

Extended Abstract

DNA-Barcoding bei verschiedenen Pflanzengruppen (Moose, Farne, Nacktsamer, Bedecktsamer)

Andreas TRIBSCH

Für Feldbiologen, Systematiker und Evolutionsbiologen ist die schnelle, wiederholte und korrekte Bestimmung und Ansprache von Pflanzenproben essenziell. DNA-Barcoding verspricht in der Theorie, eine neue und schnelle Methodik zu sein, mit der jede Art auf der Basis einer DNA-Sequenz, extrahiert aus einem kleinen Gewebestück, bestimmt werden kann. Entwicklungen der letzten Jahre, wie z.B. Metabarcoding oder die Analyse freier DNA in der Umwelt (environmental DNA), eröffnen sogar die Perspektive, DNA-Mischproben korrekt bestimmen zu können (THOMSEN & WILLERSLEV 2015). Ökologische Forschung befindet sich in einem Entwicklungsschub und eröffnet zahlreiche Anwendungsmöglichkeiten, sobald verlässliche und vollständige Barcodingdatenbanken zur Verfügung stehen. Um einige Beispiele zu nennen: Barcoding historischer Sedimentproben (z.B. BOESSENKOOL et al. 2014), Honigbestimmung (GALIMBERTI et al. 2014), Nachweis seltener Arten (MÄCHLER et al. 2014).

Taxonomische Forschung in zahlreichen Organismengruppen, vor allem die Tiersystematik, hat von einfachen und schnellen Barcodingmethoden ungemein profitiert. Die Pflanzensystematik zählt jedoch kaum zu den Profiteuren. Häufige Hybridisierung, langsame Artbildung, Polyploidisierung und vor allem niedrige DNA-Mutationsraten des Chloroplastengenoms behindern den universellen und erfolgreichen Einsatz in Taxonomie und Biosystematik. Neue Entwicklungen ermöglichen jedoch eine Zukunftsvision des weiten Einsatzes einer neuen DNA-Barcodegeneration (z.B. das Nutzen genomischer DNA-Informationen) oder des Sequenzierens des gesamten Chloroplastengenoms (LI et al. 2015). Solche Methoden könnten verstärkt in der taxonomischen Forschung, sowohl in taxonomisch schlecht erforschten Taxa als auch in Fällen komplexer Verwandtschaftsbeziehungen zum Einsatz kommen.

Traditionelles DNA-Barcoding von Landpflanzen, also von Lebermoosen, Hornmoosen, Laubmoosen, Farnen (inkl. Bärlappe, etc.), Nacktsamern und Bedecktsamern hat sehr ähnliche Zugänge. Meist werden Marker des Chloroplastengenoms und auch die Internal Transcribed Spacers (*ITS*) der ribosomalen Gene des Kerngenoms verwendet. Einige wesentliche Parameter der pflanzlichen mitochondrialen DNA verhindern eine komfortable Barcodingsituation, vor allem die Verwendung der Untereinheit 1 des *Cytochrom-c-Oxidase*-Gens (*COI*) die bei Tieren routinemäßig eingesetzt wird (HOLLINGSWORTH et al. 2016). Es gibt aber einen recht breiten Konsens, cpDNA-Regionen (v.a. *rbcL*, *trnH-psbH* und einige weitere, in Abhängigkeit von der Pflanzengruppe), sowie *ITS* als Barcodes zu verwenden.

ABOL (Austrian Barcode of Life, www.abol.ac.at) ist eine Barcodinginitiative, in welcher alle Tier-, Pflanzen- und Pilzarten Österreichs erfasst werden sollen. Das große Ziel des Projekts ist nicht nur Barcodes von 4 Individuen jeder Art (aus unterschiedlichen Wuchsgebieten) zu liefern, sondern auch eine gut dokumentierte DNA-Bank

für zukünftige Forschung aufzubauen. Das Barcoding von Moosen, Farnen, Koniferen und Blütenpflanzen soll hauptsächlich auf der Basis von neu gesammeltem Frischmaterial erfolgen, aber auch Sammlungsmaterial mit einbeziehen. Wie von HOLLINGSWORTH et al. (2016) empfohlen, sollten neben traditionellen Barcodes auch solche zum Einsatz kommen, in denen die sich schnell entwickelnde NGS-Technologie genutzt wird.

Mein Vortrag diskutiert, wie Barcoding aller Landpflanzen Österreichs erfolgen könnte. Ich werde auch mögliche Anwendungsbereiche in Forschung und Entwicklung skizzieren und einen groben Überblick über Barcoding bei Pflanzen bieten.

TRIBSCH, A. 2017: DNA barcoding of diverse plant groups (bryophytes, ferns, gymnosperms, angiosperms).

For many field ecologists, systematists, and evolutionary biologists correct determination and identification of plant samples in a rapid, repeatable, and reliable fashion is crucial. With DNA barcoding a new method for the quick identification of any species based on extracting a DNA sequence from a tiny tissue sample of any organism is at least theoretically provided. New developments like metabarcoding, however, allow even the identification of organisms from mixed samples or even from environmental DNA (THOMSEN & WILLERSLEV 2015). Ecological research has been already pushed forward when having reliable and complete DNA barcoding data available. To give few examples: historical sediment barcoding (e.g., BOESSENKOOL et al. 2014), honey identification (GALIMBERTI et al. 2014), rare species documentation (MÄCHLER et al. 2014). Taxonomical research has been pushed forward with DNA barcoding approaches in many groups of organisms, especially in animals, but to a lesser extent in plants. Frequent hybridization, slow speciation, polyploidization but mainly the low substitution rates of the chloroplast genome used in barcoding hamper a strong impact in taxonomy and biosystematics. Recent developments, however, provide a vision that the use of other barcodes (e.g., of genomic DNA) or whole chloroplast genome sequencing (LI et al. 2015) might reinforce barcoding based approaches in taxonomy, both in taxonomically insufficiently known groups as well as concerning complex relationships.

Traditional barcoding of land plants, i.e. liverworts, hornworts, mosses, ferns (incl. lycopods, etc.), gymnosperms and angiosperm takes similar avenues. Mostly markers of the chloroplast genome as well as the *Internal Transcribed Spacers (ITS)* of the ribosomal RNA genes from the nuclear genome are used. Certain properties of mitochondrial DNA in plants prevent a “comfortable” situation like in animals where the mitochondrial *cytochrome c oxidase subunit 1* gene (*CO1*) is routinely used in most groups (HOLLINGSWORTH et al. 2016). There is, however, a wide agreement to keep using established cpDNA regions (in particular *rbcL*, *trnH-psbA* and few others depending on the plant group) as well as *ITS* (*ITS1* and *ITS2*) as barcodes.

ABOL (Austrian Barcode of Life, www.abol.ac.at) is an initiative dedicated to the barcoding of all plant, animal and fungi species in Austria. The great aim of the project is to provide not only barcoding data from 4 individuals from all species (from different areas), but also establishing a referenced DNA-bank for future research and developments. The barcoding of bryophytes, ferns, gymnosperms, and angiosperms will rely on freshly collected material and on material from plant collections. As recommended by HOLLINGSWORTH et al. (2016) an approach should be taken that does include traditional barcodes as well as the use of rapidly emerging NGS technology.

In my talk I will discuss how barcoding of all bryophytes, ferns, gymnosperms and angiosperms could be achieved within ABOL. I will also discuss the possible applications of Austrian barcoding data in research and development and give an overview of barcoding approaches in plants in general.

Keywords: DNA barcoding, land plants, species identification.

Literatur

- BOESSENKOOL S., MC GLYNN G., EPP L.S., TAYLOR D., PIMENTEL M., GIZAW A., NEMOMISSA S., BROCHMANN C. & POPP M., 2014: Use of ancient sedimentary DNA as a novel conservation tool for high-altitude tropical biodiversity. *Conserv. Biol.* 28(2), 446–455.
- GALIMBERTI A., DE MATTIA F., BRUNI I., SCACCABAROZZI D., SANDIONIGI A., BARBUTO M., CASIRAGHI M. & LABRA M., 2014: A DNA barcoding approach to characterize pollen collected by honeybees. *PLoS ONE* 9(10), e109363.
- HOLLINGSWORTH P.M., DE-ZHU L., VAN DER BANK M. & TWYFORD A., 2016: Telling plant species apart with DNA: from barcodes to genomes. *Phil. Trans. R. Soc. B* 371, 20150338.
- LI X., YANG Y., HENRY R.J., ROSSETTO M., WANG Y. & CHEN S., 2015: Plant DNA barcoding: from gene to genome. *Biol. Rev.* 90, 157–166.
- MÄCHLER E., DEINER K., STEINMANN P. & ALTERMATT F., 2014: Utility of environmental DNA for monitoring rare and indicator macroinvertebrate species. *Freshw. Sci.* 33(4), 1174–1183.
- THOMSEN P.F. & WILLERSLEV E., 2015: Environmental DNA – An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. *Biol. Conserv.* 183, 4–18.

Anschrift:

Dr. Andreas TRIBSCH, Paris Lodron Universität Salzburg, Fachbereich für Ökologie und Evolution, AG Ökologie, Biodiversität und Evolution der Pflanzen, Hellbrunnerstrasse 34, A-5020 Salzburg. E-Mail: andreas.tribsch@sbg.ac.at

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Verhandlungen der Zoologisch-Botanischen Gesellschaft in Wien. Frueher: Verh.des Zoologisch-Botanischen Vereins in Wien. seit 2014 "Acta ZooBot Austria"](#)

Jahr/Year: 2017

Band/Volume: [154](#)

Autor(en)/Author(s): Tribsch Andreas

Artikel/Article: [DNA-Barcoding bei verschiedenen Pflanzengruppen \(Moose, Farne, Nacktsamer, Bedecktsamer\) 213-215](#)