

Extended Abstract

DNA-Barcoding von invasiven Pflanzen in Österreich: zum Projektstart

Clemens PACHSCHWÖLL, Franz ESSL & Gerald M. SCHNEEWEISS

Biologische Invasionen wurden in den letzten Jahrzehnten zu einem großen Problem. Sie werden für die weltweit abnehmende Biodiversität verantwortlich gemacht, da sie zu lokalen Aussterbeprozessen führen, durch die Aufhebung biogeographischer Grenzen die Homogenisierung von Artenpools fördern und enorme sozioökonomische Schäden verursachen, welche durch den globalen Wandel noch verstärkt werden (WINTER et al. 2009, ESSL et al. 2011, VAN KLEUNEN et al. 2015, CAPINHA et al. 2015). Es ist unbestritten, dass das Erkennen von gebietsfremden Arten essentiell ist. Da die Latenzphase (invasion debt) häufig lange ist, können heute seltene Neophyten in Zukunft schädliche Invasoren sein (AIKIO et al. 2010, PYŠEK et al. 2013, ROUGET et al. 2016). So hat sich in den letzten Jahren gezeigt, dass eine zunehmende Anzahl von nicht-heimischen Pflanzenarten (z.B. Wasserpflanzen) eingebürgert oder sogar invasiv geworden ist, ohne dass man es bemerkt hat. Für solche Arten wurden von VERLOOVE (2010) der Begriff „invaders in disguise“ (unerkannte Invasoren) geprägt.

Eine sehr gute Methode zur Früherkennung von gebietsfremden Arten, auch wenn diesen wichtige Bestimmungsmerkmale fehlen, ist DNA-Barcoding (CROSS et al. 2011, PYŠEK et al. 2013, COMTET et al. 2015). Bei DNA-Barcoding wird die DNA eines Organismus verwendet, um diesen einer bestimmten Art zuzuordnen (HEBERT et al. 2003). Neben zahlreichen anderen Anwendungen wurde DNA-Barcoding erfolgreich benutzt, um invasive Wasserpflanzen von deren nicht-invasiven Verwandten zu unterscheiden (VAN DE WIEL et al. 2009, GHAHRAMANZADEH et al. 2013). Während die meisten Barcoding-Projekte nur einen (bei Tieren) oder wenige (bei Pflanzen) ausgewählte Markersequenzen verwenden, erlauben Fortschritte in der Sequenztechnologie, v. a. durch Next-Generation Sequencing (NGS), das Generieren von mehreren DNA-Barcodes per Probe, was sich positiv auf den Bestimmungserfolg auswirkt (COMTET et al. 2015, LI et al. 2015, HOLLINGSWORTH et al. 2016). Abgesehen von Metabarcoding in der Ökologie, wo kurze DNA-Regionen und oftmals degradierte DNA verwendet werden (TABERLET et al. 2012, COMTET et al. 2015), stellt Ultrabarcoding mittels Genome Skimming eine andere, immer wichtiger werdende NGS-Methode dar. Hierbei wird genomische DNA meist mittels des Illumina-Systems (KANE et al. 2012, DODSWORTH 2015) mit einer geringen (1–10×) Abdeckung sequenziert („low-coverage shotgun sequencing“), wodurch die in höherer Kopienzahl vorhandenen Genome bzw. genomischen Regionen (Plastidengenom, mitochondriales Genom, nukleäre ribosomale DNA) mehr oder weniger zur Gänze ermittelt werden können. Nachdem Standardbarcodemarker (bei Pflanzen die Plastidenmarker *rbcL*, *matk*, *trnH-psbA* und das nukleäre *ITS*; HOLLINGSWORTH et al. 2011, HOLLINGSWORTH et al. 2016) und diverse spezifische Barcodes (LI et al. 2015) solcherart ohnehin abgedeckt werden, ist dieser Ansatz rückwärtskompatibel, d.h. die NGS-Daten sind mit jenen klassischer Barcodes, welche durch die Sanger-Sequenzierung ermittelt wurden, kombinierbar. Die Verwendung von Genome Skimming als universellem „extended barcode“ hat das Potential das klassische

Barcoding abzulösen, da die Kosten für NGS stetig sinken und dadurch einer höherer Materialdurchsatz möglich ist (COISSAC et al. 2016, HOLLINGSWORTH et al. 2016). Auch wenn nur (historisches) Herbarmaterial verfügbar ist, können damit komplette Plastiden- und rDNA-Sequenzen gewonnen werden (BESNARD et al. 2014).

Beim Dissertationsprojekt des Erstautors geht es um DNA-Barcoding von Arten der Gattungen *Amaranthus* und *Chenopodium* s. lat. (Amaranthaceae) sowie *Eragrostis* und *Panicum* (Poaceae). Das Ziel ist, bessere Daten über kryptische Neophyten (unerkannte Invasoren) in Österreich zu bekommen. Zu diesem Zweck sollen 400 Aufsammlungen sequenziert werden, mit Schwerpunkt auf unklaren, unbestimmbaren Belegen aus Österreich, wobei eindeutige Belege als Referenz dienen. Diese Gattungen werden – mit der Ausnahme einiger neuer Invasoren bei *Panicum* – bei FISCHER et al. (2008) und PYŠEK et al. (2009) als die am häufigsten vertretenen Neophyten-Gattungen Österreichs bzw. Europas gelistet. Sie besitzen den C_4 -Photosynthese-Stoffwechselweg und haben deshalb bei einem immer wärmer werdenden Klima besonderes Invasionspotential (SAGE & KUBIEN 2003, WEBER & GUT 2005, PYANKOV et al. 2010, JIA et al. 2016). Standardbarcodes, andere DNA-Marker sowie vorläufige Genome sind von früheren phylogenetischen und genomischen Studien (*Eragrostis*: INGRAM et al. 2011, CANNAROZZI et al. 2014; *Panicum*: ZIMMERMANN et al. 2013, HUNT et al. 2014, <http://phytozome.jgi.doe.gov>; *Amaranthus*: WASELKOV 2013, SUNIL et al. 2014; *Chenopodium* s. lat.: FUENTES-BAZAN et al. 2012) sowie über die BOLD-Datenbank (<http://www.boldsystems.org>; RATNASINGHAM & HEBERT 2007) verfügbar.

Für eine ausgewählte Zahl an Neophyten (solche mit genügend Verbreitungsangaben) soll die Invasionsgeschichte und -dynamik in Österreich mittels Artverbreitungsmodellen aufgeklärt werden, wie es in ähnlicher Weise schon bei *Ambrosia artemisiifolia* (ESSL et al. 2009), *Ambrosia trifida*, *Artemisia annua*, *Iva xanthiifolia* (FOLLAKE et al. 2013) und *Sorghum halepense* (FOLLAKE & ESSL 2013) gemacht worden ist.

Zusammenfassend, soll in diesem assoziierten Projekt von ABOL getestet werden, (i) ob „unerkannte Invasoren“ mittels modernem (Ultra)Barcoding entdeckt werden können; (ii) ob DNA-(Ultra)Barcoding helfen kann, Latenzphasen von potentiell invasiven Arten in Österreich besser quantifizieren zu können; (iii) ob traditionelle Alphataxonomie in Kombination mit DNA-(Ultra)Barcoding die Genauigkeit von Artbestimmungen verbessern kann, was zu verfeinerten taxonomischen Klassifikationen von kryptischen, invasiven Arten führen sollte. Dieses Projekt wird dazu beitragen, Management- und Monitoringstrategien für Neophyten in Landwirtschaft, Naturschutz und darüber hinaus zu verbessern.

PACHSCHWÖLL C., ESSL F. & SCHNEEWEISS G.M., 2017: DNA barcoding of invasive plants in Austria: a project presentation.

Biological invasions have become a major concern in the past decades. They are believed to be responsible for declining biodiversity worldwide by contributing to local extinctions of native species, causing the breakdown of biogeographical barriers that lead to homogenization of regional species pools and causing enormous socioeconomic damage that have accelerated recently in an era of global change (WINTER et al. 2009, ESSL et al. 2011, VAN KLEUNEN et al. 2015, CAPINHA et al. 2015). It is generally accepted that early detection of new alien species is pivotal because lag-phases ('invasion debt') often are substantial, implying that today's rare but fast spreading aliens may become tomorrow's noxious weeds (AIKIO et al. 2010, PYŠEK et al. 2013, ROUGET et al. 2016). In the last years it has become evident that an increasing number of non-native vascular plants (e.g. water plants or weeds) have become naturalized or even invasive without ever being noticed (VERLOOVE 2010, PYŠEK et al. 2013). Those have been coined by VERLOOVE (2010) as 'invaders in disguise'.

A well suited approach for the early detection of ‘invaders in disguise’, especially if they do not exhibit distinct diagnostic features required for determination, is DNA barcoding (CROSS et al. 2011, PYŠEK et al. 2013, COMTET et al. 2015). In DNA barcoding, an organism’s DNA is used for species determination (HEBERT et al. 2003). Among many other examples, DNA barcoding was successfully used to efficiently distinguish invasive water plants from their similar, non-invasive relatives (VAN DE WIEL et al. 2009, GHAHRAMANZADEH et al. 2013). While most barcoding projects use one (in animals) to a few (in plants) selected marker sequences only, advancements in sequencing technology, i.e. next-generation sequencing (NGS), allows more DNA barcodes to be generated per sample, positively affecting the identification power of DNA barcoding (COMTET et al. 2015, LI et al. 2015, HOLLINGSWORTH et al. 2016). Apart from metabarcoding in ecology which uses short DNA regions and often degraded DNA (TABERLET et al. 2012, COMTET et al. 2015), another emerging barcoding approach involving NGS techniques is ultrabarcoding, which uses ‘genome skimming’. Genome skimming is low-coverage (1–10×) shotgun sequencing of genomic DNA on the Illumina system (KANE et al. 2012, DODSWORTH 2015), where near-complete assemblies of the high-copy fractions of the genome (plastid genome, mitochondrial genome and nuclear ribosomal DNA cistron) can be obtained. As standard barcode markers (in plants the plastid *rbcL*, *matk*, *trnH-psbA* and the nuclear *ITS*; HOLLINGSWORTH et al. 2011, HOLLINGSWORTH et al. 2016) and certain ‘specific barcodes’ (LI et al. 2015) are covered as well, this approach is backwards compatible, which means that the NGS-data is compatible and comparable to the barcodes obtained with Sanger-sequencing. Genome skimming as a universal ‘extended barcode’ has the potential to supersede classical barcoding approaches as the costs for NGS are decreasing, making higher coverages feasible (COISSAC et al. 2016, HOLLINGSWORTH et al. 2016). Even if only (historical) herbarium material is available, complete plastid and rDNA sequences can be recovered with this approach (BESNARD et al. 2014).

The PhD project of the first author will focus on DNA barcoding of species from the genera *Amaranthus* and *Chenopodium* s.l. from the Amaranthaceae and *Eragrostis* and *Panicum* from the Poaceae to gain information about cryptic alien species (‘invaders in disguise’) in Austria. For that purpose, about 400 accessions will be sequenced. A focus will lie on unclear, undeterminable Austrian specimens using unambiguous accessions as a reference. These genera are – with the exception of some new invaders in *Panicum* – listed by FISCHER et al. (2008) and PYŠEK et al. (2009) among the most commonly represented genera in the alien flora of Austria and Europe. They possess the C_4 photosynthesis pathway and have particular invasion potential under an increasingly warmer climate (SAGE & KUBIEN 2003, WEBER & GUT 2005, PYANKOV et al. 2010, JIA et al. 2016). Standard barcodes, other DNA markers as well as draft genomes are available from prior phylogenetic and genomic studies (*Eragrostis*: INGRAM et al. 2011, CANNAROZZI et al. 2014; *Panicum*: ZIMMERMANN et al. 2013, HUNT et al. 2014, <http://phytozome.jgi.doe.gov>; *Amaranthus*: WASELKOV 2013, SUNIL et al. 2014; *Chenopodium* s.l.: FUENTES-BAZAN et al. 2012) as well as from the BOLD database (<http://www.boldsystems.org>; RATNASINGHAM & HEBERT 2007).

For a selected number of alien species (those with sufficient amount of distribution records), the (Austrian) invasion histories and dynamics will be inferred using species distribution modeling like it was done for the invasive weeds *Ambrosia artemisiifolia* (ESSL et al. 2009), *Ambrosia trifida*, *Artemisia annua*, *Iva xanthiifolia* (FOLLAK et al. 2013) and *Sorghum halepense* (FOLLAK & ESSL 2013).

In this associated project of ABOL, it will be tested (i) if ‘invaders in disguise’ can be detected with modern DNA (ultra)barcoding techniques, (ii) if DNA (ultra)barcoding can help quantifying invasion debts of potentially invasive species in Austria; and (iii) if traditional alpha taxonomy in combination with DNA (ultra)barcoding can improve accuracy of species identification and further refine taxonomic classification of cryptic invasive plant species. This project is expected to be of relevance in developing management and monitoring strategies for invasive alien plants in agriculture, nature conservation and beyond.

Keywords: ABOL, Austrian Barcode of Life, Austria, DNA barcoding, Genome Skimming, Invasive plants species, NGS, Neophytes, Ultrabarcoding.

Literatur

- AIKIO S., DUNCAN R.P. & HULME P.E., 2010: Lag-phases in alien plant invasions: separating the facts from the artefacts. *Oikos* 119, 370–378. doi: 10.1111/j.1600-0706.2009.17963.x.
- BESNARD G., CHRISTIN P.A., MALÉ P.J.G., LHUILLIER E., LAUZERAL C., COISSAC E. & VORONTSOVA M.S., 2014: From museums to genomics: old herbarium specimens shed light on a C_3 to C_4 transition. *J. Exp. Bot.* 65, 6711–6721. doi: 10.1093/jxb/eru395.
- CANNAROZZI G., PLAZA-WUTHRICH S., ESFELD K., LARTI S., WILSON Y.S., GIRMA D., DE CASTRO E., CHANYALEW S., BLOSCHE R., FARINELLI L., LYONS E., SCHNEIDER M., FALQUET L., KUHLEMEIER C., ASSEFA K. & TADELE Z., 2014: Genome and transcriptome sequencing identifies breeding targets in the orphan crop tef (*Eragrostis tef*). *BMC Genomics* 15, 581. doi: 10.1186/1471-2164-15-581.
- CAPINHA C., ESSL F., SEEBENS H., MOSER D. & PEREIRA H.M., 2015: The dispersal of alien species redefines biogeography in the Anthropocene. *Science* 348, 1248–1251. doi: 10.1126/science.aaa8913.
- COISSAC E., HOLLINGSWORTH P.M., LAVERGNE S. & TABERLET P., 2016: From barcodes to genomes: extending the concept of DNA barcoding. *Mol. Ecol.* 25, 1423–1428. doi: 10.1111/mec.13549.
- COMTET T., SANDIONIGI A., VIARD F. & CASIRAGHI M., 2015: DNA (meta)barcoding of biological invasions: a powerful tool to elucidate invasion processes and help managing aliens. *Biol. Invasions* 17, 905–922. doi: 10.1007/s10530-015-0854-y.
- CROSS H.B., LOWE A.J. & GURGEL C.F., 2011: DNA barcoding of invasive species. In: Richardson D.M., (Ed.): Fifty years of invasion ecology. The legacy of Charles Elton, Wiley-Blackwell, Oxford, 289–300. doi: 10.1002/9781444329988.ch22.
- DODSWORTH S., 2015: Genome skimming for next-generation biodiversity analysis. *Trends Pl. Sci.* 20, 525–527. doi: 10.1016/j.tplants.2015.06.012.
- ESSL F., DULLINGER S. & KLEINBAUER I., 2009: Changes in the spatio-temporal patterns and habitat preferences of *Ambrosia artemisiifolia* during its invasion of Austria. *Preslia* 81, 119–133.
- ESSL F., DULLINGER S., RABITSCH W., HULME P.E., HÜLBER K., JAROSIK V., KLEINBAUER I., KRAUSMANN F., KÜHN I., NENTWIG W., VILÁ M., GENOVESI P., GHERARDI F., DESPREZ-LOUSTAU M.-L., ROQUES A. & PYŠEK P., 2011: Socioeconomic legacy yields an invasion debt. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 108, 203–207. doi: 10.1073/pnas.1011728108.
- FISCHER M.A., OSWALD K. & ADLER W., 2008: Exkursionsflora von Österreich, Liechtenstein und Südtirol. 3rd ed. Land Oberösterreich, Biologiezentrum der OÖ Landesmuseen, Linz.
- FOLLAK S. & ESSL F., 2013: Spread dynamics and agricultural impact of *Sorghum halepense*, an emerging invasive species in Central Europe. *Weed Res.* 53, 53–60. doi: 10.1111/j.1365-3180.2012.00952.x.
- FOLLAK S., DULLINGER S., KLEINBAUER I. & MOSER D., 2013: Invasion dynamics of three allergenic invasive Asteraceae (*Ambrosia trifida*, *Artemisia annua*, *Iva xanthiifolia*) in central and eastern Europe. *Preslia* 85, 41–61.
- FUENTES-BAZAN S., MANSION G. & BORSCH T., 2012: Towards a species level tree of the globally diverse genus *Chenopodium* (Chenopodiaceae). *Molec. Phylogen. Evol.* 62, 359–374. doi: 10.1016/j.ympev.2011.10.006.
- GHAHRAMANZADEH R., ESSELINK G., KODDE L.P., DUISTERMAAT H., VAN VALKENBURG J.L., MARASHI S.H., SMULDERS M.J. & VAN DE WIEL C.C., 2013: Efficient distinction of invasive aquatic plant species from non-invasive related species using DNA barcoding. *Mol. Ecol. Resour.* 13, 21–31. doi: 10.1111/1755-0998.12020.
- HEBERT P.D.N., CYWINSKA A., BALL S.L. & DE WAARD J.R., 2003: Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. Roy. Soc. Biol. Sci. Ser. B* 270, 313–321. doi: 10.1098/rspb.2002.2218.
- HOLLINGSWORTH P.M., GRAHAM S.W. & LITTLE D.P., 2011: Choosing and Using a Plant DNA Barcode. *PLoS ONE* 6 (5), e19254. doi: 10.1371/journal.pone.0019254.

- HOLLINGSWORTH P.M., LI D.-Z., VAN DER BANK M. & TWYFORD A.D., 2016: Telling plant species apart with DNA: from barcodes to genomes. *Phil. Trans. R. Soc. B* 371, 20150338. doi: 10.1098/rstb.2015.0338.
- HUNT H.V., BADAQSHI F., ROMANOVA O., HOWE C.J., JONES M. & HESLOP-HARRISON J.S., 2014: Reticulate evolution in *Panicum* (Poaceae): the origin of tetraploid broomcorn millet, *P. miliaceum*. *J. Exp. Bot.* 65, 3165–3175.
- INGRAM A.L., CHRISTIN P.A. & OSBORNE C.P., 2011: Molecular phylogenies disprove a hypothesized C_4 reversion in *Eragrostis walteri* (Poaceae). *Ann. Bot.* 107, 321–325.
- JIA J., DAI Z., LI F. & LIU Y., 2016: How Will Global Environmental Changes Affect the Growth of Alien Plants? *Front. Plant Sci.* 7, 1623. doi: 10.3389/fpls.2016.01623.
- KANE N., SVEINSSON S., DEMPEWOLF H., YONG YANG J., ZHANG D., ENGELS J.M.M. & CRONK Q., 2012: Ultra-barcoding in cacao (*Theobroma* spp.; Malvaceae) using whole chloroplast genomes and nuclear ribosomal DNA. *Am. J. Bot.* 99, 320–329. doi: 10.3732/ajb.1100570.
- LI X., YANG Y., HENRY R. J., ROSSETTO M. & WANG Y., 2015: Plant DNA barcoding: from gene to genome. *Biol. Rev.* 90, 157–166. doi: 10.1111/brv.12104
- PYANKOV V.I., ZIEGLER H., AKHANI H., DEIGELE C. & LÜTTGE U., 2010: European plants with C_4 photosynthesis: Geographical and taxonomic distribution and relations to climate parameters. *Bot. J. Linn. Soc.* 163, 283–304. doi: 10.1111/j.1095-8339.2010.01062.x.
- PYŠEK P., LAMBDON P.W., ARIANOUTSOU M., KÜHN I., PINO J. & WINTER M., 2009: Alien Vascular Plants of Europe. In: DAISIE, Handbook of alien species in Europe. *Invading Nature: Springer Series in Invasion Ecology* 3, 43–61.
- PYŠEK P., HULME P.E., MEYERSON L. A., SMITH G.F., BOATWRIGHT J.S., CROUCH N.R., FIGUEIREDO E., FOXCROFT L. C., JAROŠÍK V., RICHARDSON D.M., SUDA J. & WILSON J.R.U., 2013: Hitting the right target: taxonomic challenges for, and of, plant invasions. *AoB Plants* 5, plt042. doi: 10.1093/aobpla/plt042.
- RATNASINGHAM S. & HEBERT P.D.N., 2007: BOLD: The Barcode of Life Data System (www.barcodinglife.org). *Molec. Ecol. Notes* 7, 355–364. doi: 10.1111/j.1471-8286.2006.01678.x.
- ROUGET M., ROBERTSON M.P., WILSON J. R.U., HUI C., ESSL F., RENTERIA J.L. & RICHARDSON, D.M., 2016: Invasion debt – quantifying future biological invasions. *Diversity Distrib.* 22, 445–456. doi: 10.1111/ddi.12408.
- SAGE R.F. & KUBIEN D.S., 2003: Quo vadis C_4 ? An ecophysiological perspective on global change and the future of C_4 plants. – *Photosyn. Res.* 77, 209–225. doi: 10.1023/A:1025882003661.
- SUNIL M., HARIHARAN A.K., NAYAK S., GUPTA S., NAMBIAN S.R., GUPTA R.P., PANDA B., CHOUDHARY B. & SRINIVASAN S., 2014: The Draft Genome and Transcriptome of *Amaranthus hypochondriacus*: A C_4 Dicot Producing High-Lysine Edible Pseudo-Cereal. *DNA Res.* 21, 585–602. doi: 10.1093/dnares/dsu021.
- TABERLET P., COISSAC E., POMPANON F., BROCHMANN C. & WILLERSLEV E., 2012: Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Mol. Ecol.* 21, 2045–2050. doi: 10.1111/j.1365-294X.2012.05470.x.
- VAN DE WIEL C.C.M., VAN DER SCHOOT J., VAN VALKENBURG J.L.C.H., DUISTERMAAT H. & SMULDERS M.J.M., 2009: DNA barcoding discriminates the noxious invasive plant species, floating pennywort (*Hydrocotyle ranunculoides* L.f.), from non-invasive relatives. *Mol. Ecol. Resour.* 9, 1086–1091. doi: 10.1111/j.1755-0998.2009.02547.x.

- VAN KLEUNEN M., DAWSON W., ESSL F., et al. PERGL J., WINTER M., WEBER E., KREFT H., WEIGELT P., KARTESZ J., NISHINO M., ANTONOVA L. A., BARCELONA J. F., CABEZAS F.J., CÁRDENAS D., CÁRDENAS-TORO J., CASTAÑO N., CHACÓN C., CHATELAIN C., EBEL A.L., FIGUEIREDO D., FUENTES N., GROOM Q. J., HENDERSON L., INDERJIT, KUPRIYANOV A., MASCIADRI S., MEERMAN J., MOROZOVA O., MOSER D., NICKRENT D., PATZELT A., PELSER P. B., BAPTISTE M.P., POOPATH M., SCHULZE M., SEEBENS H., SHU W., THOMAS J., VELAYOS M., WIERINGA J.J. & PYŠEK P., 2015: Global exchange and accumulation of non-native plants. *Nature* 525, 100–103. doi: 10.1038/nature14910.
- VERLOOVE F., 2010: Invaders in disguise. Conservation risks derived from misidentifications of invasive plants. *Manag. Biol. Invasions* 1, 1–5. doi: 10.3391/mbi.2010.1.1.02.
- WASELKOV K., 2013: Population Genetics and Phylogenetic Context of Weed Evolution in the Genus *Amaranthus* (Amaranthaceae). All Theses and Dissertations (ETDs). Paper 1162. <http://openscholarship.wustl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=2162&context=etd>.
- WINTER M., SCHWEIGER O., KLOTZ S., NENTWIG W., ANDRIOPOULOS P., ARIANOUTSOU M., BASNOU C., DELIPEIROU P., DIDŽIULIS V., HEJDA M., HULME P.E., LAMBDOON P.W., PERGL J., PYŠEK J., ROY D.B. & KÜHN I., 2009: Plant extinctions and introductions lead to phylogenetic and taxonomic homogenization of the European flora. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 106, 21721–21725. doi: 10.1073/pnas.0907088106.
- WEBER E. & GUT D., 2005: A survey of weeds that are increasingly spreading in Europe. – *Agron. Sustain. Dev.* 25, 109–121. doi: 10.1051/agro:2004061.
- ZIMMERMANN T., BOCKSBERGER G., BRÜGGEMANN W. & BERBERICH T., 2012: Phylogenetic relationship and molecular taxonomy of African grasses of the genus *Panicum* inferred from four chloroplast DNA-barcodes and nuclear gene sequences. *J. Pl. Res.* 126, 363–371. doi: 10.1007/s10265-012-0538-y.

Anschriften:

Mag. Clemens PACHSCHWÖLL, Department für Botanik und Biodiversitätsforschung, Universität Wien, Rennweg 14, A-1030 Wien, Österreich.

E-Mail: clemens.pachschwoell@univie.ac.at

Dr. Franz ESSL, Privatdoz., Department für Botanik und Biodiversitätsforschung, Universität Wien, Rennweg 14, A-1030 Wien, Österreich und Umweltbundesamt, Spittelauer Lände 5, A-1090 Wien, Österreich.

E-Mail: franz.essl@univie.ac.at, franz.essl@umweltbundesamt.at

Assoz. Prof. Dr. Gerald M. SCHNEEWEISS, Privatdoz., Department für Botanik und Biodiversitätsforschung, Universität Wien, Rennweg 14, A-1030 Wien, Österreich.

E-Mail: gerald.schneeweiss@univie.ac.at

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

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

Jahr/Year: 2017

Band/Volume: [154](#)

Autor(en)/Author(s): Pachschwöll Clemens, Essl Franz, Schneeweiss Gerald M.

Artikel/Article: [DNA-Barcoding von invasiven Pflanzen in Österreich: zum Projektstart 187-192](#)