Die Methode UPGMA

Johan Pot

Summary.

Der systematische Botaniker wird versuchen, Pflanzen anhand der Stammesgeschichte einzuordnen. Dazu ist UPGMA eine hilfreiche Methode, wenn geeignete Daten zur Verfügung stehen, die in richtiger Weise verwendet werden.

Eine Grundlage für Verwandtschaft

Schon einen Monat nach der Publikation von Sulcorebutia roberto-vasquezii (Diers 2005) stellten Spezialisten mit großer Überzeugung fest, dass die neue Art eine Sulcorebutia crispata sei. Schon 2004 erfuhr ich von Dr. Hunt durch eine E-mail, dass es nach seiner Einschätzung wahrscheinlich nur eine Art Sulcorebutia gibt. Also sollte die neu beschriebene Pflanze zwangsläufig Rebutia steinbachii heißen. Wer hat nun Recht?

Diese Frage macht keinen Sinn. Es kommt auf den persönlichen Standpunkt an, welche Kriterien man anerkennt. Dadurch dürfte jeder Recht haben. Natürlich kann man sich fragen, ob die gewählten Kriterien Sinn machen. Wenn jemand aufgrund der Dornenzahl die ganze Kakteenfamilie in zwei Arten einteilt, Cactus paucispinus und Cactus multispinus, wird das wohl wenig Anerkennung finden. Ich zitiere Nyffeler und Eggli (1994):

„Klassifikationssysteme, welche nur diejenigen anzuwenden wissen, die sie geschaffen haben, sind nutzlos!“ Und „Aufgabe der systematischen Botanik ist es, Ordnung im Sinne der postulierten Stammesgeschichte in die Fülle der Pflanzenformen zu bringen.“ Offenbar wird nach der Abstammung gesucht.

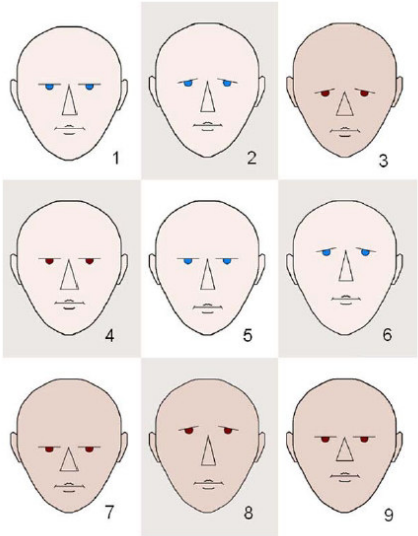
Es wird wohl fast jeder akzeptieren, dass gleiche Abstammung die Grundlage für Verwandtschaft ist.

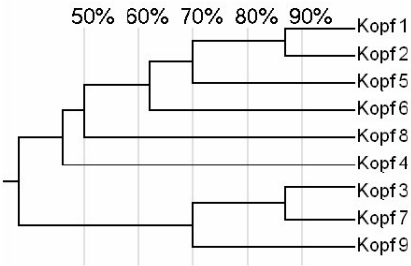
Warum werden Ähnlichkeiten gesucht?

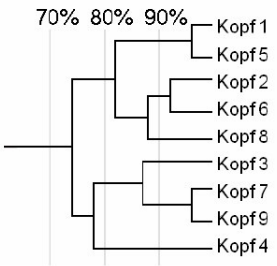
Bekannt ist das Interesse der Menschen für Schimpansen. Die sehen uns ja so ähnlich? „Und was ist dafür die Ursache?“, so fragte Dr. Hentzschel uns in einem Vortrag. „Weil sie mehr mit uns verwandt sind als alle anderen Säugetiere.“ Man kann also Verwandtschaft zwischen Individuen oder Gruppen von Individuen vermuten anhand von Ähnlichkeiten. Man sagt: „Wie der Vater, so der Sohn.“ Das überträgt sich sogar auf morphologische Merkmale. Die größte Ähnlichkeit trifft man bei eineiigen Zwillingen, wie auch die engste Verwandtschaft. Man passe aber auf: es dürfen nach bestimmten Kriterien auch ähnliche Individuen existieren, die nicht eng verwandt sind. So etwas zeigt sich klar am Beispiel von C. paucispinus und C. multispinus.

Wenn mehrere Merkmale von einer großen Menge Individuen ausgewertet werden müssen, wird es bald zu komplex um das manuell zu tun. Es gibt aber eine Methode, UPGMA (unweighted pair group method using arithmatic averages), die ein Dendrogramm als grafische Darstellung zulässt. Dadurch bekommt man schnell und relativ einfach einen Überblick. Am Ende dieses Beitrages wird als Beispiel ein Algorithmus gezeigt, wie das Dendrogramm zustande kommt.

Unlängst habe ich in einer Ortsgruppe folgendes Bild gezeigt: 9 Köpfe die einander zwar ähneln, aber sich auch in einzelnen Merkmalen unterscheiden. Man bekam den Auftrag, zu bestimmen, welche zwei Köpfe am meisten ähnlich waren. Danach zeigte ich ein Dendrogramm. Eine Frau bestimmte am besten. Sie war sichtbar glücklich. Sie war ja die Beste! Wie gut war aber ihre Lösung?







Dendrogramm links: nur absolute Werte, Dendrogramm rechts: absolute Werte und Verhältnisse

Ich zeigte nur das rechte Dendrogramm. Keiner fragte mich, nach welchen Kriterien ich das abgeleitet hatte. Offenbar vertrat dieses Dendrogramm nach Auffassung der Anwesenden die absolute Wahrheit. Oder man hatte keine Ahnung und wollte nicht gerne für dumm gehalten werden? Es ist nicht auszuschließen, dass jemand anderes nach dem linken Dendrogramm „der Beste“ gewesen wäre.

Folgende Merkmale wurden benutzt: gemessen wurde nur die Länge der Nase, die Länge über die Nase und die Länge unter die Nase. Merkmale waren auch Stand und Farbe der Augen, die Form der Nase und Farbe der Haut.

Die Konturen aller Gesichter sind identisch. Das gilt auch für die Ohren. Diese Merkmale wurden von mir nicht benutzt.

Wenn ich von diesen absoluten Werten ausgehe, wird das linke Dendrogramm abgeleitet. Ähnlichkeit wird hier pro Merkmal nur als wahr oder unwahr erkannt, also mit 100% oder 0% bewertet.

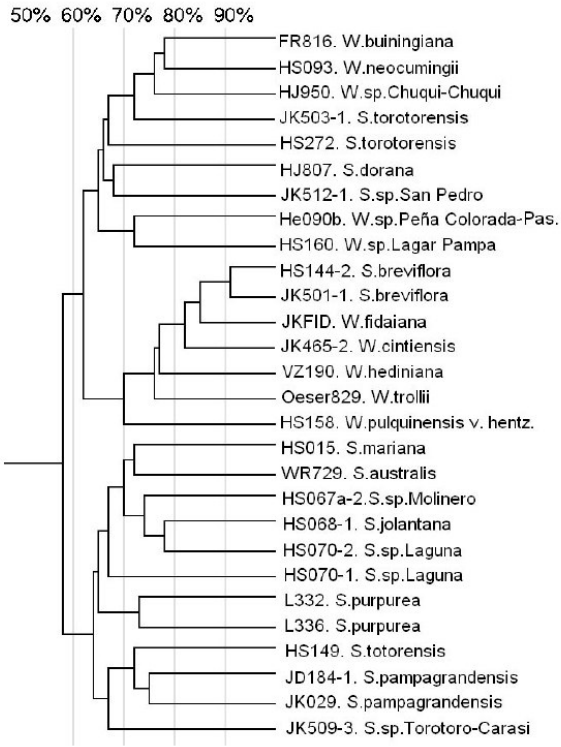
Möglicherweise wird Ähnlichkeit besser in Zahlen gefasst, wenn man Länge und Breite durch Verhältnisse ersetzt.

Zum Beispiel werden die drei Längen zusammen gezählt. Das wird der Nenner. Die echte Länge wird der Zähler. Dadurch entsteht pro Länge ein Quotient. Wenn danach von zwei Köpfen diese Quotienten verglichen werden, werden sie pro Kategorie geteilt. Dadurch entstehen gleitende Prozentsätze. Diese führen letztendlich zum rechten Dendrogramm. Man kann hier übrigens feststellen, dass bei so wenigen Merkmalen nun die 0% oder 100% Übereinstimmung der Augen eine große Rolle spielt.
Hätte ich auch die Form von Gesicht und Ohren benutzt, denn wären alle Koeffizienten in der halben Matrix etwas größer und dadurch die Distanzen kürzer, denn (Zähler+1)/(Nenner+1) >Zähler/Nenner. Ansonsten bekämen wir ähnliche Dendrogramme.

Welche Methode man wählt wird davon abhängen welche Daten man auswerten will.

Was ist der Sinn von UPGMA?

Schön und Link schreiben, dass Mumm und Dudley 1994 zu dem Schluss kamen, dass UPGMA die aufgrund von Pedigree-Daten vorausgesagte Einteilung des untersuchten Materials am zuverlässigsten darstellt. Anders gesagt, es wird ein möglicher Stammbaum gezeigt, wenn man von dazu geeigneten Daten ausgeht, die hier „Pedigree-Daten“genennt werden. Buxbaum (1965) schrieb: „… dass die Systematik – im modernen Sinne, d.h. als Stammesgeschichte – der Kakteen längst restlos geklärt sein könnte, wenn wir brauchbare Beschreibungen der Blüten aller Arten haben würden.“ An erster Stelle werden blühende Pflanzen noch immer aufgrund der Blüte eingeordnet. Diese Daten sollten nach meiner Meinung also geeignet sein um einen Stammbaum abzuleiten.



Letztes Jahr habe ich etwa 350 Blütenschnitte von Sulcorebutien, Weingartien und Digitorebutien gemacht. Diese wurden nach Anweisung von Marja van de Pieterman mit 600 dpi so gescannt, dass die Beleuchtung für alle Blütenschnitte so gut wie möglich identisch war. Auch die Abmessungen auf den Bildern sind dadurch in gleicher Größenordnung. Aus diesen

Daten wurde mittels UPGMA ein Dendrogramm zusammengestellt.
In diesem Projekt wurden vielen Namen mehr oder weniger provisorisch angegeben. Sie sind hier nicht mehr als eine Bezeichnung, damit man schnell feststellen kann um welche Pflanze es sich handelt.
Wie interessant dieses Dendrogramm auch aussehen darf, es macht erst Sinn, wenn bekannt ist, welche Merkmale selektiert wurden und in welcher Weise die Ähnlichkeitskoeffizienten berechnet wurden. Hier folgt deshalb eine Auflistung:

Länge von:	Form von:	Farbe von:	
Griffel	Blüte	Blütenblatt oben	Haare hinter den Schup-
Strecke der Insertionen	Blütenblatt	Blütenblatt gerade über	Dicke des Fruchtknotens
Nektarkammer	Schuppen auf	Griffel	
Blütenblatt über den Narben	Schuppen auf Pericarpell	Narben	
		Staubfäden unten	
		Staubfäden oben	
		Schlund	
		Schuppen auf Recepta-	
		Schuppen auf Pericar-	

Die Farben eines Digitalbildes werden durch RGB-Koeffizienten bestimmt. Dadurch lassen sie sich in einem 3-dimensionalen Raum einfach vergleichen.
Die neun Farben bekamen zusammen eine Gewichtung als ob es nur ein Merkmal wäre.
Die Ähnlichkeitskoeffizienten wurden in ähnlicher Weise wie beim Dendrogramm 2 der Köpfe berechnet .
Wenn man nun diese Merkmale als sinnvoll betrachtet, kann man davon ausgehen, im Dendrogramm mögliche Verwandtschaften zu entdecken. Hier gibt es aber noch einen Vorbehalt. Wie zuverlässig waren die Pflanzen, die in diesem Projekt selektiert wurden? Kann man einen Sämling akzeptieren? Oder ist nicht zufälligerweise die gewählte Importpflanze eine Ausnahme?

Einige Konsequenzen aus einem Projekt mit Blütenschnitten

Wenn mehr als eine Pflanze einer Population im gleichen Cluster gefunden wird, ist anzunehmen, dass es sich nicht um Ausnahmen handelt. Wenn wir von 80% „normalen“, also dem Querschnitt am Standort entsprechenden Pflanzen pro Population ausgehen, wäre die Chance

auf zwei Ausnahmen pro Stichprobe nur 4%, die sich dann untereinander wahrscheinlich stark unterscheiden, wie unten erklärt wird. Wenn sie auch noch ähnlich sein müssen weil sie im gleichen Cluster vorkommen, ist eine solche Stichprobe praktisch ausgeschlossen.

Nehmen wir folgendes an. Ein Merkmal hat die Eigenschaft „rot“ oder „gelb“. Es gibt 10 Merkmale. Wir selektieren auf rot. Wenn 80% der Individuen als normal betrachtet werden, denn wird in einer Normalverteilung bis etwa 6 × rot für normal gehalten. Von den anderen 20% wird etwa die Hälfte 5 × rot und 5 × gelb haben. Bleiben also 10% übrig, die 6 × oder mehr gelb haben. Wenn es aber drei Eigenschaften gibt, „rot“, „gelb“ und „magenta“, dann werden die restlichen 10% auch noch geteilt durch 2. Und wenn es *N* Eigenschaften gibt, werden diese 10% geteilt durch (*N*-1).

Isoenzyme werden auch als „Pedigree-Daten“ akzeptiert. Das Dendrogramm der Blütenschnitte zeigt mehrere Parallelen mit dem Dendrogramm, das von Isoenzymen abgeleitet wurde.

Im hier abgebildeten Ausschnitt des Dendrogrammes der Blüten wird gezeigt, dass Weingartia und Sulcorebutia sich mischen. Pflanzen wie HS 25, die manchmal zu *Sulcorebutia purpurea* gerechnet werden, stehen im Gesamtdendrogramm weit weg von L 332. Stammesgeschichtlich sind diese Populationen wahrscheinlich ziemlich verschieden, sodass sie in diesem Projekt zwangsläufig nicht der gleichen Art zugeordnet werden können. Wenn jemandem das nicht gefällt, muss er sich entweder auf andere Kriterien stützen oder den Wert von Blütenschnitten als „Pedigree-Daten“ ignorieren.

Zurück zu meiner am Anfang des Artikels geäußerten Frage: Ist nun *Sulcorebutia roberto-vasquezii* bei *S. crispata* einzuordnen? Die fünf crispatas im Blüten-Projekt kommen nicht eindeutig im gleichen Cluster vor. Dadurch gibt es keine gute Referenz. Entweder sind einige von mir selektierte Pflanzen Ausnahmen, oder es wurden Pflanzen einer Art zugeordnet, die stammesgeschichtlich doch ziemlich verschieden waren. Die Spezialisten, die *S. roberto-vasquezii* schon als *S. crispata* erkannten, haben sich wahrscheinlich nicht auf die Blüten verlassen.

Ist *Sulcorebutia roberto-vasquezii* als eine Rebutia aufzufassen? Dr. Hunt dürfte sich auf völlig andere Kriterien gestützt haben. Die gut 100 Digitorebutien im Blütenprojekt bilden ein klar abgegrenztes Cluster im Gesamtdendrogramm mit weniger als 50% Übereinstimmung zu Weingartien/Sulcorebutien. Trotzdem wurden von der von ihm initiierten Arbeitsgruppe zur Konsensusklassifikation alle diese Pflanzen zu einer Gattung *Rebutia* gerechnet. Leider sind mir die Kriterien der Arbeitsgruppe nie klar geworden.

Manche Systematiker folgen dem Trend, weniger Arten anzuerkennen. Dafür werden sie gute Gründe haben, die aber nicht immer bekannt sind. Im Allgemeinen wird die Stammesgeschichte die Grundlage bilden für die Einordnung. Was die Kakteenfamilie betrifft gibt es noch viele Unklarheiten über die Verwandtschaften. Dadurch entsteht ein Dilemma. Künstlich wird manchmal die Anzahl anerkannter Taxa verkleinert, obwohl man kaum über Kenntnis der engeren Verwandtschaften verfügt. Ich zweifele immer mehr daran, ob ein solches Verfahren sinnvoll ist.

Beispiel der UPGMA Clustering Methode nach Dave Thomas

Zuerst wird aus den vorhandenen Daten pro je zwei Individuen ein Ähnlichkeitskoeffizient berechnet. Das Beispiel basiert auf bestimmten Zelleigenschaften. Jede Zahl stellt die Unähnlichkeit in diesen Eigenschaften zwischen Zellen von zwei Individuen dar. Die Reihenfolge ist willkürlich. Bei 9 Individuen sind das ½ × 7 × 6 = 21 Koeffizienten, die eine halbe Matrix füllen.

	Schildkrö-	Mensch	Thunfisch	Huhn	Motte	Affe	Hund
	A	B	C	D	E	F	G
A							
B	19						
C	27	31					
D	8	18	26				
E	33	36	41	31			
F	18	1	32	17	35		
G	33	13	29	14	28	12	

Es wird die niedrigste Zahl, in diesem Beispiel also die Anzahl Differenzen, gesucht. Am Anfang ist das 1,00 (1 Unterschied zwischen Mensch und Affe, also zwischen B und F). Diese Zelle ist rot gedruckt. In der linken halben Matrix findet man unten in den grauen Zellen einen Unterschied zwischen A und B von 19,00 und zwischen A und F von 18,00. Der arithmetische Mittelwert ist (19+18)/2 = 18,5. In der rechten Matrix werden die grau markierten Zellen (A, B) und (A, F) ersetzt von (A, BF). Ähnlich werden die anderen Zellen mit gleichen Farben kombiniert und ersetzt. Dadurch wird die linke Matrix um eine Spalte und eine Reihe reduziert und es entsteht die rechte Matrix. B und F werden zusammengenommen mit einer Länge des Astes von 1,0/2 = 0,5.

	A	B	C	D	E	F
B	19					
C	27	31				
D	8	18	26			
E	33	36	41	31		
F	18	**1**	32	17	35	
G	33	13	29	14	28	12

	A	BF	C	D	E
BF	18,5				
C	27	31,5			
D	8	17,5	26		
E	33	35,5	41	31	
G	13	12,5	29	14	28

Nun werden A und D zusammengenommen, weil die Anzahl der Unterschiede zwischen A und D am geringsten sind.

	A	BF	C	D	E
BF	18,5				
C	27	31,5			
D	**8**	17,5	26		
E	33	35,5	41	31	
G	13	12,5	29	14	28

	AD	BF	C	E
BF	18			
C	26,5	31,5		
E	32	35,5	41	
G	13,5	12,5	29	28

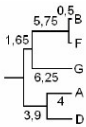
BF und G werden zusammengenommen.

	AD	BF	C	E
BF	18			
C	26,5	31,5		
E	32	35,5	41	
G	13,5	12,5	29	28

	AD	BFG	C
BFG	15,8		
C	26,5	30,3	
E	32	31,8	41

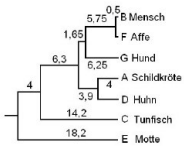
AD und BFG werden zusammengenommen.

	AD	BFG	C
BFG	15,8		
C	26,5	30,3	
E	32	31,8	41



	ADBFG	C
C	28,4	
E	31,9	41

Danach folgen noch ADBFG und C und schließlich ADBFGC und E. Folgendes Dendrogramm ist dann abgeleitet worden:



Für die Bearbeitung des deutschen Textes bedanke ich mich recht herzlich bei Dr. Rolf Märtin.

Quellen:

Buxbaum, F. (1965): Wie untersucht und beschreibt man eine Kakteenblüte? – KuaS **16**(8): 146-148.
Diers, L., Krahn, W. (2005): Sulcorebutia roberto-vasquezii. – KuaS **56**(8): 211-217.
Nyffeler, R., Eggli, U. (1994): Die Konsensusklassification der Kakteen. – KuaS **45**(7): 142-149.
Schön, C.C., Link, W. : Biometrische Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität – Fallbeispiele. – Internet.
Thomas, D. (2002): Example calculation of phylogenies: the UPGMA method. – Internet.

Johan Pot
Gagarinstraat 17
NL-1652 TA Krommenie
Email: j.pot@tip.nl

***

Beispiel für UPGMA, basierend auf Daten aus der Praxis

Möglicherweise wird der Beitrag „Die Methode UPGMA“ als ziemlich theoretisch empfunden. Zufälligerweise fiel mein Blick auf ein Beispiel, das als Erläuterung dienen soll.
Momentan arbeite ich an einer Datenbank mit mehreren Merkmalen pro individueller Pflanze. Dabei versuche ich optische Ähnlichkeiten in Zahlen zu fassen. Das „Wie“ und „warum“ würde zu einem weiteren theoretischen Beitrag führen, was ich hier nicht vorhabe. Um sich eine Vorstellung machen zu können sollte es reichen, wenn man einen Überblick der Merk-

100 AMTOR.S.torotorensis.AM

87.2 JK485-1.S.torotorensis.JP3461

male (Fig. 1) vor sich hat.

Man kann von den bisher 400 in der Datenbank eingetragenen Pflanzen Ähnlichkeiten in Prozentsätzen ausdrücken (Fig. 1 und Tabelle). In diesem Beispiel wurde AMTOR. S. torotorensis als Referenzpflanze selektiert. Dieser Auswahl beruht auf Zufall. Danach werden vom Programm aus alle Pflanzen aufgelistet, die 70% oder mehr ähnlich sind. Man sieht in der Tabelle dass JK485-1.S.torotorensis am meisten mit der Referenzpflanze ähnlich ist: 87,2%. Es ist daher nicht erstaunlich, wenn man im Dendrogramm (Fig. 2) diese beiden Pflanzen mit kurzen Ästen verbunden sieht.

Nun könnte man erwarten, dass die nächste Pflanze im Dendrogramm JK020-8.S.tiraquensis sein muss, weil das nun in der Tabelle die am meisten ähnliche Pflanze ist. Das ist aber gar nicht der Fall. Die UPGMA-Methode ergibt offenbar verschiedene Gruppen hinsichtlich der optisch sichtbaren Ähnlichkeiten. Es wird eine Trennung zwischen der S. torotorensis-Gruppe und der S. tiraquensis JK020-Gruppe gezeigt. Achtung: es wird hier nichts interpretiert, sondern lediglich aus den gemessenen Daten abgeleitet.

Vielleicht denkt nun jemand, dass die Ergebnisse manipuliert wurden, damit die Trennung so schön klar wird. Das ist aber nicht der Fall. Um das zu erklären, muss ich doch noch mal etwas theoretisch werden.

Die Erstellung des Dendrogrammes beginnt mit dem höchsten Prozentsatz zwischen zwei Pflanzen aus der selektierten Reihe. Das sind hier die beiden S. torotorensis. Diese beiden Pflanzen werden danach durch eine virtuelle Pflanze mit einem Ähnlichkeitskoeffizienten

78.0 JK020-8.S.tiraquensis.JP1060

77.3 HS070-2.S.sp.Laguna.JP0479

ersetzt, der dem Mittelwert der beiden Pflanzen entspricht . Zu JK020-8.tiraquensis ist das (78,0 + 75,5)/2=76,8 %. Mit einer anderen Selektion ist zu finden, dass zwischen JK020-8.S.tiraquensis und JK018-2.S.tiraquensis der Ähnlichkeitskoeffizient 83,5% beträgt. Diese Zahl ist höher als 76,8%, also erfolgt nicht die Verbindung von den schon gezeichneten Ästen mit JK020-8, sondern es wird eine Verbindung zwischen JK020-8.tiraquensis und JK018-2.tiraquensis hergestellt.

Der Ähnlichkeitskoeffizient, also der Mittelwert von diesen zwei Pflanzen zu den S. torotorensis-Ästen, wird nun weniger als 76,8%, siehe oben. Dadurch ist es nicht verwunderlich, wenn die nächste Pflanze in UPGMA nicht mit der ersten Kombination sondern mit der zweiten gemacht wird: JK020-7.S.tiraquensis.

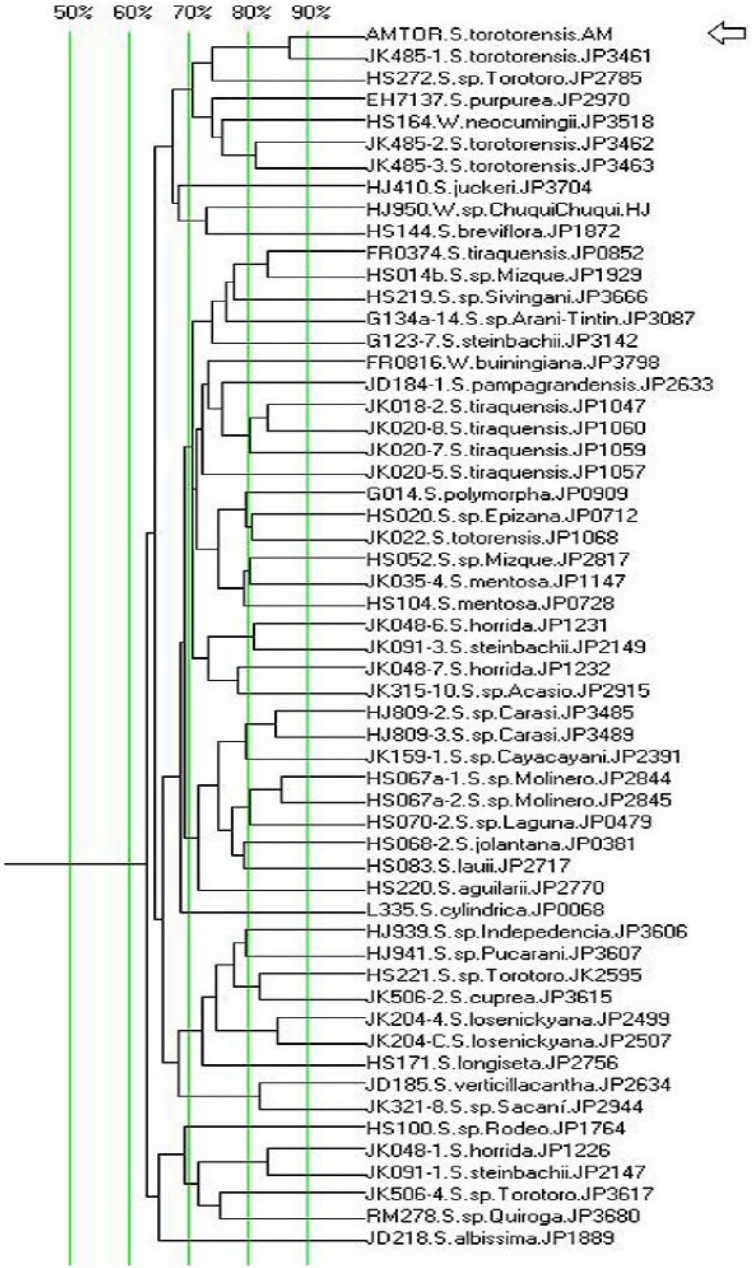
So werden letztendlich Gruppen mit ähnlichen Eigenschaften zusammengestellt. Ich weise noch mal darauf hin, dass nichts interpretiert wurde. Es ist nicht mehr, aber auch nicht weniger, als das Ergebnis einer Berechnung von untersuchten Pflanzen.

Fig. 1

	Farbe Blütenblatt oben	Farbe Blütenblatt unten	Farbe Griffel	Farbe Narben	Farbe Staubfaden oben	Farbe Staubfaden unten	Farbe Schlund	Farbe Schuppen Rez.	Farbe Perikarpelloch	Länge Griffel	Länge Narben	Stiecke Insertionen	Fuß Sf - Perikarpel	Länge Staubfaden	Antheren-Spitze Perianth	Narbe-Spitze Perianth	Griffel Durchmesser	Winkel oben	Winkel mitte	Winkel unten	Gestalt Perianth	Gestalt Schuppen Rez.	Gestalt Schuppen Per.	Anzahl Schuppen Rez.	Farbe Knospe
AMTOR S.torotorensis										274	50	196	37	113	149	160	17	30	51	71	11	55	55	0	
JK485-1 S.torotorensis										222	63	161	29	141	172	194	14	31	40	59	11	55	55	2	
JK020-8 S.tiraquensis										294	38	194	42	128	122	164	15	37	46	57	11	55	55	5	
HS070-2 S.sp.Laguna										287	47	212	29	141	117	138	23	46	75	94	58	11	11	11	
HS272 S.sp.Torotoro										188	39	191	29	114	175	242	18	49	96	93	99	55	55	2	
JK485-3 S.torotorensis										240	54	180	42	107	154	202	17	37	50	42	47	88	88	3	
JK018-2 S.tiraquensis										300	36	184	23	130	137	173	13	30	62	89	17	11	11	4	
L335 S.cylindrica										232	77	210	30	86	159	186	16	12	29	77	17	11	11	8	
JK485-2 S.torotorensis										223	99	166	43	130	147	172	17	44	48	46	79	88	88	4	
HS219 S.sp.Sivingani										283	79	178	46	102	145	145	17	19	42	46	14	15	15	5	
HS067a-1 S.sp.Molinero										257	72	197	35	152	105	157	21	50	66	79	28	11	11	4	
JD184-1 S.pampagrandensis										215	35	173	22	97	205	234	14	53	80	84	11	12	12	8	
FR0374 S.tiraquensis										316	43	205	37	105	139	135	15	17	38	38	11	55	55	8	
HJ809-3 S.sp.Carasi										289	30	185	23	114	182	159	15	46	72	111	77	11	11	3	
HJ809-2 S.sp.Carasi										307	37	209	27	160	88	149	19	45	52	78	22	33	33	2	

	Anzahl Sprosse/Jahr	Anzahl Rippen	Farbe Wolle Areole	Anzahl Randdornen	Länge Randdornen min.	Länge Randdornen max.	Winkel Randdornen	Farbe Randdornen	Stand Randdornen	Form Randdornen	Oberfl.Randdorn Spitze	Oberfl.Randdorn Mitte	Oberfl.Randdorn Basis	Oberfl.Randdorn gesamt	Position Mitteldornen	Anzahl Mitteldornen	Längste Mitteldorn	Farbe Mitteldornen	%
AMTOR S.torotorensis	0	13	2	10	4	6	180	25	4	1	14	16	16	141616	234	6	9	25	100
JK485-1 S.torotorensis	0	14	2	11	4	6	150	25	4	1	14	14	14	141414	234	5	14	2	87.2
JK020-8 S.tiraquensis	0	21	2	23	4	6	170	15	3	2	13	12	1	131211	2345	6	10	6	78.0
HS070-2 S.sp.Laguna	0	18	2	16	6	8	130	5	4	1	16	16	1	161611	345	6	10	56	77.3
HS272 S.sp.Torotoro	0	18	2	12	4	6	150	35	4	1	46	46	6	464666	345	6	12	5	76.2
JK485-3 S.torotorensis	0	13	2	11	6	8	170	15	4	1	4	4	4	444444	234	6	10	1	75.5
JK018-2 S.tiraquensis	0	16	2	21	4	6	170	15	3	2	1	1	1	111111	2345	16	8	6	75.5
L335 S.cylindrica	0	21	2	15	3	4	180	2	4	12	1	1	1	111111	2345	9	8	5	75.0
JK485-2 S.torotorensis	0	18	2	17	8	10	180	15	4	1	14	14	1	141411	234	7	11	1	74.8
HS219 S.sp.Sivingani	0	13	2	17	5	6	150	46	34	1	1	1	1	111111	2345	5	15	46	74.6
HS067a-1 S.sp.Molinero	0	13	2	15	7	8	150	6	4	1	1	1	1	111111	345	5	10	6	74.6
JD184-1 S.pampagrandensis	6,6	21	2	19	3	5	150	6	3	1	1	1	1	111111	234	3	8	6	74.3
FR0374 S.tiraquensis	0	16	2	19	7	8	140	69	4	1	1	1	1	111111	345	6	14	7	74.2
HJ809-3 S.sp.Carasi	0	18	2	18	5	6	130	5	4	1	1	1	1	111111	345	5	10	5	73.9
HJ809-2 S.sp.Carasi	0	16	2	15	4	5	150	5	4	1	1	1	1	111111	345	8	5	5	73.8

Fig. 2


50%
60%
70%
80%
90%
AMTOR.S.torotorensis.AM
JK485-1.S.torotorensis.JP3461
HS272.S.sp.Torotoro.JP2785
EH7137.S.purpurea.JP2970
HS164.W.neocumingii.JP3518
JK485-2.S.torotorensis.JP3462
JK485-3.S.torotorensis.JP3463
HJ410.S.juckeri.JP3704
HJ950.W.sp.ChuquiChuqui.HJ
HS144.S.breviflora.JP1872
FR0374.S.tiraquensis.JP0852
HS014b.S.sp.Mizque.JP1929
HS219.S.sp.Sivingani.JP3666
G134a-14.S.sp.Arani-Tintin.JP3087
G123-7.S.steinbachii.JP3142
FR0816.W.buiningiana.JP3798
JD184-1.S.pampagrandensis.JP2633
JK018-2.S.tiraquensis.JP1047
JK020-8.S.tiraquensis.JP1060
JK020-7.S.tiraquensis.JP1059
JK020-5.S.tiraquensis.JP1057
G014.S.polymorpha.JP0909
HS020.S.sp.Epizana.JP0712
JK022.S.totorensis.JP1068
HS052.S.sp.Mizque.JP2817
JK035-4.S.mentosa.JP1147
HS104.S.mentosa.JP0728
JK048-6.S.horrida.JP1231
JK091-3.S.steinbachii.JP2149
JK048-7.S.horrida.JP1232
JK315-10.S.sp.Acasio.JP2915
HJ809-2.S.sp.Carasi.JP3485
HJ809-3.S.sp.Carasi.JP3489
JK159-1.S.sp.Cayacayani.JP2391
HS067a-1.S.sp.Molinero.JP2844
HS067a-2.S.sp.Molinero.JP2845
HS070-2.S.sp.Laguna.JP0479
HS068-2.S.jolantana.JP0381
HS083.S.lauii.JP2717
HS220.S.aguilarii.JP2770
L335.S.cylindrica.JP0068
HJ939.S.sp.Indepedencia.JP3606
HJ941.S.sp.Pucarani.JP3607
HS221.S.sp.Torotoro.JK2595
JK506-2.S.cuprea.JP3615
JK204-4.S.losenickyana.JP2499
JK204-C.S.losenickyana.JP2507
HS171.S.longiseta.JP2756
JD185.S.verticillacantha.JP2634
JK321-8.S.sp.Sacaní.JP2944
HS100.S.sp.Rodeo.JP1764
JK048-1.S.horrida.JP1226
JK091-1.S.steinbachii.JP2147
JK506-4.S.sp.Torotoro.JP3617
RM278.S.sp.Quiroga.JP3680
JD218.S.albissima.JP1889

Tabelle

% Feldnummer. Name. Sammelnummer
100 AMTOR.S.torotorensis.AM
87.2 JK485-1.S.torotorensis.JP3461
78.0 JK020-8.S.tiraquensis.JP1060
77.3 HS070-2.S.sp.Laguna.JP0479
76.2 HS272.S.sp.Torotoro.JP2785
75.5 JK485-3.S.torotorensis.JP3463
75.5 JK018-2.S.tiraquensis.JP1047
75.0 L335.S.cylindrica.JP0068
74.8 JK485-2.S.torotorensis.JP3462
74.6 HS219.S.sp.Sivingani.JP3666
74.6 HS067a-1.S.sp.Molinero.JP2844
74.3 JD184-1.S.pampagrandensis.JP2633
74.2 FR0374.S.tiraquensis.JP0852
73.9 HJ809-3.S.sp.Carasi.JP3489
73.8 HJ809-2.S.sp.Carasi.JP3485
73.7 HS068-2.S.jolantana.JP0381
73.6 FR0816.W.buiningiana.JP3798
73.4 JK035-4.S.mentosa.JP1147
73.3 HS144.S.breviflora.JP1872
73.3 EH7137.S.purpurea.JP2970
73.2 JK315-10.S.sp.Acasio.JP2915
73.1 JK048-1.S.horrida.JP1226
73.0 RM278.S.sp.Quiroga.JP3680
73.0 HS164.W.neocumingii.JP3518
72.9 JK048-6.S.horrida.JP1231
72.6 JK506-2.S.cuprea.JP3615
72.5 HS014b.S.sp.Mizque.JP1929
72.4 JK091-3.S.steinbachii.JP2149
72.3 G134a-14.S.sp.Arani-Tintin.JP3087
72.2 JK204-C.S.losenickyana.JP2507
72.1 HS104.S.mentosa.JP0728
71.8 HJ941.S.sp.Pucarani.JP3607
71.6 HS221.S.sp.Torotoro.JK2595
71.6 HS083.S.lauii.JP2717
71.5 JK091-1.S.steinbachii.JP2147
71.4 JK020-7.S.tiraquensis.JP1059
71.1 JK204-4.S.losenickyana.JP2499
71.1 HS100.S.sp.Rodeo.JP1764
71.1 HS067a-2.S.sp.Molinero.JP2845
71.0 JK022.S.totorensis.JP1068
70.9 JD218.S.albissima.JP1889
70.7 JK321-8.S.sp.Sacaní.JP2944
70.7 JK020-5.S.tiraquensis.JP1057
70.7 JD185.S.verticillacantha.JP2634
70.7 HS020.S.sp.Epizana.JP0712
70.6 G014.S.polymorpha.JP0909
70.5 HJ410.S.juckeri.JP3704
70.5 HS171.S.longiseta.JP2756
70.4 HS052.S.sp.Mizque.JP2817
70.4 HJ950.W.sp.ChuquiChuqui.HJ
70.3 HJ939.S.sp.Indepedencia.JP3606
70.3 JK506-4.S.sp.Torotoro.JP3617
70.2 G123-7.S.steinbachii.JP3142
70.1 JK048-7.S.horrida.JP1232
70.1 HS220.S.aguilarii.JP2770
70.0 JK159-1.S.sp.Cayacayani.JP2391

Für die Bearbeitung des deutschen Textes bedanke ich mich recht herzlich bei Dr. Rolf Märtin.

Johan Pot
Gagarinstraat 17
NL-1652 TA Krommenie
Email: j.pot@tip.nl

Dieser Artikel wurde ursprünglich in der Zeitschrift

Echinopseen 4 (2) - 2007 (S. 65 - 75) veröffentlicht

Nachdruck mit freundlicher Genehmigung des Autors und Verlages

Sie können das ganze Heft downloaden von der "Kakteen- und Sukkulenten-Bibliotheek" der Website "Au Cactus Francophone".
http://www.cactuspro.com/biblio/de:echinopseen

Informationsbrief Nr. 43 - Oktober 2007 : Inhalt

Seite 41 **Die Sulcorebutien von Zudañez**
W. Gertel

Seite 50 **170 Jahre Echinopsis**
H. Zimmermann

Seite 58 **Echinopsis adolfofriedrichii**
K. Wutzler

Seite 60 **Die etwas anderen Hüllblätter bei Rebutia,** Teil 3
L. Busch

Seite 62 **Aus der Geschichte der Echinopseen,** Rebutia gracilispina
Dr. L. Ratz

Seite 65 **Die Methode UPGMA**
J. Pot

Seite 76 **Zwei neue Weingartien**
K. Augustin

Seite 78 **Lobivia caespitosa HS 30b**
Dr. Gerd Köllner

Seite 80 **Über Lobivia leptacantha**
E. Scholz

Seite 84 **Nachruf für Alfred Wohlgemut**
Dr. Gerd Köllner

http://www.cactuspro.com/biblio_fichiers/pdf/Echinopseen/Hefte/Infobrief%202007-43%20FE.pdf