

**Zeitschrift:** Mitteilungen der Naturforschenden Gesellschaft in Bern  
**Herausgeber:** Naturforschende Gesellschaft in Bern  
**Band:** 11 (1954)

**Artikel:** Zytologische Untersuchungen an einigen schweizerischen Hemi-Orephyten  
**Autor:** Rohner, Peter  
**Kapitel:** II: Methodologisches : Wahl des Untersuchungsmaterials  
**DOI:** <https://doi.org/10.5169/seals-319464>

### **Nutzungsbedingungen**

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. [Mehr erfahren](#)

### **Conditions d'utilisation**

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. [En savoir plus](#)

### **Terms of use**

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. [Find out more](#)

**Download PDF:** 01.05.2026

**ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>**

als Folge der Chromosomenvermehrung feiner abgestufte Merkmalskombinationen aufweisen, und zwar durch polymere Faktoren, als die diploiden. Damit bieten sie den selektionierenden Kräften ein reicheres Muster von Anpassungsmerkmalen. Nach dieser Überlegung bilden sowohl diploide als auch polyploide Rassen auf genau gleiche Weise Oekotypen aus, und zwar auf Grund von Genmutationen. Die polyploiden sind aber dann den diploiden überlegen, da sie eine größere Typenmannigfaltigkeit aufweisen. Damit ist zugleich eine Erklärung für die weitere Verbreitung der polyploiden Rassen gefunden.

Es ist unverkennbar, daß unter dem ersten Eindruck der Ergebnisse, die die statistischen Analysen einzelner Gebiete gezeitigt hatten, lamarckistische Züge in der Interpretation dieser Ergebnisse auftraten. Es bildete sich die Vorstellung heraus, daß eine polyploide Art vom Moment ihrer Entstehung an in bestimmten Gebieten, besonders in solchen mit extremen oekologischen Bedingungen, positiven Selektionswert hätte und daß es zugleich diese extremen Bedingungen selbst gewesen seien, die die Polyploidie hervorgebracht hätten (HAGERUP 1931).

Für polyploide Pflanzen ist eine Bevorzugung sowohl extrem trockener (HAGERUP 1931) als auch extrem nasser Standorte (HOWARD 1948) nachgewiesen worden.

Die vorliegende Arbeit schließt sich der pflanzengeographischen Richtung an und setzt sich zum Ziel, bestimmte Beziehungen zwischen der geographischen Verbreitung und den zytologischen Verhältnissen nahe verwandter Pflanzenarten an einigen konkreten Beispielen abzuklären.

## II. Methodologisches, Wahl des Untersuchungsmaterials

### A. Grundgedanke

Angeregt durch Herrn Professor W. Rytz, Bern, stellte ich eine Auswahl von Arten unserer näheren Umgebung zusammen, die erlauben sollte, an einigen konkreten Beispielen zu prüfen, ob Chromosomenaberrationen in florensgeschichtlich neuerer Zeit eine wesentliche Rolle gespielt haben oder nicht. Nach der Terminologie von RYTZ (1935) wurden dafür *Hemi-Oreophyten* gewählt, d. h. Gebirgsarten mit vikariierenden Arten im Tiefland. Es waren durchwegs Arten, die

bei uns im schweizerischen Mittelland vorkommen und in den Alpen in einer nahe verwandten Form (Unterart oder Art) vertreten sind.

Diese Arten wurden zytologisch untersucht, um festzustellen, ob die Form mit alpiner Verbreitung polyploid sei oder sich sonstwie in ihrem Chromosomenbestand von der Ebenenform unterscheide. Die gedankliche Grundlage der vorliegenden Arbeit steht damit in bewußtem Gegensatz zu den Voraussetzungen der meisten bisherigen Arbeiten über die Bedeutung der Polyploidie, die vorwiegend auf statistischen Erhebungen beruhen. Der Ausgangspunkt ist die Annahme einer Bildung alpiner Rassen, und erst nach dieser Festlegung wird die Frage nach der Chromosomenzahl gestellt. Im Prinzip ist der eingeschlagene Weg derselbe, den Turesson bei seinen Untersuchungen beschritten hat, mit dem Unterschied, daß das Schwergewicht auf die caryologischen Untersuchungen und nicht auf eine breit angelegte Oekotypanalyse gelegt worden ist.

Die nahe Verwandtschaft der untersuchten Parallelförmigen sollte Gewähr dafür bieten, daß es sich um Bildung alpiner Rassen in jüngerer Zeit handelt.

Die Fragestellung der Arbeit kann demnach kurz folgendermaßen formuliert werden:

Spielte in florenzeschichtlich jüngerer Zeit die Polyploidie bei der Entstehung alpiner Rassen eine Rolle oder nicht?

## B. Objektwahl

Es wurden folgende Arten zur genaueren Prüfung ausgewählt:

1. *Rumex Acetosa* L. var. *pratensis* (Mill.) Wallr.
2. *Rumex arifolius* All. Typus.
3. *Silene vulgaris* (Mönch) Garcke (*S. inflata* Sm.).
4. *Silene vulgaris* ssp. *alpina* (Lam.) Schinz und Keller.
5. *Cochlearia officinalis* L. ssp. *euofficinalis* A. u. G. Thellung.
6. *Cochlearia officinalis* L. ssp. *pyrenaica* (D. C.) Rouy und Fouc.
7. *Helianthemum nummularium* (L.) Miller (*H. vulgare* Gärtner, *H. Chamaecistus* Miller) ssp. *nummularium* (L.) = ssp. *nummularium* var. *tomentosum* Großer = *H. vulgare* var. *tomentosum* Gremlí).
8. *Helianthemum nummularium* ssp. *ovatum* (Viv.) = ssp. *barbatum* var. *hirsutum* Großer = *H. vulgare* var. *obscurum* Gremlí.

9. *Helianthemum nummularium* ssp. *grandiflorum* Scop. = ssp. *barbatum* var. *grandiflorum* Großer.
10. *Chaerophyllum hirsutum* L. ssp. *Cicutaria* (Vill.) Briq.
11. *Chaerophyllum hirsutum* L. ssp. *Villarsii* (Koch) Briq.
12. *Chaerophyllum hirsutum* L. ssp. *elegans* (Schleicher) Briq.
13. *Anthriscus silvestris* (L.) Hoffm. ssp. *stenophylla* (Rouy u. Camus) Briq.
14. *Scabiosa columbaria* L. ssp. *columbaria* (L.) Briq. und Cavillier.
15. *Scabiosa columbaria* L. ssp. *lucida* (Vill.) Vollmann (*S. lucida* Vill.).
16. *Solidago Virga aurea* L. var. *vulgaris* (Lam.) Koch.
17. *Solidago Virga aurea* var. *alpestris* (Waldst. und Kit.) Gaudin.
18. *Solidago Virga aurea* var. *pumila* (Willd.) Gaudin.
19. *Centaurea Scabiosa* L. ssp. *euscabiosa* Gugler.
20. *Centaurea Scabiosa* L. ssp. *euscabiosa* var. *alpina* (*C. alpestris* Hegetschw.).

Von einigen Arten war die Chromosomenzahl schon bekannt. Von andern wurde sie im Verlaufe meiner Arbeit, die sich über vier Jahre hinzog, da ich sie neben beruflicher Tätigkeit ausführte, veröffentlicht (*Rumex arifolius*, *Helianthemum nummularium* mit  $n = 10$ ). Aber ich fand es richtig, auch schon beschriebene Arten für unser Gebiet neu zu bestimmen, da ich es, wie ich schon in der Einleitung betont habe, als falsch ansehe, für Untersuchungen, die sich auf ein bestimmtes Gebiet beziehen, einfach die Zahlen aus der Literatur zu übernehmen. In zwei Fällen hat sich diese kritische Einstellung gelohnt, nämlich bei *Helianthemum nummularium*, ssp. *nummularium*, das zur Zeit meiner Untersuchungen nur mit  $n = 16$  (CHIARUGI, BOWDEN) und für *Cochlearia officinalis* ssp. *pyrenaica*, die bis jetzt nur mit  $n = 14$  (CRANE und GAIRDNER) und mit  $n = 12$  (BÖCHER 1938) bekannt war.

### C. Ausscheidung einiger Arten im Verlaufe der Arbeit und Begründung dafür

Im Verlaufe der Arbeit wurden aus verschiedenen Gründen folgende Arten ausgeschieden:

1. *Rumex Acetosa* und *R. arifolius*. Diese Arten sind schon Gegenstand ausgiebiger Untersuchungen gewesen (Literaturangaben bei TISCHLER 1950). Die Chromosomenverhältnisse deckten sich bei zwei untersuchten Exemplaren (*Rumex Acetosa* aus der Umgebung von Bern und *R. ari-*

*folius* von der Schynigen Platte) mit den Angaben von KIHARA und ONO. Überdies hat Dr. STEINEGGER, Bern (mündliche Mitteilung), dieselben Feststellungen gemacht. ( $n = \frac{1}{2}$  bei den männlichen Exemplaren in der Reifeteilung der PMZ.) Es erübrigte sich also, nochmals auf diese Arten näher einzutreten. Immerhin kann an dieser Stelle festgehalten werden, daß im Falle dieser zwei Arten beide, die Ebenenform *R. Acetosa* sowohl als auch die alpine Form *R. arifolius*, diploid sind.

2. Dasselbe gilt mutatis mutandis für die Arten *Scabiosa columbaria* und *Scabiosa lucida*, welche beide  $n = 8$  aufweisen.

3. Anders steht es bei *Centaurea Scabiosa*. Diese polymorphe und systematisch sehr schwierige Art wäre vielleicht vom zytogenetischen Standpunkt aus interessant. Als ich mich näher mit dieser Art befaßte, mußte ich erkennen, daß die Überwindung der großen Schwierigkeiten systematisch-genetischer Natur in keinem Verhältnis stehen würde zu den Ergebnissen, die für meine Fragestellung zu erwarten waren. Als Nebenresultat, das sich aus der Beschäftigung mit dieser Art ergeben hat, sei nur angegeben, daß bei Muri (Bern) auf dem Bodenacker rein weibliche Stöcke mit degenerierten Antheren festgestellt wurden. Es deckt sich diese Beobachtung mit einer Angabe von LJUNGSTRÖM aus Schweden (HEGI, Flora von Mitteleuropa).

### III. Technik

#### A. Untersuchung und Darstellung der Chromosomen

##### 1. Die verwendeten Kernteilungsstadien

Zur Analyse der Chromosomenzahlen wurden fast ausschließlich die beiden Reifeteilungen in den PMZ verwendet. Diese Methode bietet den Vorteil, daß die Präparate für die Zählung besonders klar sind. Die Chromosomen sind von der Diakinese an mehr oder weniger kontrahiert, so daß ihre Individualisierung besser möglich ist als in einer Mitose, bei der sich die Chromosomen, die meist langgezogen sind, gegenseitig überdecken. Von den verschiedenen Stadien der Meiose eignen sich für die Bestimmung der Chromosomenzahl nicht alle gleich gut.