccccaggcct	tacactttat	gcttccggct	cgatgtgtgt	gtggaattgt	gagcggataa	gagcggataa
541	caatttcaca	caggaacag	ctatgacct	gattacgcca	agcttggtag	cgagctcgga	cgagctcgga
601	tccactagta	acggccgcca	gtgtgctgga	attcgccctt	ggctccagcc	ttctaattgg	ttctaattgg
661	ctagtacttg	tgttcaactaa	cagctggctc	gtctgtcact	gacctcact	gactcacaag	gactcacaag
721	cgcatgagca	aacagtgcg	tttgcgcctc	agccacgaga	ccggactgcc	attggttaat	attggttaat
781	gatttgactt	atgccagtg	cagaagattt	caagttcact	gccaaaagca	cagcccttgt	cagcccttgt
841	tgtcccatct	ctctgctttc	gacctcccaa	gagcctttct	ttcctcacca	tcttcatttc	tcttcatttc
901	agaaagctcg	cacacaagaa	gttccaaca	ttgacgattt	tctctcatca	ctggagctg	ctggagctg
961	caacttaccg	tcgtctctca	ccagtcacca	tcaacaacac	tcttaactac	tggtcatcgt	tggtcatcgt
1021	ctctgcctcc	gtccttggcc	atctgtcaac	cgcgactttc	aaatatcgtc	aagtgtgtcg	aagtgtgtcg
1081	tgattttgac	atcaatagta	agtagaaagc	tctgatttct	ttctactaca	gtctcaggct	gtctcaggct
1141	aacctcaata	ccgtcagttc	acaaaaccaca	taccgtgtcc	ctccattatc	ccgcgtcttc	ccgcgtcttc
1201	tttcgacaca	cctcataatc	agagaaccgt	gagagggcag	caaaagactt	tcgctctcat	tcgctctcat
1261	catataccga	cgcccgaag	gacaggtcct	gggttactgg	atcttcccgt	ggagattcta	ggagattcta
1321	atcaaaaata	tccagttggc	gattcctccg	atggtcctcc	cagtaatgtc	ccatgatcca	ccatgatcca
1381	cttgataccg	cttatgagga	gagcttacc	ttcgaacaca	gctttaccgt	cgccaagag	cgccaagag
1441	ctaggatctc	tttgggaaat	ttggcctgtc	attgagactg	ctccaggggtg	gtatatcaac	gtatatcaac
1501	tcttttcagc	agtttggccc	gtcacaacaa	agcaactcgc	tagcccacaa	tatttctcgt	tatttctcgt
1561	cccctcctgt	caactacct	caccagctct	cattgactcc	caccaactat	cagcaaaaaca	cagcaaaaaca
1621	caatgaataa	gttcaacagc	atgaacaata	ccattaatag	aacgctctcg	cgacagctcg	cgacagctcg
1681	tctcgggtct	tgatgaaata	cctctaattg	atattcactg	gtaaatctac	gttgcccttg	gttgcccttg
1741	gcgcttgggt	atgctcatat	gtcatccacc	tcctttcact	cccttctaca	gtcaatgtgc	gtcaatgtgc
1801	ctttttagg	ataccgaagc	gtcctttagc	ctacatggtt	tctcgttcta	cgttttgtct	cgttttgtct
1861	gggaaggggg	atctatcctc	agccaaggct	acagtaaaag	aagcagctcc	ccctacaact	ccctacaact
1921	gctcgtctgt	tctcatcat	ttcagttcaa	agactccatc	ttccaggtga	gaaagcttgg	gaaagcttgg
1981	taccgatatc	gtcatcatic	cgccaaacta	catcgatgaa	gtccgggaagc	tatctcagga	tatctcagga
2041	caaaactcgt	tcggctgagc	ccttcatcaa	tgactttgct	ggcgattaca	cgcgaggcat	cgcgaggcat
2101	ggtgtttctc	caaagtgate	tcgagaaccg	tgtgattcag	cagcgggtga	cgccgaagct	cgccgaagct
2161	cgtgtcgttc	actaaagtg	tgaaggagga	acttgactat	gcaattgacta	aagggatgcc	aagggatgcc
2221	tgatagtaaa	ggtaatactc	tcgacagctc	ttgagctggg	ttcataaatg	ctgataattg	ctgataattg
2281	ttagatgacg	aatgggttga	agccgatatt	gcttccatca	tggtcaggct	catatcacgc	catatcacgc
2341	atctcagcca	gagtgttctc	cggcccagag	cactgcccga	atcaggaatg	gttgacgacc	gttgacgacc
2401	acagcagag	atagcgagag	cccttctcatg	actggtttta	tcctccgctg	tgttcccact	tgttcccact
2461	atcctaagac	cattcgtagc	tccgttgcta	ccatcttaca	gaacactact	tcgcagcgtg	tcgcagcgtg
2521	tcattcggcc	gtaaagttat	agggtacatc	attcgctccc	agcaaggtag	tgagaacgag	tgagaacgag
2581	gacatcctct	cgtggatggg	agaagctgcg	actggggagg	agaaacaggt	tgacaatatt	tgacaatatt
2641	gctcagcgga	gttctatcct	gagctcgcga	tctattcaca	ctacggcaat	gaccatgacg	gaccatgacg
2701	catgctatgt	atgacttggt	tgctcgcctc	gagtatacaa	agcctcttag	agaggaggtc	agaggaggtc
2761	aaaggcgttg	ttgggtcctag	tggtatgggac	aagacggcgt	tgaatcgact	tcataaacctc	tcataaacctc
2821	gacagttttc	tcaaagagtc	gcaacgtttc	aaccctggtt	ttctctgtaa	gtctttcttc	gtctttcttc
2881	accttctggt	tatctggatc	ccgactcaac	cttccagtaa	cattcaatcg	catctaccac	catctaccac
2941	caaccaatga	cactatcaga	cggcaccaat	ctccatcag	gcactcgcat	tgccgtcccc	tgccgtcccc
3001	tctcagcgga	tgcttcagga	ctcagcacat	gtcccagggc	cagcgccacc	aactgatttt	aactgatttt
3061	gacggattta	gatactcaaa	gatccgctca	gactcaaatt	atgcacagaa	gtacctcttc	gtacctcttc
3121	tcaatgactg	attctagtaa	catggcgttt	gggtatggga	aatatgcttg	ccctgggctg	ccctgggctg
3181	ttctatgcat	ctaataaat	gaagctgact	ttagcaatcc	ttctactaca	atgtgagttc	atgtgagttc
3241	aagttgcctg	atggaaaggg	gagaccacgg	aatatcacga	ttgatagtga	catggtaact	catggtaact
3301	gatccgagag	ccaggctgtg	cgtttaggaag	cgatcactga	gggaagagta	atgagcagta	atgagcagta
3361	tgatacatag	ggctggaaat	agtcctctgg	tacagatttt	caatttttat	cctgatataca	cctgatataca
3421	ttctgaatga	ttcaaagtga	ctttgaagta	gttctaggtc	atgtctgtca	atagcatcta	atagcatcta
3481	cactatcctc	ccctagatgt	cagcgatttc	taacttgact	caatatcaat	caaattagtt	caaattagtt
3541	tgttcccaaa	tgaaag					

Tab. 86: DNA-Sequenz von *Gibberella moniliformis* A-00149 aus der Datenbank BLAST

<i>Haematobacter massiliensis</i> strain H2136 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: DQ342308.1							
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Haematobacter</i>							
Origin:							
1	aacgaacgct	ggcggcaggc	ctaacacatg	caagtcgagc	gaggacttcg	gtcctagcgg	
61	cggacgggtg	agtaacgcgt	gggaacgtgc	cctttgcttc	ggaatagcct	tgggaaactg	
121	ggagtaatac	cggatgagcc	ccttggggga	aagatttatac	ggcgaaggat	cgccccgctg	
181	tggattaggt	agttggtggg	gtaatggcct	accaagccga	cgatccatag	ctggtttgag	
241	aggatgatca	gccacactgg	gactgagaca	cggcccagac	tcctacggga	ggcagcagtg	
301	gggaatctta	gacaatgggg	gaaaccctga	tctagccatg	ccgcgtgagc	gatgaaggcc	
361	ttagggttgt	aaagctcttt	cagctgggaa	gataatgacg	gtaccagcag	aagaagcccc	
421	ggctaactcc	gtgccagcag	ccgcggtaat	acggaggggg	ctagcgttgt	tcggaattac	
481	tgggctgtaa	gcgcacgtag	gcggtattga	aagtcagagc	tgaaatccca	gggctcaacc	
541	ctggaactgc	cctttgaaact	cccagctctg	aggctgagag	aggctgagtg	aattccgagt	
601	gtagaggcca	aatctgtaga	tattcggagg	aacaccagtg	gcgaaggcgg	ctcactggct	
661	cgatactgac	gctgaggtgc	gaaagcgtgg	ggagcaaaaca	ggattagata	ccctggtagt	
721	ccacgcgcta	aacgatgaat	gccagtcgct	gggtagcatg	ctattcggtg	acacacctaa	
781	cggtattaagc	attccgcctg	gggagtacgg	tcgcaagatt	aaaactcaaa	ggaattgacg	
841	ggggcccgca	caagcggtag	agcatgtggt	ttaattcgaa	gcaacgcgca	gaaccttacc	
901	aacccttgac	atggggatcg	cggttacgag	agatcgtttc	cctcagttcg	gctggatccc	
961	acacaggtgc	tgcatggctg	tcgtcagctc	gtgtcgtgag	atgttcgggt	aagtcocgca	
1021	acgagcgcga	cccacactct	tagttgccag	cattcagttg	ggcactctag	gagaactgcc	
1081	gtagataaagt	cggaggaagg	tgtggatgac	gtcaagtcct	catggccctt	acgggttggg	
1141	ctacacacgt	gctacaatgg	tagtgacaat	gggttaatcc	ccaaaagcta	tctcagttcg	
1201	gattggggct	tgcaactcga	ccccatgaag	tcggaatcgc	tagtaatcgc	gtaacagcac	
1261	gacgcggtga	atacgttccc	gggccttgta	cacaccgccc	gtcacaccat	gggagttggg	
1321	tttaccgcaa	ggcggtagcgc	caaccagcaa	tggaggcagc	cgaccacggt	gagctcagcg	
1381	actgggggtg						

Tab. 87: DNA-Sequenz von *Haematobacter massiliensis* H2136 aus der Datenbank BLAST

<i>Hyphomicrobium facile</i> subsp. <i>tolerans</i> strain IFAM I-551 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: NR_027611.1							
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Hyphomicrobium</i>							
Origin:							
1	gaacgctggc	ggcaggctta	acacatgcaa	gtcgaacgcc	ccgcaagggg	agtggcagac	
61	gggtgagtaa	cacgtgggaa	ccttccttat	agtacggaaat	agcccaggga	aacttggagt	
121	aataccgtat	acgcccgaaa	ggggaagaa	ttttcgctat	aggatggggc	cgctagagat	
181	tagctagttg	gtgaggtaat	ggctcaccaa	ggcgacgatc	ccttagctggt	ttgagagaac	
241	gaccagccac	actgggactg	agacacggcc	cagactccta	cgggaggcag	cagtggggaa	
301	tattggacaa	tggggcgaag	cctgatccag	ccatgcccgc	tgagtgatga	aggccttagg	
361	gttgtaaaagc	tcttttgccg	gggacgataa	tgacggatcc	cggagaataa	gtcccggcta	
421	acttcgtgcc	agcagccgcg	gtaatacga	ggggactagc	ggtgttcgga	atcactgggc	
481	gtaaagcgcga	cgtagggcga	tttgtaagtc	aggggtgaaa	tcccggggct	caacctcgga	
541	actgcctttg	atactgcgaa	tcttgagtc	gatagaggtg	gggtggaattc	ctagtgtaga	
601	ggtgaaatcc	gtagatatta	ggaagaacac	cggtgccgaa	ggcggcccc	tggatcgta	
661	ctgacgctga	ggtgcaaaag	cgtggggagc	aaacaggatt	agataccctg	gtagtccacg	
721	ccgtaaacga	tggatgctag	ccgtcggata	gcttgctatt	cggtgccgca	gtaaacgcat	
781	taagcatccc	gcctggggag	tacggccgca	aggttaaaac	tcaaaggaat	tgacgggggc	
841	ccgcacaagc	ggtaggagcat	gtggtttaac	tcgacgcaac	gcgaagaacc	ttaccagctc	
901	ttgacattca	ctgatgcctc	ggagagatcc	gggaattcca	gcaatggaca	gtgggacagg	
961	tgctgcatgg	ctgtcgtcag	ctcgtgctgt	gagatggttg	gtaagtccc	gcaacgagcg	
1021	caaccctcgc	cattagttgc	catcatttag	ttgggcactc	tagtgggact	gcccgtgata	
1081	agccggagga	aggtagggatg	agcgtcaagt	catcatggcc	cctacgggct	ggcctacaca	
1141	cgtgctacaa	tggcgggtgac	aatgcccagc	cacctagcaa	tagggagcta	atcgcaaaaa	
1201	gccgtctcag	ttcagattga	ggctcgaac	tcgacctcat	gaagtccgaa	tcgctagtaa	
1261	tcgcgcatca	gcatggcgcg	gtgaatacgt	tcccgggctc	tgtacacacc	gcccgtcaca	
1321	ccatgggagt	tggtcttacc	ctaaaacggt	gcgctaaccg	caaggaggca	gcccggccag	
1381	gtaaggtcag	cgactggggg	gaagtcgtaa	caaggtagcc	gta		

Tab. 88: DNA-Sequenz von *Hyphomicrobium facile* subsp. *tolerans* IFAM I-551 a. d. Datenbank BLAST

<i>Hyphomicrobium vulgare</i> gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB543807.2							
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Hyphomicrobium</i>							
Origin:							
1	aacgaacgct	ggcggcaggc	ctaacacatg	caagtcgaac	gctgtagcaa	tacagagtg	
61	cagacgggtg	agtaaacagc	gggaatcttc	ctatcggtac	ggaatagctc	agggaaactt	
121	ggggtataac	cgcatacgcc	cctcggggga	aagatttatac	gccgatagat	gagccccgct	
181	ctgattagct	agttggtgag	gtaatggctc	accaaggcga	cgatcagtag	ctggtctgag	
241	aggatgacca	gccacactgg	gactgagaca	cggcccagac	tcctacggga	ggcagcagtg	
301	gggaaatattg	gacaatgggc	gcaagcctga	tccagccatg	ccgcgtgagt	gacgaaggtc	
361	ttcggattgt	aaagctcttt	tggcggggac	gataatgacg	gtaccgcgag	aataagcccc	
421	ggctaacttc	gtgccagcag	ccgcggtaat	acgaaggggg	ctagcgttgt	tcggaattac	

481	tgggcgtaaa	gcgcacgtag	gcggtattgt	aagtcagggg	tgaatcccg	gggctcaacc
541	tcggaactgc	ctttgatact	gcaagtcttg	agtcgggaag	aggtgagtg	aattcctagt
601	gtagagtgta	aattcgtaga	tattaggaag	aacaccagt	gcgaaggcgg	ctactggtc
661	gggtactgac	gctgaggtgc	gaaagcgtgg	ggagcaaaaca	ggattagata	ccctggtagt
721	ccacgccgta	aactatggat	gctagccgtc	ggcaagcttg	ctgtcggtg	gcgagctaa
781	cgctttaagc	atcccgcctg	gggagtacgg	ccgcaaggtt	aaaactcaaa	ggaattgacg
841	ggggcccgca	caagcgtg	agcatgtggt	ttaattcgac	gcaacgcgaa	gaaccttacc
901	agctcttgac	atgtcaggtc	ggtttccaga	gatggattcc	tcccagcaat	ggcctgaac
961	acaggtgctg	catggctgtc	gtcagctcgt	gtcgtgagat	gttgggttaa	gtcccgaac
1021	gagcgcaacc	ctcgccatta	gttgccaatca	ttcagttggg	cactctagt	ggactgccgg
1081	tgataagccg	gaggaaggtg	gggatgacgt	caagtcacatca	tggcccttac	gggctgggct
1141	acacacgtgc	tacaatggcg	gtgacaatgg	gcagcaaacac	agcaatgtga	agctaactc
1201	aaaaagccgt	ctcagttcgg	attgggctct	gcaactcgag	cccatgaagt	tggatcgcct
1261	agtaatcgcg	catcagcacg	gcgcggtgaa	tacgttcccg	ggcctgtgac	acaccgccg
1321	tcacaccatg	ggagttggct	ttaccggaag	acggtgcgct	aaccgcaag	aggcagccgg
1381	ccacggtaa	gtcagcgact	ggggtg			

Tab. 89: DNA-Sequenz von *Hyphomicrobium vulgare* aus der Datenbank BLAST

<i>Hyphomicrobium</i> spec. KC-IT-W2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: FJ711209.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Hyphomicrobium</i>						
Origin:						
1	ctcagaacga	acgctggcgg	caggcctaac	acatgcaagt	cgaacgctgt	agcaatacag
61	agtggcagac	gggtgagtaa	cacgtgggaa	tcttctatc	ggtaacggaat	agctcagggg
121	aacttggggg	aataaccgcat	acgccttctg	ggggaagat	ttatcgccga	tagatgagcc
181	cggtctgat	tagctagt	gtgaggtaac	ggctcaccaa	ggcgacgatc	agtagctgg
241	ctgagaggat	gatcagccac	actgggactg	agacacggcc	cagactccta	cgggagggcag
301	cagtggggaa	tattggacaa	tgggcgcaag	cctgatccag	ccatgcccg	tgagtgcag
361	aggtctcgg	attgtaaagc	tctttggcg	gggacgataa	tgacggtaac	gcgagaataa
421	gccccggcta	acttctgtcc	agcagccgcg	gtaatacga	gggggctagc	gttgttcgga
481	attactgggc	gtaaagcgca	cgtagggcga	tttgttagtc	aggggtgaaa	tcccgggct
541	caacctcgga	actgcctttg	atactgcaag	tctcgagtc	ggaagaggtg	agtggaattc
601	ctagtgtaga	gggaaattc	gtagatatta	ggaagaacac	cagtggcgaa	gcgggctcac
661	tggctccgta	ctgacgctga	ggtgcaaa	cgtggggagc	aaacaggatt	agataccctg
721	gtagtccacg	ccgtaaaacta	tggatgctag	ccgtcggcaa	gcttgcttgt	cggtggcgca
781	gctaacgctt	taagcatccc	gcctggggag	tacggccgca	aggttaaaac	tcaaaggaat
841	tgacggggcg	ccgcacaagc	ggtggagcat	gtggtttaa	tcgacgcaac	gcgaagaacc
901	ttaccagctc	ttgacatgct	aggtcggtt	ccagagatgg	gatcctccca	gcaatgggtc
961	tgaacacagg	tgctgcatgg	ctgtcgtcag	ctcgtgctc	gagatggtg	gtaagtccc
1021	gcaacagcgg	caacctctgc	cattagttgc	catcattcag	ttgggcactc	tagtgggact
1081	gccggtgata	agccggagga	aggtggggat	gacgtcaagt	catcatggc	cttacggct
1141	gggctacaca	cggtctacaa	tggcgggtgac	aatgggcagc	aacacagcaa	tgtgaagcta
1201	atctcaaaaa	gccgtctcag	ttcggattgg	gctctgcaac	tcgagcccat	gaagtggaa
1261	tcgctagtaa	tcgcgcatca	gcattggcgcg	gtgaatacgt	tcccgggct	tgtacacacc
1321	gcccgccacg	ccatgggag	tggctttacc	cgaagacggt	gcgctaaccg	caaggaggca
1381	gccggccacg	gtaaggtcag	cgactgggg	gaagtcgtaa	caa	

Tab. 90: DNA-Sequenz von *Hyphomicrobium* spec. KC-IT-W2 aus der Datenbank BLAST

<i>Methylobacterium zatmanii</i> strain DSM 5688 16S ribosomal RNA, partial sequence						
Accessions-Nr.: NR_041031.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Methylobacteriaceae; <i>Methylobacterium</i>						
Origin:						
1	cgaacgctgg	cgccaggtt	aacacatgca	agtcgaacgg	gcaccttcgg	gtgtcagtg
61	cagacgggtg	agtaaacagt	gggaacgtgc	ccttcgggtc	ggaataactc	agggaaactt
121	gagctaatac	cggtacgccc	cttctgggga	aaggtttact	gccgaaggat	cgcccgcgt
181	ctgattagct	tggttggtgg	gtaacggcct	accaaggcga	cgatcagtag	ctggtctgag
241	aggatgatca	gccacactgg	gactgagaca	cgcccagac	tctacggga	ggcagcagtg
301	gggaatattg	gacaatgggc	gcaagcctga	tccagccatg	cccgctgagt	gatgaagcc
361	ttagggttgt	aaagctctt	tgtccgggac	gataatgacg	gtaccggaag	aataagcccc
421	ggctaacttc	gtgccagcag	ccgcggtaat	acgaaggggg	ctagcgttgc	tcggaatcac
481	tgggcgtaaa	gggcgcgtag	gcgccgatt	aagtcggggg	tgaagcctg	tggctcaacc
541	acgaattg	cttcgatact	ggttgcttg	agaccggaag	aggacagcgg	actgcgagt
601	gtagagtgta	aattcgtaga	tattcgcaag	aacaccagt	gcgaaggcgg	ctgtctggtc
661	cggttctgac	gctgagggcg	gaaagcgtgg	ggagcaaaaca	ggattagata	ccctggtagt
721	ccacgccgta	aacgatgaat	gccagccgtt	ggcctgcttg	caggtcagtg	gcccgcgtaa
781	ccatataagc	attccgctg	gggagtacgg	tcgcaagatt	aaaactcaaa	ggaattgacg
841	ggggcccgca	caagcgggtg	agcatgtggt	ttaattcgaa	gcaacgcgca	gaaccttacc
901	atcccttgac	atggcatggt	acctcgggag	accggggatc	ctcttcggag	gcgtgcacac
961	aggtgctgca	tggctgctg	cagctcgtgt	cgtgagatgt	tgggttaagt	cccgcaacga
1021	gcgcaaccga	cgtccttagt	tgccatcatt	cagttgggca	ctctagggag	actgcccgtg
1081	ataagcccg	aggaaggtgt	ggatgacgtc	aagtcctcat	ggcccttacg	ggatgggcta
1141	cacacgtgct	acaatggcgg	tgacagtggt	acgcgaaacc	gcgaggtcga	gcaaatcccc
1201	aaaaaccgctc	tcagttcgga	ttgcaactctg	caactcgggt	gcatgaaggc	ggaatcgcta

1261	gtaatcgtgg	atcagcacgc	cacggtgaat	acgttcccgg	gccttgtaca	caccgcccgt
1321	cacaccatgg	gagttggctc	taccgcagcg	cgctgcgcca	accgcaagga	ggcagggcag
1381	cacggtaggg	tcagcgactg	gggtgaagtc	gtaacaaggt	agccgtaggg	gaacc

Tab. 91: DNA-Sequenz von *Methylobacterium zatmanii* strain DSM 5688 aus der Datenbank BLAST

<i>Methylocapsa aurea</i> partial 16S rRNA gene, type strain KYGT						
Accessions-Nr.: FN433469.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Beijerinckiaceae; <i>Methylocapsa</i>						
Origin:						
1	aacgaacgct	ggcggcaggg	ctaacacatg	caagtcgaac	gccgtagcaa	tacggagtgg
61	cagacgggtg	agtaacacgt	gggaacatac	ccttcgggtc	ggaataactc	agggaaactt
121	gtgctaatac	cggatacgtc	cgcaaggaga	aagatttata	gccgaaggat	tggcccgcgt
181	ctgattagct	tggttggtgag	gtaatggctc	accaaggcga	cgatcagtag	ctggtctgag
241	aggatgatca	gccacattgg	gactgagaca	cggcccaaac	tcctacggga	ggcagcagtg
301	gggaatattg	gacaatgggc	gaaagcctga	tccagccatg	ccgcgtgagt	gatgaaggcc
361	ttagggttgt	aaagctcttt	tacctgggaa	gataatgacg	gtaccaggag	aataagcccc
421	cgctaacttc	gtgccagcag	ccgcggtaat	acgaaggggg	ggattagata	ccggtttac
481	tgggcgtaaa	gcgcacgtag	gcggatcttt	aagtcagggg	tgaatcccg	gggctcaacc
541	tcggaactgc	ctttgatact	ggagatcttg	agtcggggag	aggtgagtgg	aactgcgagt
601	gtagaggtga	aattcgtaga	tattcgcaag	aacaccagtg	gcgaagggcg	ctcactggcc
661	cggtactgac	tgtagaggtg	gaaagcgtgg	ggagcaaaaca	ggattagata	cctgggtagt
721	ccacgccgta	aacgatggat	gctagccggt	aggcagcttg	ctgcttagtg	gcgcagttaa
781	cgctttaagc	atcccgcctg	gggagtacgg	tcgcaagatt	aaaactcaaa	ggaattgacg
841	ggggcccgcg	caagcgggtg	agcatgtggg	ttaattcgaa	gcaacgcgca	gaaccttacc
901	agctcttgac	atgtctcggt	tggttaccag	agatgggttc	cttcaacttcg	ggtggcgaga
961	acacaggtgc	tgcatggctg	tcgtcagctc	gtgtcgtgag	atgtggggtt	aagtcccgca
1021	acgagcgcaa	ccctcgccct	tagttgccat	catttagttg	ggcactctag	ggggactgcc
1081	ggtgataaag	cgagaggaag	gtggggatga	cgtaagctcc	tcattggcct	tacgggctgg
1141	gctacacacg	tgctacaatg	gcggtgacag	tggagcgcga	aggggtgacc	ccgagcaaat
1201	ctcaaaaagc	cgtctcagtt	cggattgcac	tctgcaactc	gagtgcatag	aggtggaatc
1261	gctagtaaat	gtagatcaga	acgctacggt	gaatacgttc	ccgggccttg	tacacaccgc
1321	ccgtcacacc	atgggagttg	gttctaccgg	aaggcgtttt	gctaaccgca	aggaggcagg
1381	cgaccacggt	agggctcagc	actgggggtg			

Tab. 92: DNA-Sequenz von *Methylocapsa aurea* KYGT aus der Datenbank BLAST

<i>Methylocystis echinoides</i> partial 16S rRNA gene, strain 2						
Accessions-Nr.: AJ458502.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Methylocystaceae; <i>Methylocystis</i>						
Origin:						
1	acgaacgctg	gcggcagggc	taacacatgc	aagtcgaacg	ccctagcaat	agggagtggc
61	agacgggtga	gtaacgcgtg	ggaacgtacc	cttcggtctg	gaataacca	gggaaacttg
121	ggctaatacc	ggatacgtgc	gagagcagaa	agattttatc	ccgaaggatc	ggcccgcgtc
181	cgattagcta	gttgggtgag	taaaagctca	ccaaggcgac	gatcggtagc	tggtctgaga
241	ggatgatcag	ccacactggg	actgagacac	ggcccagact	cctacgggag	gcagcagtg
301	ggaatattgg	acaatgggcg	aaagcctgat	ccagccatgc	ccgcgtgagt	atgaaggccc
361	tagggttgta	aaagctcttc	gccagggacg	ataatgacgg	tacctggata	agaagcccgc
421	gctaactctg	tgccagcagc	cgcggttaata	cgaagggggc	tagcgttgtt	cggatttact
481	gggcgtaaag	gcgcagcagc	cggattttta	agtcaggggt	gaaatcccaa	ggctcaacct
541	tggaaactgc	tttgatactg	gaagtctcga	gtccgggaga	ggtgagtggg	actgcgagtg
601	tagaggtgaa	attcgtagat	attcgcaaga	acaccagtgg	cgaagggcgc	tcactggccc
661	ggtactgacg	ctgaggtgcg	aaagcgtggg	gagcaaacag	gattagatac	cctggtagtc
721	cacgcgtaaa	actatggatg	ctagccggtg	ggcagcttgc	tgttcagtg	ccagctaac
781	gcttttaagc	tcccgcctgg	ggagtagcgt	cgcaagatta	aaactcaaa	gaattgacgg
841	ggcccgcgac	aagcgggtga	gcatgtgggt	taattcgaag	caacgcgacg	aaccttacca
901	gcttttgaca	tgcccgggat	gatcgccaga	gatggcttgc	ttcccgaag	gggcccgggt
961	acaggtgctg	catggctgct	gtcagctcgt	gtcgtgagat	ggtgggttaa	gtcccgaac
1021	gagcgaaccc	ctcgccctta	ggtgcatca	ttaagttggg	cactctaggg	ggactgccgg
1081	tgataagccg	cgaggaaggt	ggggatgacg	tcaagtcctc	atggccctta	caggctgggc
1141	tacacacgct	ctacaatggc	ggtgacaatg	ggatcgggaa	gggacgacct	gagcaaatct
1201	caaaaagccg	tctcagttcg	gattgcactc	tgcaactcga	gtgcatgaag	gtggaatcgc
1261	tagtaatcgc	agatcagcac	gctgcggtga	atacgttccc	gggccttgta	cacaccgccc
1321	gtcacaccat	gggagttggg	tttaccgcaa	ggcgttctgc	caaccgcaag	gaggcagggc
1381	accacggtag	ggt				

Tab. 93: DNA-Sequenz von *Methylocystis echinoides* 2 aus der Datenbank BLAST

<i>Methylosinus trichosporium</i> 16S rRNA gene, strain KS21						
Accessions-Nr.: AJ431385.2						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Methylocystaceae; <i>Methylosinus</i>						
Origin:						
1	gaacgctggc	ggcaggctta	acacatgcaa	gtcgaacgcc	ccgcaagggg	agtggcagac
61	gggtgagtaa	cgcggtggaa	cgtgcccttc	ggttcggaa	aactcagga	aacttgagct
121	aataccggat	acgtgcgaga	gcagaaagat	ttatcgccga	aggatcggcc	cgctccgat

181	tagctagttg	gtgaggtaat	ggctcaccaa	ggcgacgatc	ggtagctggt	ctgagaggat
241	gatcagccac	attgggactg	agacacggcc	caaactccta	cgggaggcag	cagtggggaa
301	tattggacaa	tgggcgcaag	cctgatccag	ccatgccgcg	tgagtgatga	aggccctagg
361	gttgtaaagc	tctttcgcca	gggacgataa	tgacggtagc	tggataagaa	gccccggcta
421	acttctgtgc	agcagccgcg	gtaatacгаа	gggggctagc	ggtgttcgga	atcactgggc
481	gtaaagcgca	cgtaggcgga	tctttaagtc	aggggtgaaa	tcccagggct	caacctcgga
541	actgcctttg	atactggagg	tctcgagtcc	gggagagggtg	agtggaaactt	gcgagtgtag
601	aggtgaaatt	cgtagatatt	cgcaagaaca	ccagtggcga	aggcggctca	ctggcccgga
661	actgacgctg	aggtgcgaaa	gcgtggggag	caaacaggat	tagataccct	ggtagtccac
721	gccgtaaacy	atggatgcta	gccgttgggg	agcttgctct	tcagtggcgc	agctaacgct
781	ttaagcatcc	cgctgggga	gtacggctcg	aagattaaaa	ctcaaaggaa	ttgacggggg
841	cccgcacaag	gggtggagca	tggtgtttaa	ttcgaagcaa	cgcgcagaac	cttaccagct
901	tttgacatgt	ccagtatggt	cgccagagat	ggcttccttc	ccgcaagggg	ctggaacaca
961	ggtgctgcat	ggctgtcgtc	agctcgtgtc	gtgagatggt	gggttaagtc	ccgcaacgag
1021	cgcaaccttc	goccttagtt	gccatcattc	agttgggcac	tctaggggga	ctgccggtga
1081	taagccgcca	ggaagtgagg	gatgacgtca	agtcctcatg	gcccttacag	ggtgggctac
1141	acacgtgcta	caatggcggg	gacaatggga	tgctaagggg	cgacctgcg	caaatctcaa
1201	aaagccgtct	cagttcggat	tgcaactctg	aactcgagtg	catgaagggtg	gaatcgctag
1261	taatcgcgca	tcagcacgct	gcggtgaata	cgttcccggg	ccttgtaaac	accgcccgtc
1321	acaccatggg	agttggcttt	acccgaaggc	gtttcgctaa	ccgcaaggag	gcagacgacc
1381	acggtagggg	cagcgactgg	ggtg			

Tab. 94: DNA-Sequenz von *Methylosinus trichosporium* KS21 aus der Datenbank BLAST

<i>Microbacterium lacus</i> partial 16S rRNA gene, strain R-43968						
Accessions-Nr.: FR691402.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococccineae; Microbacteriaceae; <i>Microbacterium</i>						
Origin:						
1	gatgaacgct	ggcggcgtgc	ttaacacatg	caagtogaac	ggtgaaagag	agcttgctct
61	ctggatcagt	ggcgaacggg	tgagtaacac	gtgagcaatc	tgcccctgac	tctgggataa
121	gcgctggaaa	ggcgtcttaa	taccggatac	gagctgcgaa	ggcatcttca	gcagctggaa
181	agaacttcgg	tcagggatga	gctcgcggcc	tatcagctag	ttggtgaggt	aatggctcac
241	caaggcgtcg	acgggtagcc	ggcctgagag	ggtgaccggc	cacactggga	ctgagacacg
301	gcccagactc	ctacggggagg	cagcagtgagg	gaatattgca	caatggggcgc	aagcctgatg
361	cagcaacgcc	gcgtgagggg	cgacggcctt	cggttgtaa	acctctttaa	gcagggaaaga
421	agcgaagtg	acggtaacctg	cagaaaaagc	accggctaac	tacgtgccag	cagccgcggg
481	aatacgtagg	gtgcaagcgt	tatccggaat	tattgggctg	aaagagctcg	tagggcggtt
541	ctgcgctctg	ctgtgaaaaac	tgggggctca	acccccagcc	tgcaagtggg	acgggcagac
601	tagagtgcgg	taggggagat	tggaaattcct	ggtgtagcgg	tggaaatgag	agatatcagg
661	aggaacaccg	atggcggaagg	cagatctctg	ggccgtaact	gacgctgagg	agcgaagggg
721	tggggagcaa	acaggcttag	ataccctggg	agtcaccccc	gtaaacgttg	ggaactagtt
781	gtggggtcca	ttccacggat	tcctgtgacgc	agctaaccgca	ttaagttccc	cgctggggga
841	gtacggcgcg	aaggctaaaa	ctcaaaggaa	ttgacgggga	cccgcacaag	cgccggagca
901	tgccgattaa	ttcgtatgcaa	cgcgaaagaac	cttaccagg	cttgacatat	acgagaacgg
961	gccagaaatg	gtcaactctt	tggacactcg	taaacaggtg	gtgcatgggt	gtcgtcagct
1021	cgtgtcgtga	gatgttgggt	gggaatattg	aacgagcgca	accctcgctc	tatgttgcca
1081	gcacgtaaat	gtgggaactc	atgggatact	gccggggtca	actcggagga	aggtggggat
1141	gacgtcaaat	catcatgccc	cttatgtctt	gggcttcaag	catgctacaa	tggccggtag
1201	aaagggctgc	aataccgtaa	ggtggagcga	atccccaaaa	gccgggtccc	gttcggattg
1261	aggtctgcaa	ctcgacctca	tgaagtcgga	gtcgtagtga	atcgagatc	agcaacgctg
1321	cggtgaatac	gttcccgggt	cttgtaacaca	ccgcccgtca	agtcatgaaa	gtcggtaaca
1381	cctgaagccc	gtggcccac	ccttgtaggag	ggagccgctg	aaggtgggat	cggtaatag
1441	gactaagtcg	taacaaggta	gccgtaccgg	aagg		

Tab. 95: DNA-Sequenz von *Microbacterium lacus* R-43968 aus der Datenbank BLAST

<i>Microbacterium oxydans</i> strain IARI-K-83 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JN411364.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococccineae; Microbacteriaceae; <i>Microbacterium</i>						
Origin:						
1	gtggcgaacy	ggtgagtaac	acgtgagcaa	cctgcccctg	actctgggat	aagcgtcgga
61	aacggcgtct	aatactggat	atgtgacgtg	accgcatggt	ctgcgtctgg	aaagaatttc
121	ggttggggat	gggctcgcgg	cctatcagct	tggtgggtgag	gtaatggctc	accaaggcgt
181	cgacgggtag	ccggcctgag	aggggtgaccg	gccacactgg	gactgagaca	cgcccagac
241	tcctacggga	ggcagcagtg	gggaatattg	cacaatgggc	gcaagcctga	tgacgcaacg
301	ccgctgtagg	gacgacggcc	ttcgggttgt	aaacctctt	tagcagggaa	gaagcgaag
361	tgacggtagc	tgcaaaaaaa	gcgcgggcta	actacgtgcc	agcagccgcg	gtaatacgtg
421	gggcgcaagc	gttatccgga	attattgggc	gtaaagagct	cgtaggcggg	ttgtcgcgct
481	tgctgtgaaa	tccggaggct	caacctccgg	cctgcagtg	gtacgggcaag	actagagtg
541	ggtaggggag	attggaattc	ctggtgtagc	ggtggaatgc	gcagatatca	ggaggaacac
601	cgatggcgaa	ggcagatctc	tgggcccgtaa	ctgacgctga	ggagcgaaag	ggtggggagc
661	aaacaggctt	agataccctg	gtagtccacc	ccgtaaacgt	tgggaactag	ttgtggggtc
721	cattccacgg	attccgtgac	gcagctaacy	cattaagttc	cccgcctggg	gagtagcggc
781	gcaaggctaa	aactcaaagg	aattgacggg	gaccgcgaca	agcggcggag	catgcccatt
841	aattcgtatg	aacgcgaaga	accttaccaa	ggcttgacat	atacagagaac	ggccagaaaa

901	tgggtcaactc	tttggacact	cgtaaacagg	tgggtcatg	ttgtcgtcag	ctcgtgtcgt
961	gagatgttgg	gttaagtccc	gcaacgagcg	caaccctcgt	tctatgttgc	cagcacgtaa
1021	tgggtgggaac	toatgggata	ctgcccgggt	caactcggag	gaaggtgggg	atgacgtcaa
1081	atcatcatgc	cccttatgtc	ttgggcttca	cgcatgctac	aatggccggg	acaaagggct
1141	gcaataccgc	gaggtggagc	gaatcccaaa	aagccgggtc	cagttcggat	tgaggtctgc
1201	aactcagacct	catgaagtcg	gagtcgctag	taatcgcaga	tcagcaacga	tcggtgaa
1261	acggtcccgg	gtcttgtaca	caccgcccgt	ctttcatga	aa	

Tab. 96: DNA-Sequenz von *Microbacterium oxydans* IARI-K-83 aus der Datenbank BLAST

<i>Microbacterium oxydans</i> strain O-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ890539.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococccineae; Microbacteriaceae; <i>Microbacterium</i>						
Origin:						
1	cggtgaacac	ggagcttgct	ctgtgggac	agtggcgaac	gggtgagtaa	cagtgagca
61	acctgcccct	gactctggga	taagcgtgg	aaacggcgtc	taatactgga	tatgtgacgt
121	gaccgcatgg	tctgcgtctg	gaaagaattt	cggttgggga	tgggctcgcg	gcctatcagc
181	ttgttgggtga	ggtaatggct	caccaagggc	tcgacgggta	gccggcctga	gagggtgacc
241	ggccacactg	ggactgagac	acggcccaga	ctcctacggg	aggcagcagt	ggggaatatt
301	gcacaatggg	cgcaagcctg	atgcagcaac	gccgcgtgag	ggcagcggc	cttcgggttg
361	taaacctctt	ttagcagggg	agaagcgaag	gtgacggta	ctgcagaaa	agcgcggct
421	aactcagtg	cagcagccgc	ggtaatacgt	agggcgaag	cgttatccgg	aattattggg
481	cgtaaagagc	tcgtagggcg	tttgtcgcgt	ctgctgtgaa	atccggaggc	tcaacctccg
541	gcctgcagtg	ggtagcggg	gactagagtg	cggtagggga	gattggaatt	cctgggtgta
601	cggtggaatg	cgcatatc	aggaggaaca	ccgatggcga	aggcagatct	ctgggcccga
661	actgacgctg	aggagcgaag	gggtggggag	caaacaggct	tagataacct	tcgtaaacac
721	cccgtaaacg	ttgggaacta	gttgtgggg	ccattccacg	gattccgtga	cgcagctaac
781	gcattaagtt	ccccgcctgg	ggagtacggc	cgcaaggcta	aaactcaaac	gaattgacgg
841	ggaccgcgac	aagcggcggg	gcattcggat	taattcagtg	caacgcgaag	aaccttacca
901	aggcttgaca	tatacagaaa	cgggccagaa	atggtcaact	ctttggacac	tcgtaaacag
961	gtggtgcatg	gttgtcgtca	gctcgtgctc	tgagatgttg	ggtaagtcc	cgcaacgagc
1021	gcaacctcgc	ttctatgttg	ccagcacgta	atggtgggaa	ctcatgggat	actgcccggg
1081	tcaactcggg	ggaaggtggg	gatgacgtca	aatcatcatg	ccccttatgt	cttgggcttc
1141	acgcagtgca	caatggccgg	tacaaggggc	tgcaataaccg	cgaggtggag	cgaatcccaa
1201	aaagccggtc	ccagttcggg	ttgaggtctg	caactcgacc	tcataagatc	ggagtcgcta
1261	gtaatcgcag	atcagcaacg	ctgcccggta	tacgttcccg	ggctttgtac	acaccgccc
1321	tcaagtcag	aaagtcggta	acacctgaag	ccggtggcct	aacc	

Tab. 97: DNA-Sequenz von *Microbacterium oxydans* strain O-5 aus der Datenbank BLAST

<i>Microbacterium paraoxydans</i> strain 3200 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: EU714356.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococccineae; Microbacteriaceae; <i>Microbacterium</i>						
Origin:						
1	gatgaacgct	ggcggcgtgc	ttaacacatg	caagtcgaac	gggtgaacacg	gagcttgcct
61	tgtgggatca	gtggcgaacg	gggtgagtaac	acgtgagcaa	cctgcccctg	actctgggat
121	aagcgcgtga	aacggcgtct	aatactggat	atgtgacgtg	accgcatggg	ctgcgtttgg
181	aaagattttt	cggttgggga	tgggctcgcg	gcctatcagc	ttgttgggtga	ggtaatggct
241	caccaagggc	tcgacgggta	gccggcctga	gagggtgacc	ggccacactg	ggactgagac
301	acggcccaga	ctcctacggg	aggcagcagt	ggggaatatt	gcacaatggg	cgcaagcctg
361	atgcagcaac	gccgcgtgag	ggatgacggc	cttcgggttg	taaacctctt	ttagcagggg
421	agaagcgaag	gtgacggta	ctgcagaaaa	agcgcggctc	aactacgtgc	cagcagccgc
481	ggtaatacgt	agggcgaag	cgttatccgg	aattattggg	cgtaaagagc	tcgtagggcg
541	tttgtcgcgt	ctgctgtgaa	atcccagggc	tcaacctcgg	gcctgcagtg	ggtacgggca
601	gactagagtg	cggtagggga	gattggaatt	cctgggtgag	cggtggaatg	cgcagatc
661	aggaggaaca	ccgatggcga	aggcagatct	ctgggcccga	actgacgctg	aggagcgaag
721	gggtggggag	caaacaggct	tagataacct	ggtagtccac	cccgtaaacg	ttgggaacta
781	gttgtgggg	ccattccacg	gattccgtga	cgcagctaac	gcattaagtt	ccccgcctgg
841	ggagtacggc	cgcaaggcta	aaactcaaac	gaattgacgg	ggaccgcgac	aagcggcggg
901	gcatgaggat	taattcagtg	caacgcgaag	aaccttacca	aggcttgaca	tatacagaaa
961	cgggccagaa	atggtcaact	ctttggacac	tcgtaaacag	gtggtgcatg	gttgtcgtca
1021	gctcgtgctc	tgagatgttg	ggtaagtcc	cgcaacgagc	gcaacctcgc	ttctatgttg
1081	ccagcacgta	atggtgggaa	ctcatgggat	actgcccggg	tcaactcggg	ggaaggtggg
1141	gatgacgtca	aatcatcatg	ccccttatgt	cttgggcttc	acgcatgcta	caatggccgg
1201	tacaaggggc	tgcaataaccg	tgaggtggag	cgaatcccaa	aaagccggtc	ccagttcggg
1261	ttgaggtctg	caactcgacc	tcataagatc	ggagtcgcta	gtaatcgcag	atcagcaacg
1321	ctgcccggta	tacgttcccg	ggctttgtac	acaccgcccg	tcaagtcag	aaagtcggta
1381	acacctgaag	ccggtggcct	aacctttgtg	gagggagctg	tcgaaggtgg	gatcggtaat
1441	taggactaag	tcgtaacaag	gtagccgtac	cgggaagg		

Tab. 98: DNA-Sequenz von *Microbacterium paraoxydans* 3200 aus der Datenbank BLAST

<i>Micrococcus</i> spec. HEXBA04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ658423.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Micrococccineae; Micrococccaceae; <i>Micrococcus</i>						

Origin:						
1	aggatgaacg	ctggcggcgt	gcttaacaca	tgcaagtcga	acgatgaagc	ccagcttct
61	gggtggatta	gtggcgaacg	ggtgagtaac	acgtgagtaa	cctgccctta	actctgggat
121	aagcctggga	aactgggtct	aataccggat	aggagcgtcc	accgcatggt	gggtgttggg
181	aagatttatic	ggttttggat	ggactcgcgg	cctatcagct	tgttgggtgag	gtaatggctc
241	accaaggcga	cgacgggtag	ccggcctgag	agggtgaccg	gccacactgg	gactgagaca
301	cggcccagac	tcctacggga	ggcagcagtg	gggaatattg	cacaatgggc	gaaagcctga
361	tgacgagcag	ccgcgtgagg	gatgacggcc	ttcgggttgt	aaacctcttt	cagtagggaa
421	gaagcgaag	tgacggtacc	tgacagaaga	gcaccggcta	actacgtgcc	agcagcccg
481	gtaatacgtg	gggtgcgagc	gttatccgga	attattgggc	gtaaagagct	cgtaggcggg
541	ttgtcgcgtc	tgctcgtgaa	gtccggggct	taaccocgga	tctcgggtgg	gtacgggcag
601	actagagtg	agtaggggag	actggaattc	ctggtgtagc	gggtggaatg	gcagatatca
661	ggaggaaac	cgatggcgaa	ggcaggtctc	tgggctgtaa	ctgacgctga	ggagcgaag
721	catggggagc	gaacaggatt	agataccctg	gtagtccatg	ccgtaaacct	tgggcactag
781	gtgtggggag	cattccacgg	ttccgcggcc	gcagtaacg	cttaagtgc	cccgcctggg
841	gagtagggcc	gcaaggctaa	aactcaagg	aattgacggg	ggcccgcaga	agcggcggag
901	catgtaggatt	aattcgatgc	aacgcgaaga	acctaccaa	ggcttgacat	gttctcgatc
961	gccgtagaga	tacggtttcc	cctttggggc	gggttcacag	gtggtgcatg	gttctcgtca
1021	gctcgtgctg	tgagatggtg	ggttaagtcc	cgcaacgagc	gcaacctcgc	ttccatggtg
1081	ccagcacgta	atggtagggg	ctcatgggag	actgccgggg	tcaactcgga	ggaaggtgag
1141	gacgacgtca	aatcatcatg	ccccttatgt	cttgggcttc	acgcatgcta	caatggccgg
1201	tacaatgggt	tgcgatactg	tgaggtagg	ctaattccaa	aaagccggtc	tcagttcgga
1261	ttgggggtct	caactcgacc	ccatgaagtc	ggagtgcgta	gtaatcgag	atcagcaacg
1321	ctgctggtag	tacgttcccg	ggccttgtac	acaccgcgg	tcaagtacag	aaagtgggta
1381	acaccgaag	ccggtagcct	aaccctgtg	gggggagccg	tcgaa	

Tab. 99: DNA-Sequenz von *Micrococcus* spec. HEXBA04 aus der Datenbank BLAST

<i>Mycobacterium</i> spec. S061 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: FJ544445.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Corynebacterineae; Mycobacteriaceae; <i>Mycobacterium</i>						
Origin:						
1	cgaacgctgg	cggcgtgctt	aacacatgca	agtgcgaacg	taaggccctt	cggggtagac
61	gagtggcgaa	cgggtgagta	acacgtgggt	gatctgccct	gcacttcggg	ataagcctgg
121	gaaactgggt	ctaataccgg	atatgacat	gcgcttcacg	gtgtgtgggt	gaaagctttt
181	cgggtgtggg	atggggcccg	ggcctatcag	cttgttgggt	gggtaaatgg	ctaccaaggc
241	gacgacgggt	agccggcctg	agaggggtgc	cggccacact	gggactgaga	tacggcccag
301	actcctacgg	gaggcagcag	tggggaatat	tgcaacaatg	gcgcaagcct	gatgcagcga
361	cgccgcgtgg	gggatgacgg	ccttcggggt	gtaaacctct	ttcagtaggg	acgaagcgca
421	agtgacggta	cctacagaag	aagcaccggc	caactacgtg	ccagcagccg	cgtaataacg
481	tagggtagcga	gcgttgcctg	gaattactgg	gcgtaaagag	ctcgtagggt	gtttgcgcg
541	ttgttcgtga	aatctcagag	cttaactgtg	agcgtgcgag	cgatacgggc	agactggagt
601	actgcagggg	agactggaat	tcttgggtga	acgggtggaat	gcgagatata	caggagggaac
661	accggtagcg	aaggcgggct	tctgggcagt	aactgacgct	gaggagcgaa	agcgtggggg
721	gcgaacagga	ttagataacc	tggtagtcca	cgccgtaaac	ggtaggtact	aggtgtgggt
781	ttccttcctt	gggatccgtg	ccgtagctaa	cgcatatagt	acccgcctg	gggagtagcg
841	ccgcaaggct	aaaactcaaa	gaaattgacg	ggggcccgca	caagcnacgg	agcatgggat
901	taattngatg	gaaggcgaaa				

Tab. 100: DNA-Sequenz von *Mycobacterium* spec. S061 aus der Datenbank BLAST

<i>Mycobacterium</i> spec. 12/13.28 AW partial 16S rRNA gene						
Accessions-Nr.: HE575946.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales; Corynebacterineae; Mycobacteriaceae; <i>Mycobacterium</i>						
Origin:						
1	aacgctggcg	gcgtgcttaa	cacatgcaag	tcgaacggaa	aggcccttcg	gggtactcga
61	gtggcgaacg	ggtgagtaac	acgtgggtga	tctgccctgc	actttgggat	aagcctggga
121	aactgggtct	aataccggat	atacctcatg	gactgcatgg	tttgtggggg	aaagcttttg
181	cgggtgtggg	tggggcccg	gcctatcagc	ttgttgggtg	gggtatggct	taccaaggcg
241	acgacgggta	gccggcctga	gagggtagcc	ggccacactg	ggactgagat	acggcccaga
301	ctcctacggg	aggcagcagt	ggggaatatt	gcacaatggg	cgcaagcctg	atgcagcgac
361	gccgcgtgag	ggatgacggc	cttcgggttg	taaacctctt	tcagcaggga	cgaagcgcaa
421	gtgacggtag	ctgtagaaga	aggaccggcc	aactacgtgc	cagcagccgc	ggtaatacgt
481	agggctccgag	cgttgcctgg	aattactggg	cgtaaagagc	tcgtangtgg	tttgcctcgt
541	tgttcgtgaa	aactcagcag	tcaactgtgg	gcgtgcgggc	gataccggca	gacttgagta
601	ctgcagggga	gactggaatt	cctggtgtag	cggtggaatg	cgcagatata	aggaggaaaca
661	ccggtagcga	aggcgggtct	ctgggcagta	actgacgctg	aggagcgaaa	gcgtggggag
721	cgaacaggat	tagataccct	gtagtccac	gccgtaaacg	gtgggtacta	ggtgtgggtt
781	tccttccttg	ggatccgtgc	cgtagctaac	gcattaagta	ccccgcctgg	ggagtacggc
841	cgcaaggcta	aaactcaaa	aaattgacgg	gggcccgcac	aagcggcggg	gcatgtggat
901	taattcgatg	caacgcgaag	aaacctacct	gggtttgaca	tgcaacaggc	gtgcctagag
961	ataggatttc	ccttgcggcc	tgtgtgcagg	tggtgcatgg	tctcgtcag	ctcgtgcgt
1021	gagatgttgg	gttaagtccc	gcaacgagcg	caaccttat	cttatgttgc	cagcgcgtaa
1081	tggcggggac	tcgtgagaga	ctgcccgggt	caactcggag	gaaggtgggg	atgacgtcaa
1141	gtcatcatgc	cccttatgtc	cagggtctca	cacatgctac	aatggccggg	acaaagggtt

1201	gcgatgcggt	gaggtggagc	gaatcctttc	aaagccggtc	tcagttcggg	tcggggctctg
1261	caactcgacc	ccgtgaagtc	ggagtcgcta	gtaatcgag	atcagcaacg	ctgcccgtgaa
1321	tacgttcccg	ggccttgtag	acaccgcccg	tcacgtcatg	aaagtcggta	acaccggaag
1381	ccgggtggcct	aacccttctg	gggaggggagc	cgctcgaaggt	gggat	

Tab. 101: DNA-Sequenz von *Mycobacterium* spec. 12/13.28 AW aus der Datenbank BLAST

<i>Naegleria</i> spec. SUM3V/I small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: DQ768723.1						
Taxonomie:						
Eukaryota; Heterolobosea; Schizopyrenida; Vahlkampfiidae; <i>Naegleria</i> ; unclassified <i>Naegleria</i>						
Origin:						
1	acctggttga	tcctgccagt	actatatgct	tgtctcaaag	cctaagccat	gcaaatctaa
61	gatcaatcat	atgtggtttc	ggccatgtat	aatgatagtc	tgtggaaggc	tcattataac
121	agttatacac	ctagccactg	gaaagtttac	aaggatacca	ccgttaactg	cagcgataat
181	acttgttccc	ttcgggggtg	taatagtata	tgtgctgaag	cctagctatt	gtaactcagt
241	ttttctggat	gtggcaacat	attcaggggtg	attgggaatc	gaccgctagc	aggtgcccgc
301	aagggcgccg	gaaagtgaat	taacaagggt	ttcataaggc	ctttcagggt	tgctttttct
361	agtgcccgag	cagaggtgtt	tcttacctat	cagctcgttg	tttgtttaaa	ggcaaaacca
421	gctatgacg	ggtacgggga	atcagtgctt	gattccggag	agggagcctg	agaaaatcgct
481	accacatcta	aggacggcag	caggcgcgca	aattacccaa	tccaatacag	gggaggtagt
541	gacaagctat	agtgtctcca	cacccttagg	tggggaggta	ttatcatctg	ataattttcc
601	atgatttggg	tgtagataac	cccttagagca	gccattggag	gaaaagctcg	gtgaattgtc
661	gccagaata	gtgatccagt	aatggagagc	tagtgcgaat	gaccacgggt	gatcctcgtg
721	ctagcggcga	aacgacccaa	ttgcccgaag	cgctcttcta	aagcctaaca	gtaccgttct
781	tgtttacaag	aactatgaca	ggagaaaagc	ctgtaggatg	gtaacaatct	gttaggtgta
841	gcgtaatccg	cagccaagct	ttttggtgat	caaatccctg	ttattggagg	atattggaag
901	catgacgatg	ggtttatact	tttatttgcc	aaaacgggac	ctctggtgag	gatatagatct
961	cgcaagaggt	tgaatattcc	gtactaagga	tctctgatcc	ggaaagtcta	gagactacac
1021	ggcaaagcca	tagtggctag	tataaatgga	tagtccctag	ttaaccatct	aggcatccca
1081	tacaaaatgg	tttcaataaa	acagaaaatc	gcaagatttc	aaaagaaggt	gaaaactttc
1141	aaaagtgtga	cactttctcc	tccgcaaa	ataacagttc	aaatcaatcg	taattcgttt
1201	aaagacgggt	atgatcctct	aattgagaca	atcgattatg	gttatagcag	tatggggtcgc
1261	gttcatgtta	gtgatagcga	tcaaattgct	aaaattaacc	aaggaactca	agccagaaat
1321	gtctttaatg	agtggctaac	tactcacaaa	ggagataaa	gaagatctgg	taagcagata
1381	ccttttatca	tagacagact	cagcaaggta	aatgtttgta	agcacgaatt	tggcgaatgc
1441	ctgattgggtg	tagcaaataa	gaccactgct	ggttttaa	tccgttttat	gaataaaaaag
1501	ggttccgatt	cgtatgtgca	ccacgtagcg	gtccttgcca	actctaaaca	caaagattgt
1561	atccatagct	tggatagatg	cagaactggt	tcgagtagca	aaaagggcag	tggagctaga
1621	acgattttct	atattttggtg	taatggagcg	tgtgctagac	caggtcattt	aaagattgag
1681	tccaaaacag	taaatgatga	acgtactcac	tgtcattttt	tactgcgtaa	gtctcaatct
1741	gaccatcaat	cagaaatgat	taggctagcc	tgtcctcaca	ctccaaagtg	ttttgtaaat
1801	atatacaaaa	taaaccacacc	gtattactaa	ttgatagcgt	ttgattccga	aagaaaggtt
1861	cagagactag	atgggtgttg	gcagagtgtg	tagctttgct	taaggtatag	tccaaacca
1921	ctcgatgaca	aagagtgtgt	caatcgcaag	gtactaatca	taccccagga	ttgatgttccg
1981	gtagaattgg	ccagcaccgc	cggtaatctc	agctccaaga	gcgtatatta	atactgctgt
2041	agttaaaacg	cccgtagtag	cttaagaggt	gcccagtag	taattagttc	tacaaagaga
2101	tggttgggga	gagtttataa	cccttctttg	cctacttttg	gtaaaactca	gtcgggcagg
2161	gccttacggg	tctcgtctga	cagttgctgc	gtgtacactt	gtcccaggtt	catccgtgag
2221	gcccccttgg	gttgcaactg	taaataaatc	ggttggtcta	aagcgggcta	tgatactctg
2281	ccagagcgtg	ttagcatggg	atgacagagt	agctgtattt	gagtgaacc	tggacctcgg
2341	tttgggctga	gcttgggtaca	gcccgtgtaa	tggagctcag	ggtgaggccc	cgggtaccat
2401	gaggctagag	gtgaaattct	gagaccctca	tgtgaccaac	taaggcga	gctgtcgtgg
2461	gccaaccaca	agctcgtcta	tcagggacga	aagttggggg	atcgaagacg	atcagatacc
2521	gtcgtagctc	caactataaa	cgataccaac	cgagtatttg	ggaagacact	atcccagca
2581	tcttctcaga	actcaaggga	aaccttaagt	ctttgggttc	tggggggagt	atagtcgcaa
2641	gaccgaaact	taaaggaatt	gacggaaag	caccaccag	agtgagctct	gcccgttaat
2701	tcgactcaac	acgggggaa	tcaccaggtc	aggacacaag	tttgattgac	aggttaatag
2761	ccctttcttg	attgtgtggt	gggtagtgca	tggccgtttc	cagttcgtgg	agtgatctgt
2821	cttggttaatt	cagataacga	acgagacct	agccttaac	tagccgtagg	ccctttcctt
2881	cggggaaggg	ttagtttatc	gggactggct	tttggccttt	tccaaaacct	acgtgacttt
2941	tgtagctctc	ttaaagggac	ttcattcgtt	ctagtagaat	gaggaagatt	taggcccata
3001	caggtctgtg	atgctcttag	atgctcctgg	ctgcacgctg	actacaataa	cggtaaccag
3061	gagcgtatg	gttttataac	cccttatcct	aataggattg	ggaaaacttt	tcaaacaccg
3121	ttatgacag	gatcgaggat	tggaaacatc	tcgtgaacga	ggaattccta	gtaagcgtgg
3181	ttcatcaca	cacattgatt	acgtccctgc	ctttgtgaca	caccgcccgt	cgctcctacc
3241	gtgggacga	agagatgaac	ctggcggacc	gagccgcaag	gcaagggaaa	ccagttaaat
3301	ctcttctgct	gtaggaagga	aaagtcgtaa	caaggtctcc	gtaggtgaa	cagcgggaag

Tab. 102: DNA-Sequenz von *Naegleria* spec. SUM3V/I aus der Datenbank BLAST

<i>Pantoea agglomerans</i> strain CE21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JN084142.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; <i>Pantoea</i>						
Origin:						
1	gggtgacgag	tggcggacgg	gtgagtaatg	tctggggatc	tgcccgatag	agggggataa

61	ccactgaaa	cggtggctaa	taccgataa	cgctgcaaga	ccaagaggg	ggaccttcgg
121	gcctctcact	atcggatgaa	cccagatggg	attagctagt	aggcggggta	atggcccacc
181	taggcgacga	tccctagctg	gtctgagagg	atgaccagcc	acactggaac	tgagacacgg
241	tccagactcc	tacgggaggg	agcagtgggg	aatattgcac	aatggggcga	agcctgatgc
301	agccatgccg	cgtgtatgaa	gaaggccttc	gggttgtaaa	gtactttcag	cggggaggaa
361	ggcgacgggg	ttaataaccg	cgctgattga	cgttaccgcc	agaagaagca	ccggctaact
421	ccgtgccagc	agcccggtga	atacggaggg	tgcaagcgtt	aatcggaaat	actggggcgt
481	aagcgcacgc	agggcgctcg	ttaagtcaga	tgtgaaatcc	ccgggcttaa	cctggggaact
541	gcatttgaaa	ctggcaggct	tgagtcttgt	agaggggggt	agaattccag	gtgtagcggg
601	gaaatgcgta	gagatctgga	ggaataaccg	tggcgaaggc	ggccccctgg	acaaagactg
661	acgctcaggt	gcgaaaagcg	ggggagcaaa	caggattaga	tacctggta	gtccacgccg
721	taaacgatgt	cgacttggag	gttgttccct	tgaggagtgg	cttccggagc	taacgcgtta
781	agtcgacccg	ctggggagta	cggccgcaag	gttaaaactc	aatgaattg	acgggggcc
841	gcacaagcgg	tggagcatgt	ggtttaattc	gatgcaacgc	gaagaacctt	acctactctt
901	gacatccagc	gaacttagca	gagatgcttt	gggtccttcg	ggaacgctga	gacaggtgct
961	gcatggctgt	cgctcagctc	tggttgtaaa	tggtgggtta	agtcccgcaa	cgagcgcaac
1021	ccttatcctt	tggtgccagc	gattcggctc	ggaactcaaa	ggagactgcc	ggtgataaac
1081	cggaggaagg	tggggatgac	gtcaagtcac	catggccctt	acgagtaggg	ctacacacgt
1141	gctacaatgg	cgatacaaaa	gagaagcgac	ctcgcgagag	caagcggacc	tcacaaagtg
1201	cgtcgtagtc	cggatcggag	tctgcaactc	gactccgtga	agtcggaatc	gctagtaatc
1261	gtggatcaga	atgccacggg	gaatacgttc	ccgggccttg	tacacaccgc	ccgtcacacc
1321	atggggagtg	ggtgcaaaa	aagtaggtag	c		

Tab. 103: DNA-Sequenz von *Pantoea agglomerans* CE21 aus der Datenbank BLAST

<i>Pedomicrobium fusiforme</i> partial 16S rRNA gene, strain DSM 5304 (Organsim: <i>Filomicrobium fusiforme</i>)						
Accessions-Nr.: Y14313.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Filomicrobium</i>						
Origin:						
1	cagaacgaac	gctggcggca	ggcctaacac	atgcaagtcg	aacgccctag	caatagggag
61	tggcagacgg	gtgagtagcg	cgctgggaacc	tacctattgg	tacggaataa	ctcggggaaa
121	cccgtgctaa	taccgtataa	gcccagagagg	ggaaagattt	atcgccatta	gatggggccc
181	cgctcggatta	gctagtgggt	gaggtaatgg	ctcaccaagg	cgacgatccg	tagctggctc
241	gagaggatga	tcagccacac	tgggactgag	acacggccca	gactcctacg	ggaggcgaca
301	gtggggaata	tgggacaatg	ggcgaaagcc	tgatccagcc	atgccgcgtg	agtgacgaag
361	gccttagggg	tgtaaaagctc	ttttggcggg	gacgataatg	acggatcccg	cagaataaag
421	cccggtcaac	tctcgtccag	cagcccgggg	aatacgaagg	gggctagcgt	tgctcggaa
481	cactggcgct	aaagcgcacg	taggcggatt	tgtagtcag	gggtgaaatc	ccggggctca
541	acctcggaac	tgctctgat	actgcaagtc	tcgagtcga	gagaggtgag	tggaaatcct
601	agtgtagagg	tgaaatcctg	agatattagg	aagaacacca	gtggcgaagg	cggtcactcg
661	gctcggctact	gacgctgaag	tgcgaaagcg	tggggagcaa	acaggattag	ataccctggg
721	agtccaagcc	gtaaaagatg	gatgctagcc	gtcggcaagc	ctgcttgctg	gtggcgacgc
781	taacgcatta	agcatcccgc	ctggggagta	cggccgcaag	gttaaaactc	aaaggaattg
841	acggggggccc	gcacaagcgg	tggagcatgt	ggtttaattc	gatgcaacgc	gaagaacctt
901	accagctcct	gacattcact	gaccgtttcc	agagatggat	tcacccctagc	aataggcagt
961	gggacagcgt	ctgcatggct	gtcgtcagct	cgctcgtgta	gatggtgggt	taagtccgcg
1021	aacgagcgca	accctcgcca	ttagttgcca	gcatttagtt	gggcaactca	gtgggactgc
1081	cgggtgataag	ccggaagaag	gtggggatga	cgtaagtcac	tcattggccct	tacgggctgg
1141	gctacacacg	tgctacaatg	gcagtgacaa	tgggttaatc	ccaaaaaact	gtctcagttc
1201	ggattgggtt	ctgcaactcg	aaaccatgaa	ggtggaatcg	ctagtaatcg	cggatcacga
1261	tgccgcgggt	aatacgttcc	cgggccttgt	acacaccgcc	cgtaacacca	tgggagttgg
1321	ttttacccca	agacggtgcg	ctaaccgcga	agggaggcag	cctgccaccg	taaggtcagc
1381	gactgggggtg	aagtcgtaac	aaggtagccg			

Tab. 104: DNA-Sequenz von *Pedomicrobium fusiforme* DSM 5304 aus der Datenbank BLAST

<i>Pedomicrobium manganicum</i> strain ATCC 33121 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: GU269549.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Hyphomicrobiaceae; <i>Pedomicrobium</i>						
Origin:						
1	tcatggctca	gaacgaacgc	tggcggcagg	cctaacacat	gcaagtcgaa	cgctccagca
61	atggagagtg	gcagacgggt	gagtaacgcg	tgggaacctt	ccctatggtt	cggaatagct
121	cagggaaacc	tggggtaata	ccggataagc	ccttcggggg	aaagatttat	cgccattgga
181	tgggcccgcg	taggattagc	tagttgggtga	ggtaacggct	caccaaggcg	acgatcctta
241	gctggctctga	gaggatgatc	agccacactg	ggactgagac	acggcccaga	ctcctacggg
301	agggcagcag	ggggaatatt	ggacaatggg	cgaagccctg	atccagccat	gccgcgtgag
361	tgacgaaggg	cttaggggtg	ttaagctcct	ttggcggggg	agataatgac	ggtaccgcga
421	gaataagctc	cggctaactt	cgtgcccagca	gccgcggtaa	tacgaaggga	ctagcgttg
481	ttcggaatca	ctgggctgaa	agcgcacgta	ggcggattgt	ttagtcaggg	gtgaaatccc
541	ggggctcaac	ctcggaaactg	cctttgatac	tggcaatctc	gagtcggata	gaggtgggtg
601	gaattcctag	tgtagaggtg	aaattcgtag	atattaggaa	gaacaccggg	ggcgaagggc
661	gcccactgga	ctcgtactga	cagctgaggtg	cgaagcggct	ggagcaaac	aggtattgat
721	accctggtag	tccacgccgt	aaacgatgga	tgctagccgt	cagcaagcat	gcttgggtgg
781	ggcgcagcta	acgcatatag	catcccgcct	ggggagtagc	gccgcaaggt	taaaactcaa
841	aggaattgac	ggggggcccgc	acaagcgggtg	gagcatgtgg	tttaattcga	cgcaaccgca

901	agaaccttac	cagcccttga	catgcccgga	cggttccag	agatggattc	ctctagcaa
961	taggtcggga	cacaggtgct	gcatggctgt	cgtcagctcg	tgtcgtgaga	tgttgggta
1021	agtcccgcaa	cgagcgcaac	cctcgccatt	agttgccatc	atttagttgg	gcactctagt
1081	gggactgccg	gtgataagcc	ggaggaaggt	ggggatgacg	tcaagtcac	atggccctta
1141	cgggctgggc	tacacacgtg	ctacaatggc	ggtagacagt	ggcagccacc	cagcgtatgg
1201	gagctaatca	caaaaagccg	tctcagttcg	gattgggggtc	tgcaactcga	ccccatgaag
1261	tcggaatcgc	tagtaatcgc	ggatcagcac	gccgcggtga	atacgttccc	ggccttcta
1321	cacaccgccc	gtcacacccat	gggagttggt	tttaccgaa	gacggtgcgc	taaccgcaag
1381	gaggcagccg	gccacgtaa				

Tab. 105: DNA-Sequenz von *Pedomicrobium manganicum* ATCC 33121 aus der Datenbank BLAST

<i>Pelomonas saccharophila</i> gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: NBRC 103037						
Accessions-Nr.: AB681917.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Comamonadaceae; <i>Pelomonas</i>						
Origin:						
1	attgaacgct	ggcggcatgc	cttacacatg	caagtcgaac	ggtaacaggt	taagctgacg
61	agtggcgaac	gggtgagtaa	tatatcggaa	cggtcccagt	cgtgggggat	aactgctcga
121	aagagcagct	aataccgcat	acgacctgag	ggtagaagcg	ggggatcgca	agacctcgcg
181	cgattggagc	ggccgatatc	agattaggtg	gttggtgggg	taaaggccca	ccaagccaac
241	gatctgtagc	tggtctgaga	ggacgaccag	ccacactggg	actgagacac	ggcccagact
301	cctacgggag	gcagcagtg	ggaattttgg	acaatggggc	caacccctgat	ccagccatgc
361	cgcggtcggg	aagaagcct	tcgggttcta	aaccgctttt	gtcagggaa	aaaaggttct
421	ggttaatacc	tgggactcat	gacggtacct	gaagaataag	caccggctaa	ctacgtgcca
481	gcagccggg	taatacgtag	ggtgcaagcg	ttaatcgaa	ttaactggcg	taaagcgtgc
541	gcaggcggtt	atgcaagaca	gaggtgaaat	ccccgggctc	aacctgggaa	ctgcctttgt
601	gactgcatag	ctagagtacg	gtagaggggg	atggaattcc	gcgtgtagca	gtgaaatgcy
661	tagatatgcy	gaggaacacc	gatggcgaag	gcaatcccct	ggacctgtac	tgacgctcat
721	gcacgaagc	gtggggagca	aacaggatta	gataccctgg	tagtccacgc	cctaaacgat
781	gtcaactggt	tggtgggagg	gtttcttctc	agtaacgtag	ctaacgcgctg	aagttgaccg
841	cctggggagt	acggccgcaa	ggttgaaact	caaaggaatt	gacggggacc	cgacaagcg
901	gtggatgatg	tggtttaaatt	cgatgcaacg	cgaaaaacct	tacctaccct	tgacatgcca
961	ggaatcctga	agagatttgg	gagtgtctga	aagagaacct	ggacacaggt	gctgcatggc
1021	cgctgcagc	tcgtgtcgtg	agatgttggg	ttaagtcocg	caacgagcgc	aacctttgtc
1081	attagttgct	acgaaagggc	actctaatag	gactgcccgt	gacaaaccgg	aggaaggtgg
1141	ggatgacgct	aggtcatcat	ggcccttatg	ggtagggcta	cacacgtcat	acaatggccg
1201	ggacagaggg	ctgccaacc	tcgaggggga	gctaatacca	gaaaccgggt	cgtagtcggg
1261	atcgtagtct	gcaactcgac	tgcgtgaaat	cggaatcgct	agtaaatcgcg	gatcagcttg
1321	ccgcggtgaa	tacgttcccg	ggtcttctac	acaccgcccg	tcacaccatg	ggagcggggt
1381	ctgccagaag	tagttagcct	aaccgcaag	agggcgatta	ccacggcag	gttcgtgact
1441	ggggtgaag					

Tab. 106: DNA-Sequenz von *Pelomonas saccharophila* NBRC 103037 aus der Datenbank BLAST

<i>Phoma spec.</i> ZHA 18S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ838011.1						
Taxonomie:						
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Pleosporomycetidae; Pleosporales; Pleosporineae; Didymellaceae; mitosporic Didymellaceae; <i>Phoma</i>						
Origin:						
1	tgccatgtct	agtataagca	ttataaccgtg	aaactgcgaa	tggctcatta	aatcagttat
61	cgttttattg	atagtacctt	actacttggg	taaccgtggt	aattctagag	ctaatacatg
121	ctgaaaaacc	caacttcggg	aggggtgtat	ttattagata	aaaaccaac	gcccttcggg
181	gcttcttggc	gattccatgat	aacttcacgg	atcgcatggc	cttgcgcggc	cgacggttca
241	ttcaaatctc	tgccctatca	actttcgatg	gtaaggtatt	ggcttaccat	ggtttcaacg
301	ggtaacgggg	aattaggggt	cgattccgga	gagggagcct	gagaaacggc	taccacatcc
361	aaggaaggca	gcaggcgcgc	aaattaccca	atcccagcac	ggggaggtag	tgacaataat
421	tactgatata	gggctctttt	gggtcttcta	attggaatga	gtacaattta	aacctcttaa
481	cgaggaacaa	ttggagggca	agtctggtgc	cagcagccgc	ggtaattcca	gctccaatag
541	cgtatattaa	agttgttgca	gttaaaaagc	tcgtagttag	aacttggggc	tggtggcag
601	gtccgcctca	ccgcgtgtac	ttgtccggcc	gggctttccc	ttctggagaa	cctcatgccc
661	ttcaactggg	gtggtgggga	accaggactt	ttactttgaa	aaaattagag	tgttcaaacg
721	aggcctttgc	tcgaatacgt	tagcatggaa	taatagaata	ggacgtgcgg	tcctattttg
781	ttggtttcta	ggaccgccgt	aatgattaat	agggacagtc	gggggcatca	gtattcaatt
841	gtcagaggtg	aaattcttgg	atltattgaa	gactaacctac	tgcgaaagca	tttgccaagg
901	atgtttctat	taatcagtg	acgaaagttg	ggggatcgaa	gacgatcaga	taccgtcgta
961	gtcttaaacg	taactatg	cgactagggg	tcggggcgatg	ttctttttct	gactcgctcg
1021	gcaccttacg	agaaatcaaa	gtttttgggt	tctgggggga	gtatggctgc	aaggctgaaa
1081	cttaaagaaa	ttgacgggag	ggcaccacca	ggcgtggagc	ctgcggctta	attgactca
1141	acacggggaa	actcaccagg	tccagatgaa	ataaggattg	acagattgag	agctctttct
1201	tgatttttca	ggtggtgggt	catggccggt	cttagttggt	ggagtgattt	gtctgcttaa
1261	ttgcgataac	gaacgagacc	ttaacctgct	aaatagccag	gctagctttg	gctggctgcc
1321	ggcttcttag	agggactatc	ggctcaagcc	gatggaagtt	tgaggcaata	acaggtctgt
1381	gatgccctta	gatgttctgg	gccgcacgcy	cgctacactg	acagagccaa	cgagttatct
1441	accttggccg	gaaggtctgg	gtaactctgt	taaactctgt	cgtgctgggg	atagagcatt
1501	gcaattattg	ctcttcaacg	aggaatgcct	agtaagcgca	tgtcatcagc	atgctgtgat

1561	tacgtcctg	ccctttgtac	acaccgccc	tcgctactac	cgattgaatg	gctcagtgag
1621	gcctccggac	tggctcgaag	aggttggcaa	cgaccacttc	gagccggaag	gctgggtcaaa
1681	ctcggctcatt	agagaataa	aaatTTTT			

Tab. 107: DNA-Sequenz von *Phoma* spec. ZHA aus der Datenbank BLAST

<i>Photobacterium</i> spec. HAR72 gene for 16S rRNA, partial sequence						
Accessions-Nr.: AB038032.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Vibrionales; Vibrionaceae; <i>Photobacterium</i>						
Origin:						
1	aagagtttga	tcatggctca	gattgaacgc	tggcggcagg	cctaacacat	gcaagtcgag
61	cggtaacaga	aaagagcttg	ctcttttgct	gacgagcggc	ggcgggtga	gtaatgcctg
121	ggaatagcc	ctgatgtggg	ggataactat	tggaaacgat	agctaatacc	gcataatctc
181	ttcggagcaa	agagggggac	cttcgggcct	ctcgcgtcag	gattagccca	ggtgggatta
241	gctagtgtgt	ggggtaatgg	ctcaccaagg	cgacgatccc	tagctggtct	gagaggatga
301	tcagccacac	tggaaactgag	acacggtcca	gactcctacg	ggaggcagca	gtggggaata
361	tgtcacaatg	ggggaaccc	tgatgcagcc	atgccgcgtg	tatgaagaag	gccttcgggt
421	tgtaaagtac	tttcagttgt	agggaaaggc	ttggagttaa	tagcttcagc	gtttgacgtt
481	agcaacagaa	gaagcaccgg	ctaactccgt	gccagcagcc	gcggtaatc	ggagggtgcg
541	agcgttaatc	ggaattactg	ggcgtaaagc	gcatgcaggc	ggtctgtaa	gcaagatgtg
601	aaagcccggg	gctcaacctc	ggaacagcat	tttgaactgg	cagactagag	tcttgtagag
661	ggggtagaaa	tttcaggtgt	agcggtagaa	tgcgtagaga	tctgaaggaa	taccgggtgc
721	gaaggcggcc	ccttgacaaa	agactgacgc	tcagatgcga	aagcgtggg	agcaaacagg
781	attagatacc	ctggtagtcc	acgcccgtaa	cgatgtctac	ttggagggtg	tggccttgag
841	ccgtggcttt	cggagctaac	gcgttaagta	gaccgcctgg	ggagtacggt	cgcaagatta
901	aaactcaaat	gaattgacgg	gggcccgcac	aagcgggtga	gcatgtggtt	taattcgatg
961	caacgcgaag	aaccttacct	actcttgaca	tccagagaat	tcgctagaga	tagcttagtg
1021	ccttcgggaa	ctctgagaca	gggtgctgcat	ggctgctgctc	agctcgtggt	gtgaaatggt
1081	gggttaagtc	cgcacaacgag	cgcaacctct	atccttggtt	gccagcacgt	aatgggtggga
1141	actccagggg	gactgcccgt	gataaacccg	aggaagggtg	ggacgacgctc	aagtcacat
1201	ggccttacg	agtagggcta	cacacgtgct	acaatggcgt	atacagagg	ctgcaagcta
1261	gcgatagtg	gcgaatccca	caaagtacgt	cgtagtccgg	attggagctc	gcaactcgac
1321	tccatgaagt	cggaatcgct	agtaatcgct	aatcagaatg	tcacgggtgaa	tacgttcccc
1381	ggccttgtag	acaccgccc	tcacaccatg	ggagtgggct	gcaccagaag	tagatagctt
1441	aaccttcggg	agggcgctta	ccacggtgtg	ggtcatgact	ggggtgaagt	cgtaacaagg
1501	ta					

Tab. 108: DNA-Sequenz von *Photobacterium* spec. HAR72 aus der Datenbank BLAST

<i>Pichia</i> spec. LHY1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: EF119340.1						
Taxonomie:						
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes; Saccharomycetales; Pichiaceae; <i>Pichia</i>						
Origin:						
1	atgaaaaatc	atgcttcggg	ctcttgattg	attcataata	ctagtcgaat	cgcatggctt
61	acgcccgccg	atgatgcatt	caaattctgc	cctatcaact	gtcgtatggt	ggatagtggg
121	ctaccatg					
	[gap 100 bp]	Expand Ns				
229					gc	agcaggcgcg
241	caaattaccc	aatcctaatt	cagggaggta	gtgacaataa	ataacgatac	agggcccttc
301	tgggtcttgt	aattggaatg	agtacaatgt	aaatacctta	acgaggaaca	attggagggc
361	aagtctgggt	ccagcagccg	cggtaatctc	agctccaata	gcgtatatta	aagtgtgtgc
421	agttaaaaag	ctcgtagtgg	aactttgggc	ctggcagcc	ggtccgcttt	ttggcgagta
481	ctgacctcgc	cgggcttttc	cttctggcta	acctcccctc	tggagaggcg	aaccaggact
541	tttactttga	aaaaattaga	gtgttcaaag	caggcctttg	ctcgaatata	ttagcatgga
601	ataatagaat	aggacgtttg	gttctatttt	gttggtttct	aggaccatcg	taatgattaa
661	tagggacggg	cggggccttc	agtattcagt	tgtcagaggt	gaaattcttg	gatttactga
721	agactaacta	ctgcgaaagc	atltgccaag	gacgttttca	ttaatcaaga	acgaaagtta
781	ggggatcgaa	gatgatcaga	taccgtcgta	gtcttaacca	taaactatgc	cgactaggga
841	tcgggtgttg	tttttataat	gactcactcg	gcaccttacg	agaaatcaaa	gtctttgggt
901	tctgggggga	gtatggctgc	aaggctgaaa	cttaaaggaa	ttgacggaaag	ggcaccacca
961	ggagtggagc	ctgcggctta	atltgactca	acacggggaa	actcaccagg	tccagacaca
1021	ataaggattg	acagattgag	agctctttct	tgatttttgtg	ggtggtggtg	catggccggt
1081	cttagttggt	ggagtgattt	gtctgcttaa	ttgcgataac	gaacgagacc	ttaacctact
1141	aaatagcgcg	actagctttt	gctggtgctg	acgcttctta	gagggactat	cgatttcaag
1201	tcgatggaag	tttgaggcaa	taacaggctc	gtgatgccct	tagacgttct	gggcccgcag
1261	cgcgctacac	tgacggagcc	agcaggtcta	gccttggccg	agaggctcatg	gtaaatcttg
1321	tgaaactccg	tcgtgctggg	gatagaccat	tgcaattatt	gctcttcaac	gaggaattcc
1381	tagtaagcgc	aagtcacatc	cttgctgtga	ttacgtccct	gccttttga	cacaccgcc
1441	gtcgtacta	ccgattgaat	ggcttagtga	ggcttcagga	ttggcttatg	gcgggaggcg
1501	actcctccct	ggagccgaga	atctagtcaa	acttggctcat	ttagaggaaag	taaaagtcgt
1561	aacaagggtt	ccgtagggtga	acctgcccga	ggatcattag	agaacctggg	cctgcgctac
1621	ttgcgcccgt	ccaaccaata	cacagtgtgt	tatactctc	ttgctttggc	ctgcccgaag
1681	gttttaaa	cagaaattta	ttttctttaa	gaacagtcaa	tttgaattt	aatcttcaaa
1741	cttcaaca					

Tab. 109: DNA-Sequenz von *Pichia* spec. LHY1 aus der Datenbank BLAST

<i>Proasellus slavus</i> 18S ribosomal RNA gene, complete sequence (= <i>Proasellus cavaticus</i>) Accessions-Nr.: AF496662.1						
Taxonomie: Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca; Eumalacostraca; Peracarida; Isopoda; Asellota; Aselloidea; Asellidae; <i>Proasellus</i>						
Origin:						
1	gancctgcca	gtngtcatat	gcttgtctca	aagattaagc	catgcatgtc	tcagtacagg
61	cctttctaag	gcgaaaccgc	gaatggctca	ttaaatcagt	catgattcat	tagattaagc
121	caaaaattta	cttggataac	tgtggtaatt	ctagagctaa	tacatgcaac	tgagctccga
181	cccggccgtc	agactgggga	agggcgcttt	tattagatca	aaaaccaatc	ggacctcggg
241	ccgtctcaaa	tgagttgtgg	tgactctgaa	taacttttagc	cgagcgctac	ggtcttagta
301	ccgggcgcgt	atctttcaag	tgtctgcctt	atcagctttc	gattgtaggt	tatacgccta
361	caatggctgt	aacgggtaac	ggggaatcag	ggttcgattc	cggagagggg	gctgagaaa
421	cggctaccac	atctaaggaa	ggcagcaggc	acgcaaatta	cccactccca	gctcggggag
481	gtagtgcagc	aaaataacga	tgccgggactc	ttccgaggcc	tcgcaatcgg	aatgagttca
541	ctttaaatcc	ttggacgagg	atccactaga	gggcaagtct	ggtgccagca	gccgcggtaa
601	ttccagctct	agtagcgtat	attaaagttg	ctgctggtta	aaagctcgta	gttggatctc
661	tgatttggac	cgccggccca	ctcaaggata	gccctcgtcg	aaaatgggag	gcgctctacg
721	ttcgcacatc	gcgctcggac	ggkcgccggc	gccctcatcg	aggtagtggg	cgcttccga
781	gggagccccc	aacgcgggtg	agtcgtgggc	tctcttacag	gcgggtaagc	gatcccgtg
841	gttactgtct	cggtccggga	ttgaaaaatgc	cgctcggtcg	cacgggggtc	tcttaccgca
901	gtgtcccgcg	tggccgacaa	gttccactttg	aaaaaattag	agtgtcaaaa	gcaggcaaca
961	actcacgctc	gaatggtggt	gcatggaatg	atggaacagg	acctcgggtc	tgccctttta
1021	atttggtttc	tgaaccggag	gtaatgatta	acgggaacag	acgggggcat	tagtatttgc
1081	acgctagagg	tgaaatttct	ggaccgtcgc	aagactaact	actgcgaaag	catttgccaa
1141	gaatgttttc	attaatcaag	aacgaaagtt	agaggatcga	aggcgatcag	ataccgcctc
1201	agttctaacc	ataaacgatg	ctaactggcg	atccgtcggc	gtcattccca	cgactcgacg
1261	gggagccccc	gggaaaccaa	agtccttgag	ttccggggga	agtaggttg	caaagctgaa
1321	acttaaaagg	attgacggaa	gggcaccacc	aggagtggmg	cctgcccgtt	aatttgactc
1381	aacacgggga	aactcaccag	gcccggacac	cgaaggatt	gacagattga	gagctcttcc
1441	ttgatccggg	gggtgggtgg	gcatggccgt	tcttagttgg	tggagcgatc	tgtctggtt
1501	attccgataa	cgaacgagac	tctaccctgc	taactagtcg	tcggatcgtc	tcccgcgggg
1561	gaccatcccc	aggttaacgc	ctccccgtag	cccccgccg	tttgtcggct	cgctggcgcc
1621	gcgtgggtca	agttacgggt	ggcgtcctcg	cggttgggtc	atcctagggg	cgctccgtcg
1681	agtatcttct	tagaggaatc	agcggcgctc	agccgcacga	aatagagcaa	taacaggtct
1741	gtgatgccct	tagatgttct	ggccgcgacg	cgctctacaa	tgaaggattc	agcgtgcttt
1801	ccccgtctga	aaagatcggg	taaccctgat	aaactccttc	ccgattggga	ttggggcttg
1861	caattgtttc	ccatgaacga	ggaattccca	gtaagcgcaa	gtcatcagct	tcggttgatt
1921	acgtccctgc	cctttgtaca	caccgcccgt	cgctactacc	gattgaatga	ttcagtgagg
1981	gcatcggact	ggcgcttcg	gttgtctcgt	ggcttacgct	tcgagcgctc	taggtgacg
2041	gaaagatgtc	cgaacttgat	catttagagg	aagtaaaagt	cgtaacaagg	tttccgtagt
2101	gaacctgccc	aagga				

Tab. 110: DNA-Sequenz von *Proasellus slavus* / *Proasellus cavaticus* aus der Datenbank BLAST

<i>Protacanthamoeba bohemica</i> small subunit ribosomal RNA gene, complete sequence Accessions-Nr.: AY960120.1						
Taxonomie: Eukaryota; Amoebozoa; Centramoebida; Acanthamoebidae; <i>Protacanthamoeba</i>						
Origin:						
1	gtagtcatat	gcttgtctca	aagattaagc	catgcatgtc	taagtataaa	cgagattata
61	cagttagact	gcggatggct	cattaaatca	ggtatagttt	atltgatggg	tcctttttct
121	tttccgctac	ttggataacc	gtagtaatcc	tagagctaat	acatgccaac	gaccccaact
181	aagggggggg	ggaggcgggc	gggggcaact	ccgttcgtct	tcattcccgt	cacccttcgg
241	aaggggcgta	tttattagat	aaaaaacgca	cacagggcac	ttgtgcctcg	gacctcggcg
301	agtcacggta	atcgatcgg	atcgcatcca	acggctcttc	tcttcggggg	ggagccggcg
361	acgattcatt	caaattcctg	ccctatcaac	tctcgatggg	aggatagagg	cctaccatgg
421	tcgcaacggg	taacggggaa	ttagggttcg	attccggaga	gggagcctga	gagatggcta
481	ccacttctaa	ggaaggcagc	aggcgcgcaa	attacccaat	cccgcacagg	gggaggtagt
541	gacaataaat	aacgatgcgg	gtctcgacaa	gagcctcgca	atcggaatga	gcacggctca
601	aaccccttaa	cgagtgcgca	ttggagggca	agtctgggtc	cagcagccgc	ggtaattcca
661	gctccaatag	cgtatattaa	agttgttgca	gttaaaaagc	tcgtagtgtg	atctcggggg
721	gagggcagcc	cggtccggcg	cgagctcggc	gagcaccggc	ccgccacct	cctccctccg
781	gcgccccgcc	ccccccgttg	actcgggtcg	ggggcgctga	aagggggggg	gggaggggtg
841	ggggcaactc	catctctctc	ttctcctggg	gcccggacct	tttaccttga	ggaatttaga
901	gtgttcaaa	cgggcgcgaa	tctttctcgc	cgttgaatac	gtcagcatgg	gataatggaa
961	taggaccocg	ctcctatttc	cgttgggttc	cgggagcggg	gtaatgattg	atagggatag
1021	ttggggggcat	cgatatttaa	ttgtcagagg	tgaatttctt	ggatttatga	aagatcgact
1081	tccgcgaaag	catttgccaa	ggatgttttc	attaatcaag	aacgaaagt	aggggatcga
1141	agacgatcag	ataccgtcgt	agtcttaacc	ataaacctg	ccgaccagcg	atcggggagc
1201	gtcgcgatga	tgactcccc	ggcagcttgt	gagaaatcac	aagtctttgg	gttccggggg
1261	gagtatggtc	gcaaggctga	aacttaaaag	aattgacagg	agggcaccac	caggagtgga
1321	gctgcccgtc	taatttgact	caacacgggg	aaacttacca	ggtccagaca	taatgaggat
1381	tgacagattg	agagctcttt	cttgattcta	tgggtgggtg	tgcatggcgg	ttcttagttg
1441	gtggagcgtc	ttgtctgggt	aatccggtta	acgaaacgga	cctcggcctg	ctaaatagct
1501	acggcagacc	cgctatccaa	aacctggcgg	cggagagccg	gtcccgtcct	ggcgaggggg
1561	ggcaaccctt	tcgttcggcg	ctcggggccc	ctccccgtca	ggcggtcggg	tcggcgggca

1621	cgcttcttag	agggactgcc	ggcatccagc	cgacggaggt	tcgaggcaat	aacaggtctg
1681	tgatgcctt	agatgttctg	ggccgcacgc	gcgctacact	gatcgagaca	gcgagtcctt
1741	ccgcctcggc	cgaagggtcc	gggcaacctc	gtcagcctcg	atcgtgcttg	ggatagaccg
1801	ttgcaactgt	cggtctcga	cgaggaattc	ctagtaagcg	cgggtcatca	gcccgcgctg
1861	attacgtccc	tgccctttgt	acacaccgcc	cgtcgctcct	accgatcgaa	cggtccggcg
1921	aagccctcgg	agctcgaccc	gctcgcgatc	cgggcaaccg	ggtcgcgggg	tcggacgaag
1981	tcggctgaac	cttaccgttt	agaggaagga	gaagtcgtaa	caaggttt	

Tab. 111: DNA-Sequenz von *Protacanthamoeba bohemica* aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas denitrificans</i> strain KH-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ612512.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	gtcgcgagcga	agaagggagc	ttgctcccgg	attcagcggc	ggacgggtga	gtagcagcct
61	gggaatctgc	ctggtagtgg	gggataacgt	tccgaaagga	acgctaatac	cgcgtacgtc
121	ctacgggaga	aagcagggga	tcttcggacc	ttgcgctatc	agatgagccc	aggtcggatt
181	agctagttag	tggggtaaag	gctcacctag	gcgacgatcc	gtaactggtc	tgagaggatg
241	atcagtcaca	ctggaaactga	gacacgggtc	agactcctac	gggaggcagc	agtggggaat
301	attggacaat	gggggaaacc	ctgatcccagc	catgccgcgt	ggtggaagaa	ggtcttcgga
361	ttgtaaaagc	ctttaagttg	ggaggaaggg	ttgttggtca	atatccagca	atlttgacgt
421	taccgacaga	ataagcacgc	gctaacctcg	tgccagcagc	cgcggtaata	cagagggtgc
481	aagcgtaaat	cggaattact	gggcgtaaag	cgcgcgtagg	tggttcagta	agatgggtgt
541	gaaatccccg	ggcttaacct	gggaaactgct	ttcataactg	ctgagctaga	gtacggtaga
601	gggtagtgga	atctcctgtg	tagcggtgaa	atgctgtagt	ataggaagga	acaccagtgg
661	cgaaggcgac	tacctggact	gatactgaca	ctgaggtgcg	aaacgctggg	gagcaaacag
721	gattagatac	cctggtagtc	cacgccgtaa	acgatgtcaa	ctagccgttg	gaatccttga
781	gattttagtg	gcgagcctaa	cgcactaagt	tgaccgcctg	gggagtagcg	tcgcaagatt
841	aaaactcaaa	tgaattgacg	ggggcccgcg	caagcgggtg	agcatgtggt	ttaattcgaa
901	gcaacgcgaa	gaaccttacc	tggccttgac	atgctgagaa	ctttccagag	atggattggt
961	gccttcggga	gctcagacac	aggtgctgca	tggtctgctg	cagctcgtgt	cgtgagatgt
1021	tgggttaagt	cccgtaacga	gcgcaaccct	tgctccctagt	taccagcggg	ttaagccggg
1081	cactctaggg	agactgcccg	tgacaaaccg	gaggaaggtg	gggatgacgt	caagtcatca
1141	tggcccttac	ggccagggct	acacacgtgc	tacaatgggg	gatacaaaag	ggtgccaagc
1201	cgcgaggtgg	agctaattccc	ataaagtctc	tcgtagtccg	gattggagtc	tgcaactcga
1261	ctccatgaag	tcggaatcgc	tagtaatcgt	ggatcagaat	gccacgggtg	atcacgtccc
1321	gggccttgta	cacaccgccc	gtcacacccat	gggagtgggt	tgcaaccagaa	gtagctagtc
1381	taacct					

Tab. 112: DNA-Sequenz von *Pseudomonas denitrificans* strain KH-1 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas fluorescens</i> strain EvS4-B1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: FJ226759.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	tgngngnncn	nncnncngat	nngcggcgga	cgggtgagta	atgcctagga	atctgcctgg
61	tagtggggga	caacgttttcg	aaaggaacgc	taataaccgca	tacgtcctac	gggagaaagc
121	aggggacctt	cgggccttgc	gctatcagat	gagcctaggt	cggattagct	agttggtgag
181	gtaatggctc	accaaggcga	cgatccgtaa	ctggctctgag	aggatgatca	gtcacactgg
241	aactgagaca	cgggtccagac	tcctacggga	ggcagcagtg	gggaaatttg	gacaatgggc
301	gaaagcctga	tccagccatg	ccgcgtgtgt	gaagaaggtc	ttcggattgt	aaagcacttt
361	aagttgggag	gaagggttgt	agattaatac	tctgcaattt	tgacgttacc	gacagaataa
421	gcaccggcta	actctgtgcc	agcagccgcg	gtaatacaga	gggtgcaagc	gttaatcgga
481	attactgggc	gtaaagcgcg	cgtaggtggt	tcgttaagtt	ggatgtgaaa	tccccgggct
541	caacctggga	actgcattca	aaactgtcga	gctagagtat	ggtagagggt	ggtggaattt
601	cctgtgtagc	ggtgaaatgc	gtagatatag	gaaggaacac	cagtggcgaa	gcgaccacc
661	tggactgata	ctgacactga	ggtgcgaaag	cgtggggagc	aaacaggatt	agataccctg
721	gtagtccacg	ccgtaaacga	tgtaacttag	ccgttgggag	ccttgagctc	ttagtggcgc
781	agctaacgca	ttaagttgac	cgcctgggga	gtacggccgc	aaggttaaaa	ctcaaatgaa
841	ttgacggggg	cccgcacaag	cgggtggagca	tgtggtttaa	ttcgaagcaa	cgcgaagaac
901	cttaccaggc	cttgacatcc	aatgaacttt	ccagagatgg	attggtgcct	tcgggaacat
961	tgagacaggt	gctgcatggc	tgctcgtcagc	tcgtgctcgtg	agatggtggg	ttaagtcccg
1021	taacgagcgc	aacccttgtc	cttagttacc	agcaggttat	ggtgggcact	ctaaggagac
1081	tgccggtgac	aaaccggagg	aaggtgggga	tgacgtcaag	tcacatggc	ccttacggcc
1141	tgggctacac	acgtgctaca	atggtcggta	caaaggggtg	ccaagccgcg	aggtggagct
1201	aatccataaa	aaccgatcgt	agtccggatc	gcagtctgca	actcgactgc	gtgaagtcca
1261	atcgctagta	tcgnaatcaa	atccent			

Tab. 113: DNA-Sequenz von *Pseudomonas fluorescens* EvS4-B1 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas mandelii</i> strain McBRA2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ317812.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	agcggcggag	gggtgagtaa	tgccctagaa	tctgcctggt	agtgggggat	aacgctcggg

61	aacggacgct	aataccgcat	acgtcctacg	ggagaaagca	ggggaccttc	gggccttgcg
121	ctatcagatg	agcctaggtc	ggattagcta	gttggtgagg	taatggctca	ccaagggcag
181	gatccgtaac	tggctcgaga	ggatgatcag	tcacactgga	actgagacac	ggtccagact
241	cctacgggag	gcagcagtg	ggaatattgg	acaatgggcg	aaagcctgat	ccagccatgc
301	cgcggtgtg	aagaaggtct	tcggattgta	aagcacttta	agttggggag	aagggcagtt
361	acctaatacg	tatctgtttt	gacgttaccg	acagaataag	caccggctaa	ctctgtgcca
421	gcagccgcg	taatacagag	ggtgcaagcg	ttaatcggaa	ttactgggcg	taaagcgcgc
481	gtaggtggtt	tgtaagtgtg	gatgtgaaat	ccccgggctc	aacctgggaa	ctgcattcaa
541	aactgacaag	ctagagtatg	gtagaggggtg	gtggaatttc	ctgtgtagcg	gtgaaatgcg
601	tagatatagg	aaggaacacc	agtggcgaag	gcgaccacct	ggactgatac	tgacactgag
661	gtgcgaaagc	gtggggagca	aacaggatta	gataccctgg	tagtccacgc	cgtaaacgat
721	gtcaactagc	cggtgggagc	cttgagctct	tagtggcgca	gctaacgcat	taagttgacc
781	gcctggggag	tacggccgca	agggtaaaac	tcaaatgaat	tgacggggcg	ccgcacaagc
841	ggtggagcat	gtggtttaat	tcgaagcaac	gcaagaacc	ttaccaggcc	ttgacatcca
901	atgaaacttc	cagagatgga	ttggtgcctt	cgggaacatt	gagacaggtg	ctgcatggct
961	gtcgtcagct	cgtgtcgtga	gatgttgggt	taagtcccgt	aacgagcgca	acccttgtcc
1021	ttagttacca	gcacgtaatg	gtgggcactc	taaggagact	gccggtgaca	aaccggagga
1081	agggtgggat	gacgtcaagt	catcatggcc	cttacggcct	gggctacaca	cgtgctacaa
1141	tggtcggtac	agagggttgc	caagccgca	ggtggagcta	atcccagaaa	accgatcgta
1201	gtccggatcg	cagtctgcaa	ctcgactgcg	tgaagtcgga	atcgctagta	atcgcgatc
1261	agaatgtcgc	ggtgaaatcg	ttcccgggcc	ttgtacacac	cgcccgtcac	accatgggag
1321	tgggttgc					

Tab. 114: DNA-Sequenz von *Pseudomonas mandelii* McBRA2 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas putida</i> strain CY04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JX082200.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	tttgatgggc	ggcggctaca	catgcagtcg	agcggatgag	aagagcttgc	tcttcgattc
61	agcggcggac	gggtgagtaa	tccttaggaa	tctgcctggt	agtgggggac	aacgtttcga
121	aaggaacgct	aataccgcat	acgtcctacg	ggagaaagca	ggggaccttc	gggccttgcg
181	ctatcagatg	agcctaggtc	ggattagcta	gttggtgggg	taatggctca	ccaagggcag
241	gatccgtaac	tggctcgaga	ggatgatcag	tcacactgga	actgagacac	ggtccagact
301	cctacgggag	gcagcagtg	ggaatattgg	acaatgggcg	aaagcctgat	ccagccatgc
361	cgcggtgtg	aagaaggtct	tcggattgta	aagcacttta	agttggggag	aagggcagta
421	agtttaatac	ttgctgtttt	gacgttaccg	acagaataag	caccggctaa	ctctgtgcca
481	gcagccgcg	taatacagag	ggtgcaagcg	ttaatcggaa	ttactgggcg	taaagcgcgc
541	gtaggtggtt	tgtaagtgtg	gatgtgaaag	ccccgggctc	aacctgggaa	ctgcatccaa
601	aactggcaag	ctagagtacg	gtagaggggtg	gtggaatttc	ctgtgtagcg	gtgaaatgcg
661	tagatatagg	aaggaacacc	agtggcgaag	gcgaccacct	ggactgatac	tgacactgag
721	gtgcgaaagc	gtggggagca	aacaggatta	gataccctgg	tagtccacgc	cgtaaacgat
781	gtcaactagc	cggtgggagc	cttgagattt	tagtggcgca	gctaacgcat	taagttgacc
841	gcctggggag	tacggccgca	agggtaaaac	tcaaatgaat	tgacggggcg	ccgcacaagc
901	ggtggagcat	gtggtttaat	tcgaagcaac	gcaagaacc	ttaccaggcc	ttgacatgca
961	gagaactttc	cagagatgga	ttggtgcctt	cgggaacatt	gacacaggtg	ctgcatggct
1021	gtcgtcagct	cgtgtcgtga	gatgttgggt	taagtcccgt	aacgagcgca	acccttgtcc
1081	ttagttacca	gcacgttatg	gtgggcactc	taaggagact	gccggtgaca	aaccggagga
1141	agggtgggat	gacgtcaagt	catcatggcc	cttacggcct	gggctacaca	cgtgctacaa
1201	tggtcggtac	agagggttgc	caagccgca	ggtggagcta	atctcacaaa	accgatcgta
1261	gtccggatcg	cagtctgcaa	ctcgactgcg	tgaagtcgga	atcgctagta	atcgcgatc
1321	tgggttgcac	cagaagtagc	tagtctaacc	ttcgggagga	cggtaccacg	gtggatcata
1381	tgggttgcac	cagaagtagc	tagtctaacc	ttcgggagga	cggtaccacg	gtggatcata
1441	agc					

Tab. 115: DNA-Sequenz von *Pseudomonas putida* CY04 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas putida</i> strain MC4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JF825523.2						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	attgaaacgct	ggcggcaggg	ctaacacatg	caagtgcgagc	ggatgatgag	agcttgctct
61	ctgattcagc	ggcggcaggg	tgagtaaatg	ctaggaatct	gcttggtagt	gggggacaac
121	gtctcgaaaag	ggacgctaact	accgcatacg	tcctacggga	gaaagcaggg	gaccttcggg
181	ccttgcgcta	tcagatgagc	ctaggtcgga	ttagctagtt	ggtgaggtaa	tggctcacca
241	aggcgacgat	ccgtaactgg	tctgagagga	tgatcagtca	cactggaaact	gagacacggg
301	ccagactcct	acgggagggca	gcagtgggga	atattggaca	atggggcga	gcctgatcca
361	gccatgccgc	gtgtgtgaag	aaggtcttcg	gattgtaaag	cactttaagt	tgggaggaag
421	ggcagtaaat	taatactttg	ctgttttgac	gttaccgaca	gaataagcac	cggttaactc
481	tgtgccagca	gccgcggtaa	tacagagggg	gcaagcggtta	atcggaatta	ctgggcgtaa
541	agcgcgcgta	ggtggtttgt	taagttggat	gtgaaatccc	cgggctcaac	ctgggaaactg
601	cattcaaaac	gtgtaagcta	gagtatggta	gaggtggtg	gaatttcctg	tgtagcgggtg
661	aaatgcgtag	atataaggaag	gaacaccagt	ggcgaaggcg	accacctgga	ctgatactga
721	cactgaggtg	cgaaaagcgtg	gggagcaaac	aggattagat	acctggttag	tcacgcgctg
781	aaacgatgct	aactagccgt	tgggagcctt	gagctcttag	tggcgcagct	aacgcattaa

841	gttgaccgcc	tggggagtag	ggcccgaagg	ttaaactca	aatgaattga	cgggggcccg
901	cacaagcggg	ggagcatgtg	gtttaattcg	aagcaacgcg	aagaacctta	ccaggccttg
961	acatccaatg	aactttccag	agatggattg	gtgccttcgg	gaacattgag	acagggtgctg
1021	catggctgtc	gtcagctcgt	gtcgtgagat	gttgggttaa	gtcccgtaac	gagcgcgaacc
1081	cttgtcctta	gttaccagca	cgtaatgggt	ggcactctaa	ggagactgcc	ggtgacaaac
1141	cggaggaagg	tggggatgac	gtcaagtcac	catggccctt	acggcctggg	ctacacacgt
1201	gctacaatgg	tcggtacaga	gggttgccaa	gccgcgaggt	ggagctaatac	ccataaaacc
1261	gatcgtagtc	cggatcgtag	tctgcaactc	gactgctgta	agtccggaatc	gctagtaatc
1321	gcgaatcaga	atgtcgcggg	gaatacgttc	ccgggccttg	tacacaccgc	ccgtcacacc
1381	atgggagtag	gttgaccagg	aagtagctag	tctaactctc	gggaggacgg	ttaccacggg
1441	gtgattcatg	actgggggtg				

Tab. 116: DNA-Sequenz von *Pseudomonas putida* MC4 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas putida</i> strain MPV2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JX237836.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	agattgaacg	ctggcggcag	gcctaacaca	tgcaagtcga	gcggatgacg	ggagcttgct
61	ccttgattca	gcggcgggacg	ggtagtaaat	gcctaggaat	ctgcctggta	gtgggggaca
121	acgtttcgaa	aggaacgcta	ataccgcata	cgctctacgg	gagaaagcag	gggaccttcg
181	ggccttgccg	tatcagatga	gcctagggtcg	gattagctag	ttgggtgggg	aatggctcac
241	caaggcgacg	atccgtaact	ggtctgagag	gatgatcagt	cacactggaa	ctgagacacg
301	gtccagactc	ctacggggagg	cagcagtggt	gaatattgga	caatggggcga	aagcctgatc
361	cagccatgcc	gcgtgtgtga	agaaggtctt	cggattgtaa	agcactttaa	gttggggagga
421	agggcagtaa	gctaatacct	tgctgttttg	acgttaccga	cagaataaag	accggctaac
481	tctgtgccag	cagcccgggg	aatacagagg	gtgcaagcgt	taatcggaat	tactgggcgt
541	aaagcgcgcg	taggtgggtt	gttaagttgg	atgtgaaagc	cccgggctca	acctgggaac
601	tgcatccaaa	actggcaagc	tagagtacgg	tagagggtgg	tggaaatttc	tgtgtagcgg
661	tgaaatgcgt	agatatagga	aggaacacca	gtggcgaagg	cgaccacctg	gactgatact
721	gacactgagg	tgcgaaagcg	tggggagcaa	acaggattag	ataccctggt	agtccacgcc
781	gtaaacgatg	tcaactagcc	gttggaaatc	ttgagatttt	agtggcgtag	ctaacgcatt
841	aagttgaccg	cctgggggag	acggccgcaa	ggttaaaact	caaatgaatt	gacgggggccc
901	cgcacaagcg	gtggagcatg	tggtttaatt	cgaagcaacg	cgaagaacct	taccaggcct
961	tgacatgcag	agaactttcc	agagatggat	tggtgccttc	gggaactctg	acacaggtgc
1021	tgcatggctg	tcgtcagctc	gtgtcgtgag	atgttggggt	aagtccccta	acgagcgcaa
1081	cccttgctct	tagttaccag	cacgttatgg	tgggcactct	aaggagactg	ccggtgacaa
1141	accggaggaa	ggtgggatg	acgtcaagtc	atcatggccc	ttaccggcctg	gggtacacac
1201	gtgctacaat	ggtcgggtaca	gaggggtgccc	aagccgcgag	gtggagctaa	tctcacaana
1261	ccgatcgtag	tcgggatcgc	agtctgcaac	tcgactgcgt	gaagtcggaa	tcgctagtaa
1321	tcgcggaatca	gaatgtcgcg	gtgaatacgt	tcccgggccc	tgtacacacc	gcccgtcaca
1381	ccatgggagt	gggttcaccc	agaagtagct	agtctaacct	tcgggggggac	ggttaccacg
1441	gtgtgattca	tgactggggg	gaagtcgtaa	caaggtagcc	gtagggga	

Tab. 117: DNA-Sequenz von *Pseudomonas putida* MPV2 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas putida</i> strain SXMAS-6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JN606325.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	tcgagtcgag	cggatgagaa	gagcttgctc	ttcgattcag	cggcgggacg	gtgagtaatg
61	cctaggaatc	tgccctggtag	tgggggacaa	cgtttcgaaa	ggaacgctaa	taccgcatac
121	gtcctacggg	agaaagcagg	ggaccttcgg	gccttgccgt	atcagatgag	cctaggtcgg
181	attagctagt	tggtgaggta	atggctcacc	aaggcgacga	tcgtaactg	gtctgagagg
241	atgatcagtc	acactggaac	tgagacacgg	tcagactcc	tacgggaggc	agcagtgggg
301	aatattggac	aatggcgaa	agcctgatcc	agccatgccg	cgtgtgtgaa	gaaggtcttc
361	ggattgtaa	gcactttaa	ttggggaggaa	gggcattaac	ctaatacgtt	agtgttttga
421	cgttaccgac	agaataagca	ccggctaact	ctgtgccagc	agccgcggtg	atacagaggg
481	tgcaagcgtt	aatcggaatt	actgggcgta	aagcgcgcgt	aggtgggttg	ttaagttgga
541	tgtgaaagcc	ccgggctcaa	cctgggaact	gcatacaaaa	ctggcaagct	agagtacggt
601	agagggtggt	ggaatttctc	gtgtagcggg	gaaatgcgta	gataataggaa	ggaacaccag
661	tggcgaaggc	gaccacctgg	actgatactg	acactgaggt	gcaaaagcgt	ggggagcaaa
721	caggattaga	taccctggta	gtcccagccg	taaacgatgt	caactagccg	ttggaatcct
781	tgagatttta	gtggcgcagc	taacgcatta	agttgaccgc	ctggggagta	cgcccgcaag
841	gttaaaactc	aaatgaattg	acggggggccc	gcacaagcgg	tggagcatgt	ggtttaattc
901	gaagcaacgc	gaagaacctt	accaggcctt	gacatgcaga	gaactttcca	gagatggatt
961	ggtgccttcg	ggaactctga	ccagaggtgt	gcatggctgt	cgtcagctcg	tgtcgtgaga
1021	tggtgggtta	agtcocgtaa	cagcgcgaac	ccttgcctct	agttaccagc	agttatggg
1081	gggcactcta	aggagactgc	cggtgacaaa	ccggagggaag	gtggggatga	cgtcaagtca
1141	tcatggccct	tacggcctgg	gctacacacg	tgctacaatg	gtcggtagac	agggttgcca
1201	agccgcgagg	tggagctaata	ctcacaanaac	cgatcgtagt	ccggatcgca	gtctgcaact
1261	gcagtcgctg	aagtcggaat	cgctagtaata	cgcaatcag	aatgtcgcgg	tgaatacgtt
1321	cccgggccc	gtacacaccg	cccgtcacac	catgggagtg	ggttgcaaca	gaagtagcta
1381	gtctaacctt	cgggaggacg	gt			

Tab. 118: DNA-Sequenz von *Pseudomonas putida* SXMAS-6 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas</i> spec. gyq9 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: FJ984605.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	cggtctcttga	gagcggcgga	gagcgtctcttga	gagcggcgga	gagcgtctcttga	gagcggcgga
61	taacggttcg	aaacggacgc	taacggttcg	aaacggacgc	taacggttcg	aaacggacgc
121	gctatcagat	gctatcagat	gctatcagat	gctatcagat	gctatcagat	gctatcagat
181	accaggcga	cgatccgtaa	accaggcga	cgatccgtaa	accaggcga	cgatccgtaa
241	cggtccagac	tccacacgga	cggtccagac	tccacacgga	cggtccagac	tccacacgga
301	tccagccatg	ccgcgtgtgt	tccagccatg	ccgcgtgtgt	tccagccatg	ccgcgtgtgt
361	aaagggcagt	tacctaatac	aaagggcagt	tacctaatac	aaagggcagt	tacctaatac
421	actctgtgcc	agcagccgcg	actctgtgcc	agcagccgcg	actctgtgcc	agcagccgcg
481	gtaaagcgcg	cgtaggtggt	gtaaagcgcg	cgtaggtggt	gtaaagcgcg	cgtaggtggt
541	actgcattca	aaactgactg	actgcattca	aaactgactg	actgcattca	aaactgactg
601	ggtgaaatcg	gtagatatag	ggtgaaatcg	gtagatatag	ggtgaaatcg	gtagatatag
661	ggtgcaaaag	ggtgcaaaag	ggtgcaaaag	ggtgcaaaag	ggtgcaaaag	ggtgcaaaag
721	ccgtaaacga	tgtaactag	ccgtaaacga	tgtaactag	ccgtaaacga	tgtaactag
781	agctaacgca	taagtgtgac	agctaacgca	taagtgtgac	agctaacgca	taagtgtgac
841	cccgcacaag	aggtggagca	cccgcacaag	aggtggagca	cccgcacaag	aggtggagca
901	cttaccaggc	cttgacatcc	cttaccaggc	cttgacatcc	cttaccaggc	cttgacatcc
961	gctgcatgac	tgctcgtcagc	gctgcatgac	tgctcgtcagc	gctgcatgac	tgctcgtcagc
1021	aacccttgtc	cttagttacc	aacccttgtc	cttagttacc	aacccttgtc	cttagttacc
1081	aaaccggagg	aaggtgggga	aaaccggagg	aaggtgggga	aaaccggagg	aaggtgggga
1141	acgtgctaca	atggtcggta	acgtgctaca	atggtcggta	acgtgctaca	atggtcggta
1201	aaccgatcgt	agtccggatc	aaccgatcgt	agtccggatc	aaccgatcgt	agtccggatc
1261	aatcgcgaa	cagaatgtcg	aatcgcgaa	cagaatgtcg	aatcgcgaa	cagaatgtcg
1321	ccgcccgtca	caccatggga	ccgcccgtca	caccatggga	ccgcccgtca	caccatggga
1381	cggtacacat	cagagttttc	cggtacacat	cagagttttc	cggtacacat	cagagttttc
1441	cggc		cggc		cggc	

Tab. 119: DNA-Sequenz von *Pseudomonas* spec. gyq9 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas</i> spec. JCM 5415 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence Accessions-Nr.: AB685628.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	ggttagagaga	agcttgcttc	ggttagagaga	agcttgcttc	ggttagagaga	agcttgcttc
61	gcctggtagt	gggggataac	gcctggtagt	gggggataac	gcctggtagt	gggggataac
121	gaccttcggg	gaccttcggg	gaccttcggg	gaccttcggg	gaccttcggg	gaccttcggg
181	ggtagagaga	ggtagagaga	ggtagagaga	ggtagagaga	ggtagagaga	ggtagagaga
241	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
301	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
361	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
421	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
481	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
541	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
601	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
661	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
721	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
781	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
841	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
901	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
961	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
1021	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
1081	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
1141	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
1201	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
1261	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
1321	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
1381	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt
1441	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt	gagcagcgt

Tab. 120: DNA-Sequenz von *Pseudomonas* spec. JCM 5415 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas</i> spec. NEAU-ST5-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ762269.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	gtgagtaatg	gtgagtaatg	gtgagtaatg	gtgagtaatg	gtgagtaatg	gtgagtaatg
61	taccgcatac	taccgcatac	taccgcatac	taccgcatac	taccgcatac	taccgcatac
121	cctaggtcgg	cctaggtcgg	cctaggtcgg	cctaggtcgg	cctaggtcgg	cctaggtcgg
181	gtctgagagg	gtctgagagg	gtctgagagg	gtctgagagg	gtctgagagg	gtctgagagg
241	agcagtgagg	agcagtgagg	agcagtgagg	agcagtgagg	agcagtgagg	agcagtgagg
301	gaaggtcttc	gaaggtcttc	gaaggtcttc	gaaggtcttc	gaaggtcttc	gaaggtcttc
361	gctgttttga	gctgttttga	gctgttttga	gctgttttga	gctgttttga	gctgttttga

421	cgttaccgac	agaataagca	ccggctaact	tcgtgccagc	agccgcggta	atacgaagg
481	tgcaagcgtt	aatccgaatt	actgggcgta	aagcgcgcgt	aggtgggtcg	ttaagttgga
541	tgtgaaagcc	ccgggctcaa	cttgggaact	gcatccaaaa	ctggcgagct	agagtatgyc
601	agagggtggt	ggaatttctt	gtgtagcgg	gaaatgcgta	gatataggaa	ggaacaccag
661	tggcgaaggc	gaccacctgg	gctaatactg	acactgaggt	gcgaaagcgt	ggggagcaaa
721	caggattaga	taccctggta	gtcccagccg	taaacgatgt	cgactagccg	ttgggatcct
781	tgagatctta	gtggcgcagc	taacgcatta	agtcgaccgc	ctggggagta	cggccgcaag
841	gttaaaactc	aaatgaattg	acggggggccc	gcacaagcgg	tggagcatgt	ggtttaattc
901	gaagcaacgc	gaagaacctt	accaggcctt	gacatgcaga	gaactttcca	gagatggatt
961	ggtgccttcg	ggaactctga	cacagggtgt	gcatggctgt	cgtcagctcg	tgtcgtgaga
1021	tgttgggtta	agtcocgtaa	cgagcgcac	ccttgcctt	agttaccagc	acgttaaggt
1081	gggcactcta	aggagactgc	cggtgacaaa	ccggaggaag	gtggggatga	cgtcaagtca
1141	tcatggccct	tacggcctgg	gctacacacg	tgctacaatg	gtcggtaaca	agggttgcca
1201	agccgcgagg	tggagctaatt	cccataaaac	cgatcgtagt	ccggatcgca	gtctgcaact
1261	cgatcgcgtg	aagtccgaat	cgctagtaat	cgtgaatcag	aatgtcacgg	tgaatacgtt
1321	cccgggcctt	gtacacaccg	cccgtcacac	catgggagtg	ggttgctcca	gaagttagta
1381	gtct					

Tab. 121: DNA-Sequenz von *Pseudomonas* spec. NEAU-ST5-5 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudomonas</i> spec. R-41390 partial 16S rRNA gene						
Accessions-Nr.: FR682933.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; <i>Pseudomonas</i>						
Origin:						
1	attgaacgct	ggcggcaggg	ctaacacatg	caagtcgagc	ggatgaagag	agcttgctct
61	ctgattcagc	ggcggacggg	tgagtaatgc	ctaggaatct	gcctggtagt	gggggacaa
121	gtttcgaaag	gaacgctaatt	accgcatacg	tcctacggga	gaaagcaggg	gaccttcggg
181	ccttgcgcta	tcagatgagc	ctaggtcgga	ttagctagtt	ggtaggta	tggctcacca
241	agggcagcat	ccgtaactgg	tctgagagga	tgatcagtca	caactggaact	gagacacggt
301	ccagactcct	acgggagggca	gcagtggggga	atattggaca	atggggcaaaa	gcctgatcca
361	gcoatgcgcg	gtgtgtgaag	aaggctcttcg	gattgtaaag	caactttaagt	tgggaggaag
421	ggcagtaagc	gaataccttg	ctgttttgac	gttaccgcaca	gaataagcac	cggctaactc
481	tgtgccagca	gcccgcgta	tacagagggg	gcaagcgtta	atcgggaatta	ctgggcgtaa
541	agcgcgcgta	ggtggtttgt	taagtggat	gtgaaagccc	cgggctcaac	ctgggaaactg
601	cattcaaaac	tgacaagcta	gagtatggta	gagggtgggtg	gaatttctctg	tgtagcgggtg
661	aaatgcgtag	atataggaag	gaacaccagt	ggcgaaggcg	accacctgga	ctgatactga
721	caactgagtg	cgaaagcgtg	gggagcaaac	aggattagat	accctggtag	tccacgcctg
781	aaacgatgtc	aactagccgt	tgggagcctt	gagctottag	tggcgcagct	aacgcattaa
841	gttgaccgcc	tggggagtag	ggccgcaagg	ttaaaactca	aatgaattga	cgggggcccg
901	cacaagcgtt	ggagcatggt	gttttaattcg	aagcaacgcg	aagaacctta	ccaggccttg
961	acatccaatg	aactttccag	agatggattg	gtgccttcgg	gaacattgag	acagggtcgtg
1021	catggctgtc	gtcagctcgt	gtcgtgagat	gttgggttaa	gtcccgtaac	gagcgcaccc
1081	cttgtcctta	gttaccagca	cgttatgggtg	ggcactctaa	ggagactgcc	ggtgayaaac
1141	cggaggaagg	tggggatgac	gtcaagtcac	catggccctt	accgacctgg	ctacacacgt
1201	gctacaatgg	tcgggtacaga	gggttgccaa	gcccgcgaggt	ggagctaatc	ccataaaacc
1261	gatcgtagtc	cggatcgcag	tctgcaactc	gactgcgtga	agtcggaatc	gctagtaatc
1321	gcgaatcaga	atgtcgcggg	gaatacgttc	ccgggccttg	tacacaccgc	ccgtcacacc
1381	atgggagtg	ggtgcaccag	aagttagctag	tctaaccttc	gggaggacgg	ttaccacggt
1441	gtgattcatg	actgggggtga	agtcgtaaca	aggtagccgt	aggggaacc	

Tab. 122: DNA-Sequenz von *Pseudomonas* spec. R-41390 aus der Datenbank BLAST

<i>Pseudorhodobacter</i> spec. KOPRI 25878 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: HQ825033.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Pseudorhodobacter</i>						
Origin:						
1	tgcaagtcga	acgggtcctt	cgggactagt	ggcggacggg	tgagtaacgc	tggggaacat
61	accctttggt	acggaatagc	ctcgggaaac	tgagagtaat	accgtatgtg	cccttcgggg
121	gaaagattta	tcgccaaaag	attggcccgc	ggtggattag	gtagtgtgtg	gggtaatggc
181	ctaccaagcc	gacgatccat	agctggtttg	agagatgat	cagccacact	gggactgaga
241	cacggcccag	actcctacgg	gaggcagcag	tggggaatct	tagacaatgg	gggaaacctt
301	gatctagcca	tgccgcgtag	tcgatgaagg	ccttaggggt	gtaaatgctt	ttcagatggg
361	aagataatga	cggtaacctc	agaagaagcc	ccggctaact	ccgtgccagc	agccgcggta
421	atacggaggg	ggctagcgtt	attcgggaatt	actgggcgta	aagcgcacgt	agcggattta
481	gaaagtcaga	gggtgaaatcc	cagggctcaa	ccttgggaact	gcctttgaaa	ctcctagtct
541	tgaggtcgag	agaggtgag	ggaattccga	gtgtagaggt	gaaattccta	gatattcggg
601	ggaacaccag	tggcgaaggc	ggctcactgg	ctcgatactg	acgctgaggt	gcaaaagcgt
661	ggggagcaaa	caggattaga	taccctggta	gtccacgcgc	taaacgatga	atgccagctg
721	tcgggtagca	tgctattcgg	tgacacacct	aacggattaa	gcattccgcc	tggggagtag
781	ggccgcaagg	ttaaaactca	aaggaattga	cgggggcccg	cacaagcgtt	ggagcatgtg
841	gttttaattcg	aagcaacgcg	cagaacctta	ccaaccttg	acatggatat	cgcggctctg
901	gagacagagc	tttcagttcg	gctgatatc	acacaggtgc	tgcatggctg	tcgtcagctc
961	gtgtcgtgag	atgttcgggt	aagtccggca	acgagcgcga	cccacatttt	tagttgccag
1021	cattcagttg	ggcactctag	aaaaactgcc	ggtgataagc	cggaggaagg	tgtggatgac
1081	gtcaagtcct	catggccctt	acgggttggg	ctacacacgt	gctacaatgg	tggtgacaa

1141	gggttaatcc	caaaaagcca	tctcagttcg	gattggggtc	tgcaactcga	cccatgaag
1201	tcggaatcgc	tagtaatcgc	gtaacagcat	gacgcgggta	atcagttccc	ggccttgta
1261	cacaccgccc	gtcacacccat	gggaattgga	tctacccgaa	ggtggtgccc	caacctgcaa
1321	a					

Tab. 123; DNA-Sequenz von *Pseudorhodobacter* spec. KOPRI 25878 aus der Datenbank BLAST

<i>Ralstonia pickettii</i> strain B1RO1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ689181.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales; Burkholderiaceae; <i>Ralstonia</i>						
Origin:						
1	catgcaagtc	gaacggcagc	atgatctagc	ttgctagatt	gatggcgagt	ggcgaacggg
61	tgagtaatac	atcggaacgt	gccctgtagt	gggggataac	tagtgcgaaag	attagctaat
121	accgcatacg	acctgagggt	gaaagtgggg	gaccgcaagg	cctcatgcta	taggagcggc
181	cgatgtctga	ttagctagtt	ggtgaggtaa	aggctcacca	aggcgacgat	cagtagctgg
241	tctgagagga	cgatcagcca	cactgggact	gagacacggc	ccagactcct	acgggaggca
301	gcagtgggga	atdddggaca	atggggcga	gcctgatcca	gcaatgccc	gtgtgtgaa
361	aaggccttcg	ggttgtaaag	cacttttgtc	cggaaagaaa	tggtctcggg	taatacctgg
421	ggtcagtgac	ggtaccggaa	gaataaggac	cggctaacta	cgtgccagca	gccgcggtaa
481	tacgtagggt	ccaagcgtaa	atcggaaata	ctgggcgtaa	agcgtgccc	ggcggttgg
541	caagaccgat	gtgaaatccc	cgagcttaac	ttgggaattg	caatgggtgac	tgcaacggca
601	gagtggtcca	gaggggggta	gaattccacg	tgtagcagtg	aaatgcgtag	agatgtggag
661	gaataccgat	ggcgaaggca	gccccctggg	ataacactga	cgctcatgca	cgaagcgtg
721	gggagcaaac	aggatagat	accctggtag	tccacgccc	aaacgatgct	aactagttgt
781	tggggattca	tttcttagt	aacgtagcta	acgcgtgaag	ttgaccgct	ggggagtacg
841	gtcgcgaagt	taaaactcaa	aggaattgac	ggggaccgca	acaagcggg	gatgatgtgg
901	attaattoga	tgcaacgcga	aaaaccttac	ctacccttga	catgccacta	acgaagcaga
961	gatgcattag	gtgctcgaaa	gagaaagtgg	acacaggtgc	tgcatggctg	tcgtcagctc
1021	gtgctcgtgag	atggtggggt	aagtcccgc	acgagcgcaa	cccttgtctc	tagttgttac
1081	gaaagggcac	tctagagaga	ctgcccgggta	caaaccggag	gaaggtgggg	atgacgtcaa
1141	gtcctcatgg	cccttatggg	tagggcttca	cacgtcatac	aatggtgcat	acagagggtt
1201	gccaagccgc	gaggtggagc	taatcccaga	aaatgcatcg	tagtccggat	cgtagtctgc
1261	aactcagata	cgtgaagctg	gaatcgctag	taatcgcgga	tcagcatgcc	gcggtgaata
1321	cgttcccggg	tctgtacac	accgcccgtc	acaccatggg	agtgggcttt	accagaagta
1381	gttagcctaa	ccgcaaggag	ggcgatacca	cggtagt		

Tab. 124; DNA-Sequenz von *Ralstonia pickettii* B1RO1 aus der Datenbank BLAST

<i>Rhizobiales bacterium</i> SK12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ773444.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales						
Origin:						
1	agagtttgat	cctggctcag	aacgaacgct	ggcggcaggc	ttaacacatg	caagtcgaac
61	gcaccttcgg	gtgagtggca	gacgggtgag	taacgcgctg	gaacgtgctc	ttcggctcgg
121	aataaccagc	ggaaacttgg	gctaataaccg	gatacgcctc	ccgggggaaa	gatttatcgc
181	cgaaagatcg	gcccgcgctc	gattagcttg	ttggtggggg	aatggcctac	caaggctacg
241	atccgtagct	ggtctgagag	gatgatcagc	cacactggga	ctgagacacg	gcccagactc
301	ctaccggagg	cagcagtggg	gaatattgga	caatggggga	aacctgac	cagccatgcc
361	gcgtgagtga	agaaggcctt	agggttgtaa	agctctttca	gcggggaaga	taatgacggg
421	acccgcagaa	gaagccccgg	ctaactccgt	gccagcagcc	gcgtaatac	ggaggggctc
481	agcgttgctc	ggaattactg	ggcgtaaagc	gcgcgtaggc	ggactttcaa	gtcaggggtg
541	aaatcccagc	gcttaacctc	ggaactgcct	ttgactctg	ttgctctgag	tcggggagag
601	gtgagcggaa	ttcctagtgt	agaggtgaaa	ttcgtagata	ttaggaagaa	caccagtggc
661	gaaggcggct	cactggcccc	gtactgacgc	tgaggcgcga	aagcgtggg	agcaaacagg
721	attagatacc	ctggtagtcc	acgcgcgtaa	cgatggatgc	tagccgtcgg	tcagcatgct
781	gtacggtggc	gcagctaacc	cattaagcat	cccgcctggg	gagtacggtc	gcaagattaa
841	aactcaagg	aattgacggg	ggcccgcaca	agcgggtggg	catgtggttt	aattcgaggc
901	aacgcgaaga	accttaccag	cccttgacat	cccggtttgg	ggaccagaga	tgaccoccat
961	ttaacgccgg	tgacaggtgc	tgcatggctg	tcgtcagctc	gtgtcgtgag	atgttggggt
1021	aagtcccgca	acgagcgcga	cccctaccat	tagttgccc	cattaagttg	ggcactctag
1081	tgggactgcc	ggtgataagc	cggaggaagg	tggggatgag	gtcaagtcat	catggccctt
1141	acgggctggg	ctacacacgt	gctacaatgg	cggtgacaga	gggcagccac	tcggcgacga
1201	ggagctaate	cctaaaaacc	gtctcagttc	ggattgttct	ctgcaactcg	agagcatgaa
1261	gtcggaaatc	ctagtaatcg	cggatcagca	tgcccgggtg	aatcagttcc	cgggccttgt
1321	acacaccgcc	cgctcacacca	tgggagttgg	ctttaccgca	agacgggtgc	ctaacctcgc
1381	aagaggaggc	agccggccac	ggtaggggtca	gcgactgggg	tgaagtcgta	acaaggtaat
1441	ctgc					

Tab. 125; DNA-Sequenz von *Rhizobiales bacterium* SK12 aus der Datenbank BLAST

<i>Rhizobium</i> spec. TB2-10-I 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: AY599702.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhizobiales; Rhizobiaceae; Rhizobium/Agrobacterium group; <i>Rhizobium</i>						
Origin:						
1	cgaacgctgg	cgccaggctt	aacacatgca	agtcgagcgc	cccgaaggg	gagcggcaga

61	cgggtgagta	acgcgtgga	atctacccat	ctctacggaa	taactcaggg	aaacttggtc
121	taataccgta	tacgcctta	gggggaaaga	tttatcggag	atggatgagc	ccgcgttgga
181	ttagctagtt	gggtgggtaa	aggcctacca	aggcgacgat	ccatagctgg	tctgagagga
241	tgatcagcca	cattgggact	gagacacggc	ccaaactcct	acgggaggca	gcagtgggga
301	atattggaca	atgggcgcaa	gcctgatcca	gccatgccgc	gtgtgtgatg	aaggccttag
361	ggttgtaaa	cactttcacc	ggagaagata	atgacgggat	ccggagaaga	agccccggt
421	aaactcgtgc	cagcagccgc	ggtaatacga	agggggctag	cgttgttcgg	aattactggg
481	cgtaaagcgc	acgtagggcg	atcgatcagt	caggggtgaa	atcccagagc	tcaactctgg
541	aactgccttt	gatactgtcg	atctagagta	tggaaagaggt	gagtggaatt	ccgagtgtag
601	aggtgaaatt	cgtagatatt	cggaggaaca	ccagtggcga	aggcggtca	ctggtccatt
661	actgacgctg	aggtgcgaaa	gcgtggggag	caaacaggat	tagataccct	ggtagtccac
721	gccgtaaacg	atgaaatgta	gccgtcgggt	agtttactat	tcggtggcgc	agctaacyca
781	ttaaaccattc	cgctgggga	gtacggctcg	aagattaaaa	ctcaaaggaa	ttgacggggg
841	cccgcacaag	cggtggagca	tgtggtttaa	ttcgaagcaa	cgcgcagaac	cttaccagct
901	cttgacaatc	cgatgcgga	cagtggagac	attgtccttc	agttaggctg	gatcggtgac
961	aggtgctgca	tggctgctgt	cagctcgtgt	cgtgagatgt	tgggttaagt	cccgaacga
1021	gcgcaacct	cgcccttagt	tgccagcatt	cagttgggca	ctctaagggg	actgccggtg
1081	ataagccgag	aggaaggtgg	ggatgacgtc	aagtccctcat	ggcccttacg	ggctgggcta
1141	caacagctg	acaatgggtg	tgacagtggtg	cagcgagacc	gcgaggtcga	gctaactccc
1201	aaaagccatc	tcagttcgga	ttgcactctg	caactcagat	gcattgaagt	ggaatcgta
1261	gtaatcgag	atcagcatgc	tgccgtgaa	acgttcccgg	gccttgta	caccgcccgt
1321	cacaccatgg	gagttggtt	taccgaagg	tagtgcgcta	accgaagga	ggcagctaac
1381	cacggtaggg	tca				

Tab. 126: DNA-Sequenz von *Rhizobium* spec. TB2-10-I aus der Datenbank BLAST

<i>Rhodobacter changliensis</i> strain : JA139 16S ribosomal RNA, complete sequence						
Accessions-Nr.: NR_042564.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>						
Origin:						
1	acctgcggcg	gocctaccatg	caagtccaac	gggaccttcg	ggcttagtgg	cggacgggtg
61	agtaacgcgt	gggaacatgc	ccaaagggtac	gggatagcct	cgggaaactg	ggtgtaatac
121	cgtagtgcc	cttcggggga	aagatttatc	gcctttggat	tggcccgcgt	tggattaggt
181	agttgggtgg	gtaatggcct	accaagccga	cgatccatag	ctggtttag	aggatgatca
241	gccacactgg	gactgagaca	cggcccagac	tcctacggga	ggcagcagtg	gggaatctta
301	gacaatgggg	gaaaccctga	tctagccatg	ccgcgtgatc	gatgaaggcc	ttagggttgt
361	aaagatcttt	cagtggggaa	gataatgacg	gtaccacacag	aagaagccc	ggctaactcc
421	gtgccagcga	ccgcggtaat	acggaggggg	ctagcgttat	tcggaattac	tggcgtaaaa
481	gcgcacgtag	gcggatcgga	aagttggggg	tgaaatcca	gggctcaacc	ctggaactgc
541	cttcaaaact	cccgtctctg	aggtcgagag	aggtgagtg	aattccgagt	gtagaggtga
601	aattcgtaga	tattcggagg	aacaccagtg	gcgaaggcgg	ctcactggct	cgatactgac
661	gctgaggtga	gaaagcgtgg	ggagcaaaaca	ggattagata	ccctggtagt	ccagcgcgta
721	aacgatgaat	gccagtcgtc	gggtagcatg	ctattcggtg	acacaccta	cggattaagc
781	attccgcctg	gggagtagcg	ccgcaaggtt	aaaactcaaa	ggaattgacg	ggggcccgca
841	caagcgggtg	agcatgtggt	ttaattcgaa	gcaacgcgca	gaaccttacc	aacccttgac
901	atggcagtg	cggttccaga	gatggtcctt	tctcgtaaga	gacactgcac	acaggtgctg
961	catggctgtc	gtcagctcgt	gtcgtgagat	gttcgggtta	gtccggcaac	gagcgcgaacc
1021	cacgtcctta	ggtgcccagca	ttcagttggg	cactctaggg	aaactgcccg	tgataagccg
1081	gaggaaggtg	tggatgacgt	caagtcctca	tggcccttac	gggttgggct	acacacgtgc
1141	tacaatggta	gtgacaatgg	gttaatccca	aaaagctatc	tcagttcggg	ttggggtctg
1201	caactcgacc	ccatgaagtc	ggaatcgcta	gtaatcgctg	aacagcatga	cgcggtgaa
1261	acgttcccgg	gccttgta	caccgcccgt	cacaccatgg	gaattggttc	taccgaagg
1321	cggtcgcca	accagcaatg	gaggcagccg	accaggttag	gatcagtgac	tggggtagtt

Tab. 127: DNA-Sequenz von *Rhodobacter changliensis* JA139 aus der Datenbank BLAST

<i>Rhodobacter megalophilus</i> strain R6W-5-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ692104.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>						
Origin:						
1	ggactagtg	cggacgggtg	agtaacgcgt	gggaacgtac	cttttgcttc	ggaatagcct
61	cgggaaactg	ggagtaatac	cgaatgtgcc	ctacggggga	aagatttatc	ggcaaaagat
121	cggcccgcgt	tggattaggt	agttgggtgg	gtaatggcct	accaagccga	cgatccatag
181	ctggtttag	aggatgatca	gccacactgg	gactgagaca	cggcccagac	tctacggga
241	ggcagcagtg	gggaatctta	gacaatgggc	gcaagcctga	tctagccatg	ccgcgtgatc
301	gatgaaggcc	ttagggttgt	aaagatcttt	cgtgggggaa	gataatgacg	gtaccccag
361	aagaagcccc	ggctaactcc	gtgcccagcag	ccgcggtaat	acggaggggg	ctagcgttat
421	tcggaattac	tggcgtaaaa	gcgcacgtag	gcggaattgga	aagtccagag	tgaatccca
481	gggctcaacc	ttggaactgc	ctttgaaact	cccagtcctg	aggtcgagag	aggtgagtg
541	aattccgagt	gtagaggtga	aattcgtaga	tattcggagg	aacaccagtg	gcgaaggcgg
601	ctcactggct	cgatactgac	gctgaggtgc	gaaagcgtgg	ggagcaaaaca	ggattagata
661	cctggtagt	ccacgcgta	aacgatgaat	gccagtcgct	ggtagcatg	ctattcggg
721	acacaccta	cggattaagc	attccgcctg	gggagtagcg	ccgcaaggtt	aaaactcaaa
781	ggaattgacg	ggggcccgca	caagcgggtg	agcatgtggt	ttaattcgaa	gcaacgcgca
841	gaaccttacc	aacccttgac	atgggtatcg	cgggatcaga	gatggctcct	tcagttcggg

901	tggataccac	acaggtgctg	catggctgtc	gtcagctcgt	gtcgtgagat	gttcgggtaa
961	gtccggcaac	gagcgcgaacc	cacatthttca	gttgccatca	ttcagttggg	cactctggag
1021	aaactgccgg	tgataagccg	gaggaagggtg	tggatgacgt	caagtcctca	tggcccttac
1081	gggttgggct	acacacgtgc	tacaatgggtg	gtgacaatgg	gttaatccca	aaaagccatc
1141	tcagttcggg	ttggggctctg	caactcgacc	ccatgaagtc	ggaatcgcta	gtaatcgcgt
1201	aacagcatga	cgcggtgaat	acgttcccgg	gccttgta	caccgcccgt	cacacatggt
1261	gaattggatc	taccgaagg	tggtgctgc			

Tab. 128: DNA-Sequenz von *Rhodobacter megalophilus* R6W-5-1 aus der Datenbank BLAST

<i>Rhodobacter ovatus</i> partial 16S rRNA gene, type strain JA234T						
Accessions-Nr.: AM690348.2						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>						
Origin:						
1	tacagctgcc	tgacacatgc	aagtcgagcg	aagtcttcgg	acttagcggc	ggacgggtga
61	gtaacgcgctg	ggaacatacc	caaaggtagc	gaatagccct	gggaaactgg	gagtaatacc
121	gtatgtgccc	ttcgggggaa	agatttatcg	cctttggatt	ggcccgcgtt	ggattaggtg
181	gttgggtggg	taatggccta	ccaagccgac	gatccatagc	tggtttgaga	ggatgatcag
241	ccacactggg	actgagacac	ggcccagact	cctacgggag	gcagcagtg	ggaatcctag
301	acaatgggcg	caagcctgat	ctagccatgc	cgctgatcgc	atgaaggcct	taggggtgta
361	agcatcttcc	aggtgggaag	ataatgacgg	taccaccaga	agaagccccg	gctaactccg
421	tgccagcagc	cgcggttaata	cggagggggc	tagcgttatt	cggaattacc	gggctgaaag
481	cgcacgtagg	cggattgga	agtcagaggt	gaaatcccag	ggctcaacct	tggactgcc
541	tttgaaaact	ccagctctga	ggtcgagaga	ggtgagtgga	attccgagtg	tagaggtgaa
601	attcgtagat	attcggagga	acaccagtgg	cgaagggcgc	ctactggctc	gatactgacg
661	ctgaggtgcg	aaagcgtggg	gagcaaacag	gattagatac	cctggtagtc	cacgcccgtg
721	acgatgaatg	ccagtcgctg	ggcagcatgc	tgttcgggtg	cacacctaac	ggattaagca
781	ttccgcctgg	ggagtacggc	cgcaagggtg	aaactcaaa	gaattgacgg	gggcccgcac
841	aagcgggtgga	gcatgtggtt	taattcgaag	caacggcgag	aaccttacc	acccttgaca
901	tgggtatcgc	gggaccagag	atggtccttt	cagttcggct	ggataccaca	caggtgctgc
961	atggctgctg	tcagctcgtg	tcgtgagatg	ttcggttaag	tccggcaacg	agcgaacccc
1021	acgtccctag	ttgccagcat	tcagttgggc	actctagggg	aactgcgggt	gataagccgg
1081	aggaaggtgt	ggatgacgtc	aagtcctcat	ggccttacg	ggttgggcta	cacacgtgct
1141	acaatggcag	tgacaatggg	ttaatcccaa	aaagctgtct	cagttcggat	tggggtctgc
1201	aactcgaccc	catgaagtcg	gaatcgctag	taatcgcgta	acagcatgac	gcggtgaata
1261	cgttcccggg	ccttgtacac	accgcccgtc	acaccatggg	aattgggtct	accggaaggc
1321	ggtgcgcaa	cctcgcaaga	ggaggcagcc	gaccacggta	ggatcagtg	ctggggtgag
1381	c					

Tab. 129: DNA-Sequenz von *Rhodobacter ovatus* JA234T aus der Datenbank BLAST

<i>Rhodobacter</i> spec. CCBAU 10883 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: HQ437162.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>						
Origin:						
1	tcttcggact	tagcggcgga	cgggtgagta	acgcgtggga	acatacccaa	aggtacggaa
61	tagcctcggg	aaactgggag	taataaccgta	tgtgcccttc	gggggaaaga	tttatcgctt
121	ttggattggc	ccgcgttggg	ttaggtagtt	ggtggggtg	tggcctacca	agccgacgat
181	ccatagctgc	tttgagagga	tgatcagcca	cactgggact	gagacacggc	ccagactcct
241	acgggaggca	gcagtgggga	atcttagaca	atgggcgcaa	gcctgatcta	gcatgcccgc
301	gtgatcgatg	aaggccttag	ggttgtaaa	atctttcagc	tgggaagata	atgacggtag
361	cagcagaaga	agccccgct	aactccgtgc	cagcagccgc	ggtaatacgg	agggggctag
421	cgttgttcgg	aattactggg	cgtaaagcgc	acgtaggcgg	attggaaaag	cagaggtgaa
481	atcccagggc	tcaaccttgg	aactgccttt	gaaactcca	gtcttgagtt	cgagagaggt
541	gagtggaatt	ccgagtgtag	aggtgaaatt	cgtagatatt	cggaggaaca	ccagtgccga
601	aggcggctca	ctggctcgat	actgacgctg	aggtgcaaaa	gcgtggggag	caaacaggat
661	tagataccct	ggtagtccac	gccgtaaaag	atgaatgcca	gacgtcgggc	agcatgctgt
721	tcggtgtcac	acctaaccgga	ttaagcattc	cgctgggga	gtacggccgc	aaggttaaaa
781	ctcaaaggaa	ttgacggggg	cccgcacaag	cggtggagca	tgtggtttaa	ttcgaagcaa
841	cggcagaaga	cttaccacac	cttgacatgt	ggatcgcgga	accggagacg	gttctttcag
901	ttcggctgga	tccaacacag	gtgctgcatg	gctgtcgtca	gctcgtgctg	tgagatgttc
961	ggttaagtcc	ggcaacgagc	gcaacccacg	cctttagttg	ccatcaggtt	atgctgggca
1021	ctctaaagga	actgcccggg	ataagccgga	ggaaaggtgtg	gatgacgtca	agtccctcatg
1081	gcccttacgg	ggtgggctac	acacgtgcta	caatgggtgtg	gacaatgggt	taatcccaaa
1141	aagccatctc	agttcggatt	ggggctcgtca	actcgacccc	atgaagtcgg	aatcgctagt
1201	aatcgcgtaa	cagcatgacg	cggtgaatac	gttcccgggc	cttgtacaca	ccgcccgtca
1261	caccatggga	attgggtcta	cccgaaaggc	gtgcgccaac	cagcaatgga	

Tab. 130: DNA-Sequenz von *Rhodobacter* spec. CCBAU 10883 aus der Datenbank BLAST

<i>Rhodobacter</i> spec. R-36943 partial 16S rRNA gene						
Accessions-Nr.: FR691419.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>						
Origin:						

1	aatgaacgct	ggcggcaggc	ctaacacatg	caagtogaac	gggtccttcg	ggactagtgg
61	cggaacgggtg	agtaacgcgt	gggaacatac	cctttgggtac	gggatagcct	cgggaaactg
121	gggtgtaatac	cgtatgtgcc	ccttcggggga	aagatttatc	gccaaaggat	tggcccgcgt
181	tggattagggt	agttggtggg	gtaatggcct	accaagccga	cgatccatag	ctggtttgag
241	aggatgatca	gccacactgg	gactgagaca	cggcccagac	tcctacggga	ggcagcagtg
301	gggaatctta	gacaatgggg	gaaacccctga	tctagccatg	ccgcgtgatc	gatgaaggcc
361	ttagggttgt	aaagatcttt	cagctgggaa	gataatgacg	gtaccagcag	aagaagcccc
421	ggctaactcc	gtgccagcag	ccgcggtaat	acggaggggg	ctagcgttat	tcggaattac
481	tgggctgaaa	gcgcacgtag	gcggatcgga	aagtacagag	tgaaatccca	gggtcacaac
541	ttggaactgc	ctttgaaact	cccggctctg	aggtcgagag	aggtgagtgg	aattccgagt
601	gtagaggtga	aattcgtaga	tattcggagg	aacaccagtg	gcgaaggcgg	ctcactggct
661	cgatactgac	gctgaggtgc	gaaagcgtgg	ggagcaaaaca	ggattagata	ccctggtagt
721	ccacgccgta	aacgatgaat	gccagacgtc	gggcagcatg	ctgttcgggtg	tcacacctaa
781	cggattaagc	attccgcctg	gggagtacgg	ccgcaagggt	aaaactcaaa	ggaattgacg
841	ggggcccgcga	caagcgggtg	agcatgtggg	ttaattcgaa	gcaacgcgca	gaaccttacc
901	aacccttgac	atggcagtga	ccgttccaga	gatggttctt	tctcgtaaga	gacactgcac
961	acaggtgctg	catggctgtc	gtcagctcgt	gtcgtgagat	gttcgggtaa	gtccggcaac
1021	gagcgaacc	cacgtcctta	gttgccatca	ttcagttggg	cactctaggg	aaactgccgg
1081	tgataagccg	gaggaaggtg	tggatgacgt	caagtctca	ggcccttac	aggttgggct
1141	acacacgctg	tacaatggca	gtgacaatgg	gttgatccca	aaaagctgtc	tcagttcgga
1201	ttggggctctg	caactcgacc	ccatgaagtc	ggaatcgcta	gtaatcgcgt	aacagcatga
1261	cgcggtgaat	acgttcccgg	gccttgtaca	caccgcccgt	cacaccatgg	gaattggttc
1321	tacccgaagg	cggtgcgcca	acctcgcaag	aggaggcagc	cgaccacggt	aggatcagtg
1381	actggggtga	agtcgtaaca	aggtagccgt	aggggaacc		

Tab. 131: DNA-Sequenz von *Rhodobacter spec. R-36943* aus der Datenbank BLAST

<i>Rhodobacter spec. ZS2-22</i> 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: FJ195995.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Rhodobacterales; Rhodobacteraceae; <i>Rhodobacter</i>						
Origin:						
1	agagtttgat	cctggctcag	aatgaacgct	ggcggcaggc	ctaacacatg	caagtogaac
61	gagcccttcg	gggttagtgg	cggaacgggtg	agtaacgcgt	gggaacatac	ccaaggttac
121	ggaatagtct	cgggaaactg	ggggtataac	cgtatgtgcc	cttatgctgt	agtgggttaa
181	gggaaagat	ttatcgctt	tggattggcc	cgcggtggat	taggtagtgt	gtggggtaat
241	ggcctaccaa	gccgacgatc	catagctggt	ttgagaggat	gatcagccac	actgggactg
301	agacacggcc	cagactccta	cgggagggcag	cagtgggaa	tcttagaca	tggggcgaag
361	cctgatctag	ccatgcgcgg	tgatcgatga	aggccttagg	ggtgtaaaga	gttttcagat
421	gggaagataa	tgacgggtacc	atcagaagaa	gccccggcta	actccgtgcc	agcagccgcg
481	gtaatacggga	gggggctagc	gttatctcgga	attactgggc	gtaaagcgca	cgtagggcga
541	tcagaaagtt	ggaggtgaaa	tcccagggct	caaccttggga	acggccttca	aaactcctgg
601	tcttgagttc	ggagaggtg	agtggaaattc	cgagtgtaga	ggtgaaattc	gtagatattc
661	ggaggaacac	cagtggcga	ggcggctcac	tggctcgata	ctgacgctga	ggtgcaaaag
721	cgtggggagc	aaacaggatt	agataccctg	gtagtccacg	ccgtaaacga	tgaatgccag
781	tcgctcagca	gcatgcttgt	tgggtgacaca	cctaaccgat	taagcattcc	gcctggggag
841	tacggccgca	agggtaaaac	tcaaaggaat	tgcggggggc	ccgcacaagc	ggtggagcat
901	gtggttta	tcgaagcaac	ggcagaacc	ttaccaacc	ttgacatgga	tatcggggac
961	ctggagacag	gtcttctcag	tcggctggat	atcacacag	tgctgcatgg	ctgtcgtcag
1021	ctcgtgctgt	gagatgttcg	gttaagtccg	gcaacgagcg	caaccacac	tcttagttgc
1081	cagcattcag	ttgggcactc	taggagaact	gcccgtgata	agccgggagga	aggtgtggat
1141	gacgtcaagt	cctcatggcc	cttacgggtt	gggctacaca	cgtgtacaa	tggtagtgac
1201	aatgggttaa	tcccaaaaag	ctatctcag	tcggattggg	gtctgcaact	cgaccccatg
1261	aagtcggaat	cgctagta	cgcgtaacag	catgacgcg	tgaatacgtt	cccgggctt
1321	gtacacaccg	ccgctcacac	catgggagtt	ggttctacc	gacgacgctg	cgtaacccg
1381	taagggaggc	aggcggccac	ggtaggatca	gcgactgggg	tgaagtctga	acaaggttag
1441	cgta					

Tab. 132: DNA-Sequenz von *Rhodobacter spec. ZS2-22* aus der Datenbank BLAST

<i>Sarocladium kiliense</i> strain CBS 122.29 18S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: HQ232198.1						
Taxonomie: Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; mitosporic Hypocreales; <i>Sarocladium</i>						
Origin:						
1	tgtagtcata	tgcttgtctc	aaagattaag	ccatgcatgt	ctaagtataa	gcaattatac
61	agcgaactg	cgaatggctc	attatataag	ttatcgttta	tttgatagtg	ccttactact
121	tggataaccg	tggttaattct	agagctaata	catgctaaaa	accccgactt	cggaaagggg
181	gtatattatta	gatacaaaaac	caatgcctt	cggggctctt	tgggtattca	tgataactat
241	acgaatcgca	gggccttgcg	ccggcgatgg	ttcattcaaa	tttcttccct	atcaactttc
301	gatgtttggg	tattggccaa	acatggttgc	aacgggtaac	ggagggttag	ggctcgaccc
361	cggaagaagga	gcctgagaaa	cggtacttac	atccaaggaa	ggcagcagcg	gcgcaaatca
421	cccaatccc	actcggggag	gtagtgacaa	taaatactga	tacaggggcc	tttcgggctt
481	tgtaattgga	atgagtacaa	tttaaatccc	ttaacgagga	acaattggag	ggcaagtctg
541	gtgccagcag	ccgcggta	tccagctcca	atagcgtata	ttaaggttgt	tgtggttaaa
601	aagctcgtag	ttgaaacttg	ggcctggctg	gcccgtccgc	ctcaccgctg	gcaactggtc

661	ggccgggctt	ttccctctgt	ggaaccccat	acccttcaact	ggcgtggcg	gggaaacagg
721	acatttactt	tgaaaaaatt	agagtgtctc	aggcaggcct	atgctcgaat	acattagcat
781	gaaataataa	aataggacgc	gcggttctat	tttgttggtt	tataggaccg	cgtaaatgat
841	taatagggac	agtcgggggc	atcagtatct	aactgtcaga	ggtgaaattc	ttggatcagt
901	tgaagactaa	ctactgcgaa	agcatttgcc	aaggatgttt	tcattaatca	ggaacgaaag
961	ttaggggac	gaagacgatc	agataccgct	gtagtcttaa	ccataaacta	tgccgactag
1021	ggatcggacg	gtgttattca	tgacccgctt	ggcaccttac	gagaaatcaa	agtgcttggg
1081	ctccagggg	agtatggctg	caaggctgaa	acttaaagaa	attgacggaa	gggcaccacc
1141	aggggtggag	cctgcggctt	aatttgactc	aacacgggga	aactcaccag	gtccagacac
1201	aataaggatt	gacagattga	gagctctttc	ttgattttgt	gggtgggtgg	gcatggccgt
1261	tcttagttgg	tggggtgact	tgtctgctta	attgcgataa	cgaacgagac	cttaacctgc
1321	taaataagccc	gcattgctcc	ggcagtgccg	tggcttctta	gagggacttt	cggtcaagc
1381	cgaaggaagt	ttgaggcaat	aacaggtctg	tgatgccctt	agatgttctg	ggccgcacgc
1441	gcgctacact	gacggggtca	gcgagttcct	tggccgaaag	gcccgggtaa	tcttgttagc
1501	ccccgtcgtg	ctggggatag	agcattgcaa	ttatgtctct	tcaacgagga	atccctagta
1561	agcgcgaagt	atcagcttgc	ggtgattacg	tcctgcccct	ttgtacacac	cgcccgctgc
1621	tactaccgat	tgaatggctc	agtgaggcgt	cggactggc	ccagggaggt	gggcaactac
1681	cacccagggc	cggaaagttc	tccaactcgt	gtcattttaga	ggaagtaaaa	gtcgtaacaa
1741	ggtctccgtt	ggtgaaccag	cggaggg			

Tab. 133: DNA-Sequenz von *Sarocladium kiliense* CBS 122.29 aus der Datenbank BLAST

<i>Sphingomonas</i> spec. LC435 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: JQ014557.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Sphingomonadales; Sphingomonadaceae; <i>Sphingomonas</i>						
Origin:						
1	tgcaagtoga	acgaactctt	cgagttagt	ggcgcacggg	tgcgtaacgc	gtgggaatct
61	gcccttgggt	acggaataac	tcagagaaat	ttgtgctaata	accgtataat	gacttcggtc
121	caaagattta	tcgcccaagg	atgagcccgc	gtaagattag	ctagttgggtg	gggtaaaagc
181	ctaccaaggg	gacgatcttt	agctggctcg	agaggatgat	cagccacact	gggactgaga
241	cacggccag	actcctacgg	gaggcagcag	tggggaatat	tggacaatgg	gcgaaagcct
301	gatccagcaa	tgccgcgtga	gtgatgaagg	ccttaggggt	gtaaaagctct	tttaccgggg
361	atgataatga	cagtaccggg	agaataagct	ccggctaact	ccgtgccagc	agccgcggta
421	atagcagggg	agctagcgtt	gttcggaatt	actgggcgta	aagcgcgcgt	agcggtttt
481	ttaagtcaga	ggtgaaagcc	cggggctcaa	ccccggaatt	gcctttgaaa	ctggaaaact
541	tgaatcttgg	agaggtcagt	ggaattccga	gtgtagaggt	gaaattcgta	gatattcgga
601	agaacaccag	tggcgaaggc	gactgactgg	acaagtattg	acgctgaggt	gcgaaagcgt
661	ggggagcaaa	caggattaga	taccctggta	gtccacgcgc	taaacgatga	taactagctg
721	tccgggttca	tagaacttgg	gtggcgcagc	taacgcatta	agttatccgc	ctggggagta
781	cggtcgcaag	attaaaactc	aaaggaattg	acgggggcct	gcacaagcgg	tggagcatgt
841	ggtttaattc	gaagcaacgc	gcagaacctt	accagcgttt	gacatcctga	tcgcggatta
901	gagagatctt	ttccttcaagt	tcggctggat	cagtgacagc	tgctgcatgg	ctgctcag
961	ctcgtgctgt	gagatgttgg	gttaagtccc	gcaacgagcg	caaccctcat	ccctagtgtc
1021	catcatctcag	ttgggcactc	taaggaaact	gccggtgata	agccggagga	aggtggggat
1081	gacgtcaagt	cctcatggcc	cttacgcgct	gggttacaca	cgtgctacaa	tggcaactac
1141	agtgggcagc	aacctcgcga	gggtagctta	atctccaaaa	ggtgtctcag	ttcggattgt
1201	tctctgcaac	tcgagagcat	gaaggcggaa	tcgctagtaa	tcgcggatca	

Tab. 134: DNA-Sequenz von *Sphingomonas* spec. LC435 aus der Datenbank BLAST

<i>Sphingomonas</i> spec. Q5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence						
Accessions-Nr.: FJ581440.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Sphingomonadales; Sphingomonadaceae; <i>Sphingomonas</i>						
Origin:						
1	gtcgaacgaa	ggcttcggcc	ttagtggcgc	acgggtgctg	aacgcgtggg	aatctgcccc
61	ttggttcgga	ataacagtta	gaaatgactg	ctaataccgg	atgatgacgt	aagtccaagc
121	atttatcgcc	aagggatgag	cccgcgtagg	attagctagt	tggtgtggta	agagcgcacc
181	aaggcagcga	tccttagctg	gtctgagagg	atgatcagcc	acactgggac	tgagacacgg
241	cccagactcc	tacgggaggg	agcagtgggg	aatattggac	aatgggagaa	agcctgatcc
301	agcaatgccg	cgtgagtgat	gaaggcctta	gggttgtaaa	gctcttttac	ccgggatgat
361	aatgacagta	ccgggagaat	aagctccggc	taactcctgt	ccagcagccg	cgtaaatcag
421	gagggagcta	gcgttattcg	gaattactgg	gcgtaaagcg	cacgtaggcg	gctttgtaag
481	taagagtgta	aagcccagag	ctcaactctg	gaattgcctt	ttagactgca	tcgcttgaat
541	catggagagg	tcagtggaaat	tccgagtgtta	gaggtgaaat	tcgtagata	tcggaagaac
601	accagtggcg	aagcggctg	actggacatg	tattgacgct	gaggtgcgaa	agcgtgggga
661	gcaaacagga	ttagataccc	tggtagtcca	cgccgtaaac	gatgataact	agctgtccgg
721	ggacttggct	cttgggtggc	gcagctaacc	cattaagtta	tccgcctggg	gagtacggcc
781	gcaaggttaa	aactcaaatg	aattgacggg	ggcctgcaca	agcggtgagg	catgtggttt
841	aattcgaagc	acgcgcagaa	accttaccag	cgtttgacat	gtaggagcgg	ctccagaga
901	tggattcctt	cccttcgggg	acctacacac	aggtgctgca	tggctgtcgt	cagctcgtgt
961	cgtgagatgt	tgggttaagt	cccgcacaga	gcgcaaccct	cgcttttagt	taccatcatt
1021	tagttgggtg	ctctaaagga	accgcccggg	ataagccgga	ggaaggtggg	gatgacgtca
1081	agtcctcatg	gcccttacgc	ctgggcttac	acacgtgcta	caatggcaac	tacagtgggc
1141	agcaatcccc	cgaggggtgag	ctaactctcca	aaagttgtct	cagttcggat	tgttctctgc
1201	aactcgagag	catgaaggcg	gaatcg			

Tab. 135: DNA-Sequenz von *Sphingomonas* spec. Q5 aus der Datenbank BLAST

<i>Sphingopyxis</i> spec. Sco-B12 partial 16S rRNA gene Accessions-Nr.: FN386734.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Alphaproteobacteria; Sphingomonadales; Sphingomonadaceae; <i>Sphingopyxis</i>						
Origin:						
1	ggctcagaac	gaacgctggc	ggcatgctta	acacatgcaa	gtcgaacgag	accttcgggt
61	ctagtggcgc	acgggtgvcgt	aacgcgtggg	aatctgccct	taggtacgga	ataactcaga
121	gaaatttggtg	ctaataccgt	atgatgtcga	aagaccaaag	atttatcgcc	taaggatgag
181	ccgcgtaag	attagcttgt	tggtgaggtg	aaagctcacc	aaggcgacga	tctttagctg
241	gtctgagagg	atgatcagcc	acactggggac	tgagacacg	cccagactcc	tacgggaggg
301	agcagtgggg	aatattggac	aatggggcaa	agcctgatcc	agcaatgccg	cgtgagtgat
361	gaaggcctta	gggttgtaaa	gctcttttac	cagggatgat	aatgacagta	cctgggagaat
421	aagctccggc	taactccgtg	ccagcagccg	cggtaatacg	gagggagcta	gcgttggtcg
481	gaattactgg	gctgaaagcg	tacgtaggcg	gttattcaag	tcagagggtg	aagcctggag
541	ctcaactcca	gaactgcctt	tgaaactaga	tagctagaat	cacggagagg	ttagtggaat
601	tccgagtg	gggtgaaat	tcgtagatat	tcggaagaac	accagtggcg	aaggcgacta
661	actggacgtg	tattgacgct	gaggtacgaa	agcgtgggga	gcaaacagga	ttagataccc
721	tggtagtcca	cgccgtaaac	gatgataact	agctgttcgg	gctctacgag	cctgagtgcc
781	gcagctaacg	cattaagtta	tccgcctggg	gagtagcgtc	gcaagattaa	aactcaaagg
841	aaatgcctgg	ggcctgcaca	agcgtggag	catgtggttt	aatcgaagc	aacgcgcaga
901	accttaccag	cgtttgacat	cctaatacgc	gttttcagag	atgattacct	tcagtccggc
961	tggattagtg	acaggtgctg	catggctgtc	gtcagctcgt	gtcgtgagat	gttgggttaa
1021	gtcccgaac	gagcgaacc	ctcgtcctta	gttgccatca	ttcagttggg	cactcctaag
1081	aaatgcctgg	tgataagccg	gaggaaggtg	gggatgacgt	caagtccca	tggcccttac
1141	acgctgggct	acacacgtgc	tacaatggcg	gtgacagtgg	gcagcaaccg	ggcgaccggt
1201	agctaactcc	caaaaaccgt	ctcagttcgg	attgttctct	gcaactcgag	agcatgaagg
1261	cggaatcgct	agtaatcgcg	gatcagcatg	ccgcggtgaa	tacgttccca	ggccttgtag
1321	acaccgccc	tcacaccatg	ggatttggat	tcaccogaag	gcagtgcgct	aaccgcaagg
1381	aggcagctga	ccacggtggg	tt			

Tab. 136: DNA-Sequenz von *Sphingopyxis* spec. Sco-B12 aus der Datenbank BLAST

<i>Stenotrophomonas rhizophila</i> strain N-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ890538.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Xanthomonadaceae; <i>Stenotrophomonas</i>						
Origin:						
1	tgcagtcgaa	cggcagcaca	gtaagagcct	gctcttatgg	gtggcagtg	gcggacgggt
61	gaggaatata	tcggaatcta	ccttttcgtg	ggggataacg	tagggaaaact	tacgctaata
121	ccgcatacga	ccttcgggtg	aaagcagggg	accttcgggc	ctgcgcgga	tagatgagcc
181	gatgtcggat	tagctagttg	gcggggtaaa	ggcccaccaa	ggcgacgatc	cgtagctggg
241	ctgagaggat	gatcagccac	actggaactg	agacacggtc	cagactccta	cgggaggcag
301	cagtggggaa	tattggacaa	tgggcgcaag	cctgatccag	ccatacccg	tgggtgaaga
361	aggccttcgg	gttgtaaaag	ccttttggtg	ggaaagaaaa	gcagtcggct	aataccgggt
421	tgttctgacg	gtacccaaag	aataagcacc	ggctaacttc	gtgccagcag	ccgcggtaat
481	acgaagggtg	caagcgttac	tcggaattac	tgggcgtaaa	gcgtgcgtag	gtggttgttt
541	aagtctggtg	tgaagccct	gggctcaacc	tgggaattgc	agtggatact	ggcgactag
601	agtgtgtag	agggtagtgg	aattcccggg	gtagcagtag	aatgcgtaga	gatcgggagg
661	aacatccatg	gcgaaggcag	ctacctggac	caacactgac	actgaggcac	gaaagcgtgg
721	ggagcaaaac	ggattagata	ccctggtagt	ccacgcctta	aacgatgcga	actggatggt
781	gggtgcaatt	tggcagcag	tatcgaagct	aacgcgttaa	ggttcgcccc	tggggagtac
841	ggtcgcaaga	ctgaaaactca	aaggaattga	cgggggcccg	cacaagcggg	ggagtatgtg
901	gtttaattcg	atgcaacgcg	aagaacctta	cctggtcttg	acatgtcgag	aactttccag
961	agatggattg	gtgccttcgg	gaactcgaac	acaggtgctg	catggctgtc	gtcagctcgt
1021	gtcgtgagat	gttgggttaa	gtcccgaac	gagcgaacc	ctgtcctta	gttgccagca
1081	cgtaatgggt	ggaactctaa	ggagaccgcc	ggtgacaaa	cggaggaagg	tggggatgac
1141	gtcaagtcat	catggccttt	acgaccaggg	ctacacacgt	actacaatgg	tagggacaga
1201	gggctgcaaa	cccgcgaggg	caagccaatc	ccagaaacc	tatctcagtc	cggattggag
1261	tctgcaactc	gactccatga	agtcggaatc	gctagtaatc	gcagatcagc	attgctgcgg
1321	tgaatacgtt	cccggccttt	gtacacaccg	cccgtccac	catgggagtt	tgttgacca
1381	gaagcaggtg	gcttaa				

Tab. 137: DNA-Sequenz von *Stenotrophomonas rhizophila* N-2 aus der Datenbank BLAST

<i>Stenotrophomonas</i> spec. DD7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Accessions-Nr.: JQ435720.1						
Taxonomie: Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Xanthomonadaceae; <i>Stenotrophomonas</i>						
Origin:						
1	gtaggcctaa	ctacagcaag	tcgaacggca	gcacaggaga	gcttgctctc	tgggtggcga
61	gtggcggacg	ggtgaggaat	gcatcggaat	ctactctttc	gtgggggata	acgtagggaa
121	acttacgcta	ataccgcata	cgacctacgg	gtgaaagccg	gggaccttcg	ggcctggcgc
181	gaatgaatga	gccgatgccc	gattagctag	ttggcggggg	aagagcccac	caaggcgacg
241	atcggtagct	ggtctgagag	gatgatcagc	cacactggaa	ctgagacacg	gtccagactc
301	ctacgggagg	cagcagtggg	gaatattgga	caatggggcg	aagcctgatc	cagccatacc
361	gcgtgggtga	agaaggcctt	cgggttgtaa	agcccttttg	ttgggaaaga	aaagcagctg
421	gttaataccc	ggttggtctg	acggtaccca	aagaataagc	accggctaac	ttcgtgccag

481	cagccgcggt	aatacgaagg	gtgcaagcgt	tactcgggaat	tactggggcgt	aaagcgtgcg
541	taggtggttg	tttaagtctg	tcgtgaaagc	cctgggctca	acotgggaat	tgcatgsgaa
601	actgggcgac	tagagtgtgg	cagaggatag	tggaattcct	ggtgtagcag	tgaatgcgt
661	agagatcagg	aggaacatcc	gtggcgaaag	cgactgtctg	ggccaacact	gacactgagg
721	cacgaaagcg	tggggagcaa	acaggattag	ataccttgg	agtccacgcc	ctaaacgatg
781	cgaactggat	gttgggtgca	atltggcacg	cagtatcgaa	gctaacgcgt	taagtctgcc
841	gctgggggag	tacggtcgca	agactgaaac	tcaaaggaat	tgacgggggc	ccgcacaagc
901	ggtggagtat	gtggtttaat	tcgatgcaac	gccaagaacc	ttacctggcc	ttgacatgca
961	cggaaactttc	cagagatgga	ttggtgcctt	cgggaaccgt	gacacaggtg	ctgcatggct
1021	gtcgtcagct	cgtgtcgtga	gatgttgggt	taagtcccgc	aacgagcgca	acccttgtcc
1081	ttagttgcca	gcacgtaatg	gtgggaactc	taaggagacc	gcccgtgaca	aaccggagga
1141	aggtggggag	gacgtcaagt	catcatggcc	cttacggcca	gggctacaca	cgtactacaa
1201	tgggtggggac	agagggctgc	aagccggcga	cggtaaagca	atccagaaa	ccctatctca
1261	gtccggattg	gagctcgcaa	ctcgaactca	tgaagtcgga	atccgtagta	atcgcagatc
1321	agcattgtct	ccgtgaatac	gttcccgggc	cttgtagaca	ccgccctgca	caccatggga
1381	gtttgttgca	ccagaagcag	gtagcttaac	cttcggggag	gcgcttgcca	cggtgtggcc
1441	gatgactggg	gtgaagtcgt	aacaaggtag	ccgtatcgga	agggcggctg	gatcacctcc
1501	tt					

Tab. 138: DNA-Sequenz von *Stenotrophomonas* spec. DD7 aus der Datenbank BLAST

<i>Steroidobacter denitrificans</i> strain FS 16S ribosomal RNA, partial sequence						
Accessions-Nr.: NR_044309.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Sinobacteraceae; <i>Steroidobacter</i>						
Origin:						
1	gctcagattg	aacgctggcg	gcgtgcctaa	cacatgcaag	tcgagcggtg	acaggtgtag
61	caatacatgc	tgacgagcgg	cggacggggtg	agtaacgctt	gggaatctgc	ctattagtgg
121	gggataactc	ggggaaactc	gagctaatac	cgcatacgca	ctacgggtgga	aagctgggga
181	ccgcaaggcc	tggcgctaata	agatgagccc	aagtcggatt	agctagtgtg	tagggtaatg
241	gcctaccaag	gcgacgatcc	gtaactggtc	tgagaggacg	accagtcaac	ccggaactga
301	gacacggtcc	ggactcctac	gggaggcagc	agtggggaat	attggacaat	ggcgaaaagc
361	ctgatccagc	gacgccgcgt	gggtgaagaa	ggcctgcggg	ttgtaaagcc	cttccagtgg
421	ggaagaaaag	cctcagatga	atacctcggg	gtcttgacgt	aacctataga	agaagcaccg
481	gcctaactctg	tgccagcagc	gcggttaata	cagaggggtg	gagcgttaat	cggaattact
541	ggcgtaaaag	cgccgctagg	cggtcttgca	agtccgatgt	gaaatccccg	ggctcaacct
601	gggaaactgca	ttccgagactg	cattgctaga	gtatgggaga	gggaagtgga	atttccaggtg
661	tagcgggtgaa	atgctgtagat	atctgaagga	acatcagtgg	cgaagcgcac	ttcctggacc
721	aataactgacg	ctcatgtgctg	aaagcgtggg	gagcaaacag	gattagatac	cctggtagtc
781	cacgccataa	acgatgagaa	ctggatgtcg	ggagggttct	gcctctcggg	gtcgtagcta
841	acgcgctaa	ttctccgcct	ggggagtagc	gcccgaaggt	tgaactcaa	aggaattgac
901	ggggaccgcg	acaagcggtg	gagcatgtgg	tttaattcga	tgcaacgcga	agaaccttac
961	ctggctctgca	catcccagga	atcctgcaga	gatgcgggag	tgccctcggg	aacctggaga
1021	caggtgctgc	atggctgtcg	tcagctcgtg	tcgtgagatg	ttgggttaag	tcccgcacag
1081	agcgcacaacc	ttgcccttag	ttgccagcat	tcagtgggga	actctaaggg	gaccgccggt
1141	gacaaaccgg	aggaaggtgg	ggatgacgtc	aagtcacatc	ggcccttatg	accagggcta
1201	cacacgtgct	acaatggcca	gtacaaaggg	ttgccaaacc	gcgaggggga	gctaattcca
1261	taaagctggt	cgtagtccgg	atcgcagctc	gcaactcggc	tgctggaagt	cggaatcgct
1321	agtaatcgtg	aatcagcatt	gtcacgggtg	atacgttccc	gggtcttgta	cacaccgccc
1381	gtcacacat	gggagttgat	tgcacca			

Tab. 139: DNA-Sequenz von *Steroidobacter denitrificans* FS aus der Datenbank BLAST

<i>Steroidobacter</i> spec. ZUMI 37 gene for 16S rRNA, partial sequence						
Accessions-Nr.: AB548216.1						
Taxonomie:						
Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Xanthomonadales; Sinobacteraceae; <i>Steroidobacter</i>						
Origin:						
1	ttttaggaag	ggtttgatcc	tggctcagat	tgaacgctgg	cggcgtgcct	aacacatgca
61	agtcgagcgg	taacaggtgt	agcaatacat	gctgacgagc	ggcggacggg	tgagtaacgc
121	ttgggaatct	gcctattagt	gggggacaac	ccggggaaac	tcgggctaata	accgcatacg
181	caccatggtg	gaaagccggg	gaccgcaagg	cctggcgtga	atagatgagc	ccaagtccga
241	ttagctagtt	ggtagggtaa	tggcctacca	aggctacgat	ccgtaactgg	tctgagagga
301	cgaccagtca	caccggaact	gagacacggt	ccggaactcct	acgggaggca	gcagtgggga
361	atattggaca	atgggggaaa	ccctgatcca	gcgacgcgcg	gtgggtgaa	aaggcctgcg
421	ggttgtaaa	cccttccagt	gggaagaaa	agcctcaggt	taacacctcg	gggtcttgac
481	gtaaccata	gaagaagcac	cggctaactc	tgtgccagca	gcccggttaa	tacagagggg
541	gcgagcgtta	atcggaaatg	ctgggcgtaa	agcgcgcgta	ggcggctttg	caagtccggg
601	gtgaaatccc	caggcttaac	ctgggaactg	cattcagagc	tgcatgtgta	gagtatggga
661	gggtgaaag	gaatttcgg	tgtagcgggt	aaatgcgtag	atatcggaag	gaacatcagt
721	ggcgaaagcg	acttccctgga	ccaatactga	cgctcatgtg	cgaagcgtg	gggagcaaac
781	aggattagat	accctggtag	tccacgccat	aaacgatgac	aactggatgt	ccggagggtc
841	tgccctcggg	tgctgtagct	aacgcgttaa	ggtgtccgcc	tggggagtag	ggccgcgaag
901	ttgaaactca	aaggaattga	cgggacccg	cacaagcgtg	gagcagatgt	gtttaatctg
961	atgcaacgcg	aagaacctta	cctggtcttg	acatcctagg	aatcctgcag	agatgcggga
1021	gtgcctcggg	gaacctggag	acaggtgctg	catggctgtc	gtcagctcgt	gtcgtgagat
1081	gttgggttaa	gtcccgcac	gagcgaacc	cttaccctta	ggtgccagca	ttaagttggg


```
1141 aactctaagg ggaccgccgg tgacaaaccg gaggaaggtg gggatgacgt caagtcatca
1201 tggcccttat gaccagggct acacacgtgc tacaatggcc ggtacaaaagg gttgccaacc
1261 cgcgaggggg agccaatccc aaaaagccgg tcgtagtccg gatcgagtc tgcactcgg
1321 ctgctgaag tcggaatcgc tagtaatcgt gaatcagcga tgtcacgggtg aatacgttcc
1381 cgggtcttgt acacaccgcc cgtcacacca tgggagttga ttgcaccaga agtaggtagc
1441 ctaaccgcaa ggagggcgct taccacgggtg tggtaaatga ctggggtgaa gtcgtaacaa
1501 gtagccaa
```

Tab. 140: DNA-Sequenz von *Steroidobacter* spec. ZUMI 37 aus der Datenbank BLAST

7.5 Verzeichnis der Abbildungen

		Seite:
<u>Abb. 1</u>	Habitus eines männlichen Individuums von <i>Asellus aquaticus</i> (Lateralansicht)	5
<u>Abb. 2</u>	Habitus von <i>Asellus aquaticus</i> , ♀ (Dorsalansicht)	6
<u>Abb. 3</u>	<i>Cladosporium herbarum</i> aus einem deutschen Trinkwasserverteilungssystemen	8
<u>Abb. 4</u>	Mobile Beprobungs- und Filterapparetureinheit der Firma Scheideler Verfahrenstechnik GmbH	9
<u>Abb. 5</u>	Hälterungs- und Versuchsreaktor	10
<u>Abb. 6</u>	Myzel von <i>Cladosporium herbarum</i> auf Agar; nach 10 Wochen bei 25 °C im Brutschrank	11
<u>Abb. 7</u>	Lage des Pleopoden 2 (plp 2) am Pleotelson (plt) von <i>Asellus aquaticus</i> , ♂ (Ventralansicht)	13
<u>Abb. 8</u>	Detailszeichnung Pleotelson von <i>Asellus aquaticus</i> , ♂ (Ventralansicht) und Detailszeichnung Pleopod 2 von <i>Asellus aquaticus</i> , ♂	14
<u>Abb. 9</u>	Darmpräparation bei <i>Asellus aquaticus</i> (Ventralansicht)	15
<u>Abb. 10</u>	Trocknungsgefäß	16
<u>Abb. 11</u>	Getrocknete Asseldärme auf einem Probenteller	16
<u>Abb. 12</u>	Aufkonzentrierte (25 µm) Trinkwasserproben von einer Entnahmestelle über einen Zeitraum von 12 Monaten	24
<u>Abb. 13</u>	Lichtmikroskopische Aufnahme Asselkot-Pellet und Detritus	26
<u>Abb. 14</u>	<i>Asellus aquaticus</i> (Dorsalansicht)	26
<u>Abb. 15</u>	Lichtmikroskopische Aufnahme des 2. Pleopoden von <i>Asellus aquaticus</i> (♂)	27
<u>Abb. 16</u>	Hydrantenspülung; <i>Proasellus cavaticus</i> , Detritus und Rostpartikel	27
<u>Abb. 17</u>	Detailzeichnung Pleopod 2 von <i>Proasellus cavaticus</i> , ♂ und mikroskopisches Präparat des plp2 von <i>Proasellus cavaticus</i> , ♂	28
<u>Abb. 18</u>	Makroskopische Aufnahme von <i>Proasellus cavaticus</i> , ♂ (Dorsal- und Lateralansicht)	29
<u>Abb. 19.1</u>	Fressversuch mit <i>Asellus aquaticus</i> (<i>Marmoricola spec.</i> und <i>Aquabacterium commune</i>)	33

<u>Abb. 19.2</u>	Fressversuch mit <i>Asellus aquaticus</i> (<i>Marmoricola</i> spec. und <i>Aquabacterium commune</i>)	34
<u>Abb. 20.1</u>	Fressversuch mit <i>Asellus aquaticus</i> (<i>Marmoricola</i> spec. und <i>Cladosporium herbarum</i>)	35
<u>Abb. 20.2</u>	Fressversuch mit <i>Asellus aquaticus</i> (<i>Marmoricola</i> spec. und <i>Cladosporium herbarum</i>)	36
<u>Abb. 20.3</u>	Fressversuch mit <i>Asellus aquaticus</i> (<i>Marmoricola</i> spec. und <i>Cladosporium herbarum</i>)	37
<u>Abb. 21</u>	Rasterelektronenmikroskopische Darmquerschnittsbilder, <i>Proasellus cavaticus</i> (Netzspülung, Probe E1)	40
<u>Abb. 22</u>	EDX-Spektrum Probe E1, Messpunkt 1	41
<u>Abb. 23</u>	EDX-Spektrum Probe E1, Messpunkt 2	41
<u>Abb. 24</u>	Rasterelektronenmikroskopische Darmquerschnittsbilder, <i>Asellus aquaticus</i> (Netzspülung, Probe Br1)	42
<u>Abb. 25</u>	EDX-Spektrum Probe Br1, Messpunkt 1	43
<u>Abb. 26</u>	EDX-Spektrum Probe Br1, Messpunkt 2	43
<u>Abb. 27</u>	EDX-Spektrum Probe Br1, Messpunkt 3	44
<u>Abb. 28</u>	Rasterelektronenmikroskopische Darmquerschnittsbilder, <i>Asellus aquaticus</i> (Hungerversuch, Probe 12)	45
<u>Abb. 29</u>	EDX-Spektrum Probe 12, Messpunkt 1	46
<u>Abb. 30</u>	EDX-Spektrum Probe 12, Messpunkt 2	46
<u>Abb. 31</u>	Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme eines Darmrohrs (vorderes Drittel) von <i>Proasellus cavaticus</i> (Netzspülung, Probe E45)	47
<u>Abb. 32</u>	EDX-Spektrum Probe E45, Messpunkt	47
<u>Abb. 33</u>	Fressversuch <i>Asellus aquaticus</i> / <i>Cladosporium herbarum</i> (10P)	49
<u>Abb. 34</u>	Fressversuch <i>Asellus aquaticus</i> / <i>Cladosporium herbarum</i> (11P)	50
<u>Abb. 35</u>	Hungerversuch <i>Asellus aquaticus</i> (12P)	51
<u>Abb. 36</u>	Hungerversuch <i>Asellus aquaticus</i> (13P)	52
<u>Abb. 37</u>	Fressversuch <i>Asellus aquaticus</i> / Schwarzerlenblätter (B1P)	53
<u>Abb. 38</u>	Fressversuch <i>Asellus aquaticus</i> / Schwarzerlenblätter (B2P)	54

<u>Abb. 39</u>	Freilandprobe <i>Asellus aquaticus</i> (Br1P)	56
<u>Abb. 40</u>	Freilandprobe <i>Proasellus cavaticus</i> (E1P)	57
<u>Abb. 41</u>	Freilandprobe <i>Proasellus cavaticus</i> (EIP)	58
<u>Abb. 42</u>	Freilandprobe <i>Proasellus cavaticus</i> (E45P)	59
<u>Abb. 43</u>	Freilandprobe <i>Proasellus cavaticus</i> (E1E)	60
<u>Abb. 44</u>	Freilandprobe <i>Proasellus cavaticus</i> (EVE)	61
<u>Abb. 45</u>	Freilandprobe <i>Proasellus cavaticus</i> (EVIE)	61
<u>Abb. 46</u>	Freilandprobe <i>Proasellus cavaticus</i> (E45E)	62
<u>Abb. 47</u>	Farbcodierung der übergeordneten Taxa	63
<u>Abb. 48</u>	Übersichtsdarstellung der DNA-Analysenergebnisse Proben 10 und 11	64
<u>Abb. 49</u>	Übersichtsdarstellung der DNA-Analysenergebnisse Proben 12, 13 und Br1	64
<u>Abb. 50</u>	Übersichtsdarstellung der DNA-Analysenergebnisse Proben B1	64
<u>Abb. 51</u>	Übersichtsdarstellung der DNA-Analysenergebnisse Proben E1, EI, EII, EV, EVI	65
<u>Abb. 52</u>	Übersichtsdarstellung der DNA-Analysenergebnisse Proben E45, EIII, EIV, EVII, EVIII	65
<u>Abb. 53</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe 10P	99
<u>Abb. 54</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe 10P	99
<u>Abb. 55</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe 11P	100
<u>Abb. 56</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe 11P	100
<u>Abb. 57</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-24; Probe 10E	100
<u>Abb. 58</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-24; Probe 10E	101
<u>Abb. 59</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-24; Probe 11E	101
<u>Abb. 60</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-24; Probe 11E	101
<u>Abb. 61</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe 12P	102
<u>Abb. 62</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe 12P	102
<u>Abb. 63</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe 13P	102
<u>Abb. 64</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe 13P	103
<u>Abb. 65</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe B1P	103

<u>Abb. 66</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe B1P	103
<u>Abb. 67</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe B2P	104
<u>Abb. 68</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe B2P	104
<u>Abb. 69</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe B1E	104
<u>Abb. 70</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe B1E	105
<u>Abb. 71</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe B2E	105
<u>Abb. 72</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe B2E	105
<u>Abb. 73</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe Br1P	106
<u>Abb. 74</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe Br1P	106
<u>Abb. 75</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe Br1E	106
<u>Abb. 76</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe Br1E	107
<u>Abb. 77</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe E1P	107
<u>Abb. 78</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe E1P	107
<u>Abb. 79</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe E1P	108
<u>Abb. 80</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe E1P	108
<u>Abb. 81</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EIIP	108
<u>Abb. 82</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EIIP	109
<u>Abb. 83</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe E45P	109
<u>Abb. 84</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe E45P	109
<u>Abb. 85</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EIIP	110
<u>Abb. 86</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EIIP	110
<u>Abb. 87</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EIVP	110
<u>Abb. 88</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EIVP	111
<u>Abb. 89</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe E1E	111
<u>Abb. 90</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe E1E	111
<u>Abb. 91</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EVE	112
<u>Abb. 92</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EVE	112
<u>Abb. 93</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EVIE	112
<u>Abb. 94</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EVIE	113
<u>Abb. 95</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe E45E	113

<u>Abb. 96</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe E45E	113
<u>Abb. 97</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EVIIE	114
<u>Abb. 98</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EVIIE	114
<u>Abb. 99</u>	Sequenzlängen [Basenpaare] der Klone 1-48; Probe EVIIE	114
<u>Abb. 100</u>	maximale Identität [Prozent] der Klone 1-48; Probe EVIIE	115

7.6 Verzeichnis der Tabellen

		Seite:
<u>Tab. 1</u>	Terminologie Crustacea	7
<u>Tab. 2</u>	Physikalische Wasserparameter während der Hälterung der Isopoden in den Reaktoren	11
<u>Tab. 3</u>	Zusammensetzung der gebrauchsfertigen Agarplatten für die Kultivierung von <i>Cladosporium herbarum</i>	17
<u>Tab. 4</u>	Puffer und Lösungen für die Gelelektrophorese	17
<u>Tab. 5</u>	Chemikalien für die Präparation der Isopoden, PCR und Gelelektrophorese	18
<u>Tab. 6</u>	Zusammensetzung <i>Taq</i> PCR MasterMix	19
<u>Tab. 7</u>	Zusammensetzung der PCR-Ansätze für die Vervielfältigung der prokaryotischen DNA-Sequenzen	19
<u>Tab. 8</u>	Zusammensetzung der PCR-Ansätze für die Vervielfältigung der eukaryotischen DNA-Sequenzen (Fressversuche mit <i>Cladosporium herbarum</i> , Fungi)	20
<u>Tab. 9</u>	Zusammensetzung des PCR-Ansatzes für die Vervielfältigung der eukaryotischen DNA-Sequenzen (Freilandproben)	21
<u>Tab. 10</u>	Zuordnung der verwendeten Primer und Anzahl der Klone für die DNA-Sequenzierung	22
<u>Tab. 11</u>	Ergebnisse der organoleptisch-physikalisch-chemischen und biologischen Trinkwasseruntersuchung	25
<u>Tab. 12</u>	Streubereiche und Mittelwerte der maximalen Identitäten (Prokaryota)	96
<u>Tab. 13</u>	Streubereiche und Mittelwerte der maximalen Identitäten (Eukaryota)	98
<u>Tab. 14</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 10P	116
<u>Tab. 15</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 10E	116
<u>Tab. 16</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 11P	116
<u>Tab. 17</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 11E	118
<u>Tab. 18</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 12P	118

<u>Tab. 19</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe 13P	119
<u>Tab. 20</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe B1P	120
<u>Tab. 21</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe B1E	121
<u>Tab. 22</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe B2P	121
<u>Tab. 23</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe B2E	123
<u>Tab. 24</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe Br1P	123
<u>Tab. 25</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe Br1E	123
<u>Tab. 26</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe E1P	124
<u>Tab. 27</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe E1E	125
<u>Tab. 28</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe E45P	125
<u>Tab. 29</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe E45E	127
<u>Tab. 30</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EIP	127
<u>Tab. 31</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EVE	127
<u>Tab. 32</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EIIP	128
<u>Tab. 33</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EVIE	128
<u>Tab. 34</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EIIP	128
<u>Tab. 35</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EVIIE	129
<u>Tab. 36</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EIVP	129
<u>Tab. 37</u>	Zuordnungen der Klon-Sequenz-Nummern zu den entsprechenden Taxa; Probe EVIIE	129

<u>Tab. 38</u>	DNA-Sequenz von <i>Achromobacter</i> spec. CCUG 3353	130
<u>Tab. 39</u>	DNA-Sequenz von <i>Aciditerrimonas</i> spec. CH22-21	130
<u>Tab. 40</u>	DNA-Sequenz von <i>Acidovorax</i> spec. 'smarlab 133815'	130
<u>Tab. 41</u>	DNA-Sequenz von <i>Acidovorax</i> spec. S4	131
<u>Tab. 42</u>	DNA-Sequenz von <i>Acinetobacter johnsonii</i>	131
<u>Tab. 43</u>	DNA-Sequenz von <i>Acremonium strictum</i> DS1bioAY4a	132
<u>Tab. 44</u>	DNA-Sequenz von <i>Aeromonas hydrophila</i> QDC01	132
<u>Tab. 45</u>	DNA-Sequenz von <i>Aeromonas hydrophila</i> subsp. <i>hydrophila</i> NBRC 13286	132
<u>Tab. 46</u>	DNA-Sequenz von <i>Aeromonas salmonicida</i> E84	133
<u>Tab. 47</u>	DNA-Sequenz von <i>Aeromonas salmonicida</i> ZHYYZ-5	133
<u>Tab. 48</u>	DNA-Sequenz von <i>Aeromonas salmonicida</i> subsp. <i>salmonicida</i> NBRC 12659	134
<u>Tab. 49</u>	DNA-Sequenz von <i>Aeromonas sobria</i> M-T-TSA 98	134
<u>Tab. 50</u>	DNA-Sequenz von <i>Aeromonas</i> spec. c55(2012)	135
<u>Tab. 51</u>	DNA-Sequenz von <i>Aeromonas</i> spec. 156B	135
<u>Tab. 52</u>	DNA-Sequenz von <i>Afipia</i> spec. BAL12-S13	135
<u>Tab. 53</u>	DNA-Sequenz von <i>Afipia</i> spec. sptzw29	136
<u>Tab. 54</u>	DNA-Sequenz von <i>Arenimonas</i> spec. CH15-1	136
<u>Tab. 55</u>	DNA-Sequenz von <i>Arthrobacter oxydans</i> S32219	136
<u>Tab. 56</u>	DNA-Sequenz von <i>Asellus aquaticus</i>	137
<u>Tab. 57</u>	DNA-Sequenz von <i>Aspergillus</i> spec.	137
<u>Tab. 58</u>	DNA-Sequenz von <i>Bradyrhizobium</i> spec. RS-46	138
<u>Tab. 59</u>	DNA-Sequenz von <i>Brevundimonas bullata</i> strain BW56UT1570	138
<u>Tab. 60</u>	DNA-Sequenz von <i>Caulobacter vibrioides</i> JCT-7	139
<u>Tab. 61</u>	DNA-Sequenz von <i>Caulobacter</i> spec. FWC08	139
<u>Tab. 62</u>	DNA-Sequenz von <i>Caulobacter</i> spec. ECN-2008	139
<u>Tab. 63</u>	DNA-Sequenz von <i>Chitinibacter</i> spec. SK16	140
<u>Tab. 64</u>	DNA-Sequenz von <i>Cladosporium</i> spec. 2 FW1PhC3-1	140
<u>Tab. 65</u>	DNA-Sequenz von <i>Crenothrix polyspora</i>	141
<u>Tab. 66</u>	DNA-Sequenz von <i>Davidiella tassiana</i> UFMGCB 3684	141

<u>Tab. 67</u>	DNA-Sequenz von <i>Ectothiorhodospira</i> spec. AM4	141
<u>Tab. 68</u>	DNA-Sequenz von <i>Enterobacter cloacae</i> MS-27	142
<u>Tab. 69</u>	DNA-Sequenz von <i>Enterobacter cloacae</i> subsp. <i>cloacae</i> ENHKU01	142
<u>Tab. 70</u>	DNA-Sequenz von <i>Enterobacter</i> spec. HWE-103	142
<u>Tab. 71</u>	DNA-Sequenz von <i>Enterobacter</i> spec. S6BB	143
<u>Tab. 72</u>	DNA-Sequenz von <i>Enterovibrio</i> spec. 09BSKS-4	143
<u>Tab. 73</u>	DNA-Sequenz von <i>Erwinia persicina</i> mskrs1ap	144
<u>Tab. 74</u>	DNA-Sequenz von <i>Erwinia rhapontici</i>	144
<u>Tab. 75</u>	DNA-Sequenz von <i>Exiguobacterium undae</i>	144
<u>Tab. 76</u>	DNA-Sequenz von <i>Flavobacterium denitrificans</i> JS14-1	145
<u>Tab. 77</u>	DNA-Sequenz von <i>Flavobacterium hercynium</i> WB 4.2-78	145
<u>Tab. 78</u>	DNA-Sequenz von <i>Flavobacterium resistens</i> BD-b365	146
<u>Tab. 79</u>	DNA-Sequenz von <i>Flavobacterium</i> spec. HME6120	146
<u>Tab. 80</u>	DNA-Sequenz von <i>Flavobacterium</i> spec. R-36233	146
<u>Tab. 81</u>	DNA-Sequenz von <i>Flavobacterium</i> spec. R7Sb-3-1	147
<u>Tab. 82</u>	DNA-Sequenz von <i>Flavobacterium</i> spec. 1126-1H-08	147
<u>Tab. 83</u>	DNA-Sequenz von <i>Fusarium</i> spec. ZLH-X6	148
<u>Tab. 84</u>	DNA-Sequenz von <i>Gaiella occulta</i> F2-233	148
<u>Tab. 85</u>	DNA-Sequenz von <i>Geobacter metallireducens</i> GS-15	149
<u>Tab. 86</u>	DNA-Sequenz von <i>Gibberella moniliformis</i> A-00149	149
<u>Tab. 87</u>	DNA-Sequenz von <i>Haematobacter massiliensis</i> H2136	150
<u>Tab. 88</u>	DNA-Sequenz von <i>Hyphomicrobium facile</i> subsp. <i>tolerans</i> IFAM I-551	150
<u>Tab. 89</u>	DNA-Sequenz von <i>Hyphomicrobium vulgare</i>	150
<u>Tab. 90</u>	DNA-Sequenz von <i>Hyphomicrobium</i> spec. KC-IT-W2	151
<u>Tab. 91</u>	DNA-Sequenz von <i>Methylobacterium zatmanii</i> strain DSM 5688	151
<u>Tab. 92</u>	DNA-Sequenz von <i>Methylocapsa aurea</i> KYGT	152
<u>Tab. 93</u>	DNA-Sequenz von <i>Methylocystis echinoides</i> 2	152
<u>Tab. 94</u>	DNA-Sequenz von <i>Methylosinus trichosporium</i> KS21	152
<u>Tab. 95</u>	DNA-Sequenz von <i>Microbacterium lacus</i> R-43968	153

<u>Tab. 96</u>	DNA-Sequenz von <i>Microbacterium oxydans</i> IARI-K-83	153
<u>Tab. 97</u>	DNA-Sequenz von <i>Microbacterium oxydans</i> strain O-5	154
<u>Tab. 98</u>	DNA-Sequenz von <i>Microbacterium paraoxydans</i> 3200	154
<u>Tab. 99</u>	DNA-Sequenz von <i>Micrococcus</i> spec. HEXBA04	154
<u>Tab. 100</u>	DNA-Sequenz von <i>Mycobacterium</i> spec. S061	155
<u>Tab. 101</u>	DNA-Sequenz von <i>Mycobacterium</i> spec. 12/13.28 AW	155
<u>Tab. 102</u>	DNA-Sequenz von <i>Naegleria</i> spec. SUM3V/I	156
<u>Tab. 103</u>	DNA-Sequenz von <i>Pantoea agglomerans</i> CE21	156
<u>Tab. 104</u>	DNA-Sequenz von <i>Pedomicrobium fusiforme</i> DSM 5304	157
<u>Tab. 105</u>	DNA-Sequenz von <i>Pedomicrobium manganicum</i> ATCC 33121	157
<u>Tab. 106</u>	DNA-Sequenz von <i>Pelomonas saccharophila</i> NBRC 103037	158
<u>Tab. 107</u>	DNA-Sequenz von <i>Phoma</i> spec. ZHA	158
<u>Tab. 108</u>	DNA-Sequenz von <i>Photobacterium</i> spec. HAR72	159
<u>Tab. 109</u>	DNA-Sequenz von <i>Pichia</i> spec. LHY1	159
<u>Tab. 110</u>	DNA-Sequenz von <i>Proasellus slavus</i> / <i>Proasellus cavaticus</i>	160
<u>Tab. 111</u>	DNA-Sequenz von <i>Protacanthamoeba bohemica</i>	160
<u>Tab. 112</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas denitrificans</i> strain KH-1	161
<u>Tab. 113</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas fluorescens</i> EvS4-B1	161
<u>Tab. 114</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas mandelii</i> McBRA2	161
<u>Tab. 115</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas putida</i> CY04	162
<u>Tab. 116</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas putida</i> MC4	162
<u>Tab. 117</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas putida</i> MPV2	163
<u>Tab. 118</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas putida</i> SXMAS-6	163
<u>Tab. 119</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas</i> spec. gyq9	164
<u>Tab. 120</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas</i> spec. JCM 5415	164
<u>Tab. 121</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas</i> spec. NEAU-ST5-5	164
<u>Tab. 122</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudomonas</i> spec. R-41390	165
<u>Tab. 123</u>	DNA-Sequenz von <i>Pseudorhodobacter</i> spec. KOPRI 25878	165
<u>Tab. 124</u>	DNA-Sequenz von <i>Ralstonia pickettii</i> B1RO1	166

<u>Tab. 125</u>	DNA-Sequenz von <i>Rhizobiales bacterium</i> SK12	166
<u>Tab. 126</u>	DNA-Sequenz von <i>Rhizobium</i> spec. TB2-10-I	166
<u>Tab. 127</u>	DNA-Sequenz von <i>Rhodobacter changlensis</i> JA139	167
<u>Tab. 128</u>	DNA-Sequenz von <i>Rhodobacter megalophilus</i> R6W-5-1	167
<u>Tab. 129</u>	DNA-Sequenz von <i>Rhodobacter ovatus</i> JA234T	168
<u>Tab. 130</u>	DNA-Sequenz von <i>Rhodobacter</i> spec. CCBAU 10883	168
<u>Tab. 131</u>	DNA-Sequenz von <i>Rhodobacter</i> spec. R-36943	168
<u>Tab. 132</u>	DNA-Sequenz von <i>Rhodobacter</i> spec. ZS2-22	169
<u>Tab. 133</u>	DNA-Sequenz von <i>Sarocladium kiliense</i> CBS 122.29	169
<u>Tab. 134</u>	DNA-Sequenz von <i>Sphingomonas</i> spec. LC435	170
<u>Tab. 135</u>	DNA-Sequenz von <i>Sphingomonas</i> spec. Q5	170
<u>Tab. 136</u>	DNA-Sequenz von <i>Sphingopyxis</i> spec. Sco-B12	171
<u>Tab. 137</u>	DNA-Sequenz von <i>Stenotrophomonas rhizophila</i> N-2	171
<u>Tab. 138</u>	DNA-Sequenz von <i>Stenotrophomonas</i> spec. DD7	171
<u>Tab. 139</u>	DNA-Sequenz von <i>Steroidobacter denitrificans</i> FS	172
<u>Tab. 140</u>	DNA-Sequenz von <i>Steroidobacter</i> spec. ZUMI 37	172

7.7 Liste der Abkürzungen

♂	männliches Individuum
♀	weibliches Individuum
μl	Mikroliter
μm	Mikrometer
μS	Mikrosiemens
a1	Antenulla
a2	Antenna
ad	lat. „an, zu“
Al	Aluminium
bp	Basenpaare
C	Kohlenstoff
Ca	Calzium
CaCO ₃	Kalziumcarbonat
cm	Zentimeter
cnts	Counts
cth	Cephalothorax
d	Durchmesser
D	Detritus
DNA	Desoxyribonukleinsäure
dNTP	Desoxynukleosidtriphosphat
EDTA	Ethylendiamintetraessigsäure
EDX	Energiedispersive Röntgenanalyse
en	Endopodit
EPS	Extrazelluläre polymere Substanzen
ex	Exopodit
Fe	Eisen
g	Gramm

gen. pap.	Genitalpapille
H	Häufigkeit
H ₂ O	Wasser
I	Individuendichte
K	Konidie
keV	Kiloelektronenvolt
Kt	Konidienträger
kV	Kilovolt
L	Liter
M	Molar
m ³	Kubikmeter
MgCl ₂	Magnesiumchlorid
min	Minuten
ml	Milliliter
mm	Millimeter
mM	Millimolar
Mn	Mangan
mx1	Maxillula
mx2	Maxilla
NaCl	Natriumchlorid
nm	Nanometer
O	Sauerstoff
P	Phosphor
PCR	Polymerasekettenreaktion
plp	Pleopod
plt	Pleotelson
prot	Protopodit
rDNA	ribosomale Desoxyribonukleinsäure
REM	Rasterelektronenmikroskop
s	Sekunden

S	Schwefel
S (16S, 18S)	Svedberg; Sedimentationskoeffizient
Si	Silizium
TAE	Tris-Acetat-EDTA
tel	Telson
thp	Thorakopod
ths	Thorakomer
TrinkwV	Trinkwasserverordnung
Tris	Tris(hydroxymethyl)-aminomethan
U	Units
urp	Uropod
V	Volt
VE H ₂ O	vollentsalztes Wasser
\bar{x}	Mittelwert