

Abstract

DNA barcodes in streptophyte green algae and the problem of morphological species concepts

Andreas HOLZINGER

Green algae can be divided into the chlorophytic and the streptophytic lineage that separated about 750 million years ago. The streptophytic lineage comprises the phylum Charophyta and all land plants. Within the Charophyta currently 6 different classes can be distinguished, the Mesostinematophyceae, Chlorokybophyceae, Klebsormidiophyceae, Zygnematophyceae, Coleochaetophyceae and Charophyceae. While some classes contain only a few genera and are rather rare, others occur abundant in freshwater or terrestrial habitats. The classical morphological species concepts are better established in groups where shapes of cells or reproduction organs have a good variety to be distinguished, however still several taxonomic problems have to be resolved; e.g. the Desmids with their peculiar cell shapes are a classical example for morphological species determination, but also reproductive spores of Zygnematophyceae when available, can be distinguished morphologically.

Klebsormidiophyceae or vegetative Zygnematales are composed of simple filaments, where morphology does not reflect species diversity. There, molecular markers like the ribosomal small subunit (18S rDNA or SSU) are used mostly on genus level. Some conserved regions of SSU (V4 and V9) are used as barcoding markers. Ribosomal spacers ITS1, ITS2 and the secondary structure of ITS2 are useful for species delimitation. Conservative regions of ITS2 detected by secondary structure was suggested as barcoding marker at the species level in green algae. The ribosomal operon starts to be a universal marker for many groups of algae as good comparisons are possible.

Several chloroplast encoded genes could also serve as good barcoding candidates for green algae and have been widely used for phylogenetic analysis. The large subunit of rubisco (*rbcL*), Photosystem II Protein D1 (*psbA*) and the spacer region between these, photosystem II CP43 reaction center (*psbC*) and ATP synthase subunit b (*atpB*) and the plastid encoded protein-coding gene (*matK*) have been employed to perform species delineation in green algae. Sometimes only a combination of genes (multigene analysis) gives a reasonable resolution; in contrast elongation factor TU1 (*tufA*) may be particularly useful in chlorophytes. Also the universal plastid amplicon (UPA) was suggested as barcode. In this presentation special examples of e.g. *Zygonium erictorum*, *Zygnema* sp. and *Klebsormidium* sp. among others will be discussed.

HOLZINGER A., 2018: DNA-Barcodes in streptophytischen Grünalgen und das Problem des morphologischen Spezies-Konzepts.

Grünalgen können in Chlorophyten und Streptophyten unterteilt werden, die sich vor 750 Millionen Jahren getrennt haben. Die Streptophyten-Linie beinhaltet den Stamm der Charophyta und alle Landpflanzen. Innerhalb der Charophyta werden gegenwärtig 6 Klassen unterschieden: Mesostinematophyceae, Chlorokybophyceae, Klebsormidiophyceae, Zygnematophyceae, Coleochaetophyceae und Charophyceae. Einige dieser Klassen beinhalten nur wenige Gattungen und sind selten, während andere sehr artenreich und häufig in Süßwasser und terrestrischen Habitaten zu finden sind. Die klassischen morphologischen Spezies-Konzepte sind in Gruppen mit formenreichen Zellen oder Reproduktionsorganen besser etabliert. Trotzdem müssen zahlreiche taxonomische Probleme gelöst werden. Desmidiaceen mit ihren besonderen Zellformen sind ein klassisches Beispiel für morphologische Spezies-Bestimmung, aber auch reproduktive Sporen der Zygnematophyteen können gut morphologisch unterschieden werden. Klebsormidiophyceae oder vegetative Zygnematales hingegen bestehen aus einfachen Filamenten, bei denen die Morphologie die Artenvielfalt nicht wiedergibt. Dort sind molekulare Marker wie die ribosomale kleine Untereinheit (18S rDNA or SSU) zur Unterscheidung auf Artniveau im Einsatz. Einige konservierte Regionen der SSU (V4 und V9) werden als Barcoding Marker verwendet. Ribosomale spacer ITS1 und ITS2,

sowie die Sekundärstruktur von ITS2 sind zur Artenauftrennung geeignet. Die konservierten Regionen der ITS2 wurden als Barcoding-Marker auf Artniveau in Grünalgen vorgeschlagen. Auch das ribosomale Operon wird als universeller Marker in vielen Algengruppen verwendet, weil damit gute Vergleichsmöglichkeiten gegeben sind. Auch Chloroplasten codierte Gene können zum Barcoding herangezogen werden, sie sind vielfach für die phylogenetische Analyse im Einsatz. Die große Untereinheit der Rubisco (*rbcl*), das Photosystem II Protein D1 (*psbA*) und die spacer Region zwischen diesen, das Photosystem II CP43 Reaktionszentrum (*psbC*) und die ATP Synthase Untereinheit b (*atpB*) und das Plastiden codierte protein-codierende Gen (*matK*) wurde in Grünalgen zur Artunterscheidung herangezogen. Manchmal gibt nur eine Kombination von Genen (multigen-Analyse) die nötige Auflösung; der Elongation Faktor TU1 (*tufA*) ist besonders für Chlorophyten Unterscheidung geeignet. Auch das Universelle Plastid Amplicon (UPA) wurde als barcode Marker vorgeschlagen. Spezielle Beispiele wie *Zygogonium ericetorum*, *Zygnema* sp. und *Klebsormidium* sp. werden diskutiert.

Keywords: DNA barcoding, green algae.

Address:

Ass.-Prof. Dr. Andreas HOLZINGER, University of Innsbruck, Department of Botany, Functional Plant Biology, Sternwartestrasse 15, A-6020 Innsbruck, Austria.
E-Mail: Andreas.Holzinger@uibk.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: 2019

Band/Volume: [156](#)

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

Artikel/Article: [DNA barcodes in streptophyte green algae and the problem of morphological species concepts 256-257](#)