

Nutzungszeit wird also verlängert, weil im unteren Teil der Blütenstände, wo bei normalen *Antirrhinum*-Sorten anstelle der Blüten zu früh die Samenkapseln entstehen, sich die Blüten länger halten.

Weil nur selten eine Bestäubung durch Hummeln erfolgt, muß der Samenzüchter allerdings die Bestäubung von Hand vornehmen. Das Saatgut dieses neuen Typs wird also stets teurer sein als normales *Antirrhinum*-Saatgut.

1958 wurde dieser völlig neue *Antirrhinum*-Typ von der Firma Julius Wagner, Heidelberg, übernommen und 1961 unter dem Namen „*Antirrhinum Juliwa*“ in den Handel gebracht. Vor kurzem wurde mir bekannt, daß neuerdings ein *Antirrhinum* 'Bright Butterflies' vertrieben wird, das durch dieselbe Blütenform, also offenbar ebenfalls durch die Kombination *hemiradialis-divaricata*, charakterisiert ist. Es ist anzunehmen, daß auch diese Sorte auf unser Zuchtmaterial zurückgeht. Sie soll zu den Preisträgern der All-America-Selection für 1966 gewählt worden sein.

### Zusammenfassung

Die Kombination der Mutanten *hemiradialis* ( $\frac{rad^{hem}}{rad^{hem}}$ ) und *divaricata* ( $\frac{Div}{Div}$ ) führt zu einer neuen gärtnerisch interessanten ansprechenden offenen

Blütenform. Nach weiterer züchterischer Bearbeitung wurde daraus ein neuer *Antirrhinum*-Typ entwickelt, der Eingang in die gärtnerische Praxis gefunden hat. Die Kombination *hemiradialis-divaricata-centroradialis* ( $\frac{cen}{cen}$ ) ist außerdem durch eine pelorische ausgebreitete Endblüte und einen kurzen kopfigen Blütenstand charakterisiert.

### Anmerkung bei der Korrektur:

Wie mir der Züchter der 'Bright Butterflies', Herr GLENN A. GOLDSMITH von Goldsmith Seeds, Inc., Gilroy, Californien, freundlicherweise mitteilt, spielte 'Antirrhinum Juliwa' und damit unser Zuchtmaterial in der Tat eine Rolle bei der Entwicklung der 'Bright Butterflies'.

### Literatur

1. BAUR, E.: Untersuchungen über das Wesen, die Entstehung und die Vererbung von Rassenunterschieden bei *Antirrhinum majus*. Biblioth. Genetica IV (1924). — 2. BUISSAND, T.J., M. BETZEMA, N. DE JONG en S.J. KESTRA: Indrukken van de tuinbouw in Zuidwest-Duitsland. Proefstation voor de groenteteelt in de volle grond in Nederland. Meddel. No. 17 (1960). — 3. DECOUX, L.: La pelorie, source de nouveautés florales? Annales de Gembloux, 3<sup>e</sup> trimestre 1960, 235–246. — 4. KUCKUCK, H., und R. SCHICK: Die Erbfaktoren von *Antirrhinum majus* und ihre Bezeichnung. Z. f. Vererbungslehre 56, 51–83 (1930). — 5. SCHICK, R., und H. STUBBE: Die Gene von *Antirrhinum majus*. III. Z. f. Vererbungslehre 66, 425–462 (1934).

## Fremdbefruchtungsrate und genotypische „fitness“

KLAUS WÖHRMANN

Institut für Genetik, Tübingen

### The rate of outcrossing and genotypic fitness

**Summary.** The relative fitness of genotypes is a function of the genotypic frequencies of two consecutive generations and of the rate of outcrossing. The use of mean values for cross-fertilization can lead to wrong estimates of fitness values if the mating system depends on the genotype. Using experimentally obtained genotypic frequencies, the influence of mistaken estimates of outcrossing rates on the fitness value are investigated and discussed in this paper. These results showed that a very cautious interpretation is necessary if one uses pooled values of outcrossing rather than those pertaining to each individual genotype, especially when there are small differences between the relative fitness values and large genetic variability in the mating system.

### Einleitung

Mathematische Modelle zur Schätzung der relativen „fitness“ von Genotypen in Populationen mit gemischtem Befruchtungsmodus sind zuerst von HALDANE (1924) und später von HAYMAN (1953) entwickelt worden. Diese Konzeption wurde sowohl an Wild- als auch an Kreuzungspopulationen zunächst von JAIN und ALLARD (1960) und in weiteren Untersuchungen von ALLARD und WORKMAN (1963), IMAM und ALLARD (1965), TUCKER und HARDING (1965) sowie WÖHRMANN und ALLARD (1967) angewendet. In diesen Arbeiten dienten *Hordeum sativum*, *Phaseolus lunatus* und *Avena fatua* als Versuchsobjekte.

Die Schätzung der relativen „fitness“ setzt die Kenntnis der Genotypenfrequenzen sowie der Fremd-

befruchtungs- bzw. Selbstbefruchtungsrate voraus. Formeln zu der Bestimmung der letzteren sind von FYFE und BAILEY (1951), ALLARD und WORKMAN (1963) veröffentlicht worden. Genotypenfrequenzen können im Experiment vor allem dann leicht bestimmt werden, wenn Markierungsgene benutzt werden, deren heterozygoter Zustand phänotypisch erkennbar ist.

Im Modell von HAYMAN wird für alle Genotypen eine gleichgroße Häufigkeit der Fremdbestäubung angenommen. Entsprechend diesem Vorschlag ist in den bisherigen Experimenten verfahren worden. Dabei wurde in der Regel eine mittlere Fremdbefruchtungsrate aus den für die Homozygoten unter verschiedenen Umwelten ermittelten Daten errechnet.

Aus der Literatur ist jedoch bekannt, daß der Bestäubungs- bzw. Befruchtungsmechanismus mit dem Genotyp variieren kann (HARDING und TUCKER 1964). Wenn sich aber Genotypen einer Spezies in ihren Fremdbefruchtungs-frequenzen unterscheiden, dann muß bei vereinfachender Annahme gleicher Werte für alle Genotypen mit einer Fehlschätzung der relativen „fitness“ gerechnet werden. Wird trotzdem im Experiment so verfahren, so findet dieses Vorgehen seine Begründung darin, daß bei Homozygoten das Befruchtungssystem relativ einfach zu bestimmen ist, während bei Heterozygoten ein erheblich größerer Arbeits- und Zeitaufwand notwendig wird. Es ist somit von Bedeutung, eine Vorstellung über die Auswirkung einer möglichen Fehlschätzung

auf den Fitnesswert zu haben. Bei Berücksichtigung zweier Loci konnten bereits TUCKER und HARDING (1965) zeigen, daß bei Annahme gemeinsamer Werte für beide Loci Fehlinterpretationen nicht ausgeschlossen werden können. In vorliegender Arbeit sollen nun für einen Locus vom Genotyp kontrollierte Fremdbefruchtungsrate simuliert und deren Einfluß auf den Fitnesswert im Vergleich zu einem gemeinsamen Wert untersucht werden.

### Das Modell

Wenn bei Berücksichtigung eines Locus  $z_i^n$  die Frequenz des  $i$ . Genotyps am Ende des  $n$ . Generationszyklus ist, so kann bei Kenntnis der Fremdbefruchtungsrate  $\alpha$  bzw. Selbstbefruchtungsrate  $(1 - \alpha)$  die Zygotenfrequenz  $Z_i$  in der  $n + 1$ . Generation geschätzt werden. Im monogenen Fall ergibt sich dann nach WORKMAN und ALLARD (1962) für

$$\left. \begin{aligned} Z_1^{n+1} &= \alpha \left( z_1^n + \frac{1}{2} z_2^n \right)^2 + (1 - \alpha) \left( z_1^n + \frac{1}{4} z_2^n \right), \\ Z_2^{n+1} &= 2\alpha \left( z_1^n + \frac{1}{2} z_2^n \right) \left( z_3^n + \frac{1}{2} z_2^n \right) + (1 - \alpha) \frac{1}{2} z_2^n, \\ Z_3^{n+1} &= \alpha \left( z_3^n + \frac{1}{2} z_2^n \right)^2 + (1 - \alpha) \left( z_3^n + \frac{1}{4} z_2^n \right). \end{aligned} \right\} (1)$$

Die Frequenz eines Genotyps zu Beginn der Ontogenese wird sich bei Wirksamkeit von natürlicher Selektion bis zur Geschlechtsreife der Organismen um den Faktor  $W_i$  ändern.  $W_i$  ist ein Maß für die relative „fitness“ des  $i$ . Genotyps. Je nach Häufigkeit von Individuen mit hohen bzw. niedrigen selektiven Werten weist dann die Gesamtpopulation einen hohen bzw. niedrigen Gesamtfitnesswert  $\bar{W}$  auf:

$$\bar{W} = \sum Z_i^{n+1} W_i. \quad (2)$$

Unter der Voraussetzung von  $\bar{W} = 1$  ist die Häufigkeit  $z_i^{n+1}$  am Ende eines Generationszyklus

$$z_i^{n+1} = W_i Z_i^{n+1}. \quad (3)$$

Hieraus folgt für

$$W_i = \frac{z_i^{n+1}}{Z_i^{n+1}}. \quad (4)$$

Liegen also Beobachtungswerte über die Genotypenfrequenzen zweier Generationen vor und ist die Fremdbestäubungsrate bekannt, so kann aus den Ausdrücken (1) und (4) der Fitnesswert geschätzt werden. Wie Formel (1) zeigt, werden für alle Genotypen gleiche Werte für  $\alpha$  bzw.  $(1 - \alpha)$  angenommen. Werden jedoch vom Genotyp abhängende Werte für  $\alpha$  berücksichtigt und mit  $\alpha_i$  bezeichnet, so ergeben sich statt der Formel (1) folgende Ausdrücke für die in der  $n + 1$ . Generation zu erwartenden Zygotenfrequenzen:

$$\left. \begin{aligned} Z_1^{n+1} &= \left( \alpha_1 z_1^n + \frac{1}{2} \alpha_2 z_2^n \right) \left( z_1^n + \frac{1}{2} z_2^n \right) \\ &\quad + (1 - \alpha_1) z_1^n + \frac{1}{4} (1 - \alpha_2) z_2^n, \\ Z_2^{n+1} &= \alpha_1 z_1^n \left( z_3^n + \frac{1}{2} z_2^n \right) + \alpha_3 z_3^n \left( z_1^n + \frac{1}{2} z_2^n \right) \\ &\quad + \frac{1}{2} z_2^n, \\ Z_3^{n+1} &= \left( \alpha_3 z_3^n + \frac{1}{2} \alpha_2 z_2^n \right) \left( z_3^n + \frac{1}{2} z_2^n \right) \\ &\quad + (1 - \alpha_3) z_3^n + \frac{1}{4} (1 - \alpha_2) z_2^n. \end{aligned} \right\} (5)$$

### Ergebnisse und Diskussion

Für die folgende Berechnung der Fitnesswerte als Funktion von der Fremdbestäubungsrate sollen Genotypenfrequenzen des Locus S/s zu Grunde gelegt werden (Tab. 1), die in populationsgenetischen Experimenten an der Limabohne (*Phaseolus lunatus*) gewonnen wurden (WÖHRMANN und ALLARD 1967). Der Locus S/s kontrolliert die Musterung der Samenschale und kann mit Vorteil als Markierungsgen benutzt werden, da auch die Heterozygoten (Ss) phänotypisch sicher identifiziert werden können (ALLARD 1953).

Tabelle 1. Genotypen des Locus S/s in der  $n$ . und  $n + 1$ . Generation.

Generationen	Frequenzen		
	$z_1$ (SS)	$z_2$ (Ss)	$z_3$ (ss)
$n$	0.4316	0.2051	0.3632
$n + 1$	0.4435	0.1130	0.4435

Unter der Annahme, daß  $\alpha_1 = \alpha_2 = \alpha_3$  und damit auch gleich  $\alpha$  ist, entsprechen sich die Schätzungen für  $Z_i$  bei Verwendung der Formeln (1) und (5) und führen somit zu gleichen  $W_i$ -Werten. Eine Fehlschätzung bedingt durch Versuchsfehler bzw. Umwelteinflüsse kann bei obiger Annahme die  $\alpha_i$ -Werte nur gleichsinnig verändern. Es soll daher zunächst geprüft werden, welchen Einfluß eine derartige Fehlschätzung auf die Fitnesswerte der einzelnen Genotypen hat.

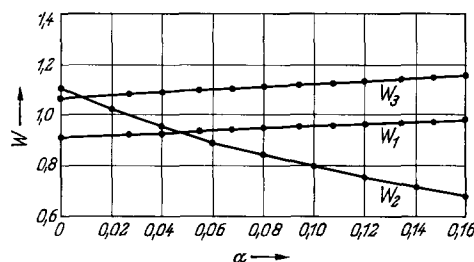


Abb. 1. Fitnesswerte ( $W_i$ ) in Abhängigkeit von der Fremdbefruchtungsrate für die Genotypen SS, Ss und ss.

Lassen wir  $\alpha$  Werte zwischen 0 und 0.16 annehmen, so ergeben sich die in Abbildung 1 dargestellten Resultate.  $W_1$  und  $W_3$  verändern sich, wenn auch nicht im gleichen Ausmaß, so doch gleichsinnig. Deutlicher wird dagegen der Fitnesswert der Heterozygoten ( $W_2$ ) beeinflusst. Aus dem Verlauf der Kurve ist zu ersehen, daß bei Werten von  $\alpha < 0.05$  eine Änderung der Rangfolge zu erwarten ist. Damit wird bei den hier zugrunde gelegten Genotypenfrequenzen eine Fehlschätzung von  $\alpha$  kritisch, wenn eine niedrige Fremdbefruchtungsrate vorliegt.

Wenn jedoch eine vom Genotyp abhängende Fremdbefruchtungsrate vorliegt, sind folgende Relationen zwischen den Genotypen denkbar:

1.  $\alpha_1 \geq \alpha_2 \geq \alpha_3$
2.  $\alpha_1 = \alpha_2 \geq \alpha_3$
3.  $\alpha_1 \geq \alpha_2 = \alpha_3$
4.  $\alpha_1 = \alpha_2 \geq \alpha_3$

Wird unter diesen Voraussetzungen ein für alle Genotypen gemeinsamer Wert angenommen, so

werden die tatsächlichen  $\alpha_i$ -Werte entweder unter- bzw. überschätzt. Die Abweichungen des wahren  $\alpha_i$ -Wertes vom angenommenen  $\alpha$ -Wert seien mit  $x_i$  bezeichnet. Zur Vereinfachung des Problems sollen die Abweichungen  $x_i$  so gewählt werden, daß stets  $\sum x_i = 0$  ist. Damit ergibt sich trotz zunehmender Werte von  $x$  ein stets gleichbleibender für  $\alpha$  und somit auch für  $W_i$  (gestrichelte Linien in Abb. 2 und 3). Die Abweichungen der ausgezogenen Linien von den entsprechenden gebrochenen geben das Ausmaß der Fehlschätzung wieder.

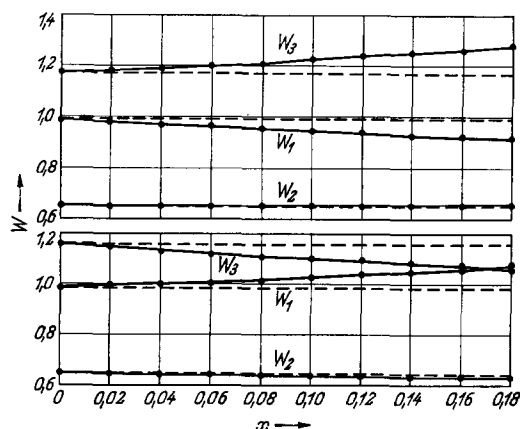


Abb. 2. Fitnesswerte ( $W_i$ ) für die Genotypen SS, Ss und ss als Funktion der Abweichung ( $x$ ) der Fremdbefruchtungsrate  $\alpha_i$  von deren mittlerem Wert  $\alpha$  (ausgezogene Kurven). Annahme:  $\alpha_2 = 0.18$ ;

$\alpha_1 = \alpha_2 + x$ ,  $\alpha_3 = \alpha_2 - x$  (unten);  
 $\alpha_1 = \alpha_2 - x$ ,  $\alpha_3 = \alpha_2 + x$  (oben). Gestrichelte Linie:  $W$ -Werte für  $\alpha = 0.18$ .

In der Abbildung 2 sind für  $\alpha_2 = 0.18$ ,  $\alpha_1 = \alpha_2 + x$ ,  $\alpha_3 = \alpha_2 - x$  (unten) und für  $\alpha_2 = 0.18$ ,  $\alpha_1 = \alpha_2 - x$ ,  $\alpha_3 = \alpha_2 + x$  (oben) die Fitnesswerte der drei möglichen Genotypen in Abhängigkeit von  $x$  aufgetragen. Die geringste Fehlschätzung erfährt der  $W$ -Wert der Heterozygoten wegen des als konstant angenommenen  $\alpha_2$ -Wertes. Eine Änderung der Rangfolge ist für die Annahme in Abbildung 2, oben, nicht eingetreten. Dagegen ist solche zwischen  $W_1$  und  $W_2$  (Abb. 2, unten) bei einem  $x$ -Wert von 0.18 festzustellen. Das

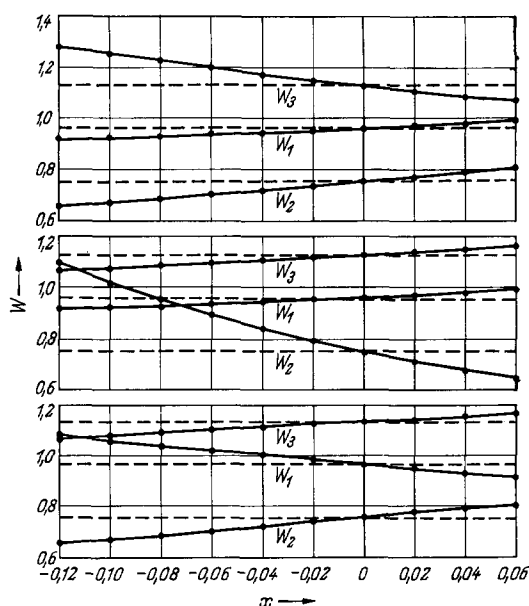


Abb. 3. Fitnesswerte ( $W_i$ ) für die Genotypen SS, Ss und ss als Funktion der Abweichung ( $x$ ) der Fremdbefruchtungsrate  $\alpha_i$  von deren mittlerem Wert  $\alpha$  (ausgezogene Kurven). Annahmen:  $\alpha_i = \alpha + k_i x$ ,  $\alpha = 0.12$ ;

$k_1 = -2$ ,  $k_2 = k_3 = 1$  (unten);  $k_2 = -2$ ,  $k_1 = k_3 = 1$  (Mitte);  $k_3 = -2$ ,  $k_1 = k_2 = 1$  (oben). Gestrichelte Linie:  $W$ -Werte für  $\alpha = 0.12$ .

bedeutet aber, daß die Fremdbestäubungsraten der betreffenden Genotypen eine Differenz von 0.36 aufweisen müssen.

Bisher wurde lediglich vorausgesetzt, daß die Fremdbestäubungsraten von zwei Genotypen um den gleichen Betrag vom Mittelwert divergieren. Im Folgenden soll sich jedoch die Abweichung ( $x$ ) der Genotypen durch die Konstante  $k_i$  unterscheiden. Für die Kurven in Abbildung 3 gelten somit die Annahmen:

$$\begin{aligned} \alpha_i &= \alpha + k_i x; \quad \alpha = .12 \\ k_1 &= -2, \quad k_2 = k_3 = 1 \text{ (unten);} \\ k_2 &= -2, \quad k_1 = k_3 = 1 \text{ (Mitte);} \\ k_3 &= -2, \quad k_1 = k_2 = 1 \text{ (oben).} \end{aligned}$$

Der Verlauf der so errechneten Kurven im Vergleich zur gestrichelten Linie ( $W$ -Werte bei gemeinsamen  $\alpha$  für alle Genotypen) ergibt, daß 1. die Fehlschätzung von  $W$  wiederum mit größer werdender Abweichung von  $\alpha$  zunimmt, und daß 2. eine Unterschätzung des wahren  $\alpha_i$ -Wertes durch ein gemeinsames  $\alpha$  gleichfalls zu einer Unterschätzung des zugehörigen  $W_i$ -Wertes führt und umgekehrt. Die Rangfolge von  $W_1$  und  $W_2$  wird erst dann geändert, wenn  $\alpha_2 \geq 0.26$  und  $\alpha_1 \leq 0.5$  wird (Abb. 2, Mitte).

Da die Fitnesswerte nicht nur eine Funktion der Fremdbefruchtungsrate, sondern auch der Genotypenfrequenzen sind, können bei Änderung von  $x_i$  die Differenzen zwischen den  $W_i$ -Werten geringer werden und somit eine Änderung der Rangfolge bei bereits geringeren Fehlschätzungen von  $\alpha_i$  eintreten.

Es ist jedoch möglich, einen Anhaltspunkt über den Bereich zu erlangen, in dem eine solche Fehlinterpretation unwahrscheinlich ist, wenn für die Berechnung der  $W$ -Werte statt  $\alpha_i$  (Formel 5)  $\alpha_i = \alpha + k_i x$  eingesetzt wird. Die Gleichsetzung zweier Funktionen ( $W_1 = W_2$ ,  $W_2 = W_3$ ,  $W_1 = W_3$ ) und deren Auflösung nach  $x$  ergibt den Schnittpunkt der jeweiligen Kurven und damit den Wert für  $x$ , an dem eine Rangfolgeänderung eintreten kann. Bei Berücksichtigung der Varianz der Fitnesswerte, die nach ALLARD und WORKMAN (1963) bestimmt werden kann, wird der Bereich, in dem die Gefahr einer Fehlinterpretation nicht gegeben ist, weiter eingeschränkt. Über die Verwendung der Varianzen hinaus gibt es zur Zeit noch keine Möglichkeit, Differenzen zwischen zwei Fitnesswerten statistisch zu beurteilen.

Bei den in der vorliegenden Untersuchung gewählten Genotypenfrequenzen führen erst relativ große Differenzen zwischen den Fremdbefruchtungswerten zu Fehlschätzungen. Angaben über ein allgemein zu tolerierendes Ausmaß können jedoch im Hinblick auf den Einfluß der jeweiligen Genotypenfrequenzen nicht gemacht werden. Während in Untersuchungen von JAIN und ALLARD (1960) an Gerste nur relativ geringe Differenzen (0–2.35%) zwischen den  $\alpha$ -Werten verschiedener Genotypen gefunden wurden, werden weit größere Abweichungen von HARDING und TUCKER (1964) für den Genotyp SS (8.34) gegenüber ss (17.18) der Limabohne und von IMAM und ALLARD (1965) an *Avena fatua* (1.24–11.78%) gefunden. Für Tomaten gilt ein durchschnittlicher Anteil von Fremdbefruchtung von etwa 5%. RICK (1949) konnte dagegen bei einigen Linien eine Fremdbestäubung bis zu 47% feststellen. Angesichts einer derartig großen genetisch bedingten Variabilität scheint es angeraten zu sein, bei der Interpretation

von Fitnesswerten, die auf der Verwendung von durchschnittlichen Fremdbestäubungsraten beruhen, Vorsicht walten zu lassen.

### Zusammenfassung

Die relative „fitness“ von Genotypen ist eine Funktion der Genotypenfrequenzen zweier aufeinander folgender Generationen und der Fremdbefruchtungsrate. Die Berücksichtigung von Durchschnittswerten für die Fremdbefruchtung kann bei vom Genotyp abhängendem Befruchtungssystem zu Fehlschätzungen der Fitnesswerte führen. Unter Verwendung von experimentell ermittelten Genotypenhäufigkeiten wird in vorliegender Arbeit der Einfluß einer Fehlschätzung der Fremdbefruchtungshäufigkeit auf den Fitnesswert untersucht und diskutiert. Dabei ergab sich, daß vor allem bei geringen Differenzen zwischen den relativen Fitnesswerten sowie großer genetisch bedingter Variabilität des Befruchtungssystems eine vorsichtige Interpretation notwendig ist, wenn anstelle der dem Genotyp eigenen Fremdbefruchtungsrate lediglich ein gemeinsamer Wert berücksichtigt wird.

### Literatur

1. ALLARD, R. W.: Inheritance of some seed-coat colors and patterns in lima beans. *Hilgardia* **22**, 167–177 (1953). — 2. ALLARD, R. W., and P. L. WORKMAN: Population studies in predominantly self-pollinated spe-

cies. IV. Seasonal fluctuations in estimated values of genetic parameters in lima bean populations. *Evolution* **17**, 470–480 (1963). — 3. FYFE, J. L., and N. T. J. BAILEY: Plant breeding studies in leguminous forage crops. I. Natural crossing in winter beans. *J. Agric. Sci.* **41**, 371–378 (1951). — 4. HALDANE, J. B. S.: The mathematical theory of natural and artificial selection. Part I and Part II. *Proc. Cambridge Phil. Soc.* **23**, 19–41 and 158–163 (1924). — 5. HARDING, J., and C. L. TUCKER: Quantitative studies on mating systems. I. Evidence for the non-randomness of outcrossing in *Phaseolus lunatus*. *Heredity* **19**, 369–381 (1964). — 6. HAYMAN, B. I.: Mixed selfing and random mating when homozygotes are at a disadvantage. *Heredity* **7**, 185–192 (1953). — 7. IMAM, A. G., and R. W. ALLARD: Population studies in predominantly self-pollinated species. VI. Genetic variability between and within natural populations of wild oats from differing habitats in California. *Genetics* **51**, 49–62 (1965). — 8. JAIN, S. K., and R. W. ALLARD: Population studies in predominantly self-pollinated species. I. Evidence for heterozygote advantage in a closed population of barley. *Proc. Nat. Acad. Sci.* **46**, 1371–1377 (1960). — 9. RICK, C. M.: Rates of natural cross pollination of tomatoes in various localities in California as measured by the fruits and seeds set on male sterile plants. *Proc. Am. Soc. Hort. Sci.* **54**, 237–242 (1949). — 10. TUCKER, C. L., and J. HARDING: Quantitative studies on mating systems. II. Estimation of fitness parameters in a population of *Phaseolus lunatus*. *Heredity* **20**, 393–402 (1965). — 11. WÖHRMANN, K., and R. W. ALLARD: im Druck. — 12. WORKMAN, P. L., and R. W. ALLARD: Population studies in predominantly self-pollinated species. III. A matrix model for mixed selfing and random outcrossing. *Proc. Nat. Acad. Sci.* **48**, 1318–1325 (1962).

## Buchbesprechungen / Book Reviews

**Porter, Keith R., und Mary A. Bonneville: Einführung in die Feinstruktur von Zellen und Geweben.** Berlin/Heidelberg/New York: Springer 1965. VIII + 128 S., 37 Abb. Geb. DM 30,—.

Die vorliegende deutschsprachige Ausgabe des 1964 in den USA erschienenen Bildatlas von PORTER/BONNEVILLE ist als Ergänzung zu den traditionellen Lehrbüchern der Histologie und Cytologie gedacht. Sie soll vor allem den Medizin- und Zoologiestudenten mit den gesicherten Erkenntnissen der elektronenmikroskopischen Zellforschung bekannt machen.

An Hand von 32 hervorragenden, detailreichen elektronenmikroskopischen Aufnahmen, die bei 7500- bis 124000facher Vergrößerung im 20×28 cm-Format wiedergegeben sind, wird die Feinstruktur der verschiedenen Zellkomponenten und ihre Abwandlung in spezialisierten Zelltypen vorgestellt. Die Aufnahmen bestechen durch ihre technische Vollkommenheit, vor allem durch die Schärfe, mit der die einzelnen Zellorganellen und Membransysteme hervortreten. Sie stammen größtenteils aus dem PORTERSchen Laboratorium an der Harvard-Universität.

Auf den ersten beiden Bildtafeln wird zunächst am Beispiel der Leberparenchymzelle das Grundinventar an Strukturen und Organellen der tierischen Zelle gezeigt. Es folgen Aufnahmen von Epithelzellen (Pankreas, Magen, Darm, Lunge, Epidermis, Harnblase, Niere), Geweben der Geschlechtsorgane, Binde- und Stützgeweben, Blut- und lymphatischen Zellen, Muskel- und Nervengewebe. Die abgebildeten Zellstrukturen werden in allgemeinverständlich, sehr instruktiv und klar abgefaßten Erläuterungen kommentiert, wobei didaktisch geschickt das Charakteristische hervorgehoben und von den Erkenntnissen der klassischen Histologie ausgegangen wird. Stets werden Struktur und Funktion als Einheit gesehen und aufeinander bezogen. Sorgfältig ausgewählte Literaturangaben ermöglichen dem Studenten ein tieferes Eindringen in den Stoff.

Angesichts der erstklassigen Bildreproduktion ist der Preis bemerkenswert niedrig. Die Anschaffung kann einem jeden, der sich für Zellmorphologie interessiert, auf das wärmste empfohlen werden. Gegenwärtig gibt es

keine vergleichbare Sammlung derartig hervorragende und die verschiedensten Zelltypen wiedergebender Elektronenmikrographien.

P. Döbel, Gatersleben

**Pridham, J. B., and T. Swain (Editors): Biosynthetic Pathways in Higher Plants.** Proceedings of the Plant Phenolics Group Symposium, Leeds, April 1964. London/New York: Academic Press 1965. 212 S., 65 Abb., 22 Tab. Geb. 75 s.

Das Buch ist der Bericht über ein Symposium der Phytochemical Group, ehemals Plant Phenolics Group, aus dem Jahre 1964. Entsprechend dem weitgefaßten Rahmenprogramm werden hierin Biosynthesewege primärer und sekundärer Pflanzeninhaltsstoffe beschrieben. Wenn das im vorliegenden Falle für 11 verschiedene Verbindungsklassen auf 200 Seiten beschränkt ist, wird von vornherein offenbar, daß es sich jeweils nur um kurze Übersichten handelt, für die Beschränkung auf das Wesentliche charakteristisch ist. Aber gerade das ist es, was von zahlreichen Interessenten aus den verschiedensten naturwissenschaftlichen Fachbereichen gewünscht wird. Für einzelne Detailfragen stehen ausführliche Monographien in genügender Auswahl zur Verfügung.

In diesem Buch sind von führenden Wissenschaftlern die pflanzlichen Biosyntheseschritte für folgende Verbindungen dargelegt: Carotinoide, Terpene, Aminosäuren, Proteine, Nucleotide und Kohlehydrate, Cellulose, Lignin, Piperidinalkaloide, Anthocyane und Flavonoide, Chlorophyll, Pflanzensäuren.

Von zwei weiteren Kapiteln: „Methoden bei Biosyntheseuntersuchungen“ und „Biologische Aspekte der chemischen Reaktion in höheren Pflanzen“, sei besonders das letztere erwähnt, weil darin anregende, kritische Betrachtungen über die allgemeinen Zusammenhänge bei der Biosynthese in höheren Pflanzen diskutiert werden. Als störend kann man die Inkonsistenz der Herausgeber empfinden, wenn sie es zuließen, daß in einzelnen Fällen, wie z. B. der Biogenese der Anthocyane und Flavonoide, kein zusammenhängender Überblick, sondern nur eine kurze Zusammenfassung (2½ Seiten) mit dem Hinweis auf einen anderen Übersichtsartikel gegeben wird. Wenn