Das Problem der Basis-Chromosomenzahlen bei den Angiospermen-Gattungen und -Familien

G. Tischler

Botanisches Institut der Universität, Kiel

Eingegangen am 28. August, 1953

Die Möglichkeit, zum Verständnis einer phylogenetischen Entwicklung der Organismen zu gelangen, ist schon während des 19. Jahrhunderts von den verschiedensten Seiten erörtert worden. Natürlich würde eine lückenlose Kenntnis der paläontologischen Daten die besten Aufschlüsse geben. Aber diese versagt in sehr vielen Fällen, so besonders bei den Angiospermen. Wir finden, daß in einem relativ kurzen Zeitraum während der Kreidezeit fast alle größeren Gruppen bereits vorhanden sind. Trotzdem dürfen wir nicht glauben, daß diese sich unabhängig voneinander herausgebildet haben. Ältere und jüngere Familien müssen also unterschieden werden. Morphologische Kriterien helfen uns bei dieser Einteilung weiter. Ich erwähne z.B. die Gegensätze von Choripetalie und Sympetalie, von Zwitterigkeit und Eingeschlechtigkeit, von Aktinomorphie und Zygomorphie der Blütenteile, von Apokarpie und Synkarpie, von Oberständigkeit und Unterständigkeit des Fruchtknotens sowie von spiraliger und zyklischer Anordnung der Blütenteile. Anatomische und namentlich serologische Funde ergänzen diese Erwägungen, so daß wohl im großen und ganzen ein natürlicher "Stammbaum" sich abzeichnen beginnt. Der einzige wirklich tiefere Gegensatz besteht nur noch darin, daß viele Systematiker in gewissen "Apetalen-Familien" ursprüngliche Typen sehen, während—meist von nicht systematischer Seite her—"Reduktionsreihen" angenommen werden, die entweder an recente oder ausgestorbene Gruppen anschließen. Wie kann die Chromosomenforschung mithelfen, unser gegensätzlichen Kenntnisse zu vertiefen?

Schon wenn wir die Arten einer Gattung auf ihre Chromosomenzahlen hin studieren, ergeben sich für uns 4 verschiedene Typen (TISCHLER 1928). Erstens können alle oder nahezu alle Species die gleiche Zahl besitzen. Miss FERGUSON (1904) war wohl die erste Autorin, die darauf für die Gattung *Pinus* hinwies. Zweitens finden wir *euploide* Reihen. WINGE (1917) zeigte nicht nur ihr Vorkommen, sondern erkannte auch bereits die Möglichkeit ihrer Entstehung. Drittens beobachtete man ein aneuploides Schwanken der Zahl um wenige Einheiten. Dieser Typ ist besonders häufig. HEITZ (1927) beschrieb ihn für *Antirrhinum* und *Linaria*. Und endlich zeigt sich völlige *Dysploidie*, wie wir es im Experiment oft bei Nachkommen von Bastardierungen verschiedener Polyploidiestufe finden. HEILBORN (1923) für *Carex* und SIMONET (1932) für *Iris* führten das näher aus. Das Neue hierbei ist, daß die Individuen mit all den variablen Chromosomenzahlen im Gegensatz zu den Verhältnissen

bei den Kreuzungen auch zu lebenskräftigen neuen Arten geführt haben.

Karyogramme (CHIARUGI 1933) helfen uns weiter. Durch die Lage des Centromers können wir dabei die Chromosomen in homo- und heterobrachiale sondern, und unter letzteren die cephalobrachialen hervorheben. Dazu kommen seit den schönen Entdeckungen von N. MALHEIROS-GARDÉ u. DE CASTRO (1947) die Chromosomen mit diffusen Centromeren. Im allgemeinen pflegt man die homobrachialen als die ursprünglichen Chromosomen zu werten, von denen sich die heterobrachialen ableiten. Aber wir kennen auch Fälle, bei denen durch Zusammenlegen zweier extrem heterobrachialer, stabförmiger homobrachiale entstehen. INARIYAMAS (1931) *Lycoris*-Studien waren hier die Vorläufer von manchen ähnlichen.

Über die Primitivität der Chromosomen mit diffusen Centromeren sind die Ansichten geteilt. Die portugiesischen Forscher betrachten sie als ursprünglich. Andere, denen ich mich anschließe, sehen darin ein stark abgeleitetes Verhalten. Die Hauptarbeit ist bei dieser phylogenetischen Wertung der Karyogramme noch zu tun. Trennungen und Fusionen werden dabei die Quellen für die Veränderung der Chromosomengrundzahl sein. Auf- und absteigende Zahlenveränderungen kommen nebeneinander vor.

Wir bezeichnen die Zahl der Chromosomen in den normalen Gameten eines Individuums mit n und sprechen von $2n$ während der gewöhnlichen somatischen Diplophase, von $4n$, $8n$, $16n$ etc., wenn durch irgendwelche Umstände, z.B. durch Endomitosen, sich diese Zahl vervielfacht. Ist aber die ganze Art bereits polyploid, so pflegen wir trotzdem bei dem normalen Morphodentrhythmus die Ausdrücke n und $2n$ anzuwenden. Aus praktischen Gründen hat sich die Notwendigkeit ergeben, neben der Zahl n noch eine *Basiszahl* zu normieren. Diese wird entweder mit b oder mit x bezeichnet, und meist werden beide Benennungen durcheinander geworfen. Auch ich habe das getan. Jetzt aber möchte ich eine Trennung vorschlagen. Je mehr man die einzelnen Gattungen auf ihre Chromosomenzahl studiert hat, desto häufiger finden sich Fälle, bei denen die einzelnen Gattungen Basiszahlen besitzen, die alles andere als "primitiv" erscheinen. Wenn ich *Salix caprea* ($n=19$) und *Salix cinerea* ($n=38$) vergleiche, so werde ich für letztere die Basiszahl 19 ohne weiteres angeben, aber mir klar darüber sein, daß es eine "*sekundäre*" Basiszahl ist. Diese allein schlage ich vor, b zu benennen. Die hypothetische Zahl, mit der die Gattung ihre Entwicklung begonnen hat, nenne ich die *primäre* Basiszahl und bezeichne sie mit x . Bei den Salicaceen kennen wir keine Gattung, die uns einen Fingerzeig für sie geben könnte. In anderen Fällen sind wir glücklicher. Nehmen wir *Gossypium*, hier ist $b=13$, und wir kennen Arten mit $n=13$ u. 26; aber wir wissen auch die Chromosomenzahlen von sehr vielen anderen Gattungen der Familie, aus denen m. Er. unzweifelhaft hervorgeht, daß wir $x=7$ annehmen müssen. Ohne große Schwierigkeiten würde sich erklären lassen, daß sich $b=13$ aus 14 herausgebildet hat.

Bereits WANSCHER (1934) hat den Versuch gemacht, die Zahl x zu kon-

struieren. Aber er sucht sie rein rechnerisch festzustellen und kommt dann zu solchen Zahlen wie $x=8$ für die Berberidaceen, Cruciferen, Malvaceen, Oleaceen und Solanaceen, und $x=4$ für Umbelliferen, Liliifloren und Orchideen. Das wird niemand jetzt mehr für wahrscheinlich halten, und es scheint mir sicher, daß wir auf diese Weise nicht weiter kommen. Sehr skeptisch verhalte ich mich vorläufig auch zu den Versuchen, der "Secondary association" von LAWRENCE (1931) eine entscheidende Bedeutung zuzusprechen. Solange wir nicht eine wirklich spezifische Anziehung von homoiologen Chromosomen beweisen können, ist diese Form einer "Distanzkonjugation" nicht immer von zufälliger Agglutination zu sondern. Wir sehen denn auch, wie verschiedene Forscher zu verschiedenen Resultaten kommen. So hat man für *Brassica* $x=5$ oder 6 errechnet, b ist hier 8, 9, 10, 11, 12, so hat man für *Gossypium* $x=6$ oder 7 angenommen, aber die Berücksichtigung der Karyogramme ist durchaus nicht genügend hervorgehoben. TOBGY (1943) und Miss SHERMAN (1946) haben für *Crepis* vorbildlich den Übergang zu niedrigeren Aneuploidzahlen klargelegt. Ein Kriterium wird dann schon gegeben sein, wenn zwei Chromosomen einer höherchromosomigen Art mit einem einer niedrigerchromosomigen sich in der Meiose zu Paaren zusammenfinden. Frh. NORDENSKIÖLD (1951) hat das sehr einleuchtend für die verschiedenen Polyploidiegrade von *Luzula* nachgewiesen.

Die Zahlen n und b sind innerhalb einer Familie oder Gattung sicherlich oft, also polyphyletisch, entstanden, für daß x einer Familie oder Gattung müssen wir jedoch monophyletisches Verhalten fordern, wenn wir den Anspruch erheben, die Chromosomenzahl als spezifischen Familien- oder Gattungscharakter zu werten.

Hier können die Zellforscher allein nicht weiterkommen. Andere Zweige der Botanik müssen uns helfen, diejenigen Arten und Gattungen herauszusuchen, die man als die ursprünglichen ansehen darf. BABCOCK (1947) hat es vorbildlich zwar für die Gattung *Crepis* gezeigt, aber, wie wir gleich sehen werden, für die Familie der Compositen haben wir damit noch keine Entscheidung. Die Krönung einer karyologisch aufgebauten Phylogenie wäre es, wenn man die Kenntnis der primären Basiszahlen benutzen könnte, um sie mit den sonstigen phylogenetisch wichtigen Merkmalen zusammen für die Entstehung einer natürlichen Ableitung der einzelnen Familien oder Gattungen auseinander zu verwerten. Programmatisch führte ich das bereits (TISCHLER 1928) vor 25 Jahren aus, wenn ich mir auch darüber völlig klar war, daß die damals vorliegenden Chromosomenzahlen entfernt noch nicht ausreichten, um wirklich exakte Angaben zu machen.

Von MEZ (s. MEZ u. GOHLKE 1914, MEZ u. ZIEGENSPECK 1926) liegt ein großartiger Versuch vor, mit serologischen Merkmalen der etwas eingerosteten phylogenetischen Systematik zu Hilfe zu kommen. Bei den auf ihre Ähnlichkeit oder Verschiedenheit zu prüfenden Proteinen handelt es sich um Verbindungen, die aller Wahrscheinlichkeit nach wirklich spezifisch sind. Wenigstens

kennen wir noch keine Konvergenzen. Die Methode von MEZ ist leider mit Fehlerquellen belastet, die sich anfangs nur schwer ausschalten ließen, und die Berliner Gegner von MEZ sind deshalb, wie MORITZ (1928) nachwies, ihr in sehr starkem Maße zum Opfer gefallen. Aber auch die Resultate von MEZ und seinen Schülern sind infolge der Tatsache, daß nicht immer die Lipoide ausgeschaltet wurden, noch zu überprüfen. Dazu kommt jetzt der von ROHN 1942, einem Schüler von MORITZ, erbrachte Nachweis, daß die Gegenwart bestimmter Eiweißverbindungen auch positiven Reaktionen entgegen wirken kann. So zeigte er für den Verwandtschaftskreis der Rhoeadales, daß die Fernreaktionen von Albuminen, die Differenzierungen innerhalb kleinerer Gruppen in erster Linie wahrscheinlich von Globulinen hervorgerufen werden, die die erstern verhindern können. BOYDEN und seine Schule (1949) hat ebenfalls den Globulinen eine besondere Rolle bei der Artdifferenzierung zuerkannt, während die Albumine eine größere Reichweite besitzen.

Neben der serologischen Methode wird in Zukunft immer mehr die cyto-genetische gestellt werden dürfen. Für einige Reihen der Pteridophyten und Gymnospermen beginnen wir uns vielfach unserem Ideal zu nähern. So sind die Equisetaceen nach Miss MANTON (1950) einheitlich auf $n=108$, $b=9$ gestellt, die Araucariaceen auf 13, die Pinaceen und Taxaceen auf 12, die Cupressaceen auf 11.

Für die Angiospermen ist die Sachlage schwieriger. Solche Einheitlichkeit der Basiszahl innerhalb einer Familie ist hier die Ausnahme. Meist handelt es sich dabei auch nur um mittelgroße bis kleine Familien. Genannt seien die

- Sarraceniacen $b=13$
- Thymelaeaceen $b=9$
- Tamaricaceen $b=12$
- Caricaceen $b=9$
- Mesembryanthemaceen $b=9$
- Chenopodiaceen $b=9$ (einige Ausnahmen $n=6$)
- Ulmaceen $b=14$ (bei Celtis auch $n=10$)
- Fagaceen $b=12$
- Myricaceen und Juglandaceen $b=8$
- Salicaceen $b=19$
- Aceraceen und Staphylaeaceen $b=13$
- Hippocastanaceen $b=20$
- Asclepiadaceen $b=11$
- Oleen (unter den Oleaceen) $b=23$
- Najadaceen $b=6$

Einige dieser Zahlen könnte man ohne weiteres als primär werten und sie mit x gleichsetzen, bei anderen, wie den Zahlen 13, 20, 23, erscheint uns das ausgeschlossen. Es ist wohl nicht unwichtig, darauf hinzuweisen, daß es sich bei den letztgenannten um Familien handelt, die einen Reliktcharakter besitzen können.

Sehen wir zunächst einmal, wie weit es möglich ist, über das Auftreten der verschiedenen Typen bezüglich der Zahl b in einer Familie ins Klare zu kommen. Erst dann werden wir in einem späteren Zeitpunkt von hier auf die Zahl x vordringen können.

Leider wissen wir fast gar nichts über die Karyologie der Familien, die von uns aus den verschiedensten Ursachen als diejenigen angesehen werden, welche besonders alte phylogenetische Merkmale besitzen. Für die Magnoliaceen kennen wir nur die doch sicher abgeleiteten Zahlen $b=14$ und 19 . Bei den verwandten Anonaceen dürfen wir indes die Zahl $b=7$ wohl auch als x werten. Recht interessant sind aber die Verhältnisse innerhalb der Berberidaceen und Ranunculaceen, die ja enger miteinander verbunden sind.

Die Familie, die offenbar dem gemeinsamen Ursprung der beiden am nächsten steht, die der Paeoniaceen, hat sicherlich x , b und oft auch $n=5$, für die Berberidaceen verdanken wir LANGLET (1928) und MIYAJI (1931) karyologische Pionierarbeit. Der japanische Forscher hat ebenso wie CHIARUGI (1933) diese Resultate phylogenetisch verwertet. Beide deuten indes die Entwicklung gerade umgekehrt, wie ich es tue. Ich nehme also nicht die Zahlen 10 bei *Nandina* und 14 bei *Berberis* und *Mahonia* für ursprünglich an, sondern ich glaube, daß es sich um aufsteigende Entwicklung handelt. *Nandina* ist allerdings eine recht alte Gattung, aber $n=10$ ist wohl tetraploid. Wir würden dann von hier ausgehend in dem Gros der Familie $b=6$ haben (*Podophyllum*, *Diphyllia*, *Epimedium*, *Achlys*, *Jeffersonia*, *Bongardia*), $b=7$ hat *Ranzania* und (tetraploid) die höchst entwickelten *Berberis* und *Mahonia*. Die 8 -Zahl findet sich allein bei *Caulophyllum*, die Zahl für *Leontice* ist noch unbekannt.

Bei den Ranunculaceen gibt es zwar auch noch eine Gattung mit $b=6$ (*Adonis*), die 7 -Zahl ist indes häufiger, und in der Mehrzahl der Fälle ist $b=8$. Gegenüber den Berberidaceen ist somit die Zahl im allgemeinen etwas heraufgestiegen, bei den Coptideen sogar auf 9 normiert. Die beiden Gattungen *Glaucidium* und *Hydrastis*, welche die einen Autoren zu den Berberidaceen, die anderen zu den Ranunculaceen rechnen, besitzen $n=10$ und $n=13$. Die Basiszahlen wären wohl leicht auf $b=5$ und 6 zurückzuführen.

Vor allem ist aber bei den Ranunculaceen von LANGLET (1932) entdeckt worden, wie wichtig die Chromosomenform hier ist. Die Thalictreen mit *Thalictrum* und *Aquilegia* mit $b=7$ und die Coptideen mit $b=9$ unterscheiden sich darin so stark von den übrigen Gattungen in der Familie, daß man nur bei Berücksichtigung dieses Merkmals erwarten kann, eine natürliche Gliederung der Familie vorzunehmen.

Eine aufsteigende Serie zeigen ferner die Chromosomenzahlen bei den naheverwandten Papaveraceen. Auch hier sind die sekundären Basiszahlen $b=6$, 7 und 8 . SUGIURA (1940) versuchte phylogenetische Reihen zu konstruieren, deren jede durch eine dieser Zahlen gekennzeichnet ist. Aber er erhielt dabei ein sicherlich künstliches System. In den von den Systematikern unterschiedenen Unterreihen finden wir jedes Mal einen Aufstieg von 6 zu 8 . Als

neue Zahl haben wir innerhalb der Gattung *Papaver* $n=11$, die sich unschwer als stabilisierte Triploide deuten läßt.

Für die Cruciferen haben MANTON (1932) und JARETZKY (1932) auf Grund eigener Forschungen ungefähr gleichzeitig die Chromosomenzahlen in phylogenetische Beziehungen gebracht. Während erstere aber sich nicht endgültig festlegt, glaubt JARETZKY die Zahl 8 als die ursprüngliche werten zu sollen. Wenn man aber das neueste System dieser schwierigen Familie von JANCHEN (1942) ansieht, so ergibt sich unzweideutig, daß die von ihm als primitiv angesehenen Gattungen $b=7$, die jüngeren dagegen $b=8$ besitzen. Nur in der jüngsten Unterfamilie, den Brassicineen haben wir Gattungen von einer erstaunlichen Variabilität. b ist hier $=6, 7, 8, 9, 10, 12$. Und höhere Aneuploidie wie 17 und 19 hat man durch Amphidiploide sogar experimentell hergestellt. Gattungen wie *Crambe* mit $n=15$ sind wohl ähnlich zu deuten.

Ist bislang innerhalb einer Unterfamilie eine konvergente Veränderung der Chromosomenzahl erfolgt, wie wir es bei dem *Antirrhinum*-Typ von HEITZ vorhin kennenlernten, so haben wir bei den gleichfalls an die Polycarpiceae angeschlossenen Rosaceen ein sehr schönes Beispiel, wonach die einzelnen Unterfamilien sich auf eine Zahl stabilisiert haben. So besitzen die

Spiraeoideen $b=9$

Potentilloideen und Rosoideen $b=7$

Prunoideen $b=8$

Pomoideen (amphidiploid) $b=17$

Nur ganz wenige Ausnahmen (*Dryas* $b=9$, *Alchemilla* $b=8$) folgen nicht dieser Regel.

Eine derartige Spezialisierung innerhalb der einzelnen Unterfamilien ist nicht gerade häufig. Doch zeigt die große Familie der Gramineen eine Art Parallelentwicklung. AVDULOV (1931) führte zuerst aus, daß sich hier drei große Gruppen gesondert haben, die sich auf $b=6$ resp. 12, $b=7$ und $b=5$ resp. 10 zurückführen lassen. Während die mit $b=7$ im wesentlichen mit den ENGLERSchen Festuceen, Hordeen, Aveneae, Agrostideen und Phalarideen zusammenfallen, die mit $b=5$ oder 10 mit den Andropogineen, Paniceen und Maydeen, ist die Gruppe mit $b=6$ resp. 12 uneinheitlicher. Hierher gehören einmal die Bambuseen, sodann die Oryzeen und Phragmitideen. Erst die Karyologie hat dazu beigetragen, die letztgenannten aus der sicher unrichtigen Stellung zu befreien, die ENGLER ihr bei den Festuceen gegeben hatte. Und ebenso hat die Karyologie aus der gleichen Gruppe *Molinia* und *Glyceria* einerseits, sowie *Eragrostis* andererseits gelöst, welche mit $b=9$ oder 10 sicherlich einen eigenen Charakter aufweisen. Auch die Stellung der Chlorideen wird karyologisch eine andere sein, als sie ENGLER annehmen zu sollen glaubte. Natürlich sind wir noch durchaus im Anfang solcher Untersuchungen, welche die Chromosomenbasiszahl als Charakter der Gramineen-Systematik einbauen. Auch müssen die verschiedenen Reduktionen, die von der Zahl $b=7$ zu $n=5$ und 4 führen erst besser verstanden werden. Beispiele dafür haben wir schon

jetzt bei *Agrostis*, *Aiopsis*, *Anthoxanthum*, *Briza*, *Holcus*, *Milium* und *Periballia*.

Die bisher beigebrachten Beispiele zeigen wenigstens bestimmte "Musterbildungen" bezüglich der Chromosomenverteilung in einer Familie. Am Horizont zeichnet sich bereits die Möglichkeit einer Verknüpfung verschiedener Familien mit gleichem oder ähnlichem Muster ab, sofern die Morphologen und Serologen derartige Möglichkeiten ernstlich diskutieren.

Auch hierfür sei ein Beispiel gegeben. Es handelt sich um die Zusammengehörigkeit der Umbellales und Rubiales, die die älteren Systematiker als selbstverständlich annahmen. Später hat man unter dem Eindruck der Überbewertung von Chori- und Sympetalie beide Gruppen weit auseinandergerissen, allerdings haben auch die Serologen bisher die Zusammengehörigkeit nicht zu bestätigen vermocht. Moderne Systematiker setzen sich jedoch neuerdings wieder für eine Annäherung dieser Familien ein. Karyologisch läßt sich dazu folgendes feststellen: Es besitzen die

Araliaceen $b=12$

Umbelliferen $b=11$, daneben auch 10, 9, 8

Cornaceen $b=11, 9$

Garryaceen $b=11$

Rubiaceen $b=11, 9$

Caprifoliaceen $b=9$

Adoxaceen $b=9$

Wir würden somit als Karyologen gegen einen engeren Anschluß der beiden Gruppen nichts zu sagen haben.

Seit langem wird die Frage erörtert, welchen Anschluß die Umbellales an die phylogenetisch älteren Familien aufweisen, und meist werden die Myrtales als die Nächstverwandten angesehen. Eindeutig ist die der Gruppe den Namen gebende Familie der Myrtaceen mit der größten Artenanzahl auf $b=11$ gestellt (SMITH-WHITE 1948, 1950). Nur bei der Unterfamilie der Chamaelaucieen findet sich eine Herabsetzung auf $b=8$, ja auf 6. Die verwandten Nyssaceen und Alangiaceen haben gleichfalls $b=11$.

Daneben besteht aber eine ungeheure Vielfaltigkeit der Chromosomenzahl bei der verwandten Familie der Melastomaceen, der zweitgrößten Familie dieser Gruppe. FAVARGER (1952) hat nicht weniger als $n=7, 8, 9, 10, 12, 15, 16, 17, 22$, also wohl $b=6, 7, 8, 9, 10$ und 11 festgesetzt. Und dabei kennen wir hier erst einen sehr kleinen Teil der Arten. Auch die sonstigen meist relativ kleinen Familien der Myrtales ermangeln gleichfalls der Einheitlichkeit und haben ihre eigenen Muster hervorgebracht, so die interessanten Onagraceen, die als einzige unter den Angiospermen einen vierkernigen Embryosack entwickelt haben. $b =$ ist hier $=7, 9$ und 11, ja bei *Clarkia* steigt innerhalb der gleichen Gattung n von 7 zu 8 und 9 und sinkt selbst zu 5 (LEWIS 1953).

Ein dysploider Ausbruch einer bestimmten Gruppe selbst in einer sonst ziemlich einheitlichen Familie ist durchaus nicht selten. So sind die Solanaceen

fast ganz auf $b=12$ eingestellt, GOODSPEED (1947) hat eine Zurückführung auf $x=6$ überaus wahrscheinlich gemacht. Aber zwei Gruppen, die der Nicotianeen und Salpiglossean, sind trotzdem typisch dysploid geworden, bei den erstgenannten sogar nur zwei Sektionen, die der Alatae mit $n=9, 10, 12, 24$ und der Suaveolentes mit $n=16, 18, 19, 20, 21, 22$ und 24 . Die Salpiglossideen haben dann schon $7, 8, 9, 10, 11, 12$, zeigen somit gleiches wie die verwandten Scrophulariaceen mit ihren $b=6, 7, 8, 9, 10, 11, 12$ etc.

Gerade in großen Familien, die anscheinend noch in starker Entwicklung begriffen sind, verblüfft immer wieder das Nebeneinander solch starker Dysploidie in einigen Unterfamilien und die strenge Begrenzung auf eine Basiszahl bei anderen. Das läßt sich besonders schön bei den beiden größten Angiospermen-Familien, den Compositen mit ca. 13000 und den Orchidaceen mit ca. 18000 Species zeigen. Die Compositen sind in gewissen Gruppen ziemlich einheitlich auf $b=9$ eingestellt, nämlich bei den Anthemideen und den Astereen, wenngleich bei den letzteren in der Gattung Aster daneben auch Arten mit $n=4$ oder 5 auftreten. $b=10$ besitzen die verwandten Eupatorieen, vielleicht auch die Senecioneen, $b=7$ die Gnaphalieen. Bei den übrigen Unterfamilien ist an die Aufstellung einer Basiszahl vorläufig noch gar nicht zu denken.

Bei den Orchideen und zwar der besonders großen Gruppe der Monandreae ist eigenartigerweise in sehr vielen Gattungen einheitlich $b=20$. Nicht nur das Gros der sogenannten Kerosphaereen, zu denen die meisten tropischen Arten gehören, besitzt sie, sondern auch unter den Thrauosphaereen, ja in der Gattung Orchis selbst, ist diese Zahl herrschend geworden. Sonst sehen wir einen bunten Wechsel zwischen $n=14$ bis 21 selbst innerhalb einer Gattung. Bei den Diandrae herrscht gleichfalls starke Dysploidie, aber hier ist durch die Bemühungen von DUNCAN und MACLEOD (1948) z.B. in der artenreichen Gattung Paphiopedilum, $b=13$ sichergestellt. Die abweichenden Zahlen wurden durch Vergleich der Chromosomenformen in ihrer Eigenart aufgeklärt.

Das bringt mich auf die Karyogramme überhaupt. Zuerst sei an das klassische Beispiel bei den Liliifloren erinnert, wonach die überaus große Ähnlichkeit zwischen Yucca und Agave förmlich dazu zwingt, beide Gattungen in eine Familie zu stellen. HUTCHINSON (1934) war der erste, der die Tradition bekämpfte, daß alle Gattungen mit oberständigem Fruchtknoten zu den Liliaceen, alle mit unterständigem zu den Amaryllidaceen gerechnet werden müssen. Denn die Unterständigkeit ist offenbar polyphyletisch in der Gruppe entstanden.

Im übrigen ist hier noch fast alles zu tun, bieten doch gerade die Liliifloren in den Familien der Iridaceen und Cyperaceen die schönsten Beispiele für Dysploidie. Diese zeigt sich nicht nur in den Gattungen, sondern selbst in den einzelnen Arten. DARLINGTON (1951) führte jüngst am Beispiel der Gattung Crocus aus, daß der Species-Begriff im klassischen Sinne hier überhaupt seinen Sinn verloren habe. Das ist wohl zu weit gegangen. Aber es zeigt sich dabei das Verfahren der Situation, die mit moderneren Mitteln, als die Systematiker sie besitzen, angegriffen werden muß.

Gefährlich erscheint es mir, den Vergleich mit den Karyogrammen zu weit zu ziehen. So möchte ich auch vorläufig die Anregungen von SATÓ (1949) noch etwas skeptisch beurteilen, wenn er die Karyogramme von Liliaceen und Palmen miteinander vergleicht. Ich bin mir ganz klar darüber, daß die traditionelle Abgrenzung der sogenannten "Spathifloren", die nur durch die gemeinsame Spatha zusammengehalten werden, sich nicht wird halten lassen. Auch ganz abgesehen von den Chromosomenverhältnissen brauchen wir nur an solch ein Merkmal zu denken, wie es das Periplasmodium der Araceen und das Sekretionstapetum der Palmen bedeutet. Die Verknüpfung beider Familien mit anderen Monocotylen müßte aber doch wohl noch anders unterbaut werden, als SATÓ es vorschlägt.

Damit möchte ich schließen. Ich will ja hier nur anregen, die Zehntausende von Daten über Chromosomenzahl und -form, die wir heute schon besitzen, dazu zu benutzen, um ein Verständnis der Phylogenie damit zu ermöglichen. Sicherlich werden die Chromosomen niemals das entscheidende Wort dabei zu sprechen haben. Aber daß sie wenigstens *auch* berücksichtigt werden, ist der Sinn meiner Ausführungen.

Citierte Literatur

- Avdulov, N. P. 1931. Suppl. **43** Bull. Appl. Botan., Nenet. and Plant Breed.
 Boyden, A., Gemeroy, D. u. Bolton, E. 1949. *Proced.* **8**: Internat. Congr. of Genet. p. 540 f.
 Goodspeed, T. H. 1947. *Proceed. Nat. Acad. Sci. Le. St.* vol. **33**: p. 158 ff.
 Chiarugi, A. 1933. *Atti Soc. Ital. per il Progresso delle Scienz. XXI Rium.* vol. **3**: p. 55 ff.
 Darlington, C. D. 1951. *Nature* vol. **167**: p. 662 f.
 Duncan, R. 1942. *Orchis Digest.* p. 199 ff.
 Duncan, R. u. MacLeod 1948. *Americ. Orchid Soc. Bull.* vol. **17**: p. 170 ff.
 Favarger, C. 1952. *Bullet. Soc. bot. Suisse.* t. **62**: p. 5 ff.
 Ferguson, M. C. 1904. *Proceed. Washingt. Acad. Sci.* p. 1 ff.
 Goodspeed, T. H. 1947. *Proceed. Nat. Acad. Sci. U.S.A.* vol. **33**: p. 158 ff.
 Heilborn, O. 1924. *Hereditas* vol. **5**: p. 129 ff.
 Heitz, E. 1927. *Planta* Bd. **4**: p. 392 ff.
 Hutchinson, J. 1934. *The families of flowering plants. II. Monocotyledons.* London.
 Janchen, E. 1942. *Österr. Botan. Zeitschr.* Bd. **91**: p. 1 ff.
 Jaretzky, R. 1932. *Jahrb. wiss. Bot.* Bd. **76**: p. 485 ff.
 Inariyama, S. 1937. *Scienc. Rept. Tokyo Bunrika Daigaku Sect. B* vol. **3**: p. 95 ff.
 Langlet, O. 1928. *Svensk Bot. Tidskr.* Bd. **22**: p. 169 ff.
 — 1932. *Svensk Bot. Tidskr.* Bd. **26**: p. 381 ff.
 Lawrence, W. J. C. 1931. *Cytologia* **2**: p. 352 ff.
 Lewis, H. 1953. *Evolution.* vol. **7**: p. 102 ff.
 Malheiros, N. u. de Castro, D. 1947. *Nature.* vol. **160**: p. 156.
 Manton, I. 1932. *Ann. of Bot.* vol. **46**: p. 509 ff.
 — 1950. *Problems of Cytology and Evolution in the Pteridophyta.* Cambridge.
 Mez, C. u. Gohlke, K. 1914. *Beiträge z. Biolog. d. Pflanz.* Bd. **12**: p. 155 ff.
 Mez, C. u. Ziegenspeck, H. 1926. *Königsberger serodiagnostischer Stammbaum.* Königsberg.
 Miyaji, Y. 1930. *Planta* Bd. **11**: p. 650 ff.

- Moritz, O. 1928. *Biolog. Zentralbl.* Bd. **48**: p. 431 ff.
- Nordenskiöld, H. 1951. *Hereditas* Bd. **37**: p. 325 ff.
- Rohn, H. L. 1942. Diss. Kiel.
- Satô, D. 1949. *Cytologia* **14**: p. 174 ff.
- Sherman, M. 1946. Univ. of Coliforn. Publicat. in Botan. vol. **18**: p. 369 ff.
- Simonet, M. 1932. Thèse Paris. *Bull. Biolog.* t. **66**: p. 256 ff.
- Smith-White, S. 1948. u. 1950. *Proced. Linn. Soc. N.S. Wales* vol. **73**: p. 16 ff, vol. **75**: p. 99 ff.
- Sugiura, T. 1940. *Cytologia* **10**: p. 558 ff.
- Tischler, G. 1928. *Biolog. Zentralbl.* Bd. **48**: p. 321 ff.
- Tobgy, H. A. 1943. *Journ. Genetics* vol. **45**: p. 67 ff.
- Wanscher, J. H. 1934. *New Phytolog.* vol. **33**: p. 101 ff.
- Winge, Oe. 1917. Diss. Kopenhagen.
-