

## **Muster und Prozesse der Anpassung an und Toleranz gegenüber niedrigem pH-Wert im Süßwasserplankton**

Der pH-Wert ist ein wesentlicher Umweltfaktor, der in Süßwasserökosystemen zwischen  $<2$  bis 12 schwanken kann. Die Biodiversität ist in sehr sauren Habitaten ( $\text{pH} < 3$ ), wie Tagebaurestseen, stark reduziert. Obwohl die Abnahme der Artenzahl für mehrere Stämme der Protisten und Metazoen beschrieben wurde, sind die Muster und Prozesse der Anpassung und Toleranz an niedrige pH-Werte für Planktonorganismen wenig bekannt. Es gibt vermutlich mehr Säure-tolerante Arten, die Rückzugsbiotope in Habitaten mit niedrigem pH-Wert finden, als Säure-liebende Arten, die spezifisch an die hohen  $\text{H}^+$ -Ionenkonzentrationen angepasst sind. Wir werden innerhalb dieses Projektes in vitro- und in situ-Experimente entwickeln, um zu untersuchen, ob acidotolerante Arten davon profitieren, dass der Konkurrenzdruck bei Säurestress vermindert ist. Wir wollen erstmalig die kombinierte Wirkung von Temperatur und pH-Wert bei unterschiedlichem Nahrungsangebot für planktische Ciliaten, Rotatorien und Crustaceen untersuchen. Da Hitzeschock-Proteine (HSP) als gemeinsamer Nenner für die Vermittlung der Stresstoleranz gegenüber Temperatur und pH vermutet werden, werden wir molekulare Markierungen entwickeln, um kleine HSP auf der Ebene der genomischen DNS und der mitochondrialen DNS in unseren Zielorganismen detektieren zu können. Wir werden weiters ein durchflusszytometrisches Protokoll entwickeln, um den zytosolischen pH zu messen und den externen pH-Wert bestimmen, bei dem die interne pH-Regulation zusammenbricht.

Wir wollen unterscheiden zwischen genetisch fixierter, allgemeiner physiologischer Anpassung an saure Bedingungen (auf dem Artniveau) und Standort-spezifischen Merkmalen in ähnlichen Habitaten, die auf historische Ereignisse, d.h. kleinräumige genetische Veränderungen unterhalb des Artniveaus (Mikroevolution), zurückzuführen sind. Im zweiten Teil dieses Projektes werden wir daher das Biomasse-Größenspektrum und die wesentlichen Organismen unter Verwendung molekularer Methoden in drei sauren Tagebaurestseen und einem neutralen Referenzsee untersuchen. Diese vier Seen unterscheiden sich im Hinblick auf ihren pH-Wert, ihr Alter und/oder ihre geografische Lage. Diese Seen bieten eine der seltenen Möglichkeiten geeigneter Ökosystemmodelle, starke Habitat-spezifische Selektion zu untersuchen. Wir werden Freiland- und Laborexperimente entwickeln, um die Annahme zu überprüfen, dass die Verbreitung der Mikroorganismen (in sauren Tagebaurestseen) keiner historischen Erklärung bedarf, d.h. dass das Habitat im strengen Sinne als Filter gemäß Gleason's individualistischem Konzept der Populationsökologie wirkt. Wenn wir genetische und physiologische Unterschiede auf dem Subspezies-Niveau finden, die nicht durch eine sich ändernde Umwelt erklärt werden können, werden wir die Hypothese zurückweisen, dass die Verbreitung der freilebenden Mikroorganismen unbegrenzt ist und dass ihre Verteilung ausschließlich aus den Eigenschaften des Habitats erklärt werden kann. Die Schlussfolgerungen, die sich aus diesem Projektteil ergeben werden, werden weitreichende Auswirkungen auf die allgemeine Ökologie und die gegenwärtige Diskussion über die Biodiversität der freilebenden Mikroorganismen haben.