Genomanalyse bei *Triticum* und *Aegilops* IX. Systematischer Aufbau der Gattung *Aegilops* auf genomanalytischer Grundlage*

Von

Hitoshi Kihara

Eingegangen am 24. August 1946

Einleitung

Die sich steigernden Schwierigkeiten in bezug auf die Kreuzbarkeit der neuen Bastardkombinationen unter den *Triticum*- und *Aegilops*-Arten hatten zur Folge, daß auch die Fortschritte im Ausbau unserer Genomanalyse allmählich langsamer werden mußten (vgl. KIHARA 1937, KIHARA und MATSUMURA, 1941). Die Ergebnisse der Jahre 1937–1946 haben jedoch trotz aller großen Hindernisse ziemlich viele wertvolle Aufschlüsse hinsichtlich der Klassifikation der *Aegilops*-Arten gebracht, worüber ich im folgenden kurz berichten möchte.

Ein Teil dieser Forschungen wurde mit Hilfe meiner Mitarbeiter — die Herren Dr. SUZUKI, Dr. KONDO, Dr. MOTIZUKI, Dr. MEGURO und Frl. KISHIMOTO — ausgeführt. Einzelheiten betreffs dieser Bastardkombinationen denken wir solange die genauere Analyse noch unvollendet ist, nicht zu publizieren.

Ergebnisse des Jahres 1937

Nur drei Bastarde wurden untersucht. Die wichtigsten Befunde finden sich in Tab. 1 kurz zusammengefaßt.

Tabelle 1. Zusammenfassung der cytologischen Befunde des Jahres 1937

Kult. Nr.	Bastarde	Anzahl d. Bind. (Mode)	Anzahl d. fest Bind.	Zahl d. Unreduz. Kompl. Gameten	Anzahl d. homolog. Genome	Gute Pollen barkeit (%)	Fruchtbarkeit (%)
29	<i>Ae. caud.</i> × <i>squar.</i> 1.	3–5	bis 2	bis 2	0	0	—
31	<i>Ae. long.</i> × <i>T. dicoccum</i>	0–4	1	0–1	0	0	0.00
32	× <i>T. monococcum</i>	0–3	0	0	0	0	0.00

Ergebnisse des Jahres 1938

Die Sektion *Pachystachys* von Eig (*Ae. squarrosa*, *Ae. crassa* und *Ae. ventricosa*) wurde bis jetzt nur wenig untersucht. Unsere Analyse dieser Gruppe zeitigte als Resultat, dass eine innige Beziehung zwischen ihnen besteht (Tab. 2). Das *Squarrosa*-Genom ist allen polyploiden Arten gemeinsam. Es wurde mit dem D-Genom von Dinkel und *Ae. cylindrica* identifiziert (siehe unten).

* Contributions from the Laboratory of Genetics, Biological Institute, Kyoto University. No. 183.

Tabelle 2. Zusammenfassung der cytologischen Befunde des Jahres 1938

Kult. Nr.	Bastarde	Anzahl d. Bind. (Mode)	Anzahl d. fest. Bind.	Zahl d. Kompl. Gameten	Unreduz. Gameten	Anzahl d. homolog. Genome	Gute Pollen (%)	Fruchtbarkeit (%)
51	<i>Ae. squar. 1</i> × <i>ventr.</i>	7	7	0-1	0	1	0.00	0.00
54) 56)	<i>Ae. ventr.</i> × <i>crassa</i> (4x)	3-7	0-1	(0-3)III -1v	0	1	0.00	0.00
57	<i>Ae. crassa</i> (6x) × (4x)	14	bis 10	-2III -3IV	0	2	37.07	16.75
58) 59)	<i>Ae. crassa</i> (6x) × <i>ventr.</i>	6-9	bis 2	-3III, IV usw	0	1	0.31	0.00
66	.. (4x) × <i>squar. 1.</i>	4-8	bis 3	bis 2	0	1	1.68	0.32

Ergebnisse des Jahres 1939

In diesem Jahre wurden 4 neue Kombinationen untersucht. Die Ergebnisse sind in Tab. 3 zu sehen.

Tabelle 3. Zusammenfassung der cytologischen Befunde des Jahres 1939

Kult. Nr.	Bastarde	Anzahl d. Bind. (Mode)	Anzahl d. fest. Bind.	Zahl d. Kompl. Gameten	Unreduz. Gameten	Anzahl d. homolog. Genome	Gute Pollen (%)	Fruchtbarkeit (%)
7	<i>Ae. biunc.</i> × <i>long</i>	0-5	0-1	0-2	0	1 ^s	0.00	—
15	<i>Ae. spelt.</i> × <i>bicornis</i>	(5-7)	bis 7	0	0	1 ^s	1.97	(2.79) ¹
17	<i>Ae. long.</i> × <i>caud.</i>	3-6	1	0-2	0	0	—	9.70
20	× <i>T. Timoph.</i>	0-7	0-1	0-1	0	0	—	0.00
22	<i>Ae. uniarist.</i> × <i>bicorn.</i>	1-6	0-1	0-2	0	0	—	0.00

¹ Rückkreuzung F₁ × *bicornis*. s = semihomolog.

Der Bastard — *Ae. speltoides* × *Ae. bicornis* — zeigt 5-7 Bivalente (Mode 7). Sie sind sehr fest gebunden. Der Bastard ist ziemlich hoch fertil. Die Fruchtbarkeit aus der Rückkreuzung mit *Ae. bicornis*-Pollen beträgt 2.79%. Die Ausbeute an guten Pollenkörnern war 1.97(%)

Ergebnisse des Jahres 1940

Elf neue Bastardskombinationen wurden untersucht (Tab. 4). 7 diploide Artbastarde, deren Eltern zu abweichenden Sektionen gehören, zeigten sich alle steril und wiesen keine homologen Genome auf. Ein Bastard zwischen 2 *Sitopsis*-Arten, nämlich *Ae. longissima* × *Ae. Aucheri*, besass 5-7 ziemlich feste Bivalente. Dieser Bastard war schwach fertil.

Triploide Bastarde wurden zwei analysiert. Der Bastard, *Ae. triuncialis* × *Ae. caudata*, hat 7_{II} + 7_I. Hieraus geht hervor, daß *Ae. triuncialis*

ein Genom von *Ae. caudata* besitzt. Bei der Rückkreuzung mit *Ae. caudata*-Pollen hat dieser Bastard kein einziges Korn angesetzt. Die künstlich hergestellte amphidiploide Art aus *Ae. caudata* × *Ae. umbellulata* zeigte sich morphologisch identisch mit *Ae. triuncialis typica* (SEARS, 1938, KIHARA, u. KONDO, 1943). Unsere Kreuzungsexperimente ergaben, daß *Ae. triuncialis* und die neue synthetisierte Art sehr leicht kreuzbar sind. Der Bastard ist hoch fertil.

Tabelle 4. Zusammenfassung der cytologischen Befunde des Jahres 1940

Kult. Nr.	Bastarde	Anzahl d. Bind. (Mode)	Anzahl d. fest. Bind.	Zahl d. Kompl. Gameten	Unreduz. d. homolog. Genome	Gute Pollen (%)	Fruchtbarkeit (%)
1	<i>Ac. Auch.</i> × <i>comosa</i>	1-7(6)	0-3	0-1	0	0	0.00
7	<i>Ae. bicorn.</i> × <i>squar.</i>	0-6	bis 1	0-1	0	0	0.00
8	„ × <i>umbell.</i>	0-5(3)	bis 1	0-3	0	0	0.00
10	„ × <i>uniarist.</i>	gleich wie schon untersuchte rez. Kreuzung			0	0	0.00
12)	<i>Ae. caud.</i> × <i>comosa</i>	4-6(5)	bis 3	0-2	0	0	0.00
13)							
14)	„ × <i>long.</i>	0-3(0)	bis 1	0-1	—	0	0.00
15)							
16)	„ × <i>umbell.</i>	3-6(5)	bis 1	bis 1	0	0	0.00
19	„ × <i>T. Timoph.</i>	0-5	0	—	0	0	—
20	„ × <i>T. Timoph.</i>	0-5	0	—	0	0	—
24	<i>Ae. comosa</i> × <i>long.</i>	0-6(3)	0-2	0-1	0	0	0.00
25	<i>Ae. crassa</i> (4x) × <i>bicorn.</i>	2-7(5)	bis 3	-2III -2IV	0	0	0.00
26	„ × <i>squar. 1</i>	meist locker geb.	2-3)	—	0	1	2.87 1.83 (16.66) ¹ (16.12) ² 2.05
27	<i>Ae. crassa</i> (6x) × <i>bicorn.</i>	3-6	bis 3	—	0	0	0.00
28	„ × <i>squar. 1</i>	6-10(7)	4	0-3	0	1	0.00 (18.33) ³
30	<i>Ae. long.</i> × <i>Auch.</i>	5-7(7)	4	(0-1)III (0-1)IV	0	1*	0.28 0.00 (5.33) ⁴ (6.25) ⁵
33	„ × <i>umbell.</i>	0-4(2)	0	0-1	0	0	0.00
35	„ × <i>uniarist.</i>	0-6(2)	0-1	0-1	0	0	0.00
41	<i>Ae. triunc.</i> × <i>caud.</i>	6-7(7)	bis 6	0-2	0	1	0.00 (0.00) ⁶
49	<i>Ae. umbell.</i> × <i>Auch.</i>	0-5(3)	0	0-3	0	0	0.00

1 F_1 × *crassa* (4x), 2-3) F_1 × *squar.*; 1-3 nicht gekeimt.

4 F_1 × *Auch.*, 5, F_1 × *long.*, 6, F_1 × *caud.* od. *triunc.*; 4-5 gut gekeimt.

Der triploide Bastard — *Ae. crassa* 4x × *Ae. bicornis* — zeigt, daß die beiden Arten kein gemeinsames Genom besitzen. Das Resultat der tetraploiden Verbindung, *Ae. crassa* 6x × *Ae. bicornis*, spricht auch dafür.

Die Ansicht, dass *Ae. crassa* eine allotetraploide Art von *Ae. squarrosa* und *Ae. bicornis* sei (SENJANINOVA-KORCZAGINA, 1932), wurde durch diese Analyse widerlegt. Ausserdem war der Bastard, *Ae. squarrosa* × *Ae. bicornis*, morphologisch von *Ae. crassa* völlig verschieden (KIHARA, 1940a).

Ergebnisse der Jahre 1941-46

In diesen Jahren erhielten wir viele Bastarde. Die Ergebnisse sind in Tab. 5-10 zusammengestellt.

Aus Tab. 5 geht hervor, dass innerhalb der Sektion *Sitopsis* (*Ae. speltoides*, *Ae. longissima* und *Ae. bicornis*) das S-Genom in modifizierter Form existiert. *Ae. variabilis* hat wahrscheinlich ein S-Genom in ihrem Bestandteile.

Tabelle 5. Ergebnisse des Jahres 1941

Kult. Nr.	Bastarde	Anz. d. Bind.	fest. B.	Kompl.	Anzahl d. homolog. Genome	Gute P.	Fruchtb. (frei)
5	<i>Ae. biunc.</i> × <i>Auch.</i>	3-7	-1	0-3 (N u.w)	0	0.00	0.00
7	„ × <i>caud.</i> 1	5-7(7)	—	—	0	0.00	0.00
8	„ × <i>com.</i> 1	5-8(7)	-5	0-2	1	0.00	0.00
11	<i>Ae. caud.</i> 1 × <i>biunc.</i>	4-8(7)	1	0-2	0	0.00	0.00
17	„ × <i>uniar.</i>	2-5	-1	—	0	—	0.00
32	<i>Ae. long.</i> × <i>bicornis</i>	Nicht gelungen					
40	„ × <i>comosa</i>	1-5	-1	0	0	—	0.00
41	„ × <i>speltoides</i>	5-7 (meist — 4II + N + 2I)	—	1IV (od. 1III)	1*	—	0.00
42	„ × <i>uniar.</i> 1	2-5	—	—	0	—	0.00
45	„ × <i>variab.</i> 1	6-8(7)	5	-1	1*	0.00	0.00
46	<i>Ae. spelt.</i> × <i>bicor.</i>	6-7(7)	-6	—	1*	—	0.00
59	<i>Ae. squar.</i> × <i>uniar.</i>	1-5	0-1	0-1	0	—	0.00
64	<i>Ae. umbell.</i> 1 × <i>bicornis</i>	0-3	0	-1	0	—	0.00
65	„ × „	0-5	-1	0-2	0	—	0.00
66	„ × „	1-5	-1	—	0	—	0.00
69	„ × <i>com.</i> 1	2-5	-1	0-2	0	—	0.00
70	„ × <i>squar.</i> 1	3-5	0	0-3	0	0.53	0.00
87	<i>Ae. uniar.</i> × <i>umbell.</i> 1	1-5(4)	-1	0-1	0	—	0.00
93	<i>T. vulg.</i> × <i>Macha</i>	Vor Reifungsteilung abgestorben					

* nicht echt homolog.

Tabelle 6. Ergebnisse des Jahres 1942
a. *Aegilops* × *Aegilops*.

Kult. Nr.	Bastarde	Bind.	Anzahl d. fest. B.	Zahl d. Kompl.	Anzahl d. homolog. Genome	Gute Poll.	Fruchtb. (frei)
1	<i>Ae. biunc.</i> × <i>bicorn.</i>	0-6	0-1	0-1	0	0.00	0.00
5	<i>Ae. colum.</i> × <i>Auch.</i>	5-7(7)	0	(0-1 _{IV}) 0-4	0	0.00	0.00
6	„ × <i>bicorn.</i>	1-7	0	0-2	0	0.00	0.00
9	„ × <i>caud.</i>	7-8	0-2	-3 (IV)	0	0.00	0.00
10	„ × <i>comosa</i>	3-7	0-1	0-3 (W)	0	0.00	0.00
12	„ × <i>spelt.</i>	5-7	0	0-3	0	0.64	0.00
14	„ × <i>uniar.</i> 2	4-6	0	-1	0	0.00	0.00
20	<i>Ae. crassa</i> × <i>uniar.</i> 2 (6 x)	6-9	-2	-3	0	0.00	0.00
25	<i>Ae. ovata</i> × <i>colum.</i>	6-9	-4	0-3	1	—	0.00
27	„ × <i>comosa</i>	6-7(7)	-5	0-1	1	0.00	0.00
28	„ × <i>long.</i>	2-6(4)	0	-1 (N)	0	0.00	0.00
29	„ × <i>squar.</i>	5-8	-2	-1	0	0.00	0.00
32	„ × <i>uniar.</i> 2	1-7	0-1	0-2	0	0.00	0.00
36	<i>Ae. triar.</i> × <i>column.</i> (4)	12-14 ¹⁾ (12)	-8	V	2	21.53	6.14
37	„ × <i>uniar.</i>	2-6 (4)	0-2	VN	0	0.29	0.00
38	„ × <i>column.</i> (3)	11-14 ¹⁾ (12)	-8	VO	2	15.75	0.98
40	„ × <i>spelt.</i> (3)	2-8 (4-5)	0	V	0	0.21	0.00
45	<i>Ae. triunc.</i> × <i>Auch.</i>	4-7	-2	V	0	0.00	0.00

b. Analyse von *T. Macha*¹

Verbindung	Anzahl d. Bivalenten	Anzahl d. fest. Bind.	Zahl d. Kompl.	Gute Poll.	Fruchtbarkeit s	f
<i>T. Macha</i> 1	21	20	0	—	—	59.9
<i>T. Macha</i> 2	21	21	0	—	—	75.0
<i>T. Spelta</i>	21	—	—	97.4	—	97.3
<i>T. Macha</i> 1 × <i>Macha</i> 2	19	19	1 (od. 1 _{III} +1 _I)	97.5	83.3	90.9
<i>T. Macha</i> 2 × <i>Macha</i> 1	—	—	—	97.6	91.6	—
<i>T. Macha</i> 2 × <i>Spelta</i>	21	19 (selten) -20	0	96.8	86.6	95.7
<i>T. Spelta</i> × <i>Macha</i> 2	—	—	0	98.1	87.6	84.3
<i>T. Macha</i> 1 × <i>durum</i>	12	12	1-2	84.1	58.5	65.4
<i>T. Macha</i> 1 × <i>Timopheevi</i>	7-14	—	0	21.8	0.0	0.00
<i>T. Macha</i> 2 × <i>T. aeg.</i>	5-10	—	—	7.40	0.0	0.00

¹ Diese Analyse wurde mit meiner Mitarbeiterin Frl. Kishimoto durchgeführt.*Macha* 1=var. *sub-letschumicum* Dek. et Men.*Macha* 2=var. *palaeo-imereticum* Dek. et Men.

Ae. triaristata und *Ae. columnaris* scheinen ein echt homologes (C^u) und ein fast homologes Genom zu besitzen (Tab. 6a). Das zweite Genom von beiden Arten ist fast homolog mit dem M-Genom von *Ae. comosa*. Das M-Genom existiert in modifizierter Form bei *Ae. ovata*-Art, welche noch ein Genom von *Ae. umbellulata* (C^u) besitzt. Diese 3 tetraploiden Arten der Sektion *Polyeides* besitzen deshalb eine ähnliche Genomformel.

Das M-Genom von *Ae. uniaristata* scheint ziemlich weit entfernt mit dem M-Genom von *Ae. columnaris*, *triaristata* und *ovata* zusammenzuhängen.

Auf Grund dieser Analyse, dargestellt in Tab. 6b, kann man leicht erkennen, dass *T. Macha* der Dinkelreihe mit der Genomformel AABBDD angehört. *T. Macha* Nr. 1. hat sich aus *T. Macha* Nr. 2 und wahrscheinlich auch aus *T. Spelta* unter einmaligem Segmentaustausch herausdifferenziert.

Tabelle 7. Ergebnisse des Jahres 1943

Kult. Nr.	Bastarde	Bind.	Anz. d. fest. B.	Kompl.	Anzahl d. homolog. Genome	Gute P.	Fruchtb.
4	<i>Ae. biunc.</i> × <i>crassa</i> 1 (6 x)	3-8(7)	-3	-2(1IV)	0	0.00	0.00
8	<i>Ae. column.</i> × „	4-8(7)	-3	-2(1IV)	0	0.00	0.00
9	„ × <i>Kotschy</i>	7-11(9)	-3	-3(2IV)	1	12.31	0.00
15	<i>Ae. triar.</i> 1 × <i>biunc.</i> (6 x)	±9	-5	III, IV	21(*)	7.19	0.00
16	„ × <i>biunc.</i> 1	6-11	viel	V	„	7.04	0.00
17	<i>Ae. triar.</i> (4x) × <i>column.</i>	Univ. wenig 7-8(8)	viel	[]	„	17.39	2.64
18	<i>Ae. triar.</i> 1 × <i>crassa</i> 1 (6 x) (6 x)	7-8(8)	3	-2	0	0.00	0.00
19	<i>Ae. triar.</i> 7 × <i>Kotschy</i> (4 x)	7-10(9)	-6	-2(I I)	1	0.00	0.00
20	<i>Ae. triar.</i> 1 × <i>variab.</i> (6 x)	7-11	-4	-2	1	1.41	0.00
21	<i>Ae. umbell.</i> × <i>squar.</i>	1-5(3)	0	-1	0	0.00	0.00

Tabelle 8. Ergebnisse des Jahres 1944

Kult. Nr.	Bastarde	Bind.	Anz. d. fest. B.	Kompl.	Anzahl d. homolog. Genome	Gute P.	Fruchtb.
1	<i>T. aeg. boeot.</i> × <i>Ae. squar.</i> 1	1-5	-2	-1III	0	0.00	0.00
3	„ × <i>Ae. squar.</i> 2	2-7 (6)	-4	-1IV	0	0.00	0.00
13	<i>T. turg.</i> × <i>Ae. squar.</i> 1	(nicht untersucht)			—	52.00	—
28	<i>T. vulg. eryth.</i> × <i>Ae. ventr.</i> 1	7	ca. 7	—	1	0.00	s 0.00 f 0.30
30	<i>Ae. cylindrica</i> × <i>squar.</i> 4 x ¹	8-9	-7	-5III	3	0.26	0.00
34	<i>Ae. crassa</i> × <i>Ae. squar.</i> 2 (4x)	7	-7	-2III	1	0.83 (0.00-5.71)	0.00

¹ Resultat von N. Kondo (unpubliziert).

Aus den Resultaten der Tab. 7 geht wieder hervor, daß 3 tetraploide Arten der *Polyoides*-Sektion (*Ae. triaristata*, *columnaris* und *biuncialis*) nahe verwandt sind. Doch scheinen sich *Ae. triaristata* und *columnaris* am nächsten zu stehen.

In unserem Sortiment befinden sich zwei Varietäten von *Ae. squarrosa*. Der Bastard zwischen diesen beiden hat 7 normale Bivalenten und ist hoch fertil. Doch die Bastarde der beiden Varietäten mit *T. aegiloides* zeigen abweichende Konjugationsverhältnisse (Tab. 8). Ähnliches beobachtete ich auch bei den Bastarden mit *Ae. crassa* (Tab. 3, 4 u. 8).

Der F_1 -Bastard, *T. turgidum* × *Ae. squarrosa* zeigt in größeren Zügen die Morphologie des Dinkelweizens. Dieser Bastard hat nur eine Ähre geschosst. Die Pollenkörner waren bis zu 52% normal. Wahrscheinlich fand eine Restitution während der ersten Reifungsteilung statt. Hierdurch wurden wohl die unreduzierten Gameten erzeugt. Der Bastard ist jedoch vor der Reife eingegangen.

Daß das *Squarrosa*-Genom homolog mit dem D-Genom von *Ae. cylindrica* ist, konnte ich nicht direkt beweisen. Die Kreuzung *Ae. cylindrica* × *squarrosa* blieb bis jetzt ergebnislos. Doch die Kreuzung *Ae. cylindrica* × autotetraploide *squarrosa* konnte Dr. KONDO analysieren. Nach der Trivalentbildung gelang es ihm, die Homologie der D- und *Squarrosa*-Genom festzustellen.

Tabelle 9. Ergebnisse des Jahres 1945

Kult. Nr.	Bastarde	Bind. (Mode)	Anzahl d. fest. B.	Kompl.	Gute P. (%)	Fruchtb. (%)
11	<i>Ae. ventr.</i> 1 × <i>T. durum</i>	—	—	—	5.12	s 0.00 f 0.86 ¹
12	<i>T. dic. spont.</i> × <i>Ae. ventr.</i>	0-2 (0)	0	0	0.53	s 0.00 f 0.50 ²
13	Rez.	Nicht näher untersucht.			0.79	s 0.00 f 0.00 ³
1	11 × <i>T. vulg. erythrospermum</i>	8.72	2	12 × <i>T. vulg. erythr.</i>	3.75	
	11 × <i>T. Spelta</i> (Kopenhagen)	13.63		12 × <i>T. Spelta</i> (Kopenhagen)	16.81	
	11 × <i>T. Spelta Duhamelianum</i>	7.46	3	13 × <i>T. vulg. erythr.</i>	9.86	

Im Jahre 1945 konnte ich die alte Kombination (Emmer × *Ae. ventricosa*) züchten (Tab. 9). Unreduzierte Gameten liessen sich sehr häufig nachweisen. Es handelte sich hier darum die Gleichheit der D-Genom von *ventricosa* mit denen der Rückkreuzung (F_1 × *T. vulgare*-Pollen) zu beweisen. Das Resultat, das wir im Jahre 1946 erhielten, war wie erwartet (Tab. 10).

Im Jahre 1946 3 Individuen von F_1 -Bastard — *T. dicoccoides* var. *spontaneo-nigrum* × *Ae. squarrosa* Nr. 2 — erzeugt. Dieser F_1 -Bastard

zeigt ungefähr die Morphologie von *T. Spelta*.¹ Sehr häufig wurden Restitutionskerne festgestellt. Ich konnte die entsprechende Kernplatte

Tabelle 10. Ergebnisse des Jahres 1946

Kult. Nr.	Bastarde	Anzahl d. Bind. (Mode)	Anzahl d. fest. Bind.	Zahl d. Komplexe	Gute Poll.	Fruchtbarkeit s.	f.
1	<i>Ae. squarrosa</i> Nr. 1 × Nr. 2	7	5-7	0	94.2	87.7	85.4
2	Rez.	7	5-7	0	82.4	81.3	81.9
12	<i>T. dicoccoides</i> × <i>Ae. squarrosa</i> Nr. 2	0-3(0)	0	—	43.4	2.5 ¹ 4.8 ²	1.5
19	<i>T. Spelta</i> × <i>Ae. squarrosa</i> Nr. 2	Zwergig, vor der Reife eingegangen. Junge Pollen mit abweichenden Grösse wurden beobachtet.					
21	<i>T. vulgare</i> × Amphidiploid (<i>bicornis</i> + <i>squarrosa</i>)	5-8(7) (7II + 21I)	-5	-2IV	0.4	0	0
26	(<i>T. dicoccoides</i> × <i>Ae. ventr.</i>) × <i>T. vulg.</i>	-21 (21II + 7I)	viel	häufig	53.6 ³ 47.5 ⁴	70.0 —	56.6 51.1

1 Künstliche Selbstbestäubung. 2 Bestäubung mit dem *Spelta*-Pollen. 3 Nr. 26-4 4 Nr. 26-6

in der II. Teilung beobachten. Unreduzierte Gameten ließen sich deshalb auch sehr häufig nachweisen (KIHARA 1946). Die normalen Pollenkörner waren, wie erwartet, groß. Ihrer Zahl nach betrugen sie ca. 11-70% (im Durchschnitt 43.4%). Der Bastard gab ziemlich viele gute Samen ab.

Daß das *Squarrosa*-Genom homolog mit dem D-Genom von *T. vulgare* ist, konnte ich direkt aus der Kreuzung, *T. vulgare* × (*bicornis* × *squarrosa* 4x), beweisen.

Klassifikation der Gattung *Aegilops*

Den Ergebnissen der Jahre 1937-1946 zufolge konnte ich auf Grund der Genomanalyse die Gattung *Aegilops*, wie Tabelle 11 zeigt, klassifizieren.

Es waren bei der Klassifikation dieser Gattung *Aegilops* die folgenden drei Momente zu berücksichtigen.

1. Zwei diploide Arten, die ein echt homologes Genom besitzen, wurden in die gleiche Sektion eingereiht. Zwei diploide Arten, deren Bastard meist 7 Bivalenten hat und dem entsprechend fertil ist, wurden ebenfalls in die gleiche Gruppe eingeschlossen.

2. Diploide und polyploide Arten wurden in die gleiche Sektion eingeordnet, falls sie ein homologes Genom gemeinsam besaßen. Aber Arten wie *Ae. cylindrica*, die ein *caudata*- und ein *squarrosa*-Genom besitzen, wurden in eine der von den früheren Forschern aufgestellten Sektionen eingereiht.

¹ Ährenspindel bricht nach dem keilförmigen Ährentyp.

3. Fertilität war nicht immer ein sicheres Zeichen für die Austauschbarkeit der elterlichen Chromosomen. Wir haben bis jetzt viele Faktoren entdeckt, die die Fruchtbarkeit der Bastarde herabsetzen:

- a. Artfremdes Plasma.
- b. Lethale Genen.
- c. "Crossing-over" zwischen semihomologen Chromosomen.

Tabelle 11. Klassifikation der Gattung *Aegilops* auf genomanalytischer Grundlage

	Genotyp
Polyeides	
<i>Ae. umbellulata</i> ZHUK.	Cu
<i>Ae. ovata</i> L.	Cu Mo
<i>Ae. triaristata</i> WILLD. 4x	Cu Mt
<i>Ae. triaristata</i> WILLD. 6x	Cu Mt + (?)
<i>Ae. columnaris</i> ZHUK.	Cu Mc
<i>Ae. biuncialis</i> VIS.	Cu Mb
<i>Ae. variabilis</i> EIG	Cu Sv
<i>Ae. Kotschy</i> BOISS.	Cu Sv
<i>Ae. triuncialis</i> L.	Cu C
Cylindropyrum	
<i>Ae. cylindrica</i> HOST	C D
<i>Ae. caudata</i> L.	C
Comopyrum	
<i>Ae. comosa</i> SIBTH. et SM.	M
<i>Ae. Heldreichii</i> HOLZM.	M
<i>Ae. uniaristata</i> VIS.	M ^a
Amblyopyrum	
<i>Ae. mutica</i> BOISS.	Mt
Sitopsis	
<i>Ae. speltoides</i> TAUSCH	S
<i>Ae. Aucheri</i> BOISS.	S
<i>Ae. longissima</i> SCHWEINF. et MUSCHL.	S ^l
<i>Ae. bicornis</i> (FORSK) JAUB. et SP.	S ^b
Vertebrata	
<i>Ae. squarrosa</i> L.	D
<i>Ae. crassa</i> BOISS. 4x	D J
<i>Ae. crassa</i> BOISS. 6x	DJ+(?)
<i>Ae. ventricosa</i> TAUSCH	D Mv

Nach langem und eifrigem Suchen ist es uns endlich geglückt, den Analysator mit DD-Genomzusammensetzung zu entdecken (1944). Ganz unabhängig von uns sind zwei amerikanische Weizenforscher auf anderem

Wege zu demselben Resultate gelangt (McFADDEN und SEARS 1944). Die beiden Forscher haben einen hexaploiden Weizen aus der Verdoppelung der Chromosomen des F_1 -Bartards (*T. dicoccoides* $\times$ *Ae. squarrosa*) hergestellt. Diese amphidiploide Pflanze zeigte sich völlig identisch mit *T. Spelta*. Nach ihnen waren die F_2 -Nachkommen mit *T. Spelta* gleichmäßig fertil und ließen nur in bezug auf "minor characters" eine Abspaltung erkennen.

Literatur

- Kihara, H. 1937. Genomanalyse bei *Triticum* und *Aegilops* VII. Mem. Coll. Agr. Kyoto Imp. Univ. 41.
- 1940 a. Verwandtschaft der *Aegilops*-Arten im Lichte der Genomanalyse. Ein Ueberblick. Züchter 12.
- 1940 b. Anwendung der Genomanalyse für die Systematik von *Triticum* und *Aegilops*. Jap. Journ. Gen. 16.
- 1944. Die Entdeckung des DD-Analysators beim Weizen. Vorläufige Mitteilung. (Japanisch) Agr. and Hort. 19.
- 1946. Maturation divisions of the hybrid, *Triticum dicoccoides* $\times$ *Aegilops squarrosa*. La Kromosomo 1.
- Kihara, H. and Kondo, N. 1943. Studies on amphidiploids of *Aegilops caudata* $\times$ *Ae. umbellulata* induced by colchicine. Seiken Zihô (Report of the Kihara Institute for Biological Research) 2.
- Kihara, H. und Matsumura, S. 1941. Genomanalyse bei *Triticum* und *Aegilops*. VIII Cytologia 11.
- McFadden, E. S. and Sears, E. R. 1944. The artificial synthesis of *Triticum Spelta*. Rec. Gen. Soc. Amer. 13.
- Sears, E. R. 1938. Amphidiploids in the *Triticinae* induced by colchicine. Journ. Hered. 30.
- Senjaninova-Korczagina, M. 1932. Karyo-systematical investigation of genus *Aegilops*. Bull. Appl. Bot. Gen. und Plant Breed. Ser. II. 1.
-