

20. Österreichisches Botaniker:innentreffen
20th Meeting of Austrian Botanists
2022



Salzburg, 22. – 25. September 2022
Haus der Natur Salzburg & Universität Salzburg





DANKSAGUNG / ACKNOWLEDGEMENTS

Wir möchten uns bei allen Sponsoren und Partnern sehr herzlich bedanken!
We would like to thank all Sponsors and partners!





INHALTSVERZEICHNIS / TABLE OF CONTENTS

Programm / Programme	5
Lagepläne / Site maps	9
Abstracts – Keynote Speakers (alphabetisch geordnet / alphabetically ordered)	11
Abstracts – Vorträge / Talks (alphabetisch geordnet / alphabetically ordered)	14
Abstracts – Poster / Posters (alphabetisch geordnet / alphabetically ordered)	48

PROGRAMM / PROGRAMME



THU 22 September 2022

Haus der Natur Salzburg, Museumsplatz 5, 5020 Salzburg

14:00-17:00	Kurator:innentreffen	Workshop, on invitation only - Haus der Natur
18:00-19:00	Pre registration	Haus der Natur Salzburg
19:00-19:30	Opening I	Landesrätin Daniela Gutschi, Robert Lindner, Andreas Tribsch
Keynote talk I		
19:30-20:30	Luise Schratt-Ehrendorfer	Die neue Rote Liste der Farn- und Blütenpflanzen Österreichs
20:30-22:00	Reception (with drinks and snacks)	Saurierhalle - HdN

FRI 23 September 2022

Audimax (HS 401), NAWI, Hellbrunner Straße 34, 5020 Salzburg

08:30-09:00	Registration	NAWI - Natur- und Lebenswissenschaftl. Fakultät der Paris-Lodron-Universität Salzburg
09:00-09:15	Opening II	Vizedekanin Sylke Hilberg, Anja Hörger
Biogeography, phylogenetics, phylogeography I		
09:15-09:35	Božo Frajman	Diversification of different species of <i>Euphorbia</i> subgen. <i>Esula</i> (Euphorbiaceae)
09:35-09:55	Luiz Augusto Cauz dos Santos	Phylogenomics and biogeography of <i>Nicotiana</i> sect. <i>Suaveolentes</i>
09:55-10:15	Peter Schönschwetter	No longer “cryptic” – genomic evidence for deciduous forest refugia in the Alps, Carpathians and northern Apennines
10:15-10:35	Coffee break	
Biogeography, phylogenetics, phylogeography II		
10:35-10:55	Pau Carnicero	Multiple glacial refugia and idiosyncratic postglacial population dynamics of alpine plants in the Dolomites
10:55-11:15	Philipp Kirschner	Congruent evolutionary responses of European steppe biota to late Quaternary climate change: insights from convolutional neural network-based demographic modeling
11:15-11:35	Matthias Kropf	The arrival of <i>Ambrosia psilostachya</i> DC. in Europe – population genetic structuring and diversity
11:35-11:45	Short break	
Environmental effects		
11:45-12:05	Monica Barman	Impacts of drought stress on floral advertisement and floral resources of the Styrian oil pumpkin
12:05-12:25	Lisa Fürtauer	Efficient sucrose stabilization in Northern European <i>Arabidopsis thaliana</i> accessions during low energy situations
12:25-13:25	Lunch break (Mensa - NAWI)	
Species interactions		
13:25-13:45	Anja Hörger	Trade-offs in immunity in the metal hyperaccumulator <i>Noccaea caerulea</i>
13:45-14:05	Thomas Rupp	Telling lies to flies - deceptive strategies in <i>Aristolochia</i> trap-flowers
14:05-14:25	Kurt Zernig	Die Bestäubung von <i>Cyclamen hederifolium</i> und <i>Cyclamen purpurascens</i> : „Unsichtbaren“ Bestäubern von Zykamen auf der Spur
14:25-15:00	Poster session	
Keynote talk II		
15:00-16:00	Elvira Hörandl	Evolutionary implications of hybridization in flowering plants
16:00-16:20	Coffee break	
Hybridisation, polyploidisation I		
16:20-16:40	Ovidiu Paun	Pervasive hybridization and adaptive radiation
16:40-17:00	Lukas Metzger	Approximate Bayesian computation untangles signatures of contemporary and historical hybridization between two endangered species
17:00-17:20	Flavia Domizia Nardi	Asymmetrical, but rare backcrossing in <i>Diphysastrum × issleri</i> in the province of Salzburg
17:20-17:40	Karin Tremetsberger	Relationships between populations of the <i>Onobrychis viciifolia</i> aggregate
17:40-17:50	Short break	
Hybridisation, polyploidisation II		
17:50-18:10	Jonas Geurden	New insights in diversification of <i>Luzula</i> sect. <i>Luzula</i> (Juncaceae) in the Eastern Alps
18:10-18:30	Valentin Heimer	Polyploidisation was not involved in the origin of five endemic species from southern Europe but is otherwise frequent in <i>Euphorbia</i> sect. <i>Esula</i> (Euphorbiaceae)
18:30-18:50	Karin Gross	Polyploidy and floral traits in the coevolving, nursery pollinated <i>Lithophragma bolanderi</i> (Saxifragaceae)
c. 19:15	Conference evening	(not included in conference fee - Raschhofer - Zentrum Herrnau)

SAT 24 September 2022

Audimax (HS 401), NAWI, Hellbrunner Straße 34, 5020 Salzburg

Keynote talk III		
09:00-10:00	Rolf Holderegger	Biodiversity monitoring in Switzerland
10:00-10:20 Coffee break		
Taxonomy, systematics I		
10:20-10:40	Manfred A. Fischer	Was ist eine Unterart?
10:40-11:00	Günter Gottschlich	Das <i>Hieracium</i> -Herbar von Josef Murr (1864-1932) - lange gesucht, endlich gefunden
11:00-11:20	Anna Götz	Kyrgyz lichens: diversity and taxonomy of crustose lichens in Sary Chelek, Kyrgyzstan
11:20-11:30 Short break		
Taxonomy, systematics II		
11:30-11:50	Christian Berg	Die Variabilität von morphologischen Merkmalen der Gattung <i>Riccia</i>
11:50-12:10	Andreas Tribsch	<i>Gentiana brentae</i> neu für Österreich und die Limitierung von DNA-Barcoding bei der Bestimmung von nah verwandten Pflanzenarten
12:10-12:30	Aneta Tröglerova	The <i>Pulsatilla vulgaris</i> s.l. puzzle – what can genetic data tell us?
12:30-13:30 Lunch break (Mensa - NAWI)		
Floristics, vegetation ecology I		
13:30-13:50	Gerhard Karrer	New ecological indicator values for the Austrian vascular flora / Neue ökologische Zeigerwerte für die Gefäßpflanzen Österreichs
13:50-14:10	Oliver Stöhr	Ergebnisse aus dem Projekt „Vegetationskartierung auf ausgewählten Flächen des Nationalparks Hohe Tauern“
14:10-14:30	Michael Hohla	Die Flora des Innviertels
14:30-14:40 Short break		
Floristics, vegetation ecology II		
14:40-15:00	Martina Pörtl	Mikrokosmos am Acker: Ein bryologischer Streifzug durch die Steiermark
15:00-15:20	Anna Moretti	A new locally endemic species of <i>Euphorbia</i> sect. <i>Esula</i> (Euphorbiaceae) from Steinfeld, Lower Austria
15:20-15:40	Sigrid Redl	Auswirkungen von Restaurationsmaßnahmen auf verschiedene Wiesentypen im Lainzer Tiergarten im ersten Jahr nach erfolgter Entbuschung und geregelter Mahd
15:40-16:00 Coffee break		
Conservation		
16:00-16:20	Günther Nowotny	Verwendung von Biodiversitätsdaten in der Naturschutzpraxis
16:20-16:40	Felix Schlatti	Bestandsvermehrung von <i>Waldsteinia ternata</i> ssp. <i>trifolia</i> im Lippitzbachgraben bei Ruden (Kärnten)
16:40-17:00	Ulrike Waltraut Ruprecht	Conservation project: Protection of red list species of lichens in endangered habitats in Upper Austria (part II)
17:00-17:20	Helmut Wittmann	Die Biodiversitätsdatenbank am Haus der Natur (Salzburg) - ein spannendes Tool zur Analyse von Arealveränderungen
17:20-17:30 Best student presentation & poster awards		
17:30-17:45 Closing remarks		
17:45-19:00 Nature conservation & biodiversity data workshop / Guided tour in the Botanical Garden		

SUN 25 September 2022

Exkursion / Excursion – Rossfeldstraße/Purtschellerhaus

09:00-ca. 17:00 – Bus ab/an / bus from/back at: NAWI, Hellbrunner Straße 34, 5020 Salzburg

muss separat „gebucht“ werden / has to be booked separately
Personalausweis/Pass mitnehmen /Passport needed



Blick auf das Roßfeld und dem Hohen Göll (im Hintergrund) / View on Roßfeld and Hoher Göll (background)
Foto © Helmut Wittmann

Die Exkursion führt uns ins österreichisch-bayerische Grenzgebiet im Bereich der Nördlichen Kalkalpen. Wir fahren mit dem Bus auf der Roßfeldstraße bis zum sogenannten Ahorn-Kaser (ca. 1500 m). Von dort gehen wir auf dem markierten Weg zum Eckersattel (ca. 1400 m), um anschließend zum Purtscheller Haus aufzusteigen (ca. 1700 m). Die Wegzeit bis zur bewirtschafteten Alpenvereinshütte beträgt (ohne Botanisieren) ca. 1,5 Stunden. Das Purtscheller Haus liegt direkt auf der Landesgrenze zwischen Österreich und Deutschland, sie verläuft mitten durch die Schutzhütte. Von der Hütte aus hat man einen fantastischen Blick auf das Salzachtal, die Osterhorngruppe sowie die Kalkhochalpen auf der österreichischen und Berchtesgadener Seite. Die Flora entlang des Weges ist außerordentlich reich und beherbergt seltene Arten wie Alpen-Lein (*Linum alpinum*), Gelbe Platterbse (*Lathyrus laevigatus*) und Österreichische Rippensame (*Pleurospermum austriacum*). Für Trittsichere ist noch vorgesehen, von der Alpenvereinshütte aus in südlicher Richtung am Beginn des Aufstiegs zum Hohen Göll weiter zu botanisieren. Da es sich um eine Tour am Übergang zum alpinen Gelände handelt, sind entsprechende Kleidung und Schuhwerk (Bergschuhe) notwendig. ALTERNATIVPROGRAMM: Bei Schlechtwetter wandern wir ins Wimbachgries in den Berchtesgadener Alpen. Auch hier ist eine sehr reiche Kalkflora vorhanden. Besonders bemerkenswert sind hier die Vorkommen von Einseles Akelei (*Aquilegia einseleana*), einer Art mit südalpinen Hauptareal und einigen wenigen disjunkten Vorkommen im Bereich der Nördlichen Kalkalpen.

The excursion leads us to the Austrian-Bavarian border area in the Northern Calcareous Alps close to Salzburg. We will drive with the bus on Roßfeldstraße up to 1500 m and will walk to the Purtscheller Haus (c. 1.5 h), which is directly on the Austrian/German border, which goes through the hut! Not only the very rich flora in this limestone area (with rare species like *Linum alpinum*, *Lathyrus laevigatus*, *Pleurospermum austriacum*) but also the marvelous view on the Salzach valley make it worth joining this trip. Please bring good shoes and warm clothes. ALTERNATIVELY, in case of bad weather conditions, we will visit the Wimbachgries in the Berchtesgadener Alps, which also host a rich limestone flora including the disjunctly distributed and mainly Southern Alpine *Aquilegia einseleana*.

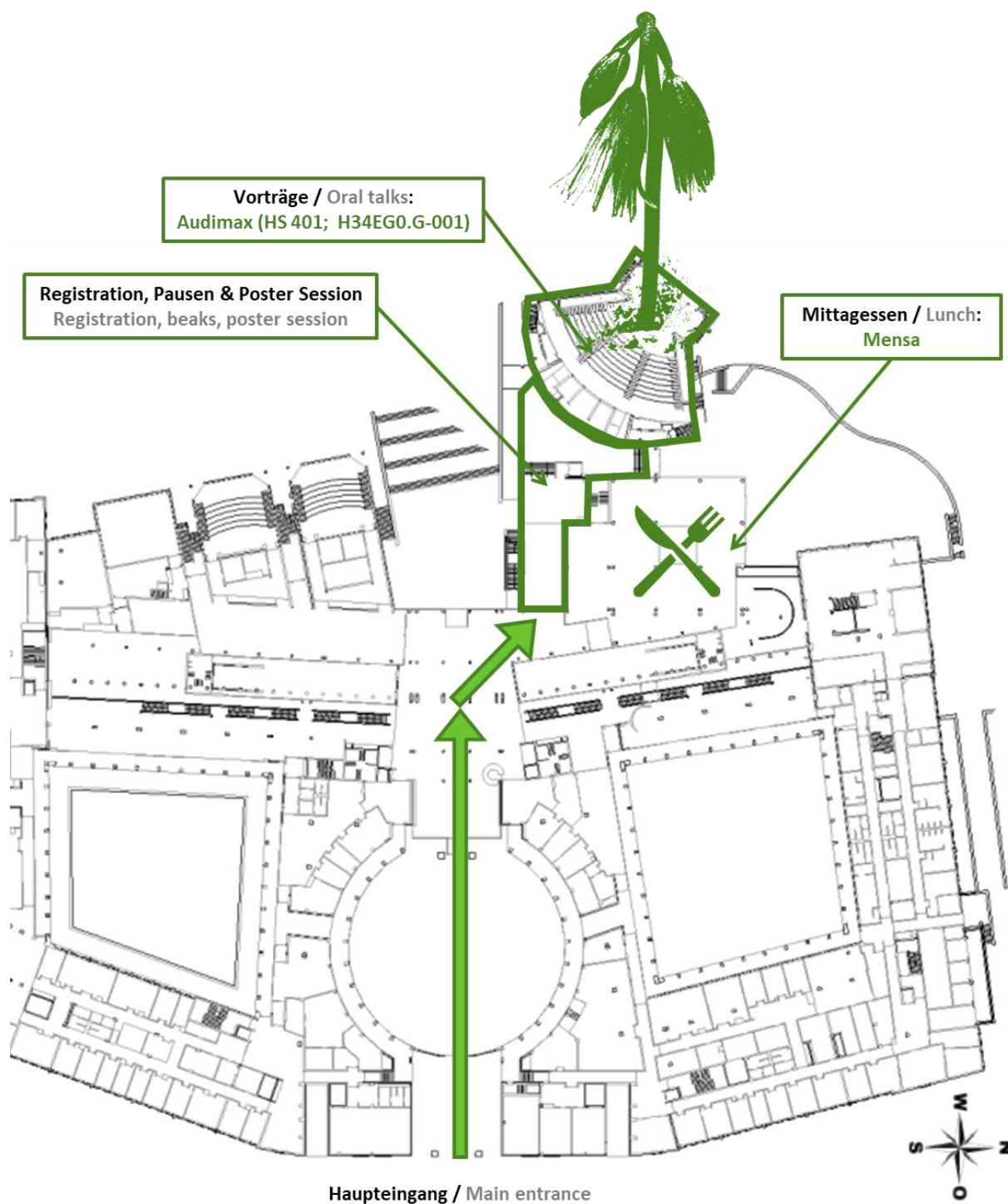


LAGEPLÄNE / SITE MAPS

Tagungsorte / Venues



NAWI, Hellbrunner Straße 34, 5020 Salzburg





ABSTRACTS – KERYNOTE SPEAKERS

Die neue **Rote Liste** der Farn- und Blütenpflanzen Österreichs

Luise Schratt-Ehrendorfer

*Abt. Botanik u. Biodiversitätsforschung, Fakultät für Lebenswissenschaften, Universität Wien;
Rennweg 14, 1030 Wien*

Die letzte, 2. Auflage der Roten Liste der Farn- und Blütenpflanzen Österreichs stammte aus dem Jahr 1999, eine Aktualisierung war also dringend erforderlich. Da auch die Ansprüche an Rote Listen in den letzten Jahren gestiegen sind, wurde die neue Rote Liste in intensiver Zusammenarbeit mit der Kolleg:innenschaft aus ganz Österreich und angrenzenden Ländern von Grund auf neu bearbeitet.

Die 3. Auflage der Roten Liste der Farn- und Blütenpflanzen Österreichs unterscheidet sich von den beiden vorigen vor allem in drei Punkten:

- (1) Die Neubearbeitung enthält nicht nur die gefährdeten Pflanzen der heimischen Flora, sondern ist ein Katalog aller in Österreich heimischen und eingebürgerten Arten.
- (2) Wie in modernen Roten Listen üblich, wird offengelegt, wie die Häufigkeit der Arten, ihre Bestandesentwicklung seit Ende des 19. Jahrhunderts und die Abschätzung ihrer künftigen Risikofaktoren in die Ermittlung der Gefährdungstufen eingehen.
- (3) Zusätzlich zu den Gefährdungsangaben für Gesamtösterreich werden die regionalen Gefährdungen der heimischen Arten für jeden der fünf großen Naturräume Österreichs (Alpen, Nördliches und Südöstliches Vorland, Böhmisches Masse, Pannonikum) getrennt ausgewiesen.

Über diese sowie weitere Änderungen und Neuerungen gegenüber den ersten beiden Auflagen der Roten Liste der Farn- und Blütenpflanzen Österreichs und über den Entstehungsprozess der Neuauflage wird berichtet.

Biodiversity monitoring in Switzerland

Rolf Holderegger

WSL Swiss Federal Research Institute & ETH Zürich

Switzerland has implemented a system of complementary biodiversity monitoring programs. This monitoring system includes a general species monitoring of the everyday landscape, a specialized monitoring of habitats and species on agricultural land, the monitoring of the nationally important habitats of Switzerland and monitorings of endangered species. Permanent vegetation plots play an important role in these monitorings. Concerning the monitoring of the nationally important habitats, vegetation plots are surveyed in dry meadows and pastures, bogs and fens as well as in riparian ecosystems. Together with data from remote sensing, vegetation analysis provides information on changes in the area and quality of the habitats. While the area of the nationally important habitats stays constant, their quality is generally decreased: bogs and fens become drier, and dry meadows and pastures suffer from bush encroachment and more nutrients. However, there are also positive trends: in the Swiss lowlands, the quality of fens, bogs and dry meadows and pastures increased. These encouraging developments are the result of specific conservation measures taken in the Swiss lowlands. In the Alps, however, there is an increase in the cover of woody species due to abandonment, but, at the same time, an increase in the intensity of the agricultural use of areas that are easier to manage. The monitoring of the nationally important habitats of Switzerland implemented an online warning system informing authorities about changes in nationally important habitats, and its results are directly used in the financial agreements regarding conservation management between the federal government and the Swiss cantons.

Evolutionary implications of hybridization in flowering plants

Elvira Hörandl

Dept. of Systematics, Biodiversity and Evolution of Plants (with Herbarium), University of Göttingen, Germany

Hybridization is in plants a frequent phenomenon with various evolutionary outcomes. Homoploid hybridization can result in hybrid zones with continued introgression, but eventually also in hybrid speciation. Case studies in willows (*Salix* L.) using population genomic approaches will demonstrate the emergence of hybrid zones in alpine species, resulting in introgression and ecogeographical displacement. Hybridization between divergent sexual species can also initiate apomixis, the asexual reproduction via seed, which will be demonstrated in the *Ranunculus auricomus* complex. Crossing experiments of sexual species revealed spontaneous emergence of apospory in diploid F1 hybrids and inheritance in the F2 generation. Transcriptome analyses suggest that combinations of mutations can trigger apospory in diploids. The establishment of apomixis is enhanced by polyploidization (allopolyploidy). Genomic and epigenomic changes in polyploids help to spread apomictic lineages over much larger distribution areas and to more extreme conditions than their sexual relatives. Reduced-representation genomic analyses can disentangle the complex relationships in such hybridogenetic polyploid complexes. Implications for biodiversity research and taxonomy will be discussed.



ABSTRACTS – VORTRÄGE / TALKS

Impacts of drought stress on floral advertisement and floral resources of the Styrian oil pumpkin

Monica Barman, Raimund Tenhaken & Stefan Dötterl

Department of Environment and Biodiversity, Paris Lodron University of Salzburg, Hellbrunnerstr. 34 / 5020 Salzburg | Austria

The globally changing climatic condition is alarmingly increasing the incidences of drought and/or reduced soil water content in several regions of the world. This increased water shortage is predicted to have a huge impact on the growth/development as well as the process of pollination in both naturally and agriculturally grown plants. One commercially cultivated plant negatively affected by drought is the renowned Styrian oil pumpkin (*Cucurbita pepo* subsp. *pepo* var. *styriaca* Greb.), and crop that relies on insect pollination for setting fruits. To address whether yield losses might have to do with negative impacts of drought on visual and olfactory flower displays and floral reward, we studied effects of drought on flower (bud) formation, flower size and weight, the emitted flower scent, and the quantity and composition of nectar. We found that drought stress resulted in reduced flower bud formation, smaller flowers, and a smaller amount of nectar, whereas nectar composition and total scent emission were not much affected by drought. These investigations provide crucial clues on how drought incidences can alter floral traits involved in pollination.

Die Variabilität von morphologischen Merkmalen der Gattung *Riccia*

Christian Berg & Martina Pörtl

*Institut für Biologie, Universität Graz & Studienzentrum Naturkunde –
Bryologie, Universalmuseum Joanneum, Graz*

Die Gattung *Riccia* (Sternlebermoose) gehört zu den am schwierigsten zu bestimmenden Gruppen der Lebermoose. Ihre Thallusmerkmale sind hoch variabel und stark von ihrer Umwelt abhängig. An Herbarmaterial sind oft nur noch die Sporen gut erhalten. Obwohl bekannt ist, dass Sporenmerkmale von *Riccia*-Arten einen hohen diagnostischen Wert haben, basieren die Bestimmungs-Schlüssel hauptsächlich auf Thallus-Merkmalen.

Im Zuge unserer seit 2018 angelegten Studie zur Untergattung *Eu-Riccia* konnten wir bisher Thallus- und Sporenmerkmale von über 400 frisch gesammelten Proben von 22 *Riccia*-Arten aus ganz Europa erheben und vergleichen. Es zeigte sich hier die hohe Variabilität der Merkmale, welche die Artabgrenzung so erschwert. Sogar innerhalb einer Population einer Art können verschiedene Ausprägungen auftreten, wobei vor allem Umweltparameter wie die direkte Lichteinstrahlung und Trockenheit morphologische Änderungen induzieren. Viele Ausprägungen von Merkmalen verschwinden schnell unter Kulturbedingungen. Wesentlich konstanter erscheinen auf den ersten Blick die Sporen mit ihrer sehr charakteristischen Ornamentierung. Im Detail sind jedoch kaum zwei Sporen wirklich identisch. Um deren Variabilität zu prüfen, haben wir Sporen von vier auf Äckern der Steiermark häufige Arten ausgewählt und dabei die Variabilität der Sporen innerhalb einer Kapsel, zwischen fünf Kapseln eines Thallus, zwischen drei Thalli einer Population sowie zwischen den Arten untersucht. Die Ergebnisse zeigen einerseits, dass ein Teil der Sporenmerkmale einen sehr hohen diagnostischen Wert liefern, andere, insbesondere quantitative Werte in den Beschreibungen aber als zu konstant angesehen werden. Die meisten Merkmale erschließen sich erst aus einem statistischen Kontext, wobei die Untersuchung von mindestens 10 Sporen empfohlen wird. Die Sporen der vier untersuchten Arten unterscheiden sich aber in vielen qualitativen Merkmalen so deutlich, dass sie sich besser zur Unterscheidung eignen als Thallus-Merkmale.

Multiple glacial refugia and idiosyncratic postglacial population dynamics of alpine plants in the Dolomites

Pau Carnicero¹, Francesco Rota², Gabriele Casazza³, Peter Schönswetter¹ & Camilla Wellstein²

¹ *Department of Botany, University of Innsbruck, Sternwartestraße 15, 6020, Innsbruck, Austria*

² *Faculty of Science and Technology, Free University of Bozen-Bolzano, Bolzano, Italy*

³ *Dipartimento di Scienze della terra, Ambiente e Vita, Università di Genova, Corso Europa 26, I-16132 Genova, Italy*

Massive glaciers covered a major part of high European mountain ranges during the cold stages of the Quaternary. Mountain species were therefore forced to find refugia in peripheral areas or unglaciated spots within the ice core in order to avoid extinction. The Dolomites experienced strong glaciation but still offered possibilities for cold stage survival, as shown by their high diversity of alpine species, endemism rates and genetic diversity. Here we estimated the genetic structure and used demographic modeling to study the recent evolution of three alpine plants endemic of the Dolomites and to determine which areas acted as cold stage refugia for alpine plants. *Campanula morettiana* and *Primula tirolensis* were split in two genetic groups divided by the Piave Valley, which diverged before the last glacial maximum, indicating long term survival of both species on each side of the valley. West of the Piave Valley the observed genetic structure provided no congruent patterns among the three study species. The high-alpine species *Saxifraga fachinei* showed a pattern congruent with scattered survival in peaks protruding the ice sheet across the Dolomites. Our results indicate survival in multiple, only partly overlapping refugia, therefore challenging the raise of congruent patterns and rejecting the simple hypothesis of postglacial expansion from a single major southern refugium.

Phylogenomics and biogeography of *Nicotiana* sect. *Suaveolentes*

L. A. Cauz-Santos¹, R. Samuel¹, S. Dodsworth², O. Paun¹ & M. W. Chase^{1,3,4}

¹ Department of Botany and Biodiversity Research, University of Vienna, Rennweg 14, A-1030 Vienna, Austria

² School of Biological Sciences, University of Portsmouth, Portsmouth PO1 2DY, UK

³ Royal Botanic Gardens, Kew, Richmond TW9 3DS, UK

⁴ Department of Environment and Agriculture, Curtin University, Perth, Western Australia, Australia.

Nicotiana section *Suaveolentes* is widespread in Australia with few species in Africa, French Polynesia and New Caledonia. The current biogeography and phylogenetic positions are consistent with the ancestral distribution of the genus being confined to the wetter northern and eastern parts of Australia (together with Namibia and the Pacific islands), and as the new species of sect. *Suaveolentes* evolved they made inroads in the dry interior of central and southern Australia, where they are now most diverse. In this study, we were able to test the hypothesis for the timing of the radiation in *N. sect. Suaveolentes* using multispecies coalescent methods on genome-wide single nuclear polymorphisms (SNPs), and to explore the roles of vicariance and dispersal in the current distribution of the species in this section. We found three radiations during *N. sect. Suaveolentes* evolution, one in the clade comprising species related to *Nicotiana occidentalis*, another in the *Nicotiana gascoynica* clade, and a more recent one comprising the species from the drier parts of southern Australia. The estimation of divergence times supports that most species emerging in the last two Mya, when the interior of Australia was already arid as today. Exploring the contribution of the Australian drainage basins to the current distribution of species in this group, we found the Pilbara drainage in Western Australia as the ancestral area for sect. *Suaveolentes*, and a subsequent series of dispersal and vicariance events leading to the species radiation into the Eremaean Zone.

Was ist eine Unterart?

Manfred A. Fischer

Division f. Systematik u. Evolutionäre Botanik, Abt. Botanik u. Biodiversitätsforschung, Fakult. für Lebenswissenschaften, Universität Wien; Rennweg 14, 1030 Wien; <manfred.a.fischer@univie.ac.at>

Obwohl es über den Begriff der Spezies in Botanik und Zoologie reichlich Literatur gibt, wird die Auseinandersetzung mit der Unterart relativ vernachlässigt. Probleme rühren einerseits vom falsch verstandenen „biologischen Artbegriff“, andererseits von einer einseitigen Unterart-Definition her.

(1) Für sexuelle Sippen herrscht weitgehende Übereinstimmung über den Artbegriff. Nur die agamospermischen und autogamen Sippen tanzen aus der Reihe: Dass solche Arten den sexuellen nicht gleichwertig sind, ist zwar allen geläufig, wird aber oft nicht als inkonsequent empfunden. Denn für eine annähernd objektiv sein wollende Darstellung der pflanzlichen Diversität dürfen diese Mikrospezies natürlich nicht verwendet werden.

(2) Grund für diese missliche Ungleichwertigkeit der „Arten“ ist der „biologische“ Artbegriff („BSC“), der tatsächlich keineswegs biologisch ist, sondern eindimensional „hybridologisch“ (auf Intersterilität gründend). Tatsächlich biologisch kann nur ein pluralistischer („taxonomischer“) Artbegriff sein, der der Vielfalt der evolutiven Speziationsprozesse entspricht. Den (aus der Zoologie stammenden) „biologischen“ Artbegriff, haben Evolutionsbiologen und Pflanzentaxonomen längst verworfen, weil er insbesondere für Pflanzen unbrauchbar ist, denn Hybridisierung einerseits und eingeschränkte Sexualität andererseits sind bei Pflanzen eher die Regel als die Ausnahme. – Konsequente Anwendung des „biologischen Artbegriffs“ erfordert übrigens, Kleinartenaggregate wie *Aconitum napellus* agg. und *A. variegatum* agg. und *Valeriana officinalis* agg. (s. lat.) als Arten zu bewerten, da es sich um Syngameonta (keine Kreuzungsbarrieren, weitgehende Interfertilität) handelt.

(3) Die Rangstufe Subspezies ist eine Rangstufe unter allen anderen, für sie haben keine speziellen Kriterien zu gelten. Unterarten sind mangelhaft abgegrenzte Arten und genau so verschiedenartig wie die Arten, nämlich abhängig vom Speziationsmodus. Maßgeblich sind die Grenzen, wobei die Natur der Grenzen sehr verschieden ist (phänetisch = „morphologisch“ oder karyologisch oder genetisch oder ökologisch oder geografisch).

(4) Arten sind abstrakte Zusammenfassungen für evolutiv eben selbstständig gewordene Einheiten (Sippen), die je nach dem ihnen zugrundeliegend Speziationsprozess von verschiedener Natur sind, und dasselbe gilt für die Unterarten. Es gibt daher allopatrische, parapatrische und sympatrische Unterarten.

(5) Die verschiedentlich geäußerte Alternative, eine „kritische“ Sippe sei entweder als Art oder als Varietät zu klassifizieren ist absurd, sie widerspricht den Prinzipien der Rangstufen. Diese Irrmeinung ist die logische Folge der einseitigen (Kreuzbarkeit, Genaustausch) Definition der Art und der einseitigen (nur geografische Rasse) Definition der Unterart.

(6) Karyologisch (Ploidiegrad) oder genetisch oder molekulargenetisch verschiedene Sippen ohne ausreichend deutliche phänetische („morphologische“), habitatökologische, reproduktionsökologische, geografische Verschiedenheiten und/oder mangelnde oder mangelhafte Grenzen (Diskontinuitäten, Hiatus, „gaps“) sind nicht als Arten, sondern als Unterarten einzustufen.

Als Beispiele dienen überwiegend apomiktische und überwiegend autogame Sippen, wie *Asplenium trichomanes*, *A. ruta-muraria*, *Dryopteris affinis* subagg., *Epipactis helleborine* agg., *Ranunculus auricomus* agg., *Draba verna* s. lat., *Rubus* subg. *Rubus*, *Sorbus aria* agg., *Alchemilla*, *Rosa*, *Euphorbia illirica*, *E. nicaeensis*, *Vaccinium uliginosum*, *Taraxacum*, *Hieracium*, *Pilosella*. Viele herkömmliche Arten solcher autogamer bis apomiktischer Sippen wären folgerichtiger, nämlich im Sinne eines pluralistischen Artbegriffs, als UArten einzustufen, wobei etwa die Rangstufe Series bei den Brombeeren der Art entspräche. Auch die Einstufung solcher Agamospezies als Hybriden ist oft sinnvoller als Mikrospezies (Kleinarten), wie das etwa Hörandl für *Ranunculus auricomus* agg. vorschlägt.

Diversification of different species of *Euphorbia* subgen. *Esula* (Euphorbiaceae)

Božo Frajman¹, Philipp Kirschner¹, Sanja Đurović² & Peter Schönswetter¹

¹ Department of Botany, University of Innsbruck, Sternwartestraße 15, A-6020 Innsbruck, Austria.

² Faculty of Agriculture, University of Niš, Kosačićeva 4, 37000 Kruševac, Serbia.

Euphorbia is one of the largest genera of flowering plants including more than 2150 species. Most species in Europe belong to *Euphorbia* subgen. *Esula* Pers., which comprises roughly 500 species and represents the most significant radiation of the genus in temperate areas of the Old World. We will present the outcomes of ongoing studies on diversification of *Euphorbia carniolica* and *E. epithymodes*, based on RAD sequencing, AFLP fingerprinting, relative genome size (RGS) estimation and morphometric analyses. In both species the phylogenetic structure is geography-correlated, pointing to different Pleistocene refugia. Whereas in the former the deepest phylogenetic split is accompanied by RGS and slight morphological divergence, in the latter the morphological divergence, which led to description of several taxa in the past, might rather be a result of adaptation to different ecologies within both genetic groups.

Efficient sucrose stabilization in Northern European *Arabidopsis thaliana* accessions during low energy situations

Anastasia Kitashova¹, Tim Scheibenbogen¹, Laura Schröder¹, Thomas Nägele¹ & Lisa Fürtauer²

¹ LMU Munich, Plant Evolutionary Cell Biology, Planegg-Martinsried, Germany

² RWTH Aachen University, Biology III, Unit Plant Molecular Systems Biology, Aachen, Germany

Plants frequently face environmental stress conditions which result in energy deprivation. One factor is availability of light, which leads to morphological, physiological, and metabolic changes. As the direct product of photosynthesis, carbohydrates are major building blocks to sustain growth and development. We investigated how natural accessions of *Arabidopsis thaliana* (in total 26, distributed across Europe) regulate the central carbohydrate metabolism in short-term “no light” and “low light” (20% light intensity of control) conditions in a time course experiment. In this time course, main leaf carbohydrates like starch, sucrose, glucose, fructose, and enzyme activities of invertases (INVs) as well as sucrose-phosphate synthase (SPS) were determined and combined with mathematical modelling strategies. The genotypes reacted differently to low light and no light conditions, as they seemed to stabilize sucrose and starch metabolism to a different extent. SPS-activity was decreased, but kinetic modelling results revealed higher INVs reaction rates in all accessions during low energy situations. Additionally, under low energy conditions, we determined higher sucrose levels in northern European accessions compared to southern ones, and similarly a more efficient stabilization of sucrose to starch ratio was gained in northern plants. We concluded that northern accessions stabilize their sucrose metabolism better than southern ones under initial low energy situations. We suggest a general strategy to cope under low energy situations is to enhance sucrose cycling activity and propose a possible regulation via invertases to maintain and stabilize central carbohydrate metabolism.

New insights in the diversification of *Luzula* sect. *Luzula* (Juncaceae) in the Eastern Alps

**Jonas Geurden¹, Valentin Heimer¹, Felix Faltner¹, Špela Pungaršek², Andreas Hilpold³,
Peter Schönswetter¹ & Božo Frajman¹**

¹*Department of Botany, University of Innsbruck, Sternwartestraße 15, A-6020 Innsbruck, Austria*

²*Slovenian Museum of Natural History, Prešernova 20, 1000 Ljubljana, Slovenia*

³*Institute for Alpine Environment, Eurac Research, Drususallee 1, 39100 Bozen/Bolzano, Italy*

Luzula sect. *Luzula* (Juncaceae) is one of the taxonomically most intricate groups of angiosperms, where diversification is mostly driven by true polyploidy and agmatoploidy (fission of chromosomes), leading to a number of different karyotypes. For the Eastern Alps eight species with six karyotypes, including di-, tetra- and hexaploids, were reported, but their distributions are insufficiently known. Within the Euregio project “Same same but different? Cryptic evolution and diversification of *Luzula* sect. *Luzula* in the grasslands of the Eastern Alps” we will in the upcoming three years explore the evolutionary origin and diversification of the eastern Alpine species as well as their ecological niche segregation. Extensive field work including (1) sampling of *Luzula* species for ploidy-level estimation through flow cytometry and phylogenomic analyses via RAD sequencing, as well as (2) registering of accompanying angiosperm species for evaluation of niche segregation via their corresponding Landolt indicator values is being performed across the Eastern Alps this summer. During the talk we will present the project as well as our preliminary results from the field work. Interesting preliminary findings are co-occurrences of multiple ploidy levels in the same localities and non-confirmation of some previous reports of occurrences of some rare species (e.g., *L. pallescens*) at different localities.

Das *Hieracium*-Herbar von Josef Murr (1864-1932) – lange gesucht, endlich gefunden

Günter Gottschlich

Josef Murr (1864-1932), ein zu seiner Zeit äußerst produktiver, vornehmlich in Tirol und Vorarlberg floristisch tätiger Botaniker hat, teilweise zusammen mit dem Monographen der Gattung *Hieracium*, Karl Hermann Zahn (1865-1940), zahlreiche *Hieracium*-Taxa neu beschrieben. In österreichischen Herbarien konnten bislang nur Einzelbelege aus Murrs *Hieracium*-Herbarium nachgewiesen werden. Überraschenderweise wurde das Hauptkonvolut der Murr-Hieracien kürzlich in München entdeckt und konnte ausgewertet werden.

Kyrgyz lichens: Diversity and taxonomy of crustose lichens in Sary Chelek, Kyrgyzstan

**Anna Götz¹, Alexander Paukov², Kerry K. Knudsen³, Ulrik Sjøchting⁴, Roman Türk¹ &
Ulrike Ruprecht¹**

¹ *Department of Biosciences, University of Salzburg, Hellbrunnerstraße 34, 5020 Salzburg, Austria*

² *Ural Federal University*

³ *Czech University of Life Sciences Prague*

⁴ *University of Copenhagen*

Kyrgyzstan is characterized by a diverse landscape structure which results in a rich biodiversity. Lichenologically, most of the areas are vastly under-researched and especially knowledge about crustose lichens is rare. For this study the diversity of saxicolous crustose lichens was analyzed in the Sary Chelek Nature Reserve, Kyrgyzstan. This area is mainly influenced by two high mountain ranges in the north and east and due to this sheltered topography is known for its high biodiversity. Tectonic activity with accompanying landslides has shaped the prevailing landscape and ecosystems and therefore, the investigated habitats differ in their formation history, which results in a high number of lichen species. To investigate the influence of geomorphological processes on species composition, lichen samples were taken from different depositional zones. Taxonomic classification was carried out with morphological, chemical and molecular methods. Additionally, newly generated sequences of species that previously had only been described morphologically were included. Altogether 143 species were investigated and most of them could be assigned to the genera *Aspicilia*, *Lobothallia*, *Caloplaca*, *Calogaya*, *Xanthocarpia*, *Circinaria*, *Diploschistes* and *Lecidella*. Several species were reevaluated based on existing literature and/or newly described. Species composition varies a lot among different depositional zones (no deposits, toma – hills, debris cones). Especially toma-hills formed by landslides include a high diversity of saxicolous lichens. Those geomorphological processes which intensively shape the landscape and environment in Sary Chelek, are also reflected in the diversity and composition of the local lichen community.

Polyploidy and floral traits in the coevolving, nursery pollinated *Lithophragma bolanderi* (Saxifragaceae)

Karin Gross^{1,2}, John N Thompson³ & Magne Friberg¹

¹ Department of Biology, Lund University, Sweden

² Current affiliation: Department Environment and Biodiversity, Paris Lodron University of Salzburg,
Austria

³ Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of California, Santa Cruz, USA

Pollinators are important drivers of floral diversity, but the ultimate fuel of variation are processes such as mutations. The most dramatic mutations are whole-genome duplications (polyploidizations), which are common in flowering plants. They have the potential to immediately alter the plants' phenotype and, thus, also the plants' interaction landscape with pollinators and herbivores. Here, we investigate the effects of polyploidizations on complex floral morphology and floral scent in the woodland star (*Lithophragma bolanderi*, Saxifragaceae). This species exhibits an exceptionally high variation in floral traits and comprises multiple ploidy types. It is pollinated by the highly specialized seed parasite *Greya politella* and also by more generalist pollinators in some populations. We collected seeds from natural populations throughout the distribution range of *L. bolanderi*, grew them in a greenhouse common-garden environment, and measured floral scent, floral morphological traits, and genome size. We found three major ploidy types: diploids, tetraploids, and hexaploids. We present data on the covariation of complex floral traits with the geographical distribution of ploidy types and how this is linked to the geographic mosaic of specialized and generalized pollinators. These results provide insights into the ultimate cause of the diversification of floral traits within species.

Die Flora des Innviertels

Michael Hohla

Nach beinahe 25 Jahren intensiver botanischer Forschung wurde nun das Projekt „Flora des Innviertels“ zum Abschluss gebracht. Das Werk, erschienen als Band 115 in der Reihe Stapfia (Biologiezentrum Linz), wird vom Verfasser präsentiert und die wichtigsten Erkenntnisse und die Höhepunkte dieser Forschungen werden gezeigt. Die intensive Kartierung und Literaturlauswertung ergab für das Innviertel den Nachweis von 2.228 Pflanzenarten bzw. Pflanzentaxa. Erstmals wurden auch die Armleuchteralgen aufgenommen und 15 Arten im Innviertel nachgewiesen. Die „Flora des Innviertels“ beinhaltet folgende Kapitel: eine prägnante Kurzdarstellung des Innviertels, die geologischen Grundlagen, die Böden, das Klima, die Vegetationsgeschichte, die Landwirtschaft und die Veränderung der Innviertler Landschaft in den vergangenen 150 Jahren, die Innviertler Wälder aus forstwirtschaftlicher Sicht, die Lebensraumtypen des Innviertels, die Schutzgebiete, die Geschichte der Innviertler Botanik sowie ein kurzer Blick in die Zukunft dieser Region. Dem Kapitel über die Ergebnisse, verbunden mit einer entsprechenden Diskussion, folgt das Verzeichnis der Arten bzw. Sippen. Jedes Taxon im Hauptteil enthält neben den wissenschaftlichen und deutschen Namen Informationen über die Häufigkeit, den Trend, den Status, bei Neophyten zusätzlich das Jahr des Erstnachweises, die Gefährdung, die Familienzugehörigkeit, etwaige Volksnamen, die Lebensräume, die Gefährdungsursachen und Kommentare mit Literatur- und Herbarzitat. In den meisten Fällen ist den Taxa jeweils eine entsprechende Verbreitungskarte beigelegt.

Polyploidisation was not involved in the origin of five endemic species from southern Europe but is otherwise frequent in *Euphorbia* sect. *Esula* (Euphorbiaceae)

Valentin Heimer & Božo Frajman

Department of Botany, University of Innsbruck, Sternwartestraße, Innsbruck, Austria

A key factor for the diversification of flowering plants has been polyploidisation, which, however, appears of minor importance in the evolution of *Euphorbia* subgen. *Esula*. An exception is *Euphorbia* sect. *Esula* that includes roughly 100 species, many of which are widespread, but several have restricted distribution areas. We used ITS sequencing and relative genome size estimation to explore the evolutionary origin of *E. gayi*, *E. graminifolia*, *E. tommasiniana*, *E. vallisiana* and *E. variabilis*, which are endemic to disjunct areas along the southern and western margins of the Alps as well as Corsica and Sardinia. In addition, we explored the incidence of polyploidy across different lineages of *E. sect. Esula*. Our phylogenetic results revealed several lineages with unresolved relationships that likely diverged in the late Miocene, but only one of them, the Eurasian Group, underwent considerable diversification, likely due to numerous polyploidisation events. Several polyploid or ploidy-mixed species from this group are distributed across large areas of Eurasia. All other lineages remained mostly diploid and species-poor, but dispersed to various continents, where most of the species have restricted distribution areas. The five focal species are diploid but do not share a common ancestor. Both *E. graminifolia* and *E. tommasiniana* belong to the Eurasian Group whereas *E. gayi*, *E. vallisiana* and *E. variabilis* belong to the Cosmopolitan Group and are thus not closely related to other European members of the section. Phylogenetic analyses recovered *E. vallisiana* and *E. variabilis* as genetically distinct, although closely related. This, along with a clear morphological differentiation as revealed by morphometric analyses, supports their recognition as independent species. Our study highlights the important role polyploidisation had for plant diversification as well as the effects of other factors such as vicariance in disjunct refugia, which likely shaped the origin of the five endemic species from *E. sect. Esula*.

Trade-offs in immunity in the metal hyperaccumulator *Noccaea caerulescens*

Anja C. Hörger^{1,2}, Thibaut Sellinger¹, J. Andrew C. Smith² & Gail M. Preston²

¹ Department of Environment and Biodiversity, Paris Lodron University of Salzburg, Salzburg, Austria

² Department of Plant Sciences, University of Oxford, Oxford, UK

Metal hyperaccumulating plants are able to accumulate exceptionally high concentrations of heavy metals in their shoots to levels that would be toxic to most other plant species. This trait has evolved independently multiple times in the plant kingdom. Although our understanding of the molecular mechanisms involved in metal uptake and tolerance has improved, not much is known about the processes that have led to the evolution of metal hyperaccumulation in plants. Recent studies have provided new insight into the ecological and evolutionary significance of this trait by showing that the metal hyperaccumulating plant *Noccaea caerulescens* can use high concentrations of accumulated metals to defend itself against attack by pathogenic microorganisms. Interestingly, infected *N. caerulescens* plants show none of the inducible defence responses that are used by most plants to provide protection against infection, which suggests that it relies on accumulated metal for disease resistance. The fact that these plants have evolved the ability to uptake and store metals in their shoot tissue, but have in turn lost defences common to most plants suggests a trade-off in expressing both traits. We studied the evolutionary, ecological and functional processes involved in the gain of metal hyperaccumulation and loss of other defensive traits in *N. caerulescens*. Genes involved in the trade-off were identified and analysed using a combined phenotyping and transcriptomics strategy. Our results provide new insights into the evolution and ecology of metal hyperaccumulation and contribute to the understanding of how plant adaptation to biotic and abiotic stress may be connected.

New ecological indicator values for the Austrian vascular flora / Neue Ökologische Zeigerwerte für die Gefäßpflanzen Österreichs

Gerhard Karrer

Institut für Botanik, Universität für Bodenkultur Wien

The use of ecological indicator values of plants according to Ellenberg's concept is widespread in ecological research and practice for the indirect identification of ecological site factors. The values for Austria's vascular plants that have been available since 1992 (<https://statedv.boku.ac.at/zeigerwerte/>) had provisional character and have now been thoroughly revised and updated. The list of taxa in the new edition of the Red List of Plants in Austria and the forthcoming 4th edition of the Excursion Flora for Austria are used as the taxonomic basis. The scaling of the ecological gradients follows that of Ellenberg to achieve comparability with indicator value lists from other regions, i.e. all factors are scaled in 9 intensity levels - except those for the water supply with 12 levels. The validity of the values expressly refers to the area of the Republic of Austria. On the one hand, this enables more precise classifications compared to the whole of Europe, but on the other hand, it is not possible to go into the finer graded behavior of plants in certain parts of Austria (e.g. differences between the behavior in the oceanic west and the continental east). The new values will be published separately and should also be included in the excursion flora as part of the description of the synecological behavior of the Austrian vascular plants.

Die Nutzung Ökologischer Zeigerwerte der Pflanzen nach dem Konzept von Ellenberg sind in der ökologischen Forschung und Praxis zur indirekten Ermittlung von Standortfaktoren verbreitet. Die seit 1992 verfügbaren Werte für die Gefäßpflanzen Österreichs (<https://statedv.boku.ac.at/zeigerwerte/>) hatten provisorischen Charakter und wurden nun gründlich überarbeitet und auf den neuesten Stand gebracht. Als taxonomische Grundlage wird die Liste der Taxa der neuen Auflage der Roten Liste der Pflanzen Österreichs und die zukünftige 4. Auflage der Exkursionsflora für Österreich verwendet. Die Skalierung der ökologischen Gradienten folgt jener von Ellenberg um Vergleichbarkeit mit anderen gebietsspezifischen Listen zu erzielen, d.h. alle Faktoren werden in 9 Intensitätsstufen skaliert - ausgenommen jene für die Wasserversorgung mit 12 Stufen. Die Gültigkeit der Werte bezieht sich ausdrücklich auf die Fläche der Republik Österreich. Das ermöglicht einerseits genauere Einstufungen im Vergleich zu ganz Europa, andererseits kann aber auf feiner abgestuftes Verhalten der Pflanzen in bestimmten Teilen Österreichs (z.B. Unterschiede zwischen dem Verhalten im ozeanischen Westen und dem kontinentalen Osten) nicht eingegangen werden. Die neuen Werte werden separat publiziert und sollen auch als Teil der Beschreibung des synökologischen Verhaltens der österreichischen Gefäßpflanzen in die Exkursionsflora aufgenommen werden.

Congruent evolutionary responses of European steppe biota to late Quaternary climate change: insights from convolutional neural network-based demographic modeling

Philipp Kirschner^{1,2}, Manolo F. Perez³, Eliska Zaveska⁴, Isabel Sanmartin⁵, Laurent Marquer², Birgit Schlick-Steiner⁶, Nadir Alvarez⁷, Florian M. Steiner⁶ & Peter Schönswetter²

¹ *Free University Bozen-Bolzano, Piazza Università 1, 39100 Bolzano BZ, Italy*

² *Department of Botany, University of Innsbruck, Sternwartestraße 15, 6020 Innsbruck, Austria*

³ *Departamento de Genetica e Evolucao, Universidade Federal de Sao Carlos, Rodovia Washington Luis, km 235, 13565905, Sao Carlos, Brazil*

⁴ *Institute of Botany of the Czech Academy of Sciences, Zámek 1, 25243, Průhonice, Czech Republic*

⁵ *Real Jardín Botánico, CSIC, Plaza de Murillo 2, 28014, Madrid, Spain*

⁶ *Department of Ecology, University of Innsbruck, Technikerstraße 25, 6020, Innsbruck, Austria*

⁷ *Geneva Natural History Museum of Geneva, Route de Malagnou 1, 1208, Genève, Switzerland*

Quaternary climatic oscillations had a large impact on European biogeography. Alternation of cold and warm stages caused recurrent glaciations, massive vegetation shifts, and large-scale range alterations in many species. The Eurasian steppe biome and its grasslands are a noteworthy example; they underwent climate-driven, large-scale contractions during warm stages and expansions during cold stages. We evaluate the impact of these range alterations on the late Quaternary demography of several phylogenetically distant plant and insect species that are typical of the Eurasian steppes, and for which large SNP datasets were available. We compare pre-defined explicit evolutionary hypotheses by applying an approach using convolutional neural networks for model selection, and approximate Bayesian computation for parameter estimation. We identified congruent demographic responses of cold stage expansion and warm stage contraction across all species, but also species-specific effects. The demographic histories resolved by our models reflect major paleoecological turning points that have impacted the Eurasian steppe biome in the late Quaternary. Our findings highlight that the late Quaternary climate was the driving force underlying patterns of genetic variance on the biome level.

The arrival of *Ambrosia psilostachya* DC. in Europe – population genetic structuring and diversity

Matthias Kropf¹, Rea M. Hall¹, Valérie Le Corre² & Gerhard Karrer¹

¹ University of Natural Resources and Life Sciences Vienna, Vienna, Austria

² INRA, UMR1347 Agroécologie, Dijon, France

Western Ragweed (*Ambrosia psilostachya* DC.) is native to North America and widely naturalized throughout Europe. Like *A. artemisiifolia* its pollen can cause allergic reactions in humans. However, different from Common Ragweed this *Ambrosia* species is perennial with strong clonal reproduction by root sprouts. Therefore, *A. psilostachya* could also invade less suitable (northern) areas, where *A. artemisiifolia* as annual, late-flowering species is unable to establish. To study process and patterns of spreading of Western Ragweed, we sampled 60 populations throughout Europe and analyzed population genetic structure and diversity based on 15 microsatellite loci primarily developed for *A. artemisiifolia* (Meyer et al. 2017), but transferable to our study species. 955 individual samples analyzed represent 792 unique multilocus genotypes. 33 populations had at least one monomorphic locus, and significant clonal structures were identified in 55.7% of all populations. Therefore, we also calculated a clone-corrected data set, which e.g. indicated negative significant correlation of mean populational H_o (ranging from 0.28 to 0.75) with latitude. Spatial structuring of genetic variation using Bayesian Clustering identified six groups, largely corresponding to six pre-defined regions located around important trading harbours, which might have acted as independent doors to Europe for *A. psilostachya*. AMOVA showed that 10.4% of genetic variation occurred among these regions, while about 40% of the genetic variation was found among populations within regions. Especially, when analyzing the distribution of specific clones in detail, common post-introductory local expansions could be traced, while long-distance (max. 170 km) shoot fragment dispersal seems to be rare.

Reference:

Meyer L, Causse R, Pernin F et al. 2017. New gSSR and EST-SSR markers reveal high genetic diversity in the invasive plant *Ambrosia artemisiifolia* L. and can be transferred to other invasive *Ambrosia* species. PLoS ONE, 12(5), e0176197.

Approximate Bayesian computation untangles signatures of contemporary and historical hybridization between two endangered species

Lukas Metzger¹, Hannes Dittberner², Juliette de Meaux² & Aurelien Tellier¹

¹ *Department of Life Science Systems, Technical University of Munich, Freising, Germany*

² *Institute of Plant Sciences, University of Cologne, Cologne, Germany*

Contemporary gene flow, when resumed after a period of isolation, can have crucial consequences for endangered species, as it can both increase the supply of adaptive alleles and erode local adaptation. Determining the history of gene flow and thus the importance of contemporary hybridization, however, is notoriously difficult. Here, we focus on two endangered plant species, *Arabis nemorensis* and *A. sagittata*, which hybridize naturally in a sympatric population located on the banks of the Rhine. Using reduced genome sequencing, we determined the phylogeography of the two taxa but report only a unique sympatric population. Molecular variation in chloroplast DNA indicated that *A. sagittata* is the principal receiver of gene flow. Applying classical D-statistics and its derivatives to whole-genome data of 35 accessions, we detect gene flow not only in the sympatric population but also among allopatric populations. Using an Approximate Bayesian computation approach, we identify the model that best describes the history of gene flow between these taxa. This model shows that low levels of gene flow have persisted long after speciation. Around 10 000 years ago, gene flow stopped and a period of complete isolation began. Eventually, a hotspot of contemporary hybridization was formed in the unique sympatric population. Occasional sympatry may have helped protect these lineages from extinction in spite of their extremely low diversity.

A new locally endemic species of *Euphorbia* sect. *Esula* (Euphorbiaceae) from Steinfeld, Lower Austria

Anna Moretti, Clemens Pachschwöll, Pavel Kúr & Gerald M. Schneeweiss

Department of Botany and Biodiversity Research, University of Vienna

A species of *Euphorbia* sect. *Esula* (Euphorbiaceae) is reported from Austria as new to science. This species is restricted to the primary steppe of Steinfeld in Lower Austria, which are edaphically characterized by calcareous gravel deposits, transported by the alpine river Piesting during the cold-warm cycles of the Pleistocene. RAD sequencing data analysis revealed that the Austrian plants, previously considered to belong to *E. caesia*, are phylogenetically clearly distinct from the Euro-Siberian populations of *E. caesia*, thus, supporting the recognition of the Austrian populations as an independent species. Molecular, morphological and flow cytometric data of the Austrian spurge indicate introgression between the Austrian species and the sympatric *E. esula* and *E. cyparissias*. The anthropogenic fragmentation and modification (forestation, disturbance along road sides etc.) of the primary steppes of Steinfeld has facilitated these inter-specific hybridisations and, hence, the risk of genetic swamping of the new species by more common spurge relatives. Asymmetrical hybridization may drive the endangered and endemic new species to extinction, therefore preserving its natural habitat is of utmost importance for managing conservation concerns.

Asymmetrical, but rare backcrossing in *Diphasiastrum* × *issleri* in the province of Salzburg

Flavia Domizia Nardi¹, Ralf Schwab², Juraj Paule³, David Schnölli¹, Thomas Gregor⁴, Andreas Tribsch¹

¹ Department of Environment and Biodiversity, University of Salzburg

² Statteg, Austria

³ Botanischer Garten und Botanisches Museum Berlin, Freie Universität Berlin

⁴ Department of Botany and Molecular Evolution, Senckenberg Research Institute and Natural History Museum Frankfurt

Diphasiastrum × *issleri* (Rouy) Holub (Lycopodiaceae) is one of the six continental European species of *Diphasiastrum*. It was recognised as the allohomoploid hybrid between *D. alpinum* and *D. complanatum*. Even though *D. × issleri* is widespread within Europe, it is not fully clear whether it can be considered an autonomously reproducing species (Hanušová et al. 2014), or rather the result of frequent local hybridisation events (Schnittler et al. 2019). Interestingly, *D. × issleri* has become recently more common in secondary habitats, mainly forest road and skiing slopes in the province of Salzburg. Using flow cytometry we estimated ploidy of 437 individuals from 219 mostly Central-European populations (province of Salzburg; Schwab 2017) of *D. alpinum*, *D. complanatum* and *D. × issleri*, and we apply amplified fragment lengths polymorphisms (AFLPs) fingerprinting in order to clarify the hybrid status of *D. × issleri*. Most individuals were diploid, but a few triploids (8 *D. × issleri*, 2 *D. complanatum*, and 2 *D. alpinum*) were found. Structure, NewHybrids and Interclass Heterozygosity analyses based on AFLPs recognised most of our samples of *D. × issleri* as first-generation hybrids (F1). On the contrary, only three individuals were identified as F2, six as backcrosses to *D. complanatum*, and one as backcross to *D. alpinum*. Both the latter and the F2 individuals were either triploids or of unknown ploidy. Overall, our results show that *D. × issleri* does not constitute an autonomously reproducing species, even though sporadic asymmetrical backcrossing mostly to the rare *D. complanatum* does occur. Our results are also relevant for the conservation strategy of *Diphasiastrum* species and gives new insight in the biology of these “ancient lycopods”.

References:

Hanušová K, Ekrt L, Vít P, et al. (2014). PLoS One 9:e99552

Schwab R (2017). Stapfia 0107: 51–118.

Schnittler M, Horn K, Kaufmann R, et al. (2019). Mol Phylogenet Evol 131:181–192.

Verwendung von Biodiversitätsdaten in der Naturschutzpraxis

Günther Nowotny^{1,2}, Helmut Wittmann^{2,3}, Peter Pils², Georg Pflugbeil^{1,2,3} & Peter Kaufmann³

¹ *Amt der Salzburger Landesregierung – Naturschutz*

² *sa/bot/ag*

³ *Haus der Natur*

Die Anforderungen an naturschutzbehördliche Verfahren haben in den letzten Jahren erheblich zugenommen, wozu EU-rechtliche Vorgaben wesentlich beigetragen haben. Insbesondere Fragen des Lebensraum- und Artenschutzes kommt große Bedeutung zu. Damit steigen auch die Anforderungen an die Amtssachverständigen, die zwar bis zu einem gewissen Grad naturschutzfachliche „Allrounder“ sein müssen, aber in der Regel nur in Teilgebieten über Spezialwissen verfügen (können). Dazu kommt eine jahreszeitliche Abhängigkeit bei erforderlichen Begutachtungen im Gelände. Um dem gesetzlichen, politischen und gesellschaftlichen Anspruch auf zügig abzuwickelnde Verfahren entsprechen zu können, bedarf es daher einer umfassenden, fundierten und möglichst aktuellen Datenbasis. Der amtliche Naturschutz im Land Salzburg ist daher seit einigen Jahrzehnten bemüht, umfassende Datengrundlagen zu erstellen und in erster Linie für die behördliche Arbeit, aber auch für Projektwerber und die interessierte Öffentlichkeit zur Verfügung zu stellen. Sie dienen aber auch anderen Zwecken, wie beispielsweise dem Schutzgebietsmanagement, dem Vertragsnaturschutz, der Bewusstseinsbildung oder für die Erfüllung von Berichtspflichten und wissenschaftliche Fragestellungen. Organisatorisch und verwaltungstechnisch sind diese Grundlagen in der Informationsebene Naturschutz (INS) zusammengefasst. Zu den ältesten Bestandteilen zählt das mittlerweile vollständig digitalisierte Naturschutzbuch (Schutzgebietsinventar). Von 1992 bis 2008 wurde im gesamten Bundesland eine selektive Biotopkartierung im Maßstab 1:5.000 durchgeführt, bei der 84.430 Biotope erfasst wurden. 2013 wurde mit einer Revision auf Basis eines überarbeiteten Kartierungskonzepts begonnen, bei der bisher der Flach- und Tennengau sowie die Stadt Salzburg und die Gemeinde Weißbach bei Lofer kartiert wurden. Der zugehörige Biotoptypenkatalog basiert auf der Roten Liste der Biotoptypen Österreichs, dazu wurden als Handreichung für die Anwendung 2017 Biotoptypen-Steckbriefe erstellt und in der Folge weiterentwickelt. Seit einiger Zeit wird auch eine Ausgleichsmaßnahmendatenbank (Ausgleichs- und Ersatzmaßnahmen) aufgebaut. Eine weitere wesentliche Säule stellt die Biodiversitätsdatenbank dar, die am Haus der Natur angesiedelt ist und dort betreut wird. Hier werden Verbreitungsdaten zu Pflanzen-, Tier- und Pilzarten gesammelt. Die wichtigste Datenquelle stellt dabei die – in der Regel – ehrenamtliche Kartierungstätigkeit der wissenschaftlichen Arbeitsgemeinschaften am Haus der Natur dar, durch die für viele Organismengruppen mittlerweile ein sehr guter Kenntnisstand für das Bundesland Salzburg besteht. Durch moderne, auf Smartphones installierte Kartierungsapplikationen (z.B. ObsMapp) erfuhr der Datenzustrom in den letzten Jahren einen enormen Aufschwung. Citizen-Science-Daten werden dabei von Experten des Hauses der Natur bzw. der Arbeitsgemeinschaften validiert. Alle Biodiversitätsdaten können aufgrund der geographischen Verortung mit dem SAGIS (Salzburger Geographisches Informationssystem) verknüpft werden und stehen damit der Behörde und anderen Nutzern in einer überaus praktikablen Form zur Verfügung. Für die Weiterentwicklung dieses Naturschutz-Datenschatzes sind gezielte Erhebungen auf Landesebene notwendig, insbesondere für gefährdete Arten als Grundlage für aktuelle Rote Listen und darauf aufbauend für einen zeitgemäßen Artenschutz.

Pervasive hybridization and adaptive radiation

Teerna Saugata Khastgir^{1,2}, Gil Yardeni¹, Clara Groot Crego^{1,2}, Michael Barfuss¹, Thibault Leroy^{1,3} & Ovidiu Paun¹

¹ *Department of Botany and Biodiversity Research, University of Vienna, Austria*

² *Vienna Graduate School of Population Genetics, Vienna, Austria*

³ *IRHS-UMR 1345, Université d'Angers, INRAE, Institut Agro, France*

Hybridization and introgression are often cited as evolutionary drivers of speciation and adaptation, and they contribute to biodiversity increase. Evolutionary radiations, defined as the generation of a large number of species within a particular clade, often happen over a short time and are associated with colonization of an array of ecological niches. Here we will explore the frequency and potential evolutionary importance of hybridization within two plant radiations. First, we will report on the contribution of hybridization to the phenotypic variation and the ecological breadth within a young radiation of 30 closely-related New Caledonian persimmon species (*Diospyros*; Ebenaceae). These species recurrently adapted within the last million generations to different substrates, including extremely challenging soils, such as serpentine and ultramafic substrates. Second, we will focus on the evolutionary history of the highly diverse and rapidly radiating *Tillandsia* subgenus *Tillandsia* (Bromeliaceae). So far, phylogenetic resolution has been lacking for this group, which is thought to have diversified within the last 3 million years during its expansion from South America into Central America. Using whole-genome resequencing data and recently-developed analytical frameworks we inferred relationships between species and uncover pervasive hybridization in both systems. We finally discuss the possible contribution of hybridization to adaptive trait shifts during these radiations.

Mikrokosmos am Acker: Ein bryologischer Streifzug durch die Steiermark

Pörtl Martina¹ & Berg Christian²

¹ Studienzentrum Naturkunde Universalmuseum Joanneum, Weinzöttlstraße 16, 8045 Graz

² Institut Biologie, Universität Graz, Holteigasse 6, 8010 Graz

Durch die Intensivierung der landwirtschaftlichen Nutztechniken über die letzten Jahrzehnte, ist die Begleitflora von Ackerstandorten großflächig stark verarmt. Laut Literatur zeichnet sich ein ähnliches Bild für die Ackermoose ab, viele Arten sind in ganz Mitteleuropa stark rückgängig oder gelten bereits als verschollen. Im Zuge unserer Forschungstätigkeiten rund um die kleine Lebermoosgattung *Riccia* sind wir seit 2018 regelmäßig auf Ackerstandorten in der Steiermark unterwegs. Es zeigt sich, dass zumindest das Steirische Riedelland mit seiner hohen Strukturvielfalt als eine Art Refugium für seltene Ackermoose dient. Besonders Äcker mit schweren Lehm Böden in luftfeuchten, engen Tallagen beherbergen viele verschiedene Moosarten, unabhängig von ihrer Bewirtschaftungsweise. Neben einigen Nachweisen der FFH-Art *Notothylas orbicularis*, konnten an mehreren Ackerstandorten weitere gefährdete Hornmoosarten sowie seltene, oft kurzlebige Leber- und Laubmoosarten nachgewiesen werden. Die Ausweisung von Äckern zu Schutzgebieten ist in weiter Ferne. Der Vortrag soll einerseits zeigen, dass Teile der Steiermark Hotspots für in ganz Mitteleuropa bedrohte Acker-Moosarten sind und gleichzeitig aufzeigen, wie dringend naturschutzfachliche Bemühungen notwendig sind, um diese Arten weiterhin halten bzw. fördern zu können. Die Nutzungsaufgabe kleiner Ackerflächen und der schnelle Umbruch der abgeernteten Felder stellen in dem Gebiet die größten Gefährdungsursachen dar.

Auswirkungen von Restaurationsmaßnahmen auf verschiedene Wiesentypen im Lainzer Tiergarten im ersten Jahr nach erfolgter Entbuschung und geregelter Mahd

Sigrid Redl & Gerhard Karrer

Department für Integrative Biologie und Biodiversitätsforschung, Universität für Bodenkultur Wien

Extensiv genutztes Grünland wird immer seltener in Österreich und Europa, durch Nutzungsaufgabe, oder Nutzungsintensifikation. 1999 wurde in fünf verschiedenen Wiesentypen im Lainzer Tiergarten ein Projekt zur Untersuchung unterschiedlicher Mahdintensitäten (keine Mahd (Nutzungsaufgabe), Mahd in jedem zweiten Jahr, jährliche Mahd) auf die Vegetation eingerichtet. Die Ergebnisse dieses 20-jährigen Versuches sind unter anderem bei Lepusch 1998, Angeringer 2007, Angeringer & Karrer 2008, Angeringer & Karrer 2012, Kößl 2017, Bing 2000 nachzulesen. Im Februar 2020 wurde ein Restaurationsprojekt eingeleitet und bestehende Gehölzgruppen mechanisch entfernt, sowie eine jährliche Mahd für alle Untersuchungsvarianten eingeführt. Die Reaktion der Vegetation im Zuge dieser massiven Eingriffe ist Hauptthema dieses Berichts. Die Anzahl an Gefäßpflanzen erhöht sich in allen Vegetationstypen und bei allen Mahdintensitäten, vor allem jedoch in den vorher 20 Jahre lang nicht mehr gemähten sowie in jenen Versuchspartzen, die nur jedes 2. Jahr gemäht wurden. Die Erhöhung der Artenzahl sowie ein Anstieg der Beta Diversität sind durch die Wiederentdeckung verlorengegangener Arten, durch Immigration vorher nie dagewesener Arten und zu einem nicht vernachlässigbaren Teil auch durch Verunkrautung mit allgegenwärtigen Ruderalarten zu erklären (wie *Sonchus asper*, *Solanum nigrum*, *Cirsium vulgare*, *Galeopsis tetrahit*). Im ersten Jahr sind vor allem jene nie gemähten Flächen von Störungs-Effekten gekennzeichnet, welche durch das hohe Auftreten an R-Strategen (*Senecio vulgaris*, *Lactuca serriola*, *Vicia hirsuta*, *Erigeron canadensis*) indiziert werden. Tatsächliche Zielarten der jeweiligen Wiesentypen werden nur vereinzelt beobachtet. In dieser mehrjährigen Arbeit soll unter anderem untersucht werden, ob durch die Wiedereinführung einer regelmäßigen Mahd die Verunkrautung zu Gunsten der zuvor verschwundenen Zielarten zurückgedrängt werden kann.

Telling lies to flies - deceptive strategies in *Aristolochia* trap-flowers

**Thomas Rupp¹, Birgit Oelschlägel², Hafez Mahfoud², Torsten Wenke², Katharina Rabitsch^{1,3},
Daniele Buono², Stefan Schulz⁴, Chiara Cabrele¹, Regina Berjano⁵, R. Henry L. Disney⁶,
Gerhard Bächli⁷, Jindřich Roháček⁸, Andreas Stark⁹, Michael von Tschirnhaus¹⁰, Christoph Neinhuis²,
Stefan Wanke² & Stefan Dötterl¹**

¹ Department of Environment and Biodiversity, Paris Lodron University of Salzburg, Salzburg, Austria

² Institut für Botanik, Technische Universität Dresden, Dresden, Germany

³ Institut für Biologie, Universität Graz, Graz, Austria

⁴ Institut für Organische Chemie, Technische Universität Braunschweig, Germany

⁵ Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Sevilla, Sevilla, Spain

⁶ Department of Zoology, University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom

⁷ Institut für Evolutionsbiologie und Umweltwissenschaften, Universität Zürich-Irchel, Zürich, Switzerland

⁸ Slezské zemské muzeum (Silesian Museum), Opava, Czech Republic

⁹ Zentralmagazin Naturwissenschaftliche Sammlungen (ZNS), Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle an der Saale, Germany

¹⁰ Biologische Sammlung, Fakultät Biologie, Universität Bielefeld, Bielefeld, Germany

Deceptive flowers trick pollinators into visiting them by advertising a reward, which they do not provide. Numerous deceptive plants are pollinated by Diptera and rely on floral scent for attracting these insects. Apart from sapromyophilous pollination systems, the chemical ecology of such interactions remains largely unstudied. We worked on seven Mediterranean *Aristolochia* species (Aristolochiaceae), which are pollinated by the dipteran families Phoridae, Drosophilidae and Chloropidae. Their sophisticated trap flowers temporarily imprison the pollinators and release them loaded with pollen. To resolve the mechanisms of pollinator attraction and deceptive strategies, we identified pollinators and applied chemical-analytical methods, chemical synthesis, electroantennography, and behavioral field assays. We show that the floral scent blends differ strongly among the studied species and consist of only a small number of compounds, including widespread, rare, and novel floral volatiles. The scents of the different *Aristolochia* species resemble fermenting fruits (acetoin and derivatives), alarm pheromones of bugs (aliphatic esters), invertebrate carrion (sulfides and pyrazines), as well as possibly sex pheromones of Phoridae (known and novel aliphatic compounds). Our results suggest that the studied *Aristolochia* species exploit various deceptive strategies, including chemical mimicry of food-sources of (kleptoparasitic) flies, oviposition sites, and possibly sexual deception.

Conservation project: Protection of red list species of lichens in endangered habitats in Upper Austria (part II)

Ulrike Ruprecht, Veronika Pfefferkorn-Dellali, Robert Reiter & Roman Türk

Department of Environment & Biodiversity, Paris Lodron Universität Salzburg

Lichens have already become very rare in large areas of Austria. In order to protect the last remaining species-rich sites, the Upper Austrian provincial government funded a second species protection project (2018 - 2022), unique for Central Europe in its scope.

The investigation sites were located in the “Mühlviertel” in the northern Bohemian Mass shaped by granite boulders in colline and montane areas and in the south, in the montane and subalpine areas of the northern margin of the Alps.

The hotspots of the most endangered species - that were found in surprisingly high diversity and good condition - were:

- (1) Remote areas at the “Mühlviertel” with mainly soil dwelling fruticose lichens (e.g. reindeer lichens) in light pine forests and saxicolous species-rich lichen communities on various rock formations.
- (2) Extensive and unsettled, humid heads of valleys in the Alps with rare epiphytic lichens in more or less natural forests (e.g. *Lobaria pulmonaria*, *Sticta fuliginosa*).

The retreat areas are being placed under protection by the Upper Austrian provincial government in order to maintain interconnected ecosystems and thus ensure the preservation of endangered species for the future.

Bestandsvermehrung von *Waldsteinia ternata* ssp. *trifolia* im Lippitzbachgraben bei Ruden (Kärnten)

Felix Schlatti¹ & Klaus Krainer²

¹ Landesmuseum für Kärnten, Kärntner Botanikzentrum

² Arge NATURSCHUTZ, Klagenfurt

Waldsteinia ternata ssp. *trifolia* kommt nur an wenigen Fundpunkte in der Slowakei, Rumänien, Slowenien und Südost-Kärnten vor. Zwischen den einzelnen Teilarealen bestehen Unterschiede in der Chromosomenzahl. Tetraploide ($2n = 28$), pentaploide ($2n = 35$) und hexaploide ($2n = 42$) Populationen sind bekannt (TEPPNER 1968). An allen Standorten Kärntens wächst die Art in luftfeuchten, tiefen Tälern oder Schluchten. Die Fundpunkte sind sehr kleinflächig (max. 100 m²) und die Pflanzen teilweise wenig vital. Der Bestand im Lippitzbachgraben wurde erst 1973 entdeckt, liegt fast direkt in Bachnähe und beschränkt sich auf ca. 30 m². Die flächige Ausdehnung hat sich seit den Angaben von MAURER et al. (1974) nicht verändert. In den Jahren 2020 und 2021 wurde die Population um insgesamt 180 autochthone Individuen erweitert. Die insgesamt 31 Standorte verteilen sich auf einer Länge von 200 Metern oberhalb und unterhalb der Originalstelle. Bei der Standortauswahl wurden generell Plätze gewählt, die dem Originalfundort ähneln. Um dennoch eine möglichst große standörtliche Vielfalt abzudecken, wurden die Setzlinge mehr oder weniger bachnahe sowie in steileren und weniger steilen Flächen ausgebracht. Die Bodenverhältnisse unterscheiden sich ebenso und variieren im Grad der Durchwurzelung, der Laubbedeckung und der Bodenart. Bei Monitorings 2021 und 2022 wurde der Zustand und die Individuenzahl genau protokolliert. 2022 waren noch 144 Individuen am Leben. Sieben von ihnen zeigten erste Blüten.

Literatur:

MAURER W., PAGITZ W. & TEPPNER H. (1974): Ein weiterer Fund von *Waldsteinia ternata* (Rosaceae) in Kärnten. – Carinthia II 164/84: 245–247.

TEPPNER H. (1968): Zur Kenntnis der Gattung *Waldsteinia*. – Dissertation, Graz. 129 pp. 39 pl.

No longer “cryptic” – genomic evidence for deciduous forest refugia in the Alps, Carpathians and northern Apennines

Camille Voisin^{1,2}, Philipp Kirschner¹, Eliška Závěská³, Božo Frajman¹, Pau Carnicero¹ & Peter Schönswetter¹

¹ Department of Botany, University of Innsbruck, Innsbruck, Austria

² Université Grenoble Alpes, Grenoble, France

³ Institute of Botany of the Czech Academy of Sciences, Pruhonice, Czech Republic

During cold stages of the Pleistocene, temperate forests were restricted to small favorable areas. To date, refugia were identified in southern, central and southeastern Europe. Triggered by Holocene climatic warming, post-glacial re-colonization shaped the current genetic diversity and structure. However, while tree and alpine species were intensively studied, only little is known about the phylogeography of forest understory herbs. This is due to the low number of available studies, the low resolution of the used markers, and a focus on a few species. The few available studies suggest refugia to be mostly congruent with those of their associated tree species, but also unraveled a high level of idiosyncrasy in terms of current geographical distribution. We reconstructed the glacial and postglacial biogeographic history of *Aposeris foetida*, *Cardamine trifolia*, *Euphorbia carniolica* and *Hacquetia epipactis*, four forest herbs strongly associated with beech, the most abundant deciduous tree of temperate Europe. The ranges of these three species are characterized by geographic disjunctions; further, they only cover a fraction of the distribution range of beech, which can be explained by incomplete range filling due to lower migration rates and/or narrower ecological amplitudes as compared to the associated tree species. Our study is based on highly resolving Restriction site associated DNA sequencing, which enabled us to work with thousands of SNPs, and to explore the genetic structure of these three beech forest understory species with spatially and temporally explicit demographic models. While current distributions are mainly idiosyncratic, we found a shared pattern in terms of glacial refugia history. The genetic structure (private alleles, genetic diversity, genetic clustering) associated with explicit modelling suggest that beech forests and associated plants have survived the last glaciation in multiple Southern Alpine refugia, but also at the northeastern margin of the Eastern Alps and in the Carpathians. These numerous refugia have allowed beech forest to colonize Europe rapidly after the Last Glacial Maximum, and not only from the extreme south of Europe. Obviously, this finding strongly bears on Reid's paradox of previously unrealistically fast migration of tree species in Europe.

Ergebnisse aus dem Projekt „Vegetationskartierung auf ausgewählten Flächen des Nationalparks Hohe Tauern“

**Oliver Stöhr¹, Christoph Langer¹, Sonja Latzin², Markus Staudinger³, Evelyn Brunner¹,
Susanne Gewolf¹, Andreas Nemmert¹ & Mario Lumasegger¹**

¹ Revital Integrative Naturraumplanung GmbH, Nussdorf 71, 9990 Nussdorf-Debant

² Premlechnergasse 2/15, 1120 Wien

³ Arge Vegetationsökologie und Landschaftsplanung Technisches Büro, Theobaldgasse 16, 1060 Wien

In den Jahren 2020 und 2021 wurden im Auftrag des Sekretariats des Nationalparkrates Hohe Tauern flächendeckende Vegetationskartierungen im Seebachtal (Kärnten), Wildnisgebiet Sulzbachtäl (Salzburg) und Innergschlöss (Tirol) durchgeführt. Die Ergebnisse dienen als Grundlage für das großangelegte Projekt „Monitoring- und Forschungsprogramm zur langfristigen Ökosystembeobachtung im Nationalpark Hohe Tauern“. Auf einer Gesamtflächengröße von rd. 158 km² wurden unter Anwendung einer an die amtliche Biotopkartierung Salzburg angelehnten Erfassungsmethode 3.258 Biotopflächen erhoben. 2.612 Biotopflächen (103,3 km²) wurden durch eine Vor-Ort-Erhebung erfasst, das entspricht einem Anteil von über 80 % der Biotope bzw. über 65 % der Gesamtfläche. Insgesamt wurden 143 unterschiedliche Biotoptypen kartiert, wobei geomorphologisch geprägte Biotoptypen wie Felsen und Schutthalden aber auch Gletscher mit fast 58 % den größten Gesamtflächenanteil besitzen. Dahinter rangieren Hochgebirgsrasen inklusive der Polsterfluren und Rasenfragmente sowie Schneeböden mit 21 % sowie Wälder inkl. der Latschen- und Grünerlengebüsche mit 10,5 % Gesamtflächenanteil. Weiters wurden 25 FFH-Lebensraumtypen sowie 11 Subtypen von FFH-Lebensraumtypen erfasst. 145,3 km² wurden einem FFH-Lebensraumtyp zugeordnet, das entspricht fast 91,7 % der Gesamtkartierfläche. 78,8 % der erfassten Lebensraumflächen wurden mit Erhaltungsgrad A („sehr gut“) eingestuft, 3,2 % mit B („gut“) und 18,0 % mit C („mäßig bis schlecht“). Über 1.025 Referenzaufnahmen wurden 34.804 Datensätze von insgesamt 786 Pflanzenarten (inkl. Unterarten) erhoben, die in den Datenbestand der am Haus der Natur Salzburg verwalteten Biodiversitätsdatenbank einfließen. Zudem wurden 126 Vorkommen von 22 besonders wertgebenden, d.h. seltenen oder gefährdeten Pflanzenarten punktgenau kartiert. Besondere Pflanzennachweise sind dabei Funde von *Myricaria germanica* im Seebachtal, *Sparganium angustifolium* im Obersulzbachtal oder *Salix glaucosericea* im Innergschlöss.

Relationships between populations of the *Onobrychis viciifolia* aggregate

Anna Seidl, Karin Tremetsberger & Karl-Georg Bernhardt

Institute of Botany, University of Natural Resources and Life Sciences, Vienna, Gregor-Mendel-Straße 33, 1180 Vienna

In the course of FWF project I 3002 ("Biogeography of the Eurasian steppe belt"), populations of *Onobrychis arenaria* (Kit.) DC., *O. montana* DC., *O. viciifolia* Scop. and *O. petraea* (M.Bieb. ex Willd.) Fisch. (as outgroup) were investigated genetically and cytometrically. The main objective of the work was to investigate the spatiotemporal unfolding of *O. arenaria* in the context of steppe evolution. We employed genotyping by sequencing (GBS) to genotype plants and determined their ploidy level by flow cytometry. The species group comprises at least three spatially separated major groups of mainly diploid populations of *O. arenaria*, namely (1) a group from Crimea (sister group to all other populations in the species group); (2) an Asian group consisting of two subgroups: (2a) a subgroup from the area east of the Ural Mountains and (2b) a subgroup that extends from Middle Asia to Mongolia; and (3) a group from the Alps, again with two subgroups: (3a) a subgroup from Austria [Weinitzen bei Oberschütt (subsp. *arenaria*) and Heiligenblut (subsp. *taurica*)] and (3b) a subgroup from Switzerland (Valais; subsp. *arenaria*). Further diploid core groups might be revealed by more intensive sampling. The remaining populations of *O. arenaria* are tetraploid. They are "laddered" between diploid core groups in the phylogenetic tree, indicating abundant hybridisation during their evolution. The few studied populations of *O. montana* and *O. viciifolia* are among these tetraploid transitional populations of *O. arenaria*. Triploid individuals are common throughout and indicate gene flow between the diploid and tetraploid populations.

***Gentiana brentae* neu für Österreich und die Limitierung von DNA-Barcoding bei der Bestimmung von nah verwandten Pflanzenarten**

Andreas Tribsch, Matthias Affenzeller, Annette Wimmer, Raphael Schallegger, Andrea Rimböck, Karin Moosbrugger & Flavia Domizia Nardi

Fachbereich für Umwelt und Biodiversität, Paris Lodron Universität Salzburg PLUS

Gentiana sect. *Calathianae*, die kleinen “Frühlingsenziane” sind mit ca. 22 Taxa vor allem in den Europäischen Gebirgen beheimatet mit einem Diversitätsschwerpunkt in den Alpen. Obwohl die bekannte Pflanzengruppe als taxonomisch gut bearbeitet gegolten hatte wurde 2008 (Prosser & Bertolli, 2008) mit *Gentiana brentae* eine endemische Art der Ostalpen (Gruppo di Brenta) neu beschrieben, die nun auch in Österreich in den Radstädter Tauern nachgewiesen worden konnte. Bei der adaptiven Radiation der sect. *Calathianae* in den Alpen (mit sieben bis neun Alpischen Endemiten) haben vermutlich viele Faktoren eine Rolle gespielt: 1) Die Anpassung an spezifische alpine Lebensräume in eiszeitlichen Refugien, 2) Dysploidie und Aneuploidie, 3) starke Variation der Genomgrößen und 4) vermutlich auch hybridogene Evolution.

DNA-Barcoding hat in den letzten Jahren als neue Methodik/Technologie taxonomische und biosystematische Forschung in vielen Organismengruppen beflügelt. Bei Pflanzen ist die Technologie allerdings nur begrenzt erfolgreich einsetzbar. *Gentiana brentae* und die verwandten Arten der sect. *Calathianae* (*G. bavarica* subsp. *bavarica*, *G. bavarica* subsp. *subacaulis*, *G. brachyphylla*, *G. terglouensis*, siehe z.B. Favre et al., 2020) sind mit morphologischen und anderen molekulargenetischen Methoden weitgehend gut erfassbar und bestimmbar, DNA-Barcoding alleine erlaubt allerdings keine sichere Bestimmung. Wie auch schon bei anderen Artengruppen gezeigt wurde, ist die sichere Artbestimmung mittels DNA-Barcoding dann schwierig, wenn retikulate Evolution oder karyologische Änderungen wesentliche Faktoren der Artbildung waren.

References:

- Prosser F & Bertolli A (2008). Willdenowia 38: 423-431.
Favre A et al. (2020). Taxon 69: 1221-1238.

The *Pulsatilla vulgaris* s.l. puzzle – what can genetic data tell us?

Aneta Tröglerova¹ & Martin Pfosser²

¹ *Department of Botany, Charles University, Prag, CZ*

² *Biologiezentrum Linz, OÖ. Landes-Kultur GmbH, Linz, AT*

In the Austrian provinces north of the Alps, the tetraploid *Pulsatilla vulgaris* s.l. complex is represented by the taxa *P. grandis* (Lower Austria), *P. vulgaris* (Lower and Upper Austria), and *P. oenipontana* (Tyrol). The classification of these taxa at species rank has been a matter of debate and hybridization among the groups has been shown to occur both experimentally and in situ.

To investigate genetic differentiation within and among taxa and populations, chloroplast DNA and nuclear ribosomal DNA regions have been sequenced. Furthermore, microsatellite and SNP-data from NGS have been evaluated from 12 populations comprising 96 individuals.

Phylogenetic data do not show evidence for a split into the three species mentioned above. Instead, different chloroplast haplotypes are found within single populations but in many cases do not show species-specific distributions. Allelic composition of populations based on microsatellite data shows overlapping genetic structures among most of the populations except for genetically depauperated populations.

Die Biodiversitätsdatenbank am Haus der Natur (Salzburg) – ein spannendes Tool zur Analyse von Arealveränderungen

H. Wittmann¹, P. Pils², G. Pflugbeil³, P. Kaufmann⁴ & G. Nowotny⁵

¹ Haus der Natur, Salzburg, Museumsplatz 5, 5020 Salzburg, e-mail: wittmann@ifoe.net

² Wasserfeldstraße 7/5, 5020 Salzburg, e-mail: peter.pils@sbg.ac.at

³ Carl-Orff-Straße 1, 5020 Salzburg, e-mail: georg.pflugbeil@gmx.at

⁴ Haus der Natur, Salzburg, Museumsplatz 5, 5020 Salzburg, e-mail: peter.kaufmann@hausdernatur.at

⁵ Amt der Salzburger Landesregierung, Naturschutz, e-mail: guenther.nowotny@salzburg.gv.at

Seit ca. 20 Jahren werden im Bundesland Salzburg Daten über die Flora und Fauna in der sogenannten Biodiversitätsdatenbank am Haus der Natur gesammelt und verwaltet. Von Anfang an war das Konzept dieser Datenbank auf eine punktgenaue Erfassung der jeweiligen Funde ausgerichtet. Um auch ältere und zum Teil unpräzise Fundortangaben verwalten zu können, wurden diese mit einer entsprechenden Unschärfe gespeichert. In jüngerer Zeit erfolgt die Kartierung der Flora und Fauna zum weitaus überwiegenden Teil mit dem Smartphone unter Verwendung des Kartierungstools ObsMapp von Observation.org. Diese Fundmeldungen sind über die Verortung des Smartphones automatisch mit genauen Koordinaten versehen.

In Hinblick auf eine Auswertung der Funddaten unter Berücksichtigung einer zeitlichen Komponente war zu erwarten, dass sich Ausbreitungs- und Etablierungstendenzen von Neophyten gut und vergleichsweise exakt nachvollziehen lassen. Dies ist auch bei vielen Arten der Fall, so kommen Ausbreitungsrouten und Etablierungsmuster (zum Beispiel entlang von Straßen) deutlich zum Ausdruck. Bemerkenswert war jedoch, dass sich auch Rückgangstendenzen von heimischen Arten gut dokumentieren lassen, und zwar nicht nur von den wirklich gefährdeten Pflanzenarten, sondern auch bei relativ weit verbreiteten Ubiquisten. Das Überraschendste war jedoch, dass heimische Arten in - aus biologischer Sicht extrem kurzen Zeiträumen - ihr Areal verändern und sich zum Teil recht deutlich ausbreiten. Anhand einer Reihe von Beispielen werden derartige Arealveränderungen dargestellt und diskutiert. Dabei wird auch die Frage der vermeintlichen Konstanz von Pflanzenarealen behandelt. Auch auf die Ursachen, sei es die Klimaerwärmung, sei es die Ausbreitung von Menschen geschaffener neuer ökologischer Nischen, wird im Vortrag eingegangen. Da in der Biodiversitätsdatenbank auch zahlreiche zoologische Daten digital archiviert werden, lassen sich Vergleiche mit der Tierwelt ziehen, die ebenfalls in der festgestellten Art und Weise nicht zu erwarten waren.

Die Bestäubung von *Cyclamen hederifolium* und *Cyclamen purpurascens*: „Unsichtbaren“ Bestäubern von Zykamen auf der Spur

Kurt Zernig & Ilse Wendelin

*Universalmuseum Joanneum, Studienzentrum Naturkunde, Botanische und Mykologische Sammlung,
Weinzöttlstraße 16, 8045 Graz; E-Mail: kurt.zernig@museum-joanneum.at*

Cyclamen purpurascens ist im Alpenraum weit verbreitet, *Cyclamen hederifolium* kommt im Mittelmerrraum vor. Farbe, Duft und morphologische Beschaffenheit der Blüten weisen auf eine Insektenbestäubung hin, was für *C. hederifolium* bereits durch genetische Studien untermauert wird. Dennoch ist es bisher nicht gelungen, in freier Natur Blütenbesuche von regelmäßig wiederkehrenden Bestäubern zu beobachten. Wir beobachteten 3 bzw. 4 Jahre lang den Insektenanflug sowohl an blühenden Topfkulturen auf einer Wohnungsterrasse in Graz als auch an Pflanzen in freier Natur. Bei Kulturen von *C. purpurascens* konnten wir jeweils Anfang August regen Besuch von Pelzbienen und danach einen stark erhöhten Fruchtansatz feststellen. Im Gegensatz dazu wurde in freier Natur nur ein einziger Bienenbesuch beobachtet; der Fruchtansatz bei den Pflanzen im Freiland war stark schwankend.

Die Kulturen von *C. hederifolium* hingegen zeigten jedes Jahr einen hohen Fruchtansatz, unverständlicherweise war jedoch kein einziges Insekt an den Blüten wahrzunehmen. Erst bei der Beobachtung eines überhöht stehenden Topfes wurden wir auf eine kleine, zarte Schwebfliege (*Platycheirus albimanus*) aufmerksam, die kopfüber am Schlundring einer Blüte sitzend über mehrere Minuten mit ihrem Rüssel Pollen aus dem Blüteninneren aufzunehmen schien. In Folge war es uns dann möglich, einen sehr regen, bis in den Herbst hinein anhaltenden Blütenbesuch dieser Schwebfliegenart zu beobachten. Ein Absinken des Frucht Erfolgs von 100 % bei freistehenden Kulturen auf 0 % bei eingetzten Töpfen bestätigte *Platycheirus albimanus* als sehr effizienten Bestäuber. Bei einer verwilderten Population im Freiland wurde diese Schwebfliege zwar in der Luft beobachtet, nicht aber an einer Blüte.



ABSTRACTS – POSTER / POSTERS

Conservation genetics of the Eastern Carpathian endemic *Saussurea porcii* (Asteraceae)

Catarina B. Ávila, Tetiana Pachschwöll, Clemens Pachschwöll, Dennis J. Larsson & Gerald M. Schneeweiss

Department of Botany and Biodiversity Research, University of Vienna

A good knowledge of range-restricted species is important for conservation biologists, because accurate information is necessary for prioritizing conservation efforts. The Carpathian Mountain range is the second longest mountain range in Europe and hosts one third of all plant species in Europe, of which 5% are endemic. As the Carpathians were largely unglaciated in Last Glacial Maximum and due to their microclimates and different geological substrates, levels of biodiversity, rarity and endemism are high in this mountain range. The perennial *Saussurea porcii*, a glacial relict related to the Siberian *S. parviflora*, is a rare, critically endangered endemic of the Eastern Carpathians in Romania and Ukraine. It occurs in a few rather small and isolated populations in wet calciferous mountain grasslands, fen meadows and edges of rivulets between 1300 and 1800 m. To characterize these populations with respect to genetic diversity we generated SNP markers via RAD sequencing from 68 individuals from the 5 still extant populations. Genetic differentiation among and between populations, genetic clustering of individuals, F-statistics, allelic richness, degree of clonality will be presented. For the first time in this species, the chromosome number was determined, and the absolute genome size measured. This conservation genetic study will allow better conservation guidelines for this species to be devised.

Ein 150-Jahre altes Herbarium zeigt Florenwandel einer Region

Michèle Büttner¹, Urs Weibel¹, Michael Jutzi², Ariel Bergamini³ & Rolf Holderegger^{3,4}

¹ *Museum zu Allerheiligen, Schaffhausen, Schweiz; michele.buettner@stsh.ch; urs.weibel@stsh.ch*

² *Info Flora, Bern, Schweiz; michael.jutzi@infoflora.ch*

³ *Eidg. Forschungsanstalt WSL, Birmensdorf, Schweiz; ariel.bergamini@wsl.ch;
rolf.holderegger@wsl.ch*

⁴ *Departement Umweltsystemwissenschaften, ETH Zürich, Zürich, Schweiz*

Der Apotheker Johann Conrad Laffon hatte sich zum Ziel gesetzt, alle Wildpflanzenarten im Schweizer Kanton Schaffhausen zu sammeln. Sein Herbarium (1820-1847) wird heute im Museum zu Allerheiligen in Schaffhausen aufbewahrt. Laffons Herbarium, das in einem klar definierten Gebiet gesammelt wurde, erweist sich als Glücksfall: Es stammt aus einer Zeit, in der nur wenige historische Daten verfügbar sind und die Industrialisierung gerade begann. Wir erstellten eine Liste der Pflanzenarten des Herbariums von Laffon (sowie aus einer kommentierten Artenliste von Laffon) und verglichen sie mit der heutigen Flora des Kantons Schaffhausen (Jahr 2000). Anschliessend untersuchten wir, ob sich die Flora des Kantons Schaffhausen in den letzten 150 Jahren (d.h. 1847-2000) verändert hat, ob der floristische Wandel in bestimmten Lebensräumen besonders stark war und ob sich die Umweltansprüche der ausgestorbenen Arten von jenen der heute lebenden Arten unterscheiden. 154 der 987 von Laffon aufgelisteten Arten kommen im Kanton Schaffhausen nicht mehr vor, was einer Aussterberate von einer Art pro Jahr entspricht. Feuchtgebiets-, Pionier- und Ruderalarten sowie Ackerunkräuter und lichtbedürftige Arten wiesen die höchsten Aussterberaten auf. Im Gegensatz dazu wiesen Waldarten eine geringe Aussterberate auf, und Arten von gedüngten Wiesen zeigten keinen Rückgang. Das Aussterben von Pflanzenarten im Kanton Schaffhausen war also in Lebensräumen, die von Entwässerung, intensivierter Landwirtschaft und Flussbewirtschaftung betroffen sind, besonders stark. Unsere Ergebnisse geben dem Naturschutz Hinweise auf besonders gefährdete Lebensräume und mögliche Treiber des Artenrückgangs.

Wann sind unsere Giftpflanzen am gefährlichsten?

Remigius Chizzola

Institut für Tierernährung und Funktionelle Pflanzenstoffe, Veterinärmedizinische Universität Wien

Oft wird in der Praxis die Frage gestellt, wie giftig eine bestimmte Giftpflanze ist. Die Giftigkeit der Giftpflanzen beruht auf der starken biologischen Wirkung spezieller Inhaltsstoffe (Sekundärstoffe) der betreffenden Pflanze. Somit lässt sich die Frage dadurch beantworten, indem man untersucht, in welchen Pflanzenteilen die Giftstoffe im Laufe der Pflanzenentwicklung angereichert oder auch wieder abgebaut werden. Dabei sind zumeist ökologische Aspekte zu berücksichtigen; Giftstoffe schützen vor Fraßfeinden vor allem jene Pflanzenteile, die für das weitere Wachstum oder das Überleben wichtig sind wie junge Blätter, junge Rosetten, Blüten und Blütenstände oder Samen. Derartige Untersuchungen zur Inhaltsstoffdynamik wurden an Tropolon-Alkaloiden der Herbstzeitlose (*Colchicum autumnale*), Chinolizidin-Alkaloiden im Goldregen (*Laburnum anagyroides*), Pyrrolizidin-Alkaloiden des Alpengreiskrautes (*Jacobaea alpina* = *Senecio cordatus*) und Piperidin-Alkaloiden des Flecken-Schierlings (*Conium maculatum*) durchgeführt. Die Pflanzen wurden an Wildstandorten mehrmals im Jahr beprobt, die Alkaloide extrahiert, aufgereinigt und mittels HPLC (Tropolon-Alkaloide) oder GC/MS quantifiziert. Häufig zeigten sich in den Blüten hohe Alkaloidgehalte und oft nahm der Alkaloidgehalt im Laufe der Vegetationsperiode ab. Beim Greiskraut waren nach einem Rückschnitt oder einem Neuaustrieb im Herbst wieder hohe Alkaloidgehalte zu verzeichnen.

Literatur:

- Chizzola R., Lohwasser U. (2020) Diversity of Secondary Metabolites in Roots from *Conium maculatum* L. Plants 2020, 9, 939; doi: 10.3390/plants9080939
- Chizzola, R., Bein, H. & Lohwasser, U. (2021) Welche Teile des Fleckenschierlings sind am giftigsten? 19. Österreichische Botanik-Tagung, Krems/Donau (online), S. 62
- Chizzola R., Eller A. (2022) Seasonal variability in pyrrolizidine alkaloids in *Jacobaea alpina* from the Trentino-Alto Adige region (Northern Italy). Submitted
- Winter S., Chizzola R. and Kriechbaum M. (2013) Impact of different grassland management regimes on population biology and phytochemistry of *Colchicum autumnale*. Grassland Science in Europe 18, 463 – 465.

Zur Entwicklung von Waldbeständen in ehemals bewirtschafteten Niedermooren Kärntens

Wilfried Robert Franz

Arge Naturschutz, Naturwissenschaftlicher Verein, Universität Salzburg, FB Organismische Biologie

Einleitung: Kärnten verdankt seinen Reichtum an Niedermooren den zahlreichen Stillgewässern, die sich nach Abschmelzen der Würm-Gletscher, besonders in Ostkärnten gebildet haben und danach teilweise oder gänzlich verlandeten. Zahlreiche Feuchtbiopte wurden erstmals im Franziszeischen Kataster im Kronland Kärnten (1823– 1844) kartographisch erfasst und als waldfreie Moorflächen dargestellt. Viele der großen Feuchtbiopte (Niedermoore) wurden – besonders in der Nähe von Bauernhöfen – zur Gewinnung von Raufutter und Einstreumaterial (als Ersatz für Stroh) extensiv genutzt oder in Ackerland umgewandelt.

Methode: Über 30 soziologische Aufnahmen verschieden alter Gebüsch-/Waldbestände, die sich in ehemals gehölzfreien Niedermooren entwickelt haben, wurden nach der Methode von Braun-Blanquet 1964 erstellt. Verschiedene Sukzessionsstadien auf Moorböden mit den heute meist monodominanten Gehölzarten: *Frangula alnus*, *Pinus sylvestris*, *Alnus glutinosa*, *Betula pubescens* subsp. *carpathica* und mit *Molinia caerulea* im Unterwuchs wurden in topographischen Karten und in Luftbildern verortet.

Ziel der Arbeit: Durch den Vergleich von Orthofotos (im Kärntner Geografischen Informationssystem = KAGIS) ab 1952 – 1953 mit Bildern der Folgejahre 1970–1977, 1983–1999, 2002–2004, 2006–2007, 2010–2012, 2013–2015, 2016–2018 sollte die zufällige Besiedelung der Moorflächen mit Gehölzen und die Entwicklung der Waldbestände nach Beendigung der Bewirtschaftung dokumentiert werden.

Ergebnisse: Besonders häufig werden ehemals bewirtschaftete Moorflächen mit *Molinia caerulea* (dom.) und manchmal beigemischtem *Schoenus ferrugineus* von *Pinus sylvestris* besiedelt (Initialstadien). In diesen Initialstadien mit kleinwüchsigen Rot-Föhren (0,5–1,5 m) ist die typische Artengarnitur der Mitteleuropäischen Pfeifengraswiese meist noch vollständig ausgebildet. Über Stadien mit unterschiedlich hohen/alten Bäumen entwickeln sich heute 70 bis 75jährige, weit verbreitete Bestände des *Molinio caeruleae*-Pinetum *sylvestris* ass. prov., meist mit gut entwickelter Strauch- (*Frangula alnus*) und 2. Baumschicht (z.B. *Rhamus cathartica*). Außer *Molinia caerulea* sind typische Arten der Pfeifengras-Streuwiesen (*Molinion*) in den Pfeifengras-Rotföhrenbeständen selten oder fehlten überhaupt. Sehr selten sind hier *Dryopteris cristata* und *Betula humilis*. Im Gegensatz zum *Molinio caeruleae*-Pinetum *sylvestris* sind *Molinia caerulea*-Bestände mit *Alnus glutinosa* oder *Betula pubescens* subsp. *carpathica* seltener.

Lichen diversity in the glacier forefield of Ödenwinkelkees (Hohe Tauern, Austria)

Sven Gindorf¹, Roman Türk¹, Robert R. Junker^{1,2} & Ulrike Ruprecht¹

¹ *Department of Environment and Biodiversity, Paris Lodron University of Salzburg, Austria*

² *Evolutionary Ecology of Plants, Department of Biology, Philipps-University Marburg, Germany*

Understanding successional processes is fundamental to our knowledge how taxonomic diversity arises. Glacier forefields are excellent “natural laboratories” to study successional processes from bare rock to species-rich vegetation. The research platform “Ödenwinkel” (Junker et al., 2020) comprises 140 plots (1 m²) to study ecological successions of various taxonomic groups in the glacier forefield of Ödenwinkelkees (Hohe Tauern, Austria). Our study will contribute data on lichen diversity to the extensive inventory of the FWF-START project “Successional Generation of Functional Multidiversity” (PI: R. R. Junker). As lichenological studies in glacier forefields are rare, little is known about colonization patterns, so far.

The two main partners (mycobiont/fungus and photobiont/green algae or cyanobacteria) of the lichen symbiosis and the associated bacterial microbiome vary independently of each other along environmental gradients. To understand adaptive mechanisms in lichens with vegetational succession, we study the lichen diversity and coverage in 10 representative plots along the successional gradient. In addition, the composition of the dominant symbiotic partners and the associated microbiome will be investigated with molecular tools (Sanger sequencing, NGS) and analysed with statistical methods such as network statistics and niche modelling.

First results point towards a distinct successional gradient with strong variation in community composition of rock- and soil dwelling lichens interacting with other vegetation forming groups (plants, mosses, fungi etc.).

References:

Junker, R. R., Hanusch, M., He, X., Ruiz-Hernández, V., Otto, J.-C., Kraushaar, S., Bauch, K., Griessenberger, F., Ohler, L.-M., & Trutschnig, W. (2020). Ödenwinkel: an Alpine platform for observational and experimental research on the emergence of multidiversity and ecosystem complexity. *Web Ecology*, 20(2), 95-106. <https://doi.org/10.5194/we-20-95-2020>

***Rumex acetosella* growing on different metal-contaminated soils: Uptake of zinc, lead and copper and response of the leaves**

**Milada Čiamporová¹, Miriam Nadubinská¹, Viera Banášová¹, Eva Ďurišová¹, Veronika Zelinová¹,
Othmar Horak², Daniela Gruber² & Irene Lichtscheidl²**

¹ *Institute of Botany, Plant Science and Biodiversity Center, Slovak Academy of Sciences in Bratislava/SK. Milada.Ciamporova@savba.sk*

² *Core Facility of Cell Imaging and Ultrastructure Research, University of Vienna, Austria. irene.lichtscheidl@univie.ac.at*

Rumex acetosella L. is a pseudometallophyte growing in areas with normal and high soil concentrations of zinc (Zn), lead (Pb), and copper (Cu). Questions remained if and where metals are absorbed and if the plants' morphology and the cells' resilience respond to the toxic metals in their environment. We therefore compared plants from different areas in Slovakia where soils are contaminated with Zn and Pb or Cu with those from non-contaminated soil.

Leaf structure and physiology were analysed by light microscopy and transmission electron microscopy, and metals were located within leaves and their cells by energy-dispersive X-ray analysis (EDX) in the scanning electron microscope and by specific fluorescence dyes. Leaves of *R. acetosella* are amphistomatic and bear capitate glandular trichomes. Compared to control, metallicolous populations had higher density of stomata and trichomes. In addition, in the metallicolous populations the normally four-celled glandular heads of trichomes varied and contained fewer cells (down to two) or more cells (five or more, up to ten). They had also higher contents of Zn and Cu in the epidermal and glandular cells, suggesting secretion of toxic metals. Leaf cells of metallicolous populations tolerated significantly higher concentrations of Zn and Cu compared to plants from the control site. Our findings locate specific accumulation of some metals in glandular cells, and they suggest physiological and structural reactions of plant leaves to heavy metals; in particular, the abnormal number of head cells in glandular trichomes and elevated metal content propose effects of heavy metals, especially of Cu, on mitosis and cell plate formation.

Keywords:

Metallicolous populations, Leaf epidermis, Glandular trichomes, Cytoplasmic tolerance, Copper (Cu), Zinc (Zn)

Acknowledgements:

This work was supported by the Grant Agency VEGA (grant no. 25/5086/05), Grant Agency APVV (grant no. APVV-0432-06), Aktion Österreich–Slowakei (grant no. 46s5), and the Austrian OEAD (grant PL 07_2018). CIUS is a member of EuroBioImaging and of VLSI.

LTLDE: Long Term Lichen Diversity Experiment – Myco-, photobiont and microbiome associations

Mareike Mittag¹, Robert R. Junker² & Ulrike Ruprecht¹

¹ *Department of Environment and Biodiversity, Paris Lodron University of Salzburg, Austria*

² *Evolutionary Ecology of Plants, Department of Biology, Philipps-University Marburg, Marburg, Germany*

One of the few organisms that are capable of surviving in extreme environments and are present all over the world are lichens. Containing a variety of fungal, algal, and bacterial communities, lichens form a miniature ecosystem. The two main symbiotic partners (mycobiont/fungus and photobiont/green algae or cyanobacteria) and the associated bacterial communities vary independently of each other along environmental gradients. In order to understand the adaptation mechanisms in lichens along climatic gradients, it is necessary to study the composition of the dominant symbiotic partners and the associated microbiome. Due to the negative correlation of mean annual temperature with elevation, elevational gradients are useful as a proxy for climate warming. The long-term project 'LTLDE: Long Term Lichen Diversity Experiment' by our group started in 2017 including comprehensive molecular evaluations of 100 lichen samples, collected at three sites along an elevational gradient along the Großglockner High Alpine Road, Austria. In order to monitor the succession process on bare rock over a period of ten years, an initial assessment of all pre-existing lichens that were present before removal will be conducted. Further the species composition of the myco- and photobionts and the associated microbiome of the saxicolous crustose lichens shall be analysed with molecular tools (Sanger sequencing, NGS) to assess the composition of symbiotic partners along the gradient and the interactions of the lichens growing together on one rock. First results show for the associated microbiome significant differences in composition along the elevational gradient.

Hybridisierung von *Saussurea alpina* und *S. discolor* (Asteraceae) in den Ostalpen

Clemens Pachschwöll, Tetiana Pachschwöll, Dennis J. Larsson, Eva M. Temsch,
Hanna Weiss-Schneeweiss & Gerald M. Schneeweiss

Department für Botanik und Biodiversitätsforschung, Universität Wien, Rennweg 14, 1030 Wien

Saussurea alpina ($2n = 4x = 52$) ist kalkmeidend und *S. discolor* ($2n = 2x = 26$) kalkliebend. Über Hybridisierung dieser beiden alpinen, ökologisch sich ausschließenden Arten gab es bislang nur vage Vermutungen, z.B. von Gremli (1870) in den „Beiträgen zur Flora der Schweiz“ und von Lipschitz (1976) in der „Flora Europaea“. Um dies zu klären, wurden 4 potentielle Hybridpopulationen in den östlichen Zentralalpen von den Nockbergen bis zu den Eisenerzer Alpen (Gregerlnock, Fuchskogel, Hämmerkogel, Wildfeld) besammelt und genetisch mit den Elternarten (9 Populationen *S. alpina*, 11 Populationen *S. discolor*) verglichen. Dafür wurde ein Radseq-Datensatz mit insgesamt 79 Individuen generiert, der nukleäre Marker ITS sequenziert, die absolute Genomgröße gemessen sowie Chromosomen gezählt. Wir konnten zeigen, dass in den Gebieten, wo beiden Arten vorkommen, Hybridzonen existieren und die genetischen wie morphologischen Übergänge fließend sind. Hybriden kommen als Halb- oder sogar Vollwaisen vor, bevorzugen intermediäre Gesteine und besitzen graufilzige Blattunterseiten. Alle analysierten Hybriden waren tetraploid, was Genfluss von der diploiden *S. discolor* in die tetraploide *S. alpina* wahrscheinlich erscheinen lässt. Hybriden zwischen *S. alpina* und *S. discolor* konnten genetisch für die Steiermark und Kärnten nachgewiesen werden, und sind anhand von Herbarbelegen und Fotos für Vorarlberg, die Ostschweiz und Norditalien dokumentiert. In Zukunft sollte vor allem in den Tannheimer Bergen (Nordtirol) und den Lienzer Dolomiten (Osttirol) auf Hybriden geachtet werden.

Eislöcher, Kaltlöcher, Warmlöcher: Geotop „Unterkühlte Blockhalde“ ***Kryotrymes, Psychotrymes, Thermotrymes: Geotope „algific talus slope“***

Wolfgang Punz

Department für Funktionelle und Evolutionäre Ökologie, Universität Wien, 1030 Wien, Djerassiplatz 1

Beweterte Hohlraumsysteme (Ventarolen) in Blockhalden mit sommerlichem Kaltluftaustritt sind seit Jahrhunderten bekannt; sie wurden in Berggebieten vielfach zur Kühlung von Lebensmitteln verwendet. Die Beschreibung des Funktionsprinzips findet sich bereits bei BALCH (1900; „*The cold air of winter ... permeates the cave ... in course of time freezes up all the water which, in the shape of melting snow or cold winter rain or spring water, finds it way in*“): im Winter entweicht aus oberen Öffnungen warme, im Vergleich zur Außenluft leichte Luft, wodurch Kaltluft durch die unteren Öffnungen ins Innere gesogen wird; die Unterkühlung des Gesteins bereitet das Ausfrieren des Wassers im Frühjahr, welches die Voraussetzung für den sommerlichen Kaltluftstrom ist, vor. Systematische Recherchen, um einen Überblick über die ostalpinen Vorkommen derartiger Phänomene zu gewinnen, erbrachten bisher rund 130 Standorte (PUNZ et al. 2005; PUNZ 2018, 2021), welche auf einer Karte vorgestellt werden. Angeregt durch WAKONIGG (2017) soll auf Basis dieser Daten eine abgestufte Klassifikation erstellt werden. Hierzu wird vorläufig vorgeschlagen, Lokalitäten mit ausströmender Kaltluft und mit ganzjährigem Eisvorkommen als *Kryotryme*, solche ohne ganzjähriges Eisvorkommen als *Psychotryme* zu benennen. Auf Grund der meist unwegsamen Haldensituation gibt es vergleichsweise wenige Angaben über die oberen Öffnungen d.h. die zugehörigen (winterlichen) „Warmlöcher“; ein solches wollen wir entsprechend der vorgenannten Terminologie als *Thermotryme* bezeichnen. Bisher konnten lediglich zehn derartiger Standorte ausfindig gemacht werden: Hallturm bei Bischofswiesen (Bayern/D), Pflüglhof im Maltatal (Kärnten/A), Toteisboden im Untertal bei Schladming (Steiermark/A); Bärenseablock in Prags, Eishöhle bei Uttenheim, Eisloch beim Einödthof, Kalter Keller in Rein, Rosszähne bei Pfatten, Teufelhaus im Trippachtal (alle Südtirol/I), Dachslöcher bei Gwabl (Tirol/A). Standorte des vorgestellten Typus zeigen in der Regel hohe Biodiversität und sind von großem wissenschaftlichen Interesse. Die vorgestellte Dokumentation soll Erhalt und Schutz dieser faszinierenden Habitate fördern. Für jede weitere Information zum Thema ist der Autor dankbar.

Literatur:

- BALCH E. S., 1900: *Glaciers or freezing caverns*. Allen, Lane & Scott Philadelphia.
- PUNZ W., SIEGHARDT H., MAIER R., ENGENHART M. & CHRISTIAN E., 2005: Kaltlöcher im Ostalpenraum. *Verh. Zool.-Bot. Ges.* 142, 27-45. < https://www.zobodat.at/pdf/VZBG_142_0027-0045.pdf >
- PUNZ W. 2018: Ventarolen (Kaltlöcher, unterkühlte Blockhalden) im Ostalpenraum. *Schriften Ver. Verbreitung naturw. Kenntnisse Wien* 154: 69 - 83. https://www.zobodat.at/pdf/SVVNWK_154_0069-0083.pdf
- PUNZ W. 2021 Geotope „algific talus slope“: Kühlhäuschen, Hexenwäldli, glacial relics. *Publications of the 15th ERBE-Symposium (Eggenburg)/Abstracts*: 135.
- WAKONIGG H., 2017: Kalte Schutthalden. *GeoGraz* 60, 4-10.

Untersuchung zur Diasporenfracht von Wasservögeln im Gebiet Neusiedler See

Leonid Rasran, Bernhard Matthäus Sams & Karl-Georg Bernhardt

*Institut für Botanik, Department für Integrative Biologie und Biodiversitätsforschung, Universität für
Bodenkultur, Wien, Gregor-Mendel-Straße 33, 1180 Wien, Österreich*

Enten und andere Wasservögel sind vielversprechende Ausbreitungsvektoren für Pflanzensamen, da sie während der Zugzeiten binnen kurzer Zeit große Strecken zurücklegen und die für Feuchtgebiete typischen Pflanzen „gut adressiert“ in für sie geeigneten Lebensräumen abliefern. Unsere Forschungsfragen hierbei sind: (i) welche Pflanzenarten werden transportiert, (ii) welcher Weg (Epi- vs. Endozoochorie) ist für welche Pflanzengruppe der entscheidende und (iii) welche funktionalen Merkmale (functional species traits) begünstigen den Transport und das Überleben der Samen?

Während der zwei Jagdsaisons Sep.20/Jan.21 und Sep.21/Jan.22 wurden im Gebiet westlich des Neusiedler Sees (Schützen im Gebirge/Wulkamündung, Burbach, Seehof) frisch erlegte Enten (Jagdpächter Esterhazy) sowohl auf Außenfracht (am Gefieder, an Beinen und Schnabel haftende) wie auch auf die im Verdauungstrakt enthaltenen Samen untersucht. Alle Samen wurden so genau wie möglich identifiziert und auf ihre Keimfähigkeit getestet.

Insgesamt konnten über 200 Individuen zweier Entenarten (Stock- und Krickente) beprobt werden. Bei etwa 1/3 der Tiere wurden Pflanzensamen als Außenfracht und bei fast allen im Verdauungstrakt nachgewiesen. Samen von mehr als 50 Pflanzenarten konnten identifiziert werden. Ein wesentlicher Anteil beim endozoochoren Transport fiel auf die hartschaligen, aber nicht mit Fruchtfleisch ausgestatteten Diasporen der Cyperaceae. Bei einer dieser Arten handelt es sich um das Schneiderried (*Cladium mariscus*). Die meisten *Cladium*-Rieder sind in Europa auf kleine inselartige Vorkommen beschränkt, die stark voneinander isoliert sind. Ausbreitung durch Zugvögel könnte den genetischen Austausch zwischen diesen Beständen ermöglichen. Daher wurde *Cladium mariscus* als eine Modellpflanze für ein Folgeprojekt ausgesucht, in dem ein genetischer Vergleich der Populationen am Neusiedler See und anderen Standorten dieser Art angestrebt wird.

Die Farnpflanzen des Grazer Universitäts-Herbariums (GZU)

Astrid Scharfetter & Peter O. Bilovitz

*Institut für Biologie, Bereich für Pflanzenwissenschaften, NAWI Graz, Universität Graz, Holteigasse 6, 8010 Graz,
e-mail: as.scharfetter@uni-graz.at*

Das Grazer Universitäts-Herbarium beherbergt geschätzt 1,2 Mio. Belege von Pflanzen und Pilzen. Etwa 850.000 davon sind Gefäßpflanzen inklusive Farne (zwischen 12.000 und 15.000 Belege). Eine Aussage über die zahlenmäßige Verteilung hinsichtlich der Provenienz des Materials ist ohne vorherige digitale Erschließung des Gesamt-Bestandes nicht möglich. Derzeit sind ca. 10 % der Herbarobjekte im Datenbanksystem JACQ erfasst. Diese Daten sind zusätzlich über GBIF (Global Biodiversity Information Facility) und andere Datenportale zugänglich. Die vollständige Digitalisierung der Sammlungsbestände ist ein zentrales Ziel nicht nur im Herbarium GZU. Sie steht im Hinblick auf Öffnung und Vernetzung von naturwissenschaftlichen Sammlungen auch im Fokus gemeinschaftlicher überinstitutioneller Bestrebungen in nationalen und internationalen Initiativen (OSCA – Open Scientific Collections Austria, DiSSCo - Distributed System of Scientific Collections). Ein Schritt zur besseren Sicht- und Nutzbarmachung der Sammlung ist die Erstellung von Inventaren einzelner Sammlungsteile im GZU. Für die Flechten ist diese Arbeit bereits im Gang. Als Nächstes wird eine Liste der in GZU vorhandenen Farnarten erstellt. Eine Überprüfung der Bestimmungen ist in diesem Zusammenhang nicht möglich. Zusätzlich zu den in der Sammlung angeführten wissenschaftlichen Namen wird die geographische Herkunft gemäß dem Zuordnungs-System in GZU erfasst (Material aus der Steiermark, aus Österreich excl. Steiermark, aus Europa excl. Österreich oder von außereuropäischen Gebieten). Dieses Farninventar leistet einen Betrag zur verbesserten Sicht- und Nutzbarkeit der Sammlung als Forschungsinfrastruktur. Zusätzlich liefert es erstmals ein genaues Bild der quantitativen Verteilung der Gefäßkryptogamen hinsichtlich ihrer Provenienz.

Effects of polyploidization on floral scent and morphology in *Lithophragma bolanderi* (Saxifragaceae)

Elisabeth Schlager¹, Stefan Dötterl¹, John N. Thompson², Magne Friberg³ & Karin Gross^{1,3}

¹ *Fachbereich Umwelt und Biodiversität, Paris Lodron Universität Salzburg, Österreich*

² *Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of California, Santa Cruz, USA*

³ *Department of Biology, Lund University, Sweden*

In evolutionary biology, a major question is how complex traits with multiple functions evolve and diversify across lineages and geographic areas. Polyploidization (whole-genome multiplication) is a widespread evolutionary driver in angiosperms and has far-reaching consequences for the adaptation and survival of these species. Polyploidization events most often cause reproductive isolation, may also influence plant phenotypes, and the, often complex, floral traits that mediate interaction between plants and pollinators. The genus *Lithophragma* contains 12 known species, each of which occurs in one or more ploidy levels. Flower morphology and scent are highly variable among and within these species, and recent studies in *Lithophragma bolanderi* have shown that floral traits differ among ploidy levels. However, it is unknown to what extent these differences are the direct consequences of polyploidization. In our study, we quantify the direct effects of polyploidization on flower morphology and scent. We grew plants from seeds originating from a Californian *L. bolanderi* population consisting of diploid and tetraploid individuals and compare synthetic polyploids, which were produced by colchicine treatment of diploid seedlings, with natural diploid and polyploid lines.

Role of genome duplication in changing mountain landscapes

Teresa Zeni & Peter Schönswetter

Department of Botany, University of Innsbruck, Sternwartestrasse 15, A-6020 Innsbruck, Austria

Polyploidy, the possession of more than two sets of chromosomes in somatic cells, is a key feature of plant biodiversity. A recent comprehensive analysis of global chromosome count data has shown that the frequency of polyploids increases strongly with latitude. Much less is known about ploidy variation and distribution in mountain areas. In temperate mountain ranges the frequency of polyploids may rise towards high-elevation habitats (due to, for instance, their higher stress tolerance) and with increasing distance from glacial refugia (due to their better colonizing abilities). Employing flow cytometry, we aim to establish ploidy levels of a flora-wide sampling of several ten thousand individuals of angiosperms from 100 elevational transects evenly distributed across the Eastern Alps and spanning from 550 m below timberline to 550 m above it. Generalized linear mixed effects models will be used to analyse whether there is a generic pattern of increasing polyploid frequency with increasing elevation and /or distance from the closest Pleistocene refugium. To minimize the effect of genetic divergence, we will test if climatic niches differ among cytotypes of the same species, fitting species distribution models separately at the species and the cytotype level. Using predictive modelling we will investigate if risk from climate change is biased towards low or high ploidy levels and estimate the extent of future cryptic biodiversity loss under climate change scenarios. This project represents an unprecedentedly broad empirical test at the landscape level of the long-standing hypothesis of a positive association between genome duplication and spatio-temporal environmental variation – and its change in times of environmental turmoil.