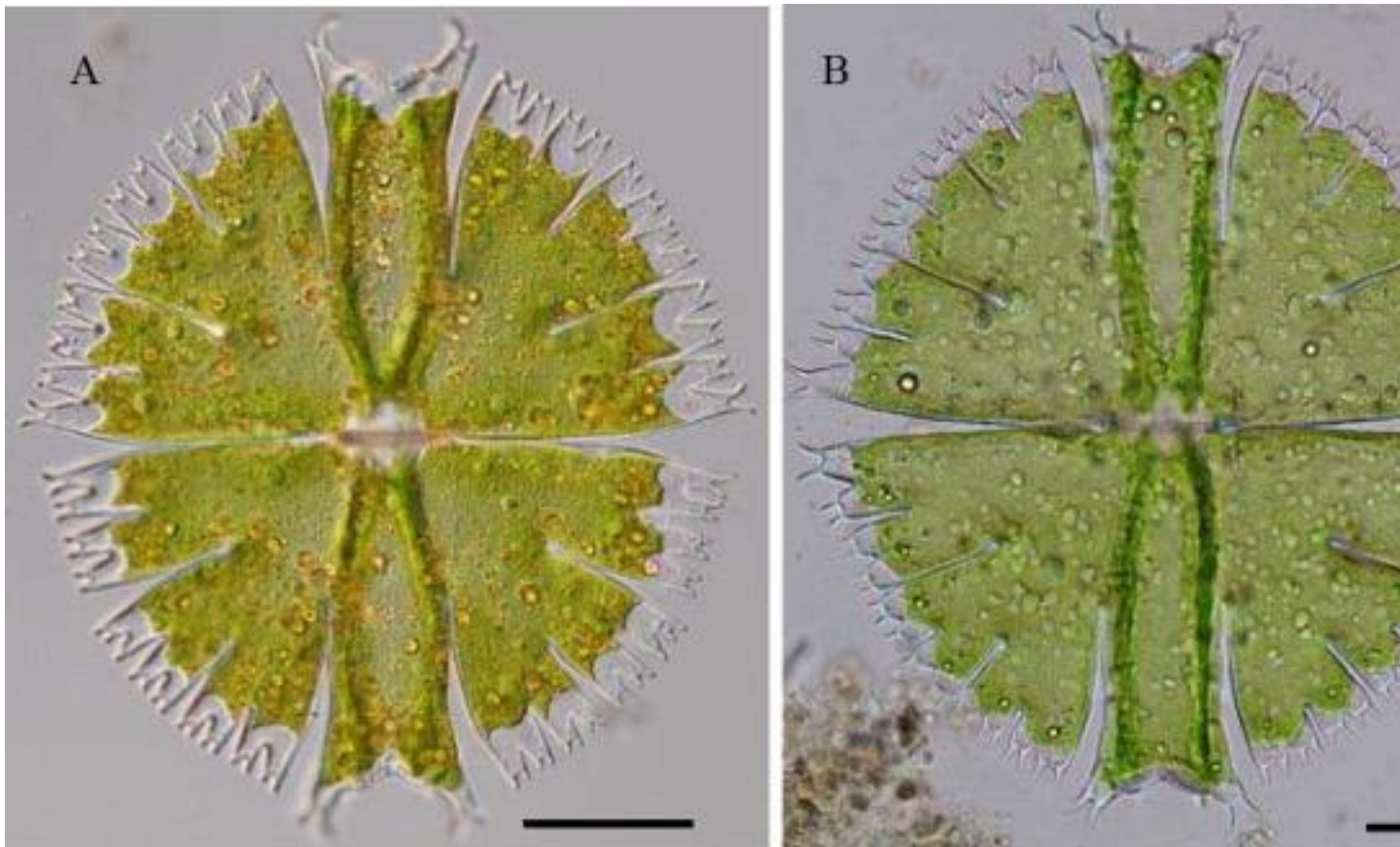

Poodhalení skryté diverzity krásivek a jejich geografického rozšíření

Poodhalení skryté diverzity krásivek a jejich geografického rozšíření

29. 12. 2011; autor: Katarína Nemjová; rubrika: Projekty a týmy UK

Algologické pracoviště katedry botaniky na PŘF UK se dlouhodobě věnuje studiu sladkovodních rašelinistních biotopů. Mezi hlavní řasové skupiny vyskytující se v těchto typech biotopů patří jednobuněčné zelené rostliny ze skupiny krásivek (Desmidiaceae, Streptophyta). Překvapivým závěrem jedné ze studií je geografická stabilita rozšíření těchto protistních organismů. Použití metod morfometrické analýzy umožnilo mapovat současné rozšíření, ale využít i historické záznamy téměř 200 let staré.

V rámci tříletého projektu GA ČR 206/09/0906 (2009–2011) jsme publikovali studii o fylogenetické a morfologické evoluci v nejnámějším rodu krásivek – v rodu *Micrasterias*. Další studie jsou zaměřené na několik významných morfologických druhů a druhových komplexů, kde jsme pomocí technik molekulární genetiky zhodnotili jejich fylogenetickou strukturu (genetickou příbuznost) a dále pomocí statistické analýzy tvaru buněk určili vztah mezi morfologií a fylogenetickou pozicí.



Dvě linie *Micrasterias fimbriata*, měřítko 50 μm

Krásivky představují velmi diverzifikovanou skupinu s množstvím morfologických rozlišujících znaků. Na základě těchto tradičních morfologických znaků bylo popsáno přibližně 4000 druhů (Gontcharov 2008). Druhy jsou často charakterizovány nejen morfologicky, ale i vyhraněnou ekologií. Jejich úzká specializace na prostředí se využívá v biomonitoringu prostředí a hodnocení stability mokřadů (Coesel 2001).

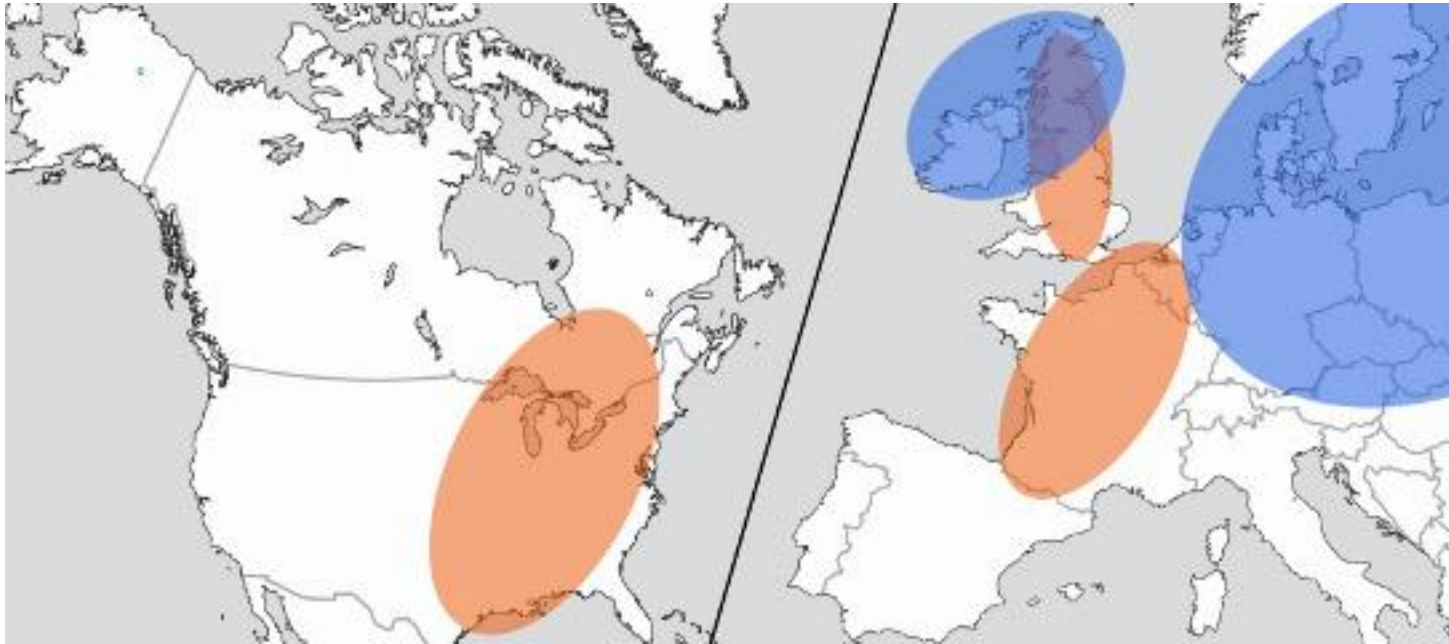
K úspěšnému využívání krásivek v ekologickém monitoringu je nutné správně rozlišovat jednotlivé druhy, poznat jejich morfologickou variabilitu a vymezit jejich ekologické nároky. Morfologické znaky rozlišující jednotlivé druhy nemusí

odpovídat evolučním jednotkám, ale můžou být jenom odpovědí na podmínky prostředí. Jsou tedy tyto taxony relevantní, nebo je morfologická plasticita, kterou můžeme pozorovat v přírodě, spíše přizpůsobením těchto mikroorganismů svému prostředí?

Jedním z rodů, kterým jsme se v rámci projektu zabývali, je rod *Micrasterias*. Než jsme se mohli věnovat vnitrodruhové fylogenetické struktuře a morfologické plasticitě vybraných druhů, bylo nutné rozřešit vztahy uvnitř rodu, protože předešlé studie ukázaly, že některé rody krásivek netvoří dobře definované evoluční jednotky (Gontcharov et al. 2003, Gontcharov & Melkonian 2005, Gontcharov a Melkonian 2011). Na základě multigenové studie na 39 druzích rodu *Micrasterias* pocházejících z pěti kontinentů jsme ukázali, že tento rod – jako jeden z mála krásivkových rodů – tvoří dobře definovanou evoluční jednotku. Ovšem do rodu patří i tři zástupci původně řazené do jiných morfologicky vymezených rodů. Srovnání jejich buněčného tvaru s příbuznými liniemi ukázalo na prudce zrychlenou morfologickou evoluci v rámci rodu *Micrasterias* (Škaloud et al. 2011).

Dva významné rašeliníšní druhy – *Micrasterias fimbriata* a *M. rotata* – tvoří společnou fylogenetickou linii. Také tvary jejich buněk jsou si navzájem velmi podobné, a tudíž jsme testovali, zda jsou tyto druhy opravdu evolučně dobře definované. *Micrasterias rotata* je celosvětově rozšířený, kdežto *Micrasterias fimbriata* se vyskytuje méně často a jeho záznamy pocházejí pouze ze severní polokoule. K testování geografické a morfologické stability těchto druhů jsme využili celkem 30 kmenů získaných z různých evropských lokalit (Irsko, Akvitánie, Dánsko, střední Evropa). Molekulární fylogenetická analýza chloroplastového markeru ukázala evoluční homogenitu všech kmenů druhu *M. rotata* v Evropě. Také izolát ze Severní Ameriky byl zcela shodný s evropskými populacemi. Naproti tomu druh *M. fimbriata* se rozpadl do dvou vzdáleně příbuzných linií. Obě linie se odlišovaly i morfologicky.

Statistická analýza tvaru buněk pak potvrdila tyto morfologické rozdíly a navíc ukázala další rozlišovací znaky. Touto analýzou se nám podařilo získat kombinaci morfologických znaků, které správně rozlišovaly všech 100 procent buněk z našich kultur. To nám umožnilo podobným způsobem analyzovat také fotografie a kresby druhu *M. fimbriata* publikované v odborné literatuře i na webu. Tím jsme značně navýšili rozsah dat o geografickém výskytu těchto organismů. I když u kreseb si samozřejmě nikdy nemůžeme být zcela jisti přesným zachycením vzhledu buňky, do analýz jsme zařadili i kresby buněk publikované od roku 1850. Data o výskytu získané z těchto kreseb nicméně velmi dobře odpovídala našim molekulárním i morfometrickým výsledkům a náš široký datový soubor odhalil zajímavou geografickou strukturu ve výskytu obou evolučních linií druhu *M. fimbriata*.



Mapa rozšíření *Micrasterias fimbriata* linií, červenou barvou oznažená A linie, modrou barvou linie B

Na základě našich dat lze nyní předpokládat, že jedna z linií se vyskytuje převážně v Severní Americe a v západní Evropě. Druhá linie se naopak vyskytuje ve střední, východní a severní Evropě. Kromě Skotska a Nizozemska se linie v Evropě nikdy nevyskytují společně. Naše data ovšem nepotvrzují, že by se mohlo jednat o zcela recentní invazi z amerického kontinentu, protože tato linie byla v západní Evropě již více než před sto lety dvakrát nezávisle zaznamenána.

Podobné výsledky jsme získali i u druhového komplexu *Micrasterias truncata*. Původní morfologický druh *M. truncata* se na základě sekvencí DNA a morfologických znaků rozpadl na dvě evoluční jednotky. Nová linie se již v polovině 19. století považovala za samostatný druh, takže jsme jí nyní – na základě výsledků naší studie – mohli vrátit její druhový statut jako *Micrasterias semiradiata*.

Využití komplexních přístupů kombinujících molekulární fylogenetiku a statistické analýzy tvaru v taxonomii mikroskopických zelených řas vedly k odhalení nových linií a druhů. Metody geometrické morfometrie nám pomohly

definovat druhové rozdíly mezi fylogenetickými skupinami a navíc nám umožnili využít stará publikovaná data a sledovat geografické rozšíření linií nejen v současnosti, ale testovat jeho stabilitu až do poloviny 19. století.

Literatura:

Coesel P.F.M. (2001): A method for quantifying conservation value in lentic freshwater habitats using desmids as indicator organisms. – *Biodiv. Conserv.* 10:177–187.

Gontcharov A. A., Marin B. & Melkonian M. (2003): Molecular phylogeny of conjugating green algae (Zygnemophyceae, Streptophyta) inferred from SSU rDNA sequence comparisons. – *J. Mol. Evol.* 56:89–104.

Gontcharov A. A. & Melkonian M. (2005): Molecular phylogeny of *Staurastrum* Meyen ex Ralfs and related genera (Zygnematophyceae, Streptophyta) based on coding and noncoding rDNA sequence comparisons. – *J. Phycol.* 41:887–899.

Gontcharov A. A. & Melkonian M. (2008): In search of monophyletic taxa in the family Desmidiaceae (Zygnematophyceae, Viridiplantae): the genus *Cosmarium*. *J. Am. Bot.* 95: 1079–1095

Gontcharov A. A. & Melkonian M. (2011): A Study of Conflict between Molecular Phylogeny and Taxonomy in the Desmidiaceae (Streptophyta, Viridiplantae): Analyses of 291 rbcL Sequences. *Protist* 162 (2): 253-267

Nemjová K., Neustupa J., Škaloud P., Veselá J. & Šťastný J. (2011): Species concept and morphological differentiation of strains traditionally assigned to *Micrasterias truncata*. *Phycological Research* 59 (3): 208–220

Neustupa J., Šťastný J., Nemjová K., Mazalová P., Goodyer E., Poulíčková A. & Škaloud P. (2011): A novel, combined approach to assessing species delimitation and biogeography within the well-known desmid species *Micrasterias fimbriata* and *M. rotata* (Desmidiales, Streptophyta). *Hydrobiologia* 667 (1): 223–239

Škaloud P., Nemjová K., Veselá J., Černá K. & Neustupa J. (2011): A multilocus phylogeny of the desmid genus *Micrasterias* (Streptophyta): evidence for the accelerated rate of morphological evolution in protist. *Mol. Phyl. Evol.* 61: 933–943