

Abstract

Alpine lichens and liverworts – DNA barcoding of Austrian cryptogams

Adriana ATANASSOVA

Lichens are omnipresent cryptogamous organisms. The occurrence of their fungi-like, photosynthetic active thalli range from soil over trees and boulders up to highest alpine risings, where they form comprehensive windswept heaths and defy the most extreme weather conditions. Lichens represent symbiotic communities formed by one fungus and one or more algae, which in suitable microbial environment manage to survive unsteady and hostile conditions and are therefore able to colonize sensible ecological niches. From Austria 2,491 species of lichenized fungi are documented, where the highest biodiversity is found in alpine habitats. Natural and anthropogenic factors, as climate change, pollution, glacial melting and landslides lead to imbalance in alpine eco systems and disappearance of many vulnerable species (*Lobaria pulmonaria*, *Anaptychia ciliaris*, *Heterodermia speciosa*).

Lichens often occur in the company of mosses, mostly competing for the same substrates. Numerous representatives of both groups of organisms are suitable as bioindicators and can potentially warn for e.g. air pollution, global warming and migration of the species in higher altitudes.

Bryophytes are green non-vascular plants, which show repent to erect habitus. Traditionally they divided into mosses (Bryophyta), hornworts (Anthocerotophyta) and liverworts (Marchantiophyta). In our study, we focused mainly on alpine liverworts. With 260 reported species, liverworts form the smaller part of Austrian bryophytes, however many of them are critical biological and ecological indicators growing in humid and shady habitats on similar substrates (soil, wood and rock) as lichens.

For the ABOL project many of the alpine lichen and liverwort species were freshly collected. The ITS (Internal Transcribed Spacer) region of both groups was determined as suggested the most useful gene segment for DNA barcoding lichens and liverworts diverse primers (ITS1, ITS1f, ITS2, ITS4) were tested. Elusive species as well as sterile compounds could be successfully decoded with this method. With ca. 1,800 individuals (about 700 different species, mostly lichens), which were evaluated on sequence level, a substantial part of Austrian common species is already recorded.

With optimization of extraction and sequencing methods, the project realization will proceed with rare and critical species from existing and re-sampled material over the next two years.

ATANASSOVA A., 2018: Alpine Flechten und Lebermoose – DNA-Barcoding österreichischer Kryptogamen.

Flechten sind allgegenwärtige kryptogame Organismen. Ihre pilzartigen, photosynthetisch aktiven Wuchskörper erstrecken sich vom Erds substrat auf Bäume über Felsblöcke bis auf die höchsten alpinen Erhebungen, wo sie flächendeckend Windheiden bilden und den extremsten Wetterlagen trotzen. Sie stellen Lebensgemeinschaften aus einem Pilz und einer oder mehreren Algen dar, die im passenden mikrobiellen Umfeld schwankende und lebensfeindliche Bedingungen überstehen und somit sensible ökologische Nischen besiedeln. In Österreich sind 2.491 Arten von lichenisierten Pilzen dokumentiert, wobei die größte Diversität auf alpine Habitats beschränkt ist. Natürliche und anthropogene Faktoren, wie Klimawandel, Luftverschmutzung, Gletscherschmelze und Erdbeben führen zu Ungleichgewicht in den alpinen Ökosystemen und zum Verschwinden vieler luft- und schadstoffempfindlicher Arten (*Lobaria pulmonaria*, *Anaptychia ciliaris*, *Heterodermia speciosa*).

Flechten treten häufig in Begleitung von Moosen auf, meist in Konkurrenz um dasselbe Substrat. Zahlreiche Vertreter beider Organismengruppen eignen sich als Bioindikatoren und potentielle Warnzeiger für Klimaerwärmung und ein Höherwandern der Arten.

Moose sind grüne Landpflanzen, die kein Stützgewebe besitzen und kriechende bis aufrechte Wuchsformen ausbilden. Traditionell werden Moose in folgende drei Gruppen geteilt: Horn- (Anthocerotophyta), Leber- (Marchantiophyta) und Laubmoose (Bryophyta). Das Hauptaugenmerk der vorliegenden Datengenerierung liegt auf alpinen Lebermoosen. Lebermoose bilden mit 260 Arten den kleineren Anteil der Moose Österreichs und sind oftmals kritische biologische und ökologische Zeiger, welche ähnliche Substrate wie Flechten (Erde, Holz und Gestein) in humiden und schattigen Lebensräumen besiedeln.

Für das ABOL-Projekt wurden alpine Flechten und Lebermoose großteils frisch gesammelt. Die ITS-Region wurde für beiden Organismengruppen als den für DNA-Barcoding brauchbaren Genabschnitt determiniert und mit diversen Primern (ITS1, ITS1f, ITS2, ITS4) sequenziert. Schwer bestimmbare Arten oder sterile Wuchskörper konnten anhand von DNA-Barcoding oftmals erfolgreich entschlüsselt werden. Mit ca. 1.800 Individuen (etwa 700 verschiedene Arten, überwiegend Flechten), die auf Sequenzebene ausgewertet wurden, ist bereits ein beträchtlicher Teil der häufig vorkommenden Arten erfasst.

Die Optimierung von Extraktions- und Sequenzierungsmethoden wird anhand seltener und kritischer Arten in den kommenden zwei Jahren aus vorhandenen und erneut gesammelten Proben den Schwerpunkt der Projektverwirklichung darstellen.

Keywords: DNA barcoding, mosses, lichens.

Address:

Mag. Adriana ATANASSOVA, Karl-Franzens-Universität Graz, Institut für Biologie, Abteilung Systematische Botanik, Holteigasse 6, A-8010 Graz. E-Mail: adriana.atanassova@uni-graz.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: 2019

Band/Volume: [156](#)

Autor(en)/Author(s): Atanassova Adriana

Artikel/Article: [Alpine lichens and liverworts – DNA barcoding of Austrian cryptogams 253-254](#)