

Are the remains of the Central European population of *Drepanocladus turgescens* genetically distinct from Scandinavian populations?

Lars HEDENÄS* & Irene BISANG

Abstract: HEDENÄS, L. & BISANG, I. 2019. Are the remains of the Central European population of *Drepanocladus turgescens* genetically distinct from Scandinavian populations? – Herzogia 32: 209–218.

The wetland moss *Drepanocladus turgescens* occurs in interglacial refugia in both mountains and lowlands of Europe. It is relatively frequent in Scandinavia, but due to habitat deterioration, it has severely declined in Central Europe. We compare haplotype variation based on the nuclear markers ITS (1+2) and *gpd*, and the plastid *rpl16* in 103 samples from both Scandinavia and Central Europe, including the Alps. The Central European population harbours five haplotypes that are unknown in NW Europe. It is genetically similar to southern Scandinavian populations, but differs clearly from the populations in the Scandinavian mountain range and on Svalbard. Despite that *D. turgescens* has disappeared from many lowland localities in Central Europe, haplotype numbers and diversity do not differ from values in Scandinavia. Central European nucleotide diversity is slightly lower than in Scandinavian populations. The high number of private haplotypes in a limited sample and the still high genetic diversity suggest that conservation measures in Central Europe are motivated. We suggest assessing the spatial and temporal genetic variation in Central Europe, to identify the regions with the highest genetic diversity, and those which genetic diversity has been lost compared to records from the beginning of the 20th Century. This will allow well-targeted and efficient conservation actions.

Zusammenfassung: HEDENÄS, L. & BISANG, I. 2019. Ist die verbliebene mitteleuropäische Population von *Drepanocladus turgescens* genetisch verschieden von den Populationen in Skandinavien? – Herzogia 32: 209–218.

Drepanocladus turgescens kommt in Europa in interglazialen Refugien in den Bergen als auch im Tiefland vor. Die Art ist in Skandinavien relativ häufig, ist jedoch in Mitteleuropa wegen Lebensraumverlust stark zurückgegangen. Hier vergleichen wir die Haplotyp-Variation der Kernmarker ITS (1+2) und *gpd*, und des Chloroplastmarker *rpl16* in 103 Proben aus Skandinavien und Mitteleuropa einschließlich der Alpen. Die mitteleuropäische Population von *D. turgescens* umfasst fünf Haplotypen, die aus NW-Europa nicht bekannt sind. Sie ist genetisch ähnlich wie die südsandinavischen Populationen, unterscheidet sich aber von den Populationen im skandinavischen Gebirge und auf Svalbard. Obschon *D. turgescens* von vielen Lokalitäten im mitteleuropäischen Tiefland verschwunden ist, unterscheiden sich die Anzahl und Diversität der Haplotypen nicht von jenen in Skandinavien. Die Nukleotid-Diversität ist etwas niedriger in Mitteleuropa als in Skandinavien. Die hohe Anzahl an privaten Haplotypen in einer begrenzten Stichprobe und die nach wie vor hohe genetische Diversität motivieren Artenschutzmaßnahmen in Mitteleuropa. Wir schlagen konkret vor, die räumliche und zeitliche genetische Variation in Mitteleuropa abzuklären, d.h. die Orte der gegenwärtig höchsten genetischen Diversität zu identifizieren, sowie jene, wo ein Verlust der genetischen Diversität im Vergleich mit Belegen vom Anfang des 20. Jahrhunderts stattgefunden hat. Dies ermöglicht, dass zielgerichtete und effiziente Erhaltungsmaßnahmen implementiert werden können.

Key words: Conservation, haplotype, intraspecific genetic diversity, wetland moss.