

(Aus dem Kaiser Wilhelm-Institut für Züchtungsforschung, Erwin Baur-Institut, Müncheberg/Mark.)

Sichtungungsarbeit zur Birkenzüchtung.

Von **W. von Wettstein** und **H. Propach**.

Die systematische Abgrenzung unserer heimischen Birkenarten, *Betula verrucosa* EHRH. und *B. pubescens* EHRH., bereitet wegen der vielen Zwischentypen oft Schwierigkeiten, so daß schon vorgeschlagen wurde, die beiden Arten unter *B. alba* L. oder *B. odorata* BECHST. zusammenzufassen. In der Praxis unterscheidet der Samenhandel nach morphologischen Eigenarten der Deckschuppen, die bei *B. verrucosa* mehr dreieckig und bei *B. pubescens* mehr trapezförmig sein sollen. Aber auch dieses Merkmal ist so variabel, daß eine einwandfreie Bestimmung nach ihm oft unmöglich ist. In den letzten Jahren kommt von seiten der Sperrholzindustrie ein weiteres wichtiges Moment hinzu, indem diese zwischen furnierfähigen und nichtfurnierfähigen Birken unterscheidet, wobei angenommen wird, daß das weichere, besser furnierfähige Holz von *B. pubescens* stammt.

Diese Schwierigkeiten bei der Artabgrenzung und vor allem die Wünsche der Sperrholzindustrie gaben Veranlassung, sich mit diesen Fragen zunächst einmal in begrenzten Sichtungungsversuchen zu befassen, die, je nach Ergebnis, zu züchterischen Maßnahmen ausgeweitet werden sollen. Eine züchterische Bearbeitung ist besonders deshalb nötig, weil die Birken in Mitteleuropa als Weichholz durch forstwirtschaftliche Maßnahmen weitgehend verdrängt wurden, im Gegensatz zu Finnland und Rußland, wo sie in der Forstnutzung eine wichtige Rolle spielen.

Seit 1934 hat Forstassessor BEHRNDT in der Abteilung für Forstpflanzenzüchtung am Kaiser Wilhelm-Institut für Züchtungsforschung die züchterische Bearbeitung der Birken übernommen. Es wurden zunächst Absaaten von etwa 60 Einzelbäumen aus mehreren Wuchsgebieten gemacht, von denen Vergleichskulturen in der Schorfheide angelegt wurden. Schon in den Saatbeeten fielen große Unterschiede auf, so daß die Vermutung nahe lag, es könne Artbastardierung eine Rolle spielen. Eine Reihe von Selbstungs- und Kreuzungsversuchen scheint diese Annahme zu bestätigen. Eine eingehende Auswertung dieser Versuche hat jedoch noch nicht erfolgen können.

Eine weitere Möglichkeit, hier in gewissen Grenzen zu Entscheidungen zu kommen, bieten cytologische Untersuchungen, da *B. verrucosa* $2n = 28$, *B. pubescens* aber $2n = 56$ Chromo-

somen hat. Es wurden deshalb 1938 von 12 bestimmten Bäumen Sämlinge aufgezogen, von denen jeweils eine Anzahl auf ihre Chromosomenzahl untersucht wurde. Das Ergebnis geht aus Tabelle 1 hervor. In Abb. 1 sind Metaphaseplatten aus Wurzelspitzenmitosen für die beiden Arten und einen Bastard gezeichnet.

Tabelle 1. Somatische Chromosomenzahlen von Einzelbaumnachkommenschaften von *B. verrucosa* und *B. pubescens*.

Mutterpflanze	Anzahl der Sämlinge	Somatische Chromosomenzahl
<i>B. verrucosa</i> . Birke 1	10	28
<i>B. verrucosa</i> . Birke 2	10	28
<i>B. verrucosa</i> ? Birke 3	10	28
<i>B. verrucosa</i> ? Birke 4	10	28
<i>B. verrucosa</i> . Birke 5	10	28
<i>B. pubescens</i> . Birke 7	6	56
	1	42
<i>B. pubescens</i> . Birke 8	9	56
<i>B. verrucosa</i> . Birke 20. F I 37	8	28
<i>B. verrucosa</i> . Birke 21. F II 37	8	28
	1	42
	1	46—52
<i>B. verrucosa</i> . Birke 22. F III 37	10	28
<i>B. verrucosa</i> . Birke 23.		
Brig. Nr. 3	6	28
<i>B. verrucosa</i> . Brig. Nr. 4 . . .	8	28

Die Ergebnisse ermöglichen uns einige Feststellungen.

1. Die Chromosomenzahl ermöglicht eine genaue Artbestimmung. Für Birken 3 und 4 der



Abb. 1. Metaphaseplatten aus Wurzelspitzenmitosen. Vergr. 3400×. Links: *B. verrucosa* $2n = 28$; Mitte: *B. verrucosa* × *pubescens* $2n = 42$; Rechts: *B. pubescens* $2n = 56$.

Tabelle deutet das Fragezeichen an, daß die Artzugehörigkeit nach den morphologischen Merkmalen nicht sicher festzulegen war. Nach der Chromosomenzahl sind sie eindeutig *B. verrucosa*.

2. Die Annahme, daß *B. pubescens* die bessere Fournierbirke sei, bedarf einer gründlichen Prüfung. Denn gerade die Birken 20, 21 und 22, die dem Habitus nach als Fournierbirken aus-

gelesen wurden, sind nach der Chromosomenzahl *B. verrucosa*.

3. Durch HELMS & JÖRGENSEN (1927) sind Bastarde zwischen den beiden Arten mit $2n = 42$ Chromosomen schon bekannt. Unsere Untersuchungen zeigen darüber hinaus, daß die Bastardierung spontan in beiden Richtungen erfolgen kann. In einem Falle (Birke 7) deutet die Chromosomenzahl der Geschwister des triploiden Bastards auf *B. pubescens* ($2n = 56$) als Mutter. Im anderen Falle (Birke 21) kommt nach der Chromosomenzahl der Geschwister nur *B. verrucosa* ($2n = 28$) als Mutter in Frage.

4. Ein Sämling mit 46—52 Chromosomen, der von einer *B. verrucosa* (Birke 21) stammt, läßt vermuten, daß ein triploider Bastard der Vater sein könnte, da sonst die leider nicht genau festzustellende Chromosomenzahl schwer zu erklären wäre. Die triploiden Bastarde wären also auch bei *Betula* pollenfertil. Für *Populus* ist das nach eigenen Erfahrungen sicher der Fall, da sich mit Pollen triploider *Populus tremula* erfolgreich intra- und interspezifische Kreuzungen durchführen lassen. Auch PETO (1938) wies die Pollenfertilität triploider Pappeln nach.

Es muß nun festgestellt werden, ob solche chromosomalen Abweicher eben auf Grund dieser Eigenschaft besonderen züchterischen Wert haben. Ist das der Fall, so können sie nach Stecklingsvermehrung als Klone und, bei ihrer ungeheuren Samenproduktion, als Kreuzungspartner mit Erfolg zur Züchtung herangezogen werden. Es sei noch darauf hingewiesen, daß besonders wertvolle Formen allenfalls durch Colchicinbehandlung zur Verdoppelung der Chromosomenzahl veranlaßt werden können, wodurch es vielleicht zu einer generativen Fixierung des erwünschten Typus kommt.

Herr Forstassessor BEHRNDT stellte liebenswürdigerweise das Samenmaterial zur Verfügung, wofür ihm herzlichst gedankt sei. Die Aufsammlung der Samen wurde in dankenswerter Weise durch Unterstützung der Deutschen Forschungsgemeinschaft ermöglicht.

Literatur.

HELMS, A., u. C. A. JÖRGENSEN: Dansk Bot. Tidsskr. 39, 57—133 (1927).

PETO, F. H.: Canad. J. Research 16, 445—455 (1938).

(Aus dem Institut für Vererbungs- und Züchtungsforschung, Berlin-Dahlem).

Geschlechtsdifferentiator oder Modifikatoren im X-Chromosom von *Drosophila melanogaster*.

Von **Waldemar Rust**.

Über den Modus der Geschlechtsbestimmung bzw. -differenzierung bei *Dros. mel.* stehen sich die Theorien des multiplen Faktorensystems und des Ein-Faktor-Systems gegenüber, zwei Theorien, deren Anwendbarkeit auch an anderen Objekten untersucht und möglich ist. Eine ausgedehnte experimentelle Forschung hat in den letzten Jahren versucht, den Entscheid zwischen beiden Theorien zu erbringen. Über diese soll im folgenden referiert werden und in einem Vergleich das Wesentliche des Erreichten herausgestellt werden.

Nach der Genbalancetheorie von BRIDGES beruht die Geschlechtsbestimmung auf dem Zusammenwirken vieler Gene, die teils in den Autosomen, teils in den X-Chromosomen lokalisiert sind. Bei *Dros.* beruht der Einfluß des X-Chromosoms auf die weibliche Differenzierung auf der überwiegenden Zahl der in ihm lokalisierten weiblich determinierenden Gene. Die Autosomen hingegen besitzen eine männliche Tendenz, da bei ihnen die männlichen Gene überwiegen. (Diese männlichen und weiblichen

Gene werden im folgenden nach DOBZHANSKY als männliche und weibliche Modifikatoren bezeichnet.) Die Theorie wurde begründet durch die Erscheinung der Intersexualität bei heteroploiden Fliegen. Das Verhältnis $2X : 2A$ und entsprechend $3X : 3A$ und $4X : 4A$ liefert Weibchen, $1X : 2A$ Männchen, $1X : 3A$ Übermännchen, $3X : 2A$ Überweibchen und $2X : 3A$ Intersexe.

Diese Verhältnisse lassen sich aber auch so deuten, daß im X-Chromosom nur ein Gen lokalisiert ist, das Weiblichkeit bedingt (im folgenden Differentiator genannt) und alle anderen Gene im X-Chromosom nichts mit der Geschlechtsbestimmung und -differenzierung zu tun haben. Und entsprechend kann die Wirkung der Autosomen auf das Vorhandensein eines einzigen Faktors für männliche Differenzierung zurückzuführen sein.

Ein solches System nimmt GOLDSCHMIDT für *Lymantria* an, für die er aus seinen Untersuchungen folgert, daß hier ein im X-Chromosom lokalisierter Faktor M für männliche Diffe-