

**Beiträge morphologischer und anatomischer Merkmale,
insbesondere der Fruchtknoten und Samenanlagen zur
Taxonomie und Systematik der Bromelioideae
(Bromeliaceae)**

Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades
der Naturwissenschaften

Vorgelegt beim Fachbereich Biologie,
J.W. Goethe-Universität, Frankfurt am Main

von Rhinaixa Duque-Thüs
aus Caracas, Venezuela

Frankfurt am Main, 2009

Vom Fachbereich Biowissenschaften der Johann Wolfgang Goethe-Universität
als Dissertation angenommen.

Dekan: Prof. Dr. V. Müller

Gutachter: Prof. Dr. G. Zizka

PD Dr. Roland Kirschner

Datum der Disputation: 29.06.2009

Danksagung

Besonders danken möchte ich meinem Doktorvater Herrn Prof. Dr. Georg Zizka für die Verfeinerung des Promotionsthemas, seine kompetente und detaillierte Betreuung und seine große Geduld. Er war mir ein wertvoller Ratgeber.

Weiterhin möchte ich mich bei Frau Prof. Dr. Meike Piepenbring und PD Dr. Roland Kirschner für ihre Hilfsbereitschaft bei technischen und inhaltlichen Fragen bedanken.

Herrn Dr. Anton Igersheim (Naturhistorisches Museum Wien) verdanke ich wertvolle Diskussionen und Literaturhinweise zur Terminologie anatomischer Strukturen.

Herrn Dr. Walter Till (Universität Wien) danke ich für die Beschaffung von Alkoholpräparaten der Blüten seltener Arten und seine freundliche Diskussionsbereitschaft.

Besonders dankbar bin ich Marlis Merbach und Dennis Merbach nicht nur für ihre stete Hilfsbereitschaft bei allem, was mit Computerprogrammen zu tun hatte, sondern auch für die wunderbaren Gesprächsrunden, die meine deutsche Aussprache verbessert haben.

Die zahlreichen Diskussionen mit meinen Arbeitskollegen insbesondere mit Dr. Ralf Horres, Dr. Katharina Schulte, Dr. Ulrike Brunken, Dr. Marco Schmidt, Dr. Indra Ottich, Dr. Stefan Dressler, Dr. Thomas Janßen, Dipl. Biol. Bettina Will und Dipl. Biol. Marilú Huertas de Schneider waren für mich sehr wertvoll.

Bei Herrn Reiner Döring und Frau Micheline Middeke möchte ich mich für die Hilfe bei der Beantwortung einer Vielzahl organisatorischer Fragen und mancher technischer Tipps bedanken.

Ein besonderes Dankeschön möchte ich an Frau Dr. Alexandra Müllner richten für ihre Hilfe bei der Implementierung der von ihr mit entwickelten Varianten zur Parsimonieanalyse. Sie hatte stets eine Antwort auf alle erdenklichen Fragen und ihre wertvollen Tipps sowie nicht zuletzt ihre gute Laune waren eine sehr große Hilfe in Momenten des Zweifels.

Frau Ute Lehmann hat mir während der anatomischen Arbeit mit meinen Pflanzen viele praktische Details vermittelt, wofür ich mich an herzlich bedanken möchte.

Herrn Manfred Ruppel danke ich für seine Unterstützung mit den REM-Aufnahmen für meine Arbeit.

Frau Prof. Dr. Claudia Erbar und Herr Prof. Dr. Peter Leins (Botanischer Institut Universität Heidelberg) gebührt ein großes Dankeschön, dafür dass sie die Türen Ihrer Arbeitsgruppe für mich und später auch für meine Kollegen geöffnet haben und mir die Gelegenheit zu einer exzellenten Schulung im Gebrauch der HEMA-Schnitttechnik durch ihre kompetente Technische Assistentin Frau Vogt geben konnten.

Mein herzlicher Dank gilt Herrn Gärtnermeister Timm Stolten (Botanischer Garten Universität Heidelberg). Seine Hilfe beim Sammeln und Konservieren anthesischer Blüten seltener Bromelioideae war enorm! Er hat mir darüber hinaus Zugang zu seiner privaten Literatursammlung ermöglicht und war stets offen für viele interessante Diskussionen.

Bei Herrn Dr. Peter Sack (Botanischer Institut Universität Heidelberg) bedanke ich mich nicht nur für drei der schönsten Photos in dieser Arbeit, sondern auch für wunderbare Gesprächsrunden.

Herrn Prof. Dr. Burkhard Büdel (Technische Universität Kaiserslautern) danke ich für den Zugang zur Bioinformatik-Infrastruktur seiner Arbeitsgruppe.

Prof. Dr. Heitor Monteiro-Duarte (Universidad de Rio de Janeiro, Brasil) danke ich für die Einführung in die Welt der Statistica 6.0-Version.

Dr. Mike Thiv (Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart) danke ich für seine stete Diskussionsbereitschaft.

Meiner deutschen Familie (Helga, Friedhelm, Heiko, Markus, Susanne, Barbara, Günther & Waltraut Thüs) möchte ich dafür danken, dass sie immer für mich da sind.

Meiner venezolanischen Familie gegenüber, insbesondere meiner Mutter Judith, meinen Brüdern Carlos und Rafael, und meiner Tante Mayra fühle ich mich wegen der permanenten Unterstützung über die geographische Entfernung hinaus besonders dankbar.

Ein besonderes Dank geht an Dr. Maria Jaimes-Guevara, Lic. Yafi Nose und Lic. Mauro Clemente-García für wertvolle Hilfen bei EDV- Fragen.

Meinem Ehemann Dr. Holger Thüs danke ich von Herzen für seine stetige Unterstützung, seinen fachlichen Rat und das wichtigste: seine unendliche Geduld mit mir.

Diese Arbeit habe ich nur durch die finanzielle Unterstützung der „Fundación Gran Mariscal de Ayacucho“ (Venezuela) in Zusammenarbeit mit dem Deutschen Akademischen Austauschdienst (DAAD) durchführen können.

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	1
1.1 Die Familie Bromeliaceae	1
1.2 Die Unterfamilie Bromelioideae	1
1.3 Ziele	2
2. Material und Methoden	3
2.2 Auswahl der Taxa	3
2.2 Materialgewinnung und -aufbewahrung	5
2.3 Schnitttechniken und Färbungen	6
2.4 Messung anatomischer Strukturen	9
2.5 Dokumentation	10
2.5.1 Fotografie	10
2.5.2 Zeichenspiegel	10
2.5.3 Rasterelektronenmikroskopie (REM)	11
2.6 Verwendete Merkmale	12
2.6.1 Petalen	12
2.6.1.1 Orientierung am ersten Anthesetag	12
2.6.1.2 Farben	12
2.6.1.3 Anhängsel	13
2.6.1.4 Papillen	13
2.6.2 Trichome	14
2.6.2.1 Verteilungstypen	15
2.6.1.2 Gestalt der Fortsätze	15
2.6.3 Fruchtknoten	15
2.6.3.1 Lage	15
2.6.3.2 Größe	15
2.6.3.3 Umriss des Querschnittes	16
2.6.3.4 Umriss des Längsschnittes	16
2.6.3.5 Flügel	16
2.6.3.6 Rinnen	17
2.6.3.7 Warzen	18
2.6.3.8 Epigyne Röhre	18
2.6.3.9 Septalnektarien	18
2.6.4 Samenanlagen	18
2.6.4.1 Anzahl pro Fruchtfach	19
2.6.4.2 Verteilungsdichte	19
2.6.4.3 Orientierung	19
2.6.4.4 Lage der obersten Samenanlage im Fruchtfach	20
2.6.4.5 Bedeckung der Fruchtknotenachse	20
2.6.4.6 Größe	21
2.6.4.7 Länge der Anhängsel	21
2.6.4.8 Breite der Anhängsel	21
2.6.4.9 Anhängselform	22
2.6.4.10 Funikulus	23
2.6.4.11 Mikropyle	23
2.6.4.12 Gesamtdicke der Integumente	23
2.6.4.13 Dicke des inneren Integumentes in der Höhe des Nucellusapex (DIIN)	23
2.6.4.14 Nucellus	24
2.6.5 Plazenta	25
2.6.5.1 Furchung	25
2.6.5.2 Größe der Zellen	25

2.6.6.	Ergänzende Merkmale aus Literaturquellen	25
2.6.6.1	Früchte	25
2.6.6.2	Standort	26
2.6.6.3	Pollen	26
2.6.6.4	Bestäuber	26
2.6.6.5	Phytophthora	26
2.6.6.6	Photosynthesetyp	27
2.6.6.7	Arealtypen	27
2.7	Statistische Analyse und grafische Darstellung	27
2.8	Parsimonie-Analyse	30
3.	Ergebnisse	37
3.1	Allgemeiner Teil	37
3.1.1	Petalen	37
3.1.1.1	Orientierung am ersten Anthesetag	37
3.1.1.2	Farben	37
3.1.1.3	Anhängsel	38
3.1.1.4	Papillen	40
3.1.2	Trichome	40
3.1.2.1	Verteilungstypen	40
3.1.2.2	Gestalt der Fortsätze	42
3.1.3	Fruchtknoten	43
3.1.3.1	Lage	43
3.1.3.2	Größe	43
3.1.3.3	Umriss des Querschnittes	45
3.1.3.4	Umriss des Längsschnittes	45
3.1.3.5	Flügel	47
3.1.3.6	Rinnen	47
3.1.3.7	Warzen	48
3.1.3.8	Epigyne Röhre	49
3.1.3.9	Septalnektarien	49
3.1.4	Samenanlagen	50
3.1.4.1	Anzahl pro Fruchtfach	50
3.1.4.2	Verteilungsdichte	50
3.1.4.3	Orientierung	51
3.1.4.4	Lage der obersten Samenanlage im Fruchtfach	52
3.1.4.5	Bedeckung der Fruchtknotenachse	52
3.1.4.6	Größe	52
3.1.4.7	Länge der Anhängsel	54
3.1.4.8	Breite der Anhängsel	54
3.1.4.9	Anhängselform	55
3.1.4.10	Funikulus	56
3.1.4.11	Mikropyle	58
3.1.4.12	Gesamtdicke der Integumente	58
3.1.4.13	Dicke des inneren Integumentes in der Höhe des Nucellusapex (DIIN)	59
3.1.4.14	Nucellus	59
3.1.5	Plazenta	60
3.1.5.1	Furchung	60
3.1.5.2	Größe der Zellen	61
3.1.6.	Datenanalyse	62
3.1.6.1	Parsimonieanalysen morphologischer und ökologischer Daten	65
3.1.6.2	Analysen molekularer Daten	67
3.2	Spezieller Teil: Detaildarstellungen für ausgewählte Taxa der Bromelioideae	71
	<i>Acanthostachys</i> KLOTZSCH in LINK, KLOTSCH & OTTO	72
	<i>Acanthostachys pitcairnioides</i> (MEZ) RAUH & BARTHLOTT	72
	<i>Acanthostachys strobilacea</i> (SCHULT. f.) KLOTZSCH	74
	<i>Aechmea</i> RUIZ & PAV.	76
	<i>Aechmea allenii</i> L. B. SM.	78
	<i>Aechmea aquilega</i> (SALISB.) GRISEB.	80
	<i>Aechmea bambusoides</i> L. B. SM. & REITZ	82

<i>Aechmea blumenavii</i> REITZ	84
<i>Aechmea bromeliifolia</i> (RUDGE) BAKER ex BENTH. & HOOK. f.	86
<i>Aechmea cariocae</i> L. B. SM.	88
<i>Aechmea chantinii</i> (CARRIERE) BAKER var. <i>chantinii</i> f. <i>chantinii</i>	90
<i>Aechmea distichantha</i> LEM. var. <i>distichantha</i> f. <i>distichantha</i>	92
<i>Aechmea emmerichiae</i> LEME	94
<i>Aechmea eurycorymbus</i> HARMS	96
<i>Aechmea farinosa</i> var. <i>conglomerata</i> (BEER) L. B. SM.	98
<i>Aechmea fasciata</i> (LINDL.) BAKER var. <i>fasciata</i>	100
<i>Aechmea fendleri</i> ANDRE ex MEZ	102
<i>Aechmea ferruginea</i> L. B. SM.	104
<i>Aechmea filicaulis</i> (GRISEB.) MEZ	106
<i>Aechmea gamosepala</i> WITTM. var. <i>gamosepala</i>	108
<i>Aechmea gracilis</i> LINDM.	110
<i>Aechmea kertesziae</i> REITZ	112
<i>Aechmea lindenii</i> (E. MORREN) BAKER	114
<i>Aechmea longifolia</i> (RUDGE) L. B. SM. & M. A. SPENCER	116
<i>Aechmea mexicana</i> BAKER	118
<i>Aechmea miniata</i> var. <i>discolor</i> (BEER) BEER	120
<i>Aechmea mulfordii</i> L. B. SM.	122
<i>Aechmea nidularioides</i> L. B. SM.	124
<i>Aechmea nudicaulis</i> var. <i>aurorosea</i> (ANTOINE) L. B. SM.	126
<i>Aechmea paniculata</i> RUIZ & PAV.	128
<i>Aechmea pimentii-velosoi</i> REITZ	130
<i>Aechmea purpureo-rosea</i> (HOOK.) WAWRA	132
<i>Aechmea racinae</i> L. B. SM.	134
<i>Aechmea rubens</i> (L. B. SM.) L. B. SM.	136
<i>Aechmea servitensis</i> Andre var. <i>exigua</i> L. B. SM.	138
<i>Aechmea smithiorum</i> MEZ	140
<i>Aechmea</i> sp. (sp. nov.?)	142
<i>Aechmea tillandsioides</i> var. <i>kienastii</i> (E. MORREN ex MEZ) L. B. SM.	144
<i>Aechmea tillandsioides</i> (MART. ex SCHULT. & SCHULT. f.) var. <i>tillandsioides</i>	146
<i>Aechmea triangularis</i> L. B. SM.	148
<i>Aechmea warasii</i> PEREIRA	150
<i>Aechmea weilbachii</i> F. DIDR.	152
<i>Aechmea winkleri</i> REITZ	154
Ananas MILLER	156
<i>Ananas comosus</i> (L.) MERR.	156
<i>Ananas nanus</i> (L. B. SM.) L. B. SM.	158
Androlepis BRONGN.	160
<i>Androlepis skinnerii</i> BRONGN.	160
Araeococcus BRONGN.	162
<i>Araeococcus flagellifolius</i> HARMS	162
<i>Araeococcus goeldianus</i> L. B. SM.	164
<i>Araeococcus parviflorus</i> (MART. ex SCHULT. f.) LINDM.	166
<i>Araeococcus pectinatus</i> L. B. SM.	168
Billbergia THUNB.	170
<i>Billbergia chlorantha</i> L. B. SM.	170
<i>Billbergia elegans</i> MARTIUS ex SCHULT. f.	172
<i>Billbergia euphemiae</i> E. MORREN var. <i>euphemiae</i>	174
<i>Billbergia horrida</i> var. <i>tigrina</i> HORT. ex BAKER	176
<i>Billbergia macrocalyx</i> HOOK.	178
<i>Billbergia pyramidalis</i> var. <i>concolor</i> L. B. SM.	180
<i>Billbergia saundersii</i> W. BULL	182
<i>Billbergia viridiflora</i> H. WENDL.	184
Bromelia L.	186
<i>Bromelia balansae</i> MEZ	186
<i>Bromelia nidus-puellae</i> (ANDRE) MEZ	188
<i>Bromelia pinguin</i> L.	190
<i>Bromelia serra</i> GRISEB.	192
Canistropsis (MEZ) LEME	194
<i>Canistropsis billbergioides</i> (SCHULT. f.) LEME	194

Canistrum E. MORR.	196
<i>Canistrum aurantiacum</i> E. MORR.	196
Cryptanthus OTTO & A. DIETR.	198
<i>Cryptanthus bromelioides</i> OTTO & A. DIETR.	198
Deinacanthon MEZ	200
<i>Deinacanthon urbanianum</i> (MEZ) MEZ	200
Edmundoa LEME	202
<i>Edmundoa ambigua</i> (WAND & LEME) LEME	202
<i>Edmundoa lindenii</i> (REGEL) LEME var. <i>lindenii</i>	204
Fascicularia MEZ	206
<i>Fascicularia bicolor</i> (RUIZ & PAV.) MEZ subsp. <i>bicolor</i>	206
Fernseea BAKER	208
<i>Fernseea itatiae</i> (WAWRA) BAKER	208
Greigia REGEL	210
<i>Greigia sphacelata</i> REGEL	210
Hohenbergia SCHULT. f.	212
<i>Hohenbergia correia-araujoi</i> E. PEREIRA & MOUTINHO	212
<i>Hohenbergia distans</i> (GRISEB.) BAKER	214
<i>Hohenbergia humilis</i> L. B. SM. & READ	216
<i>Hohenbergia rosea</i> L. B. SM. & READ	218
<i>Hohenbergia leopoldo-horstii</i> E. GROSS, RAUH & LEME	220
<i>Hohenbergia stellata</i> SCHULT. f.	222
Lymania READ	224
<i>Lymania alvimii</i> (L. B. SM. & READ) READ	224
<i>Lymania globosa</i> LEME	226
<i>Lymania smithii</i> READ	228
Neoglaziovia MEZ	230
<i>Neoglaziovia variegata</i> (ARRUDA) MEZ	230
Neoregelia L. B. SM.	232
<i>Neoregelia chlorosticta</i> (BAKER) L. B. SM.	232
<i>Neoregelia coriacea</i> (Antoine) L. B. SM.	234
<i>Neoregelia marmorata</i> (BAKER) L. B. SM.	236
<i>Neoregelia pineliana</i> (LEM.) L. B. SM.	238
<i>Neoregelia</i> sp.	240
Nidularium LEM.	242
<i>Nidularium billbergioides</i> var. <i>citrinum</i> (BURCH. ex BAKER) REITZ	242
<i>Nidularium inocentii</i> var. <i>lineatum</i> (MEZ) L. B. SM.	244
<i>Nidularium regelioides</i> ULE	246
<i>Nidularium rutilans</i> E. MORR.	248
Ochagavia PHIL.	250
<i>Ochagavia carnea</i> (BEER) L. B. SM. & LOOSER	250
Orthophytum BEER	252
<i>Orthophytum albopictum</i> PHILCOX	252
<i>Orthophytum alvimii</i> W. WEBER	254
<i>Orthophytum foliosum</i> L. B. SM.	256
Portea ex K. KOCH	258
<i>Portea kermesina</i> BROGN. ex KOCH	258
<i>Portea leptantha</i> HARMS	260
Pseudananas HASSLER ex HARMS	262
<i>Pseudananas sagenarius</i> (ARRUDA) CAMARGO	262
Quesnelia GAUD.	264
<i>Quesnelia lateralis</i> WAWRA	264
<i>Quesnelia liboniana</i> (DE JONGHE) MEZ	266
<i>Quesnelia seideliana</i> L. B. SM. & REITZ	268
Ronnbergia E. MORR. & ANDRÉ	270
<i>Ronnbergia explodens</i> L. B. SM.	270
<i>Ronnbergia petersii</i> L. B. SM.	272
Ursulaea READ & BAENSCH	274
<i>Ursulaea tuitensis</i> (MAGAÑA & E. J. LOTT) READ & BAENSCH	274
Wittrockia LINDM.	276
<i>Wittrockia smithii</i> REITZ	276

4 Diskussion	278
4.1 Funktionale Deutung der beobachteten Strukturen	278
4.1.1 Petalen	278
4.1.1.1 Orientierung am ersten Anthesetag	278
4.1.1.2 Farben	278
4.1.1.3 Anhängsel	279
4.1.1.4 Papillen	279
4.1.2 Trichome	280
4.1.3 Fruchtknoten	281
4.1.3.1 Lage	281
4.1.3.2 Größe	281
4.1.3.3 Umriss des Querschnitts	282
4.1.3.4 Umriss des Längsschnitts	283
4.1.3.5 Flügel	283
4.1.3.6 Rinnen	283
4.1.3.7 Warzen	283
4.1.3.8 Epigyne Röhre	284
4.1.3.9 Septalnektarien	285
4.1.4 Samenanlagen	286
4.1.4.1 Anzahl pro Fruchtfach	286
4.1.4.2 Verteilungsdichte	286
4.1.4.3 Orientierung	287
4.1.4.4 Lage der obersten Samenanlage im Fruchtfach	287
4.1.4.5 Bedeckung der Fruchtknotenachse	287
4.1.4.6 Größe	288
4.1.4.7 Länge der Anhängsel	289
4.1.4.8 Breite der Anhängsel	289
4.1.4.9 Anhängselform	290
4.1.4.10 Funikulus	290
4.1.4.11 Mikropyle	291
4.1.4.12 Gesamtdicke der Integumente	291
4.1.4.13 Dicke des inneren Integumentes in der Höhe des Nucellusapex (DIIN)	292
4.1.4.14 Nucellus	292
4.1.5 Plazenta	293
4.1.5.1 Furchung	293
4.1.5.2 Größe der Zellen	293
4.2 Phylogenetisches Signal	293
4.2.1 Diagnostische Relevanz der untersuchten Merkmale im Lichte der Ergebnisse molekular-systematischer Untersuchungen	293
4.2.1.1 Abgrenzung einer Kerngruppe gegen basale Linien der Bromelioideae	294
4.2.1.2 Stellung der Gattungen <i>Bromelia</i> und <i>Deinacanthon</i>	296
4.2.1.3 Stellung der Gattungen <i>Greigia</i> , <i>Ochagavia</i> und <i>Fascicularia</i>	297
4.2.1.4 Stellung der Arten der Gattung <i>Acanthostachys</i>	297
4.2.1.5 Merkmale der Gattung <i>Araeococcus</i>	298
4.2.1.6 Merkmale der Gattung <i>Lymania</i>	298
4.2.1.7 Merkmale der Artengruppe <i>Aechmea warasii</i> und <i>A. fulgens</i>	300
4.2.1.8 Merkmale der Artengruppe <i>Aechmea gracilis</i> (subg. <i>Orgiesia</i>), <i>A. kertesziae</i> (subg. <i>Orgiesia</i>) und <i>A. racinae</i> (subg. <i>Lamprococcus</i>)	301
4.2.1.9 Merkmale der Artengruppe <i>Ursulaea tuitensis</i> , <i>Androlepis skinneri</i> , <i>Aechmea mexicana</i> (subg. <i>Podaechmea</i>) und <i>A. lueddemanniana</i> (subg. <i>Lamprococcus</i>)	301
4.2.2 Diagnostische Merkmale ausgewählter weiterer Gattungen	302
4.2.2.1 <i>Billbergia</i>	302
4.2.2.2 <i>Edmundoa</i>	303
4.2.2.3 <i>Hohenbergia</i>	303
4.2.2.4 <i>Pseudananas</i>	304
5 Zusammenfassung	306
6 Literaturverzeichnis	308

Anhänge

- A1 Ergebnisse der Voruntersuchung zur Variabilität der untersuchten Merkmale innerhalb einer Pflanze und zum Einfluss unterschiedlicher Einbettungsverfahren.
- A2 Messwerte quantitativer Merkmale mit mehreren Messungen je Pflanze.
- A3 Detaildarstellung der beobachteten Merkmale für die Außengruppentaxa.
- A4 Morphologische Beschreibung von zwei nicht bis auf Artniveau bestimmbar und möglicherweise neuen Arten.
- A5 Tabelle der paarweisen Korrelationskoeffizienten unter Berücksichtigung aller Arten und Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.
- A6 Tabelle der paarweisen Korrelationskoeffizienten von Merkmalen der Samenanlagenanhängsel mit allen übrigen Merkmalen unter Ausschluss der Taxa ohne Anhängsel.
- A7 Datensätze, Befehlssyntax und Log-files für die Parsimonie-Analysen morphologischer Merkmale.
- A8 Datensätze und Befehlssyntax und Log-files der durchgeführten Analysen eines molekularer Merkmalssätze.
- A9 Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).
- A10 Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE et al. (2005) sowie von DE SOUSA et al.(2007) beruhen.

Abbildungen

- Abb. 1 Formen der Orientierung der Petalen am ersten Anthesetag.
- Abb. 2 Zweifarbige Blüte von *Billbergia euphemiae* mit grüner Grundfarbe und blauen Petalenspitzen.
- Abb. 3 Typen von Petalenanhängseln bei Vertretern der Bromelioideae (verändert nach BENZIG 2000).
- Abb. 4 Spitze Papillen bei *Acanthostachys strobilacea*. und stumpfe Papillen bei *Acanthostachys pitcairnioides*.
- Abb. 5 Schematische Abbildung der gemessenen Größen am Fruchtknoten.
- Abb. 6 Schematische Abbildung der Umrisse von Fruchtknotenquerschnitten. Von links nach rechts: dreieckig, rundlich, viereckig.
- Abb. 7 Schematische Abbildung eines geflügelten Fruchtknoten im Querschnitt.
- Abb. 8 Fruchtknotenrinnen. Schemazeichnungen tiefer und flacher Fruchtfachrinnen sowie von Septalrinnen.
- Abb. 9 Schematisierte Längsschnitt im Fruchtknotenbereich mit unterschiedlichen Typen der Samenanlagen-Orientierung.
- Abb. 10 Schematisierte Längsschnitte des Fruchtknotenbereiches mit unterschiedlichen Formen der Samenanlagenverteilung und Bedeckungsgraden des Fruchtknotensachse.
- Abb. 11 Schematisierte Seitenansicht einer Samenanlage mit Anhängsel.
- Abb. 12 Schematisierte Abbildung der Formen von Samenanlagen- Anhängseln.
- Abb. 13 Lage der Messtellen morphologischer Merkmale an einer Samenanlage ohne Anhängsel.
- Abb. 14 Schematisierte Abbildungen von Plazenten mit unterschiedlicher Anzahl von Furchen auf den Plazentahälften.
- Abb. 15 PCA mit morphologischen Merkmalen als Variablen und den Meßwerten der untersuchten Bromelien als Fällen. Projektion der Merkmalsvariablen auf die aus den Faktoren 1 und 2 gebildete Ebene.
- Abb. 16 Petalpapillentypen bei Vertretern der Bromelioideae.
- Abb. 17 Verteilungstypen der Trichome bei Bromelioideae
- Abb. 18 REM-Aufnahmen von Formen der Trichomfortsätze bei ausgewählten Vertretern der Bromelioideae.
- Abb. 19 Lage des Fruchtknotens bei Vertretern der Bromelioideae.
- Abb. 20 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Fruchtknotenlänge ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 21 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Fruchtknotenlänge ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 22 Schematische Strichzeichnungen von Fruchtknotenflügeln.
- Abb. 23 Beispiele der Typen von Fruchtknotenrinnen bei Vertretern der Bromelioideae.
- Abb. 24 Fruchtknotenwarzen bei Vertretern der Bromelioideae.
- Abb. 25 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die epigyne Röhre ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 26 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Septalnektarien ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 27 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Samenanlagen ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 28 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Breite der Samenanlagen ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 29 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Samenanlagenanhängsel ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 30 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Breite der Samenanlagenanhängsel ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 31 Formen der Samenanlagenanhängsel bei Vertretern der Bromelioideae.
- Abb. 32 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Funikuli ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 33 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Breite der Funikuli ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 34 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Mikropyle ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 35 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Gesamtdicke der Integumente ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 36 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Dicke des inneren Integumentes in der Höhe des Nucellusapex ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 37 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Nucellus ausgewählter Arten der Bromelioideae.

- Abb. 38 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Breite der Nucellus ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 39 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Plazentazellen ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 40 Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Breite der Plazentazellen ausgewählter Arten der Bromelioideae.
- Abb. 41 PCA mit morphologischen Merkmalen als Variablen und den Meßwerten der untersuchten Bromelien als Fällen. Projektion der Fälle (je fünf Replikas der Messungen anatomischer Strukturen von 103 Arten der Bromelioideae) auf die Ebene der Faktoren 1 und 2.
- Abb. 42 *Strict-consensus*-Baum einer Parsimonie Analyse ausgewählter Arten der Bromelioideae, basierend auf Datensatz I mit 30 morphologischen Merkmalen des Fruchtknoten und Samenanlagenbereichs.
- Abb. 42 Phylogenetischer Baum für ausgewählte Arten der Bromelioideae resultierend aus der Bayes'schen Analyse eines kombinierten Datensatzes mit Sequenzen der plastidären Genomregionen *matK*, *3'trnL-trnF*, *trnK* und *psbA-trnH* aus SCHULTE et al. (2005) und DE SOUSA (2007).
- Abb. 43 Phylogenetischer Baum ausgewählter Arten der Bromelioideae resultierend aus der Bayes'schen Analyse der von DE SOUSA et al. (2007) verwendeten Sequenzen der plastidären Genomregionen *matK*, *3'trnL-trnF* und *psbA-trnH*.
- Abb. 44 *Acanthostachys pitcairnioides*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 45 *Acanthostachys strobilacea*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 46 *Aechmea allenii* (subg. *Pothuava*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 47 *Aechmea aquilega* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 48 *Aechmea bambusoides* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 49 *Aechmea blumenavii* (subg. *Orgiesia*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 50 *Aechmea bromeliifolia* (subg. *Macrochordion*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 51 *Aechmea cariocae* (subg. *Chevaliera*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 52 *Aechmea chantinii* (subg. *Platyaechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 53 *Aechmea distichantha* var. *distichantha* f. *distichantha* (subg. *Platyaechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 54 *Aechmea emmerichiae* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 55 *Aechmea eurycorymbus* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 56 *Aechmea farinosa* var. *conglomerata* (subg. *Lamprococcus*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 57 *Aechmea fasciata* var. *fasciata* (subg. *Platyaechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 58 *Aechmea fendleri* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 59 *Aechmea ferruginea* (subg. *Podaechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 60 *Aechmea filicaulis* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 61 *Aechmea gamosepala* var. *gamosepala* (subg. *Orgiesia*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 62 *Aechmea gracilis* (subg. *Orgiesia*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.

- Abb. 63 *Aechmea kertesziae* (subg. *Ortgiesia*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 64 *Aechmea lindenii* (subg. *Pothuava*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 65 *Aechmea longifolia* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 66 *Aechmea mexicana* (subg. *Podaechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 67 *Aechmea miniata* var. *discolor* (subg. *Lamprococcus*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 68 *Aechmea mulfordii* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 69 *Aechmea nidularioides* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 70 *Aechmea nudicaulis* var. *aurorosea* (subg. *Pothuava*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 71 *Aechmea paniculata* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 72 *Aechmea pimenti-velosoi* (subg. *Ortgiesia*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 73 *Aechmea purpureo-rosea* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 74 *Aechmea racinae* (subg. *Lamprococcus*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 75 *Aechmea rubens* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 76 *Aechmea servitensis* var. *exigua* (subg. *Aechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 77 *Aechmea smithiorum* (subg. *Platyaechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 78 *Aechmea* sp. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 79 *Aechmea tillandsioides* var. *kienastii* (subg. *Platyaechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 80 *Aechmea tillandsioides* var. *tillandsioides* (subg. *Platyaechmea*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 81 *Aechmea triangularis* (subg. *Macrochordion*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 82 *Aechmea warasii* (subg. *Lamprococcus*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 83 *Aechmea weilbachii* (subg. *Lamprococcus*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 84 *Aechmea winkleri* (subg. *Ortgiesia*). Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 85 *Ananas comosus*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 86 *Ananas nanus*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 87 *Androlepis skinneri*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 88 *Araeococcus flagellifolius*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 89 *Araeococcus goeldianus*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 90 *Araeococcus parviflorus*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.

- Abb. 91 *Araeococcus pectinatus*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 92 *Billbergia chlorantha*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 93 *Billbergia elegans*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 94 *Billbergia euphemiae*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 95 *Billbergia horrida* var. *tigrina*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 96 *Billbergia macrocalyx*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 97 *Billbergia pyramidalis* var. *concolor*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 98 *Billbergia saundersii*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 99 *Billbergia viridiflora*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 100 *Bromelia balansae*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 101 *Bromelia nidus-puellae*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 102 *Bromelia pinguin*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 103 *Bromelia serra*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 104 *Canistrum aurantiacum*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 105 *Canistropsis billbergioides*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 106 *Cryptanthus bromelioides*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 107 *Deinacanthon urbanianum*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 108 *Edmundoa ambigua*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 109 *Edmundoa lindenii* var. *lindenii*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 110 *Fascicularia bicolor* subsp. *bicolor*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 111 *Fernseea itatiaiae*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 112 *Greigia sphacelata*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 113 *Hohenbergia correia-araujo*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 114 *Hohenbergia distans*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 115 *Hohenbergia humilis*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 116 *Hohenbergia rosea*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 117 *Hohenbergia leopoldo-horstii*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 118 *Hohenbergia stellata*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.

- Abb. 119 *Lymania alvimii*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 120 *Lymania globosa*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 121 *Lymania smithii*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 122 *Neoglaziovia variegata*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 123 *Neoregelia chlorosticta*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 124 *Neoregelia coriacea*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 125 *Neoregelia marmorata*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 126 *Neoregelia pineliana*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 127 *Neoregelia* sp. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 128 *Nidularium billbergioides* var. *citrinum*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 129 *Nidularium innocentii* var. *lineatum*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 130 *Nidularium regelioides*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 131 *Nidularium rutilans*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 132 *Ochagavia carnea*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 133 *Orthophytum albopictum*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 134 *Orthophytum alvimii*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 135 *Orthophytum foliosum*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 136 *Portea kermesina*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 137 *Portea leptantha*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 138 *Pseudananas saganarius*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 139 *Quesnelia lateralis*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 140 *Quesnelia liboniana*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 141 *Quesnelia seideliana*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 142 *Ronnbergia explodens*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 143 *Ronnbergia petersii*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 144 *Ursulaea tuitensis*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 145 *Wittrockia smithii*. Strichzeichnungen von Längs- und Querschnitten des Fruchtknotens sowie Längsschnitt der Samenanlage.
- Abb. 146 Samenanlage (a) und Samen (b) von *Acanthostachys pitcairnioides* mit extrem verlängertem Anhängsel.

Tabellen

- Tab. 1 Untersuchte Gattungen der Bromelioideae und Verhältnis zwischen den Zahlen der akzeptierten und der hier untersuchten Arten.
- Tab. 2 Vor- und Nachteile verschiedener Fixierungsverfahren.
- Tab. 3 Paarweise Vergleiche (t-test) von jeweils zehn Messwerten für die Länge der Fruchtknoten von *Billbergia saundersii*, *Lymania alvimii* und *Bromelia pinguin* nach unterschiedlicher Vorbehandlung.
- Tab. 4 Paarweise Vergleiche (t-test) von jeweils zehn Messwerten für die Länge der Samenanlagen von *Billbergia saundersii*, *Lymania alvimii* und *Bromelia pinguin* nach unterschiedlicher Vorbehandlung.
- Tab. 5 Medien und Inkubationszeiten bei der stufenweisen Entwässerung von Präparaten für REM-Untersuchungen. Vor dem Übergang zur nächsthöheren Stufe ist das jeweils zuletzt verwendete Medium weitestgehend entfernt worden.
- Tab. 6 Merkmale und Merkmalszustände für die Parsimonie-Analyse (ohne molekulare Merkmale).
- Tab. 7 Formen der Petalenanhängsel bei Vertretern der Bromelioideae.
- Tab. 8 Typen der Trichomverteilung auf den Fruchtknoten von Vertretern der Bromelioideae.
- Tab. 9 Grundformen des Fruchtknotenquerschnittes bei Vertretern der Bromelioideae.
- Tab. 10 Orientierung der Samenanlagen im Fruchtfach bei Vertretern der Bromelioideae.
- Tab. 11 Kenngrößen der Topologien aus drei unterschiedlichen Datensätzen morphologischer Merkmale.
- Tab. 12 Zusammenhänge zwischen dem Vorkommen einer epigynen Röhre und der Bindung an verschiedene Bestäubergruppen in ausgewählten Gattungen der Bromelioideae.
- Tab. 13 Variabilität quantitativer Merkmale von diagnostischer Relevanz für die Trennung der Gattungen *Billbergia*, *Edmundoa* und *Hohenbergia*.
- Tab. 14 Variabilität quantitativer Merkmale von diagnostischer Relevanz für die Trennung der Gattungen *Pseudananas* und *Ananas*.

1 Einleitung

1.1 Die Familie Bromeliaceae

Die Bromelien sind mit über 2000 Arten eine der großen Monokotylenfamilien. Die Merkmale, nach denen die Bromelien-Systeme aufgestellt wurden, wandelten sich in Laufe der Zeit. Seit rund zwei Jahrzehnten gewinnen hierbei molekularbiologische Untersuchungen zunehmend an Bedeutung. So konnte z. B. die basale Stellung der Gattungen *Bromelia*, *Deinacanthon*, *Fascicularia*, *Greigia* und *Ochagavia* innerhalb der Bromelioideae erkannt werden (SCHULTE et al. 2005, SCHULTE 2007) und die Abgrenzung der Gattung *Lymania* neu diskutiert werden (DE SOUSA et al. 2007).

Angesichts der immensen Artenfülle der Bromelien und der begrenzten Zahl sequenzierter Taxa bleiben morphologische Merkmale für viele Arten zunächst noch die einzigen verfügbaren Informationsquellen auf deren Basis Verwandtschaftshypothesen gebildet werden können. Gleichwohl haben die auf molekularen Merkmalen basierenden Studien gezeigt, dass bei den Bromelioideae grundsätzlich viele morphologische Strukturen durch eine sehr hohe Zahl an konvergenten Entwicklungen gekennzeichnet sind. Bislang wurden allerdings vorwiegend Strukturen des vegetativen Bereiches und wenige Merkmale des floralen Bereiches untersucht (SCHULTE 2007).

In der vorliegenden Arbeit werden daher bislang wenig beachtete Merkmale vorwiegend des Fruchtknotens und der Samenanlagen auf ihre Eignung als phylogenetische Marker geprüft. Hierzu werden DNA-Sequenzen verschiedener Publikationen (SCHULTE et al 2005, SCHULTE 2007, DE SOUSA et al. 2007) in einem neuen Alignment kombiniert und für die Berechnung eines phylogenetischen Baumes verwendet. Anschließend wird die Verteilung ausgewählter Merkmale unter den bereits sequenzierten Vertretern der Bromelioideae ermittelt und damit eine Einschätzung des Homoplasiegrades für diese Strukturen ermöglicht. Unter Berücksichtigung dieser Ergebnisse und Merkmalerhebungen für bislang noch nicht sequenzierte Taxa werden schließlich morphologisch begründete Abgrenzungen von Gattungen innerhalb der Bromelioideae diskutiert.

1.2 Die Unterfamilie Bromelioideae

Die Unterfamilie der Bromelioideae unterscheidet sich von der nach molekularen Untersuchungen (z.B. HORRES et al. 2000) als Schwestergruppe anzusehenden Unterfamilie

der Pitcairnioideae vor allem durch die Beerenfrüchte an Stelle der innerhalb der Bromeliaceae als ursprünglich angesehenen Kapsel Früchte. Dieser Unterschied im Fruchttyp gehen einher mit einem unterständigen Fruchtknoten bei den Bromelioideae und oberständigen Fruchtknoten bei den übrigen Unterfamilien (SMITH & DOWNS 1979). Charakteristisch für die Unterfamilie der Bromelioideae ist ihre geringe genetische Variabilität auf der Ebene von Genen, die in anderen Pflanzenfamilien bei vergleichbarer Artenfülle normalerweise eine erheblich höhere Diversität aufweisen (SCHULTE et al. 2005). Diese geringe Variabilität auf der Ebene zahlreicher Gene wird durch eine noch sehr junge und intensive adaptive Radiation erklärt (BENZIG 2000). Auf morphologischer Ebene findet diese Hypothese eine Entsprechung in der Beobachtung, dass die Gattungen der Bromelioideae oft nur unscharf getrennt sind und häufig nur Merkmalskombinationen an Stelle von synapomorphen Merkmalszuständen zur Diagnose genutzt werden können (LEME 1997, LEME 2000). Bereits GROß (1988) sowie BÖHME (1988) wiesen allerdings darauf hin, dass die aufgrund des präparativen Aufwandes lange Zeit wenig beachteten Strukturen im Bereich der Fruchtknoten geeignete Kandidaten darstellen könnten, um ergänzende Merkmale zur Abgrenzung von Artengruppen, Gattungen und höherer Taxa zu finden. Diese Anregungen wurden zunächst jedoch kaum aufgegriffen, bis in den letzten Jahren FARIA et al. (2004) und DE SOUSA et al. (2007) zumindest einige Strukturen des Fruchtknoten sowie die Präsenz chalazaler Samenanlagenanhängsel in ihren kladistischen Analysen ausgewählter Bromelioideae aufgriffen.

1.3 Ziele

Hauptziel dieser Arbeit war es, wenig bekannte oder bislang nur unscharf definierte Merkmale im Fruchtknoten- und Samenanlagenbereich bei den Repräsentanten eines breiten Spektrums von ausgewählter Vertreter der Bromelioideae zu ermitteln, ihre Beschreibung zu verfeinern und die Verteilung dieser Merkmale darzustellen, sowie auf dieser Basis neue diagnostisch hilfreiche Merkmale innerhalb der Unterfamilie Bromelioideae zu identifizieren. Dabei sollte die Merkmalsverteilung, soweit es das Taxonsampling erlaubt, mit den Resultaten aktueller molekularbiologischer Forschungen verglichen werden und vor allem für Merkmale, die erkennbar hohe Homoplasiegrade aufweisen, eine funktionale Deutung im ökologischen Kontext angestrebt werden.

2. Material und Methode

2.1 Auswahl der Taxa

Leitlinie zur Auswahl der zu bearbeitenden Taxa war es, eine maximale Anzahl an Gattungen der Unterfamilie Bromelioideae zu berücksichtigen und so die Voraussetzung für eine Analyse der phylogenetischen Beziehungen innerhalb der Unterfamilie zu schaffen. Um diesen Ziel näher zu kommen, wurde jeweils nur eine Akzession jedoch mindestens zwei Arten jeder Gattung bzw. Untergattung in die Untersuchung einbezogen. Ausnahmen davon waren die monotypischen Gattungen sowie weitere Gattungen von denen nur jeweils eine Art zur Verfügung stand.

Für die Bearbeitung wurden anthesische Blüten von 105 Arten aus 28 Gattungen der Bromeliaceae verwendet (Tab. 1). Davon entfallen 103 Arten auf die Bromelioideae und zwei auf Gattungen der Unterfamilie Pitcairnioideae (*Fosterella micrantha* und *Puya mirabilis*). Die zwei Vertreter der Pitcairnioideae wurden als Außengruppe für die Parsimonieanalyse verwendet.

Da das Lebendmaterial nicht permanent zugänglich war, und meist nur einzelne Pflanzen in Blüte standen, konnte in der Regel nur eine Infloreszenz je Art untersucht werden. Allgemein blühen bei Bromelioideae nur zwei bis maximal vier Blüten einer Infloreszenz am selben Tag auf. Von jeder Art wurden drei Blüten der selben Infloreszenz und des selben Anthesezustandes verarbeitet. Je eine der Blüten wurden für die Anfertigung der Quer- und Längsschnitte sowie für die Zählung der Samenanlagen pro Fruchtfach benutzt. Vor der Anfertigung der Fruchtknotenschnitte mussten die Staubbeutel, der obere Teil der Petalen und die Narbe entfernt werden. Das gesamte Frischmaterial wurde in den Lebendsammlungen des Palmengartens Frankfurt/Main, des Botanisches Garten der Universität Darmstadt, des Botanischen Gartens Heidelberg und des Botanischen Gartens Berlin-Dahlem entnommen. Zusätzlich wurde in Alkohol eingelegtes Material aus dem Herbarium der Universität Wien (WU) bearbeitet.

Die Namen der Autoren für die Pflanzennamen wurden nach BRUMMIT & POWELL (1992) abgekürzt. Der Begriff der Untergattung wird in Anlehnung an MCNEILL et al. (2006) als „subg.“ abgekürzt. Die Nomenklatur der hier untersuchte Taxa richtet sich nach SMITH & DOWNS (1979), TILL & SMITH (1998) LEME (1997, 1998), LUTHER (2004), NELSON & ZIZKA

(1997) und ZIZKA et al. (1999, 2002). Einige neuere nomenklatorische Änderungen wurden am 06.06.2008 aus den folgenden Internet-Seiten übernommen:

„International Plant Names Index“ <<http://www.ipni.org>>,

„Tropicos.org. Missouri Botanical Garden“ <<http://www.tropicos.org>>,

„Herbaria, Harvard University“ <<http://www.huh.harvard.edu/databases/>>.

Tab. 1: Untersuchte Gattungen der Bromelioideae und Verhältnis zwischen den Zahlen der akzeptierten und der hier untersuchten Arten. Zahlen der akzeptierten Arten nach SMITH & DOWNS (1979) unter Berücksichtigung der Arbeiten von SMITH & TILL (1998), LEME (1997, 1998), LUTHER (2000), NELSON & ZIZKA (1997), und ZIZKA et al. (1999, 2002).

Gattung	Anzahl akzeptierter Arten	Anzahl der untersuchten Arten	Prozentualer Anteil der untersuchten Arten (%)
<i>Acanthostachys</i>	2	2	100
<i>Aechmea</i> s.l.	182	41*	23
subg. <i>Aechmea</i>	80	13	16
subg. <i>Lamprococcus</i>	13	5	38
subg. <i>Macrochordion</i>	8	2	25
subg. <i>Orgiesia</i>	19	6	32
subg. <i>Platyaechmea</i>	16	6	38
subg. <i>Podaechmea</i>	4	2	50
subg. <i>Pothuava</i>	21	4	19
<i>Ananas</i>	8	2	25
<i>Androlepis</i>	1	1	100
<i>Araecoccus</i>	6	4	67
<i>Billbergia</i>	62	8	13
<i>Bromelia</i>	49	4	8
<i>Canistropsis</i>	12	1	8
<i>Canistrum</i>	10	1	10
<i>Chevaliera</i>	22	1	5
<i>Cryptanthus</i>	41	1	2,5
<i>Deinacanthon</i>	1	1	100
<i>Edmuntoa</i>	3	2	67
<i>Fascicularia</i>	1	1	100
<i>Fernseea</i>	2	1	50
<i>Greigia</i>	32	1	3
<i>Hohenbergia</i>	47	6	13
<i>Lymania</i>	6	3	50
<i>Neoglaziovia</i>	3	1	33
<i>Neoregelia</i>	97	5	5
<i>Nidularium</i>	50	4	8
<i>Ochagavia</i>	4	1	25
<i>Orthophytum</i>	24	3	12,5
<i>Portea</i>	9	2	22
<i>Pseudananas</i>	1	1	100
<i>Quesnelia</i>	15	3	20
<i>Rombergia</i>	12	2	17
<i>Ursulaea</i>	2	1	50
<i>Wittrockia</i>	11	1	9

* Summe der untersuchten Arten von *Aechmea* s.l. unter Einschluss einer Pflanze die keiner der beschriebenen Untergattungen zugeordnet werden konnte. („*Aechmea* sp. A“ eine Beschreibung der Pflanze findet sich im Anhang).

2.2 Materialgewinnung und -aufbewahrung

Versuchsweise wurden zunächst vergleichende Untersuchungen an Herbarbelegen und Frischmaterial einer Art angestellt (*Acanthostachys strobilacea* FRP H019, HG 102615, HG 103630).

Es zeigte sich, dass bei Herbarbelegen empfindliche Strukturen wie die Samenanlagen-Anhängsel oft durch mechanische Einwirkungen vorgeschädigt waren. Die Form der Samenanlagen war meist nicht mehr erkennbar.

Alle Arbeiten, die mit Frischmaterial oder mit in Ethanol/FAA konserviertem Pflanzenmaterial durchgeführt wurden, verliefen ohne die oben beschriebenen Probleme. Daher wurde auf die Bearbeitung von Herbarmaterial in der vorliegenden Arbeit verzichtet.

Fixierung

Die Fixierung dient der Erhaltung der Struktur des Objekts für die weitere Verarbeitung, der Konservierung und häufig auch der Vorbereitung auf die Färbung, von der deswegen die Wahl der Fixierungsmethode abhängen kann.

Das Pflanzenmaterial wurde zunächst in Ethanol (70%) vorfixiert und aufbewahrt. Bei der Entwässerung stellte sich aber heraus, dass das Pflanzenmaterial in 70 % Ethanol zu hart wurde. Bei einigen Arten wurde die weitere Verarbeitung praktisch unmöglich. Deswegen wurden alternative Fixierungslösungen erprobt (Tabelle 2).

Formalin-Ethanol-Essigsäure-Lösung besteht aus Ethanol (50%), Eisessig und Formalin im Verhältnis von 18:1:1 (GERLACH 1984). Sie wird im folgenden Text nach der englischen Bezeichnung (Formalin Acetic Acid-Alcohol) als FAA-Lösung abgekürzt. Ihr Vorteil ist es, dass weiches, kleines und zartes Pflanzenmaterial ausreichend hart wird, und die Materialbearbeitung dadurch erleichtert wird. Es zeigte sich aber, dass das Material nach etwa 8 bis 12 Monate in 70% Ethanol zu überführen ist, da es sonst zu hart wird, um es zu schneiden.

Kew-Lösung besteht aus einem Gemisch von Ethanol (70%) und Glycerin im Verhältnis 1:1. Sie hat den Vorteil, dass besonders härtere Pflanzenteile sich sehr gut schneiden lassen, sowohl mit dem Handmikrotom als auch mit dem Rotationsmikrotom. Nachteilig ist, dass das Material mindestens drei Tagen in FAA-Lösung vorfixiert werden muss, da es sonst in einigen Fällen zu weich wird.

Bouin-Lösung wird aus einer Mischung von konzentrierter wässriger Pikrinsäurelösung, Formaldehydlösung (40%) und Eis-Essig in Verhältnis 7:2:1 hergestellt (ROTH 1964).

Sie hat dieselben Vorteile wie die FAA-Lösung, gleichzeitig hat sie aber zwei erhebliche Nachteile:

- Der Gehalt an Formaldehyd macht die Bouin-Lösung toxisch und stark hautreizend (Formaldehyd wird eingestuft in die Giftklasse 3, es ist ätzend und sensibilisierend. Das Material darf nur unter dem Abzug verarbeitet werden).
- Die sehr starke Färbung, die durch Pikrinsäurelösung verursacht wird, verringert den Kontrast bei der anschließenden Färbung, so dass zarte Strukturen nicht mehr erkennbar sind. Um diese Probleme zu minimieren, ist es erforderlich das Material vor der Weiterverarbeitung 15 bis 30 Tage lang in destilliertem Wasser einzulegen. Dabei muss das Wasser dreimal täglich gewechselt werden, wodurch die Verwendung der Bouin-Lösung äußerst aufwändig wird.

Tab. 2: Vor- und Nachteile verschiedener Fixierungslösungen (---extrem nachteilig, -nachteilig, +/- bedingt geeignet, + gut geeignet, ++ sehr gut geeignet).

Fixierungslösung	Eignung für zartes Material	Eignung für hartes Material	Vorfixierung in FAA notwendig	Entfärbung notwendig
Ethanol	+	+/-	+	-
FAA-Lösung	++	-	-	-
Kew-Lösung	-	++	-	-
Bouin-Lösung	+	-	-	---

2.3 Schnitttechniken und Färbungen

Von der 105 untersuchten Taxa wurden 21 in Paraplast eingebettet. Quer- und Längsschnittserien wurden von zehn Proben mit einem Schlitten-Mikrotom der Firma Leitz bei einer Schnittdicke von 10 µm hergestellt. Elf Proben wurden bei der gleichen Schnittdicke mit einem Rotationsmikrotom (Firma Leica RM 2135) bearbeitet. Das Schlittenmikrotom ist mit einem Typ C Messer ausgestattet. Da dieser Messertyp relativ dick ist, neigen die Schnitte zu Rissen. Das Rotationsmikrotom ist mit wesentlich feineren Einwegklingen ausgestattet (Hohe Profil Klingen, Prof. [C, N° 818]). Die Schnitte reißen hiermit nur selten. Die Schnittfärbung erfolgte mit Astrablau-Safranin (Astrablau FM [C.I. 48048]), Safranin O [C.I.50240] im Verhältnis 2:1 (GERLACH 1984). Astrablau zeigt eine große Affinität für Cellulose. Die großen Moleküle dieses Farbstoffs füllen die intermicellaren Hohlräume der Zellulosewände und färben sie blau (BOXLER-BALDOMÀ 1999). Safranin färbt die Zellwände rot. Noch intensiver werden dabei Zellkerne und Chromosomen gefärbt (ROTH 1964). In den Samenanlagen ist die metabolische Aktivität der Zellen höher als in anderen Geweben und die Safraninfärbung wird daher tief dunkelrot. Durch die starke Safraninfärbung der Samenanlagen wird eine fotografische Dokumentation erschwert.

Die mit dem Rotationsmikrotom minimal mögliche Schnittdicke ermöglicht die Beobachtung aller Strukturen mit Ausnahme der Anhängsel der Samenanlagen. Wegen der dreidimensionalen Struktur einiger Anhängsel ist es mit den dünnen Schnitten nicht möglich, diese Strukturen zu dokumentieren.

Von den 104 untersuchten Taxa besitzen 67 Samenanlagen-Anhängsel. Um eine optimale Dokumentation auch der Samenanlagen-Anhängsel zu ermöglichen, wurden Handschnitte angefertigt. Hierzu wurden die Proben in Holundermark eingeklemmt, bei einer Schnittdicke von 15 und 20 µm mit einem Handmikrotom der Firma R. Jung AG, Heidelberg (Typ18553) geschnitten und mit 0,08% wässriger Toluidinblau-Lösung angefärbt. Dieser basische Thiazinfarbstoff (C. I. 52040) eignete sich aufgrund seiner metachromatischen Eigenschaften zur Differenzierung von lignifizierten und nichtlignifizierten Elementen (BOXLER-BALDOMÀ, 1999). Zur Beobachtung der Strukturen im hier untersuchten Material erwies sich dieser Farbstoff als optimal.

Die Schnitte wurden in Kaisers Glycerin-Gelatine (Firma Merck) eingebettet. Weitere neun Proben, die bereits in Paraplast eingebettet und mit dem Rotationsmikrotom geschnitten wurden, mussten zusätzlich mit dem Handmikrotom bearbeitet werden, um auch die Samenanlagen-Anhängsel unbeschädigt zu sehen.

Um kleinere, bzw. zartere Blüten von Bromelioideae zu schneiden (unter fünf Millimeter Fruchtknotenlänge) erwies sich in Paraplast eingebettetes Material als ungeeignet. Die Schnitte wurden rissig, faltig, oder sprangen aus dem Einbettungsmaterial heraus. Diese Probleme lassen sich durch die Verwendung von Kulzers' s Technovit (2-Hydroethyl Methacrylat – HEMA) beheben. Sechs Proben wurden mit der Technik zur Einbettung von Pflanzenmaterial in HEMA- Kunststoff behandelt (IGERSHEIM, 1993, 1996). Kulzers Histoset (Kulzer, Friedrichsdorf) wurde verwendet, welches das HEMA-Einbettmittel (Technovit 7100), den Polymerisationsstarter Benzoylperoxid (Härter I) und einen Polymerisationsbeschleuniger (Härter II) enthält.

Es hat sich gezeigt, dass es von entscheidender Bedeutung ist, vor der Einbettung die Blüten intensiv zu entlüften. Als optimale Entlüftungszeit erwies sich je nach Größe und Dicke des Materials ca. dreißig Minuten bis zwei Stunden in einem Vakuum-Entlüfter.

Die Schnitte wurden bei eine Schnittdicke von sechs Mikrometer mit Hilfe eines Rotationsmikrotoms (Leica, RM 2135, Solms) mit Einwegmesser (Leica, Model 818, Solms) angefertigt und danach mit 0,02% wässriger Lösung Toluidinblau nach SAKAI (GERLACH 1984) gefärbt, anschließend auf einen Wassertropfen auf entfetteten Objektträger gebracht und auf der Wärmebank bei 70°C getrocknet. Diese Methode erwies sich als optimal für die Untersuchung kleiner und weicher Blüten, es können aber auch bei diesem Vorgehen (lange) Samenanlagen-Anhängsel beschädigt werden.

Anhand einer Auswahl von Arten mit sehr unterschiedlichen Dimensionen der Fruchtknoten sowie der Samenanlagen (*Billbergia saundersii*, *Lymania alvimii* und *Bromelia pinguin*) wurde exemplarisch geprüft, ob die verschiedenen Einbettungstechniken zu Veränderungen der Größe anatomischer Strukturen im Bereich der Samenanlagen führen.

Von jeder der drei Arten wurden jeweils neun Blüten entweder in HEMA oder Paraplast eingebettet und anschließend mit dem Rotationsmikrotom geschnitten, sowie weitere neun Blüten nach Vorfixierung in FAA und anschließender Aufbewahrung in 70%igem Ethanol im Handmikrotom präpariert.

Die Ergebnisse der Messungen an den Blüten nach unterschiedlicher Vorbehandlung wurden anhand paarweise Vergleiche auf signifikante Unterschiede überprüft (Tab. 3, 4).

Tab. 3: Paarweise Vergleiche (t-test) von jeweils zehn Messwerten für die Länge der Fruchtknoten von *Billbergia saundersii*, *Lymania alvimii* und *Bromelia pinguin* nach unterschiedlicher Vorbehandlung.

	HEMA	Paraplast	Ethanol	HEMA x Paraplast	HEMA x Ethanol	Paraplast x Ethanol
<i>Billbergia saundersii</i>	X= 18 Min= 17 Max= 19 n=9	X= 18 Min= 17 Max= 19 n=9	X= 18 Min= 17 Max= 19 n=9	t= -0.338341 df= 16 p= 0.739505	t= -0.179787 df= 16 p= 0.859577	t= 0.146916 df= 16 p= 0.885034
<i>Lymania alvimii</i>	X= 3.3 Min=3 Max=3.5 n=9	X= 3.2 Min= 3 Max= 3.5 n=9	X= 3.4 Min= 3 Max= 3.6 n=9	t= -0.301511 df= 16 p= 0.766908	t= -1.54069 df= 16 p= 0.142936	t= -1.34559 df= 16 p= 0.197193
<i>Bromelia pinguin</i>	X= 13 Min= 12 Max= 14 n=9	X= 13 Min= 12.2 Max=14 n=9	X=13.2 Min=12 Max=14 n=9	t=-0.150702 df= 16 p=0.882094	t=-0.544735 df= 16 p=0.593448	t=-0.423312 df= 16 p= 0.677703

Tab. 4: Paarweise Vergleiche (t-test) von jeweils zehn Messwerten für die Länge der Samenanlagen von *Billbergia saundersii*, *Lymania alvimii* und *Bromelia pinguin* nach unterschiedlicher Vorbehandlung.

	HEMA	Paraplast	Ethanol	HEMA x Paraplast	HEMA x Ethanol	Paraplast x Ethanol
<i>Billbergia saundersii</i>	X= 462.5 Min= 437 Max= 486 n=9	X= 457.4 Min= 437 Max= 471.5 n=9	X= 465.1 Min= 460 Max= 483 n=9	t= 0.911685 df= 16 p= 0.375467	t= -0.474713 df= 16 p= 0.641406	t= -1.52400 df= 16 p= 0.147029
<i>Lymania alvimii</i>	X= 828 Min= 805 Max= 851 n=9	X= 828 Min= 805 Max= 839 n=9	X= 834.4 Min= 805 Max= 862 n=9	t= 0.00 df= 16 p=1	t= -0.708881 df=16 p= 0.488599	t= -0.805823 df=16 p= 0.432159
<i>Bromelia pinguin</i>	X= 433.8 Min= 402 Max= 448.5 n=9	X= 431.8 Min= 414 Max= 448.5 n=9	X= 438.3 Min= 419.7 Max= 448.5 n=9	t= 0.303046 df= 16 p=0.765760	t= -0.729800 df= 16 p= 0.476062	t= -1.17444 df= 16 p= 0.257403

Es wurde herausgefunden, dass die verschiedenen Einbettungsverfahren die Meßwerte nicht signifikant beeinflussen.

2.4. Messung anatomischer Strukturen

Im Allgemeinen wurde jeweils drei Blüten pro Beleg präpariert (je eine Blüte für Quer- und Längsschnitt sowie die Präparation der Samenanlagen). Diese Vorgehensweise war erforderlich, weil zur Zeit der Sammlung bei einem Teil der Belege nur wenige Blüten geöffnet waren. Da aber alle Arten nach einem einheitlichen Verfahren untersucht werden sollten, wurden nur solche Pflanzen berücksichtigt, bei denen mindestens drei Blüten verfügbar waren und damit das gesamte Merkmalspektrum untersucht werden konnte. Alle Merkmale der Samenanlagen sowie die extrem reduzierten epigyne Röhre von *Araeococcus pectinatus* wurden mit Hilfe eines Lichtmikroskops der Firma Wild (M20) bei einer 200fachen Vergrößerung gemessen.

Für alle größeren Objekte (Fruchtknoten, Epigyne Röhre aller Arten außer *Araeococcus pectinatus*) erfolgten die Messungen mit Hilfe eines Nonius. Die erhaltenen Messwerte wurden auf 0,5 mm gerundet. Alle übrigen Strukturen wurden bei einer 100fachen Vergrößerung gemessen. Alle so ermittelten Meßwerte wurden auf ganzzahlige Mikrometerwerte gerundet.

Um die Variabilität der untersuchten Merkmale innerhalb der Infloreszenz der untersuchten Einzelpflanzen einschätzen zu können, wurden exemplarisch an drei Arten, von denen reichlich Material vorhanden war, von jeweils einer Pflanze neun zusätzliche Blüten untersucht und die Variationskoeffizienten der beobachteten Meßwerte in den Stichproben für jede Art bestimmt. Die Variationskoeffizienten blieben bei fast allen Merkmalen sehr klein (\leq

0,05). Lediglich bei der epigyner Röhre wurde bei allen drei Arten der Stichprobe eine höhere Variation festgestellt, die sich in Variationskoeffizienten von 0,06-0,41 ausdrückt (*Bromelia penguin*: 0,41; *Lymania alvimii*: 0,06; *Bilbergia saundersii*: 0,15).

Von den meisten der in dieser Arbeit untersuchten Taxa waren nur sehr wenige Blüten verfügbar und die Untersuchung einer höheren Anzahl von Blüten wäre für den größten Teil nicht durchführbar gewesen, zumal zur Erfassung aller Merkmale ein Minimum von jeweils drei anthesischen Blüten erforderlich war (je eine für die Anfertigung von Längs- und Querschnitten, sowie eine für das Detailstudium der Samenanlagen). Das Ergebnis der Voruntersuchung mit den sehr niedrigen Variationskoeffizienten führen jedoch zu dem Schluß, dass für die meisten Merkmale trotz der relativ geringen Zahl an untersuchten Blüten von einer für die jeweilige Pflanze aussagefähigen Stichprobe ausgegangen werden kann. Als Konsequenz aus der Beobachtung einer deutlich höheren Variabilität in der Länge der epigyner Röhre wurde dieses Merkmal in den Parsimonieanalysen lediglich qualitativ behandelt (vorhanden/fehlend). Eine feinere Klassifizierung hätte eine erheblich größere Stichprobengröße verlangt, da aber nicht für alle Arten genügend Blüten zur Verfügung standen, mußte auf die Bildung von Größenklassen bei diesem Merkmal verzichtet werden. Eine Auflistung aller Meßwerte und Variationskoeffizienten befindet sich im Anhang.

2.5 Dokumentation

2.5.1 Fotografie

Die Bilder wurden an Mikroskopen der Firma Wild Modell MP S52 mit Agfacolor Dia-Film 100 ASA fotografiert.

Einige Taxa wurden zusätzlich an einem Mikroskop Firma Leitz Modell Dialux N° 22 mit einer Digitalkamera Firma Leica DC300 F mit dem Programm Leica IM 1000. Diese Art zu dokumentieren erweist sich als praktisch und schnell, wenn riss- und faltenfreie sowie gleichmäßig gefärbte Präparate zu Verfügung stehen. Daher konnte sie nur für ausgewählte Taxa verwendet werden.

2.5.2 Zeichenspiegel

Alle Präparate wurden in Längs- und Querschnittszeichnungen mit Hilfe eines Leitz-Zeichenspiegels an Stereolupen der Firma Leica (MS5) und der Firma Wild (Modell 308700) dokumentiert. Diese Art der Dokumentation erwies sich als optimal, um Umrisse und Dimensionen der Strukturen von Fruchtknoten und Samenanlagen jedes Präparates

darzustellen. Der Vorteil gegenüber einer fotografischen Dokumentation ist dabei, dass auch rissige oder faltige Präparate wiedergegeben werden können.

2.5.3 Rasterelektronenmikroskopie (REM)

Ziele der REM-Untersuchung waren die dreidimensionale Darstellung der Samenanlagen und ihrer Anhängsel, der Fruchtknotentrichome sowie der Strukturen auf der Petalenoberfläche.

Für die rasterelektronmikroskopische Untersuchung der Petalenoberflächen und der Samenanlagen wurde das Material mit einer Kritisch-Punkt-Trocknung vorbehandelt. Hierzu wurde das Material zunächst in einer 11- stufigen Ethanol-Aceton-Reihe entwässert (Tab. 5)

Tab. 5: Medien und Inkubationszeiten bei der stufenweisen Entwässerung von Präparaten für REM-Untersuchungen. Vor dem Übergang zur nächsthöheren Stufe ist das jeweils zuletzt verwendete Medium weitestgehend entfernt worden.

Stufe	Medium	Einwirkungszeit (min)
1	70% Ethanol	60
2	50% Ethanol	60
3	30% Ethanol	60
4	30% Aceton	60
5	30% Aceton	< 1
6	30% Aceton	< 1
7	50% Aceton	20
8	70% Aceton	20
9	90% Aceton.	20
10	100% Aceton	20
11	100% Aceton	20

Nach dieser Entwässerungsreihe noch im Pflanzengewebe verbliebenes Wasser wurde in einer Probedruckkammer (Balzers, CPD 030) bei einem Partialdruck CO₂ von 77 Bar und einer Temperatur von 37°C über Aceton als Zwischenstufe durch flüssiges CO₂ ersetzt.

Für die Untersuchung der Fruchtknotentrichome wurde Frischmaterial mit flüssigem Stickstoff übergossen und eine Woche bei einer Temperatur von -30°C in einer Gefriertrocknungsanlage der Firma Christ (Osterode) aufbewahrt.

Sowohl das mit der Kritisch-Punkt-Trocknung vorbehandelte als auch das gefriergetrocknete Material wurde schließlich mit Kohlekleber auf einem Aluminium-Probenteller befestigt. Die elektrische Leitfähigkeit der Objektflächen wurde erhöht, indem die Proben in einem Sputter-Gerät* (AGAR-Sputter-Coater) 1-2x jeweils 60s lang mit Gold überzogen („besputtert“) wurden. Aufnahmen der REM-Bilder wurden mit Hilfe eines Hitachi S-4500 Feldemissions Rasterelektronmikroskops angefertigt. Gearbeitet wurde unter einer

Betriebsspannung von fünf KV und dem unteren Detektor. Die Bilder wurden mit dem Programm Digital Image Processing System 2.5 der Firma Point Elektronik (Halle) bearbeitet. Jedes Digitalbild wurde mit einer Bildeinzugsgeschwindigkeit wurde auf 51 Sekunden festgesetzt (entsprechend der Einstellung „Scan 1“ an dem verwendeten Gerät).

2.6 Verwendete Merkmale

Im Folgenden wird eine Beschreibung der untersuchten Merkmale, der Art ihrer Erfassung und der Merkmalszustände in der für die PAUP-Analyse verwendeten Form angegeben. In Tabelle 3 werden die gesamten Merkmale und Merkmalszustände für die PAUP-Analyse dargestellt.

2.6.1 Petalen

2.6.1.1 Orientierung am ersten Anthesetag

Die Anthese wird als der Zustand der geöffneten Blüte definiert. Die Petalen haben je nach Gattung verschieden Orientierungsrichtungen gezeigt (Ergebnisse, Abb. 1):

- (0) Gerade: die Petalen bleiben gerade oder sind leicht nach innen gewölbt.
- (1) Ausgebreitet: die Petalen sind nach außen gebogen.
- (2) Nach hinten gerollt: die Petalen sind nach außen umgerollt.



Abb. 1: Formen der Orientierung der Petalen am ersten Anthesetag. a) gerade (*Aechmea aquilega*), b) ausgebreitet (*Acanthostachys pitcairnioides*), c) nach hinten gerollt (*Billbergia pyramidalis* var. *concolor*).

2.6.1.2 Farben

Die Petalenfarbe wurde grundsätzlich anhand der eigenen Beobachtungen notiert. Für Arten, die nur als in Alkohol konservierte Proben zur Verfügung standen wurde die Petalenfarbe nach SMITH & DOWNS (1979) sowie FARIA et al. (2004) ergänzt. Folgende Färbungstypen wurden unterschieden:

(0) weiß, creme oder hellgrün (Abb. 2), (1) blau, lila oder purpurn, (2) rot oder rosa, (3) gelb oder orange.

Zusätzlich wurde die oft von der Grundfarbe deutlich abgesetzten Farbe der Petalenspitze klassifiziert. Hier wurden folgende Merkmalszustände unterschieden:

(0) Spitzen identisch wie Grundfarbe, (1) Spitzen weiß, (2) Spitzen blau (Abb. 2).



Abb. 2: Zweifarbige Blüte von *Billbergia euphemiae* mit grüner Grundfarbe und blauen Petalenspitzen. Foto: Dr. P. Sack, B. G. Heidelberg.

2.6.1.3 Anhängsel

Nach BROWN et al. (1992), RAMÍREZ (1994), BENZING (2000) und FARIA et al. (2004) wurde die Gestalt der Petalenanhängsel in vier Merkmalszustände eingeteilt (Abb. 3):

(0) fehlend, (1) taschenförmig, (2) fransig, (3) zungenförmig (4) gezähnt.

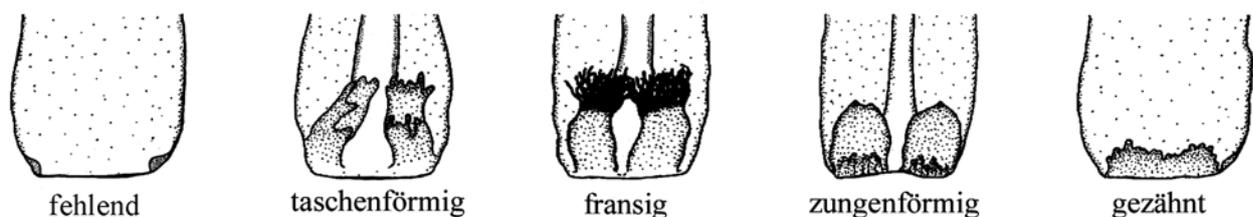


Abb. 3: Typen von Petalenanhängseln bei Vertretern der Bromelioideae (verändert nach Benzig 2000).

2.6.1.4 Papillen

Obwohl die Petalen nicht im Fokus der Untersuchung stehen, wird die Struktur ihrer Oberfläche hier als wichtiges Merkmal aufgenommen, weil in den angefertigten Schnittpräparaten der Blüten z. T. auffallende Papillen auf den Petalen leicht zu beobachten waren. Es können zwei deutlich verschiedene Papillenformen unterschieden werden (Abb. 4):

(0) Papillenform Spitz: Die Papillen tragenden Zellen sind im Mittel bis auf eine Höhe von 60% unterhalb der Spitze voneinander getrennt.

(1) Papillenform Stumpf: Die Papillen tragenden Zellen sind im Mittel bis auf eine Höhe von 25% unterhalb der Spitze voneinander getrennt.

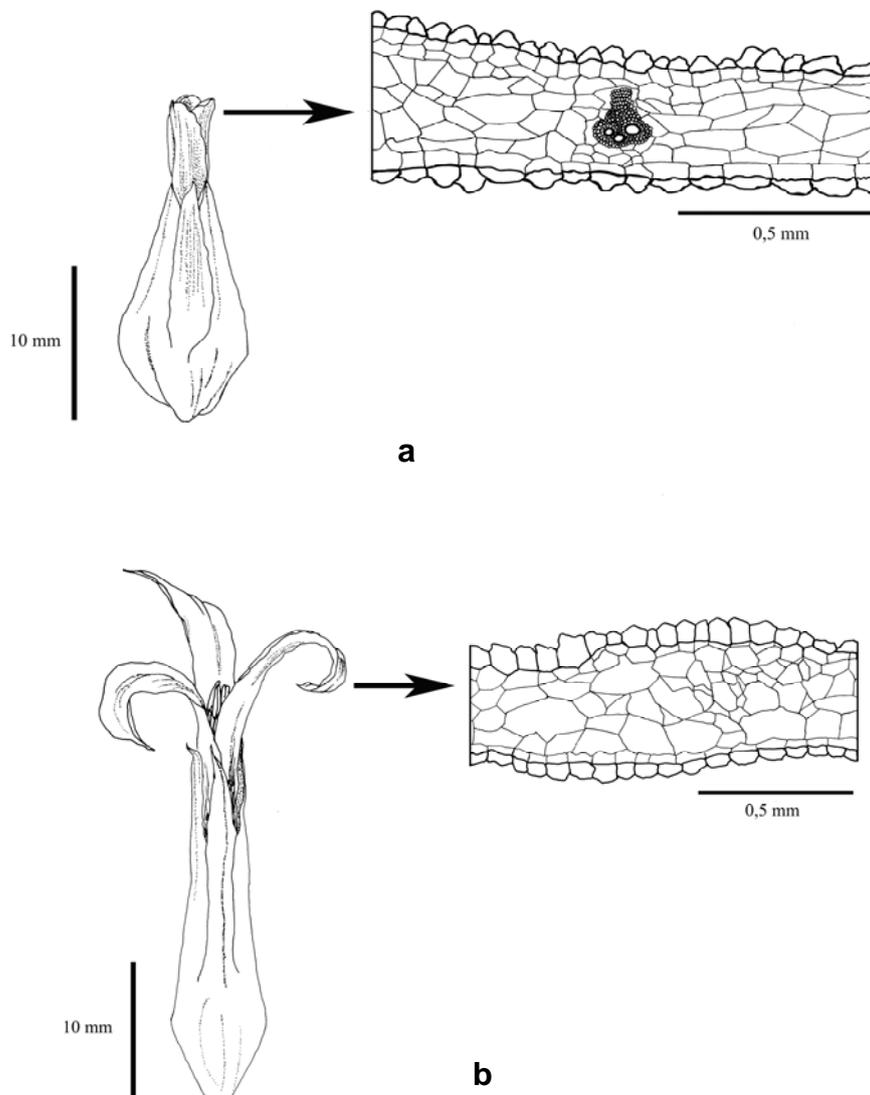


Abb 4: a) spitze Papillen bei *Acanthostachys strobilacea*. b) stumpfe Papillen bei *Acanthostachys pitcairnioides*.

2.6.2 Trichome

Bei Tillandsioiden werden sowohl die Verteilung als auch die Form der Trichome als wichtige systematische Merkmale auf der Gattungsebene berücksichtigt. (TIETZE 1905, SOLEREDER 1920, TOMLINSON 1969). In der Vergangenheit wurden auch bei Bromelioideae beide Merkmale für die Unterscheidung von Gattungen verwendet (SOLEREDER 1920). Selbst innerhalb eine Pflanze können diese Merkmale aber so variabel sein, dass ihre Verwendung für die Systematik der Bromelioideae in frage gestellt werden muss (TIETZE 1969). Im

Rahmen meiner Untersuchung stellte sich aber heraus, dass sowohl die Dichte der Trichome auf dem Fruchtknoten als auch die Länge der Trichomfortsätze nicht nur innerhalb eine Pflanze konstant bleiben, sondern auch innerhalb einiger Gattungen, bzw. Untergattungen von diagnostischem Wert sein können.

2.6.2.1 Verteilungstypen

Bei der Verteilung der Trichome auf der Fruchtknotenwand wurden drei unterschiedliche Typen beobachtet:

- (0) Kahl: Trichome fehlen.
- (1) Zerstreut: die Mehrzahl der Trichomfortsätze berührt sich nicht und Teile der Fruchtknotenwand bleiben in Aufsicht erkennbar.
- (2) Dicht: die Mehrzahl der Trichomfortsätze berührt sich, und die Fruchtknotenwand ist vollständig unter den Trichomfortsätzen verborgen.

2.6.2.2 Gestalt der Fortsätze

Anhand der Gestalt der Trichomfortsätze wurden zwei Untertypen der sternförmigen Trichome unterschieden (Abb. 18):

- (0) Die Trichomfortsätze haben einen Längen-Breiten Quotient $\leq 10:1$.
- (1) Die Trichomfortsätze haben einen Längen-Breiten Quotient $> 10:1$.

2.6.3 Fruchtknoten

2.6.3.1 Lage

Um eine klare Unterscheidung zwischen der Bromelioideae und die Pitcairnioideae (Außengruppe der phylogenetische Analyse) zu ermöglichen, wurden zwei Zustände definiert:

- (0) Oberständiger Fruchtknoten, (1) Unterständiger Fruchtknoten.

2.6.3.2 Größe

Am Fruchtknoten selbst wurden zwei Messungen durchgeführt: Länge und Breite, wobei die Messungen ohne Berücksichtigung der epigynen Röhre durchgeführt wurden (Abb.5). Der Einfachheit halber wird für diesen Bereich (Fruchtknoten im engeren Sinne, ohne epigyne Röhre) stets der Begriff Fruchtknoten verwendet. Die Länge des Fruchtknotens wurde von der Blütenbasis bis zur Griffelbasis gemessen. Die Breite wurde an der breitesten Stellen des Fruchtknotens ermittelt.

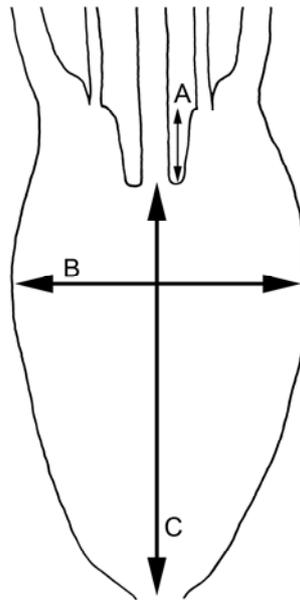


Abb. 5: Schematische Abbildung der gemessenen Größen am Fruchtknoten. A = Länge der epigynen Röhre, B = Fruchtknotenbreite, C = Fruchtknotenlänge.

2.6.3.3 Umriss des Querschnittes

Hier wurden drei Zustände definiert:

(0) dreieckig, (1) rundlich, (2) viereckig (Abb 6).

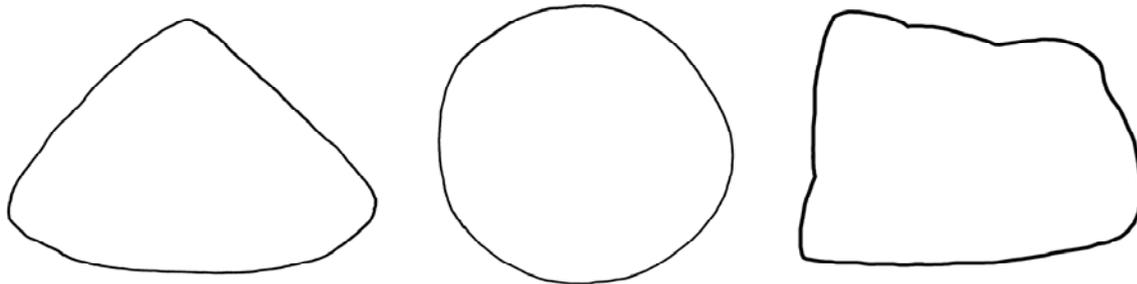


Abb. 6: Schematische Abbildung der Umrisse von Fruchtknotenquerschnitten. Von links nach rechts: dreieckig, rundlich, viereckig.

2.6.3.4 Umriss des Längsschnittes

Die Beschreibung der Fruchtknotenform im Längsschnitt basiert auf den vom *Systematics Association Committee for descriptive Biological Terminology* (1962) eingeführten

Begriffssystem. Für die untersuchten Taxa werden folgende Begriffe verwendet:

(0) rundlich, (1) elliptisch, (2) eiförmig, (3) umgekehrt eiförmig, (4) rechteckig.

2.6.3.5 Flügel

Dreieckige Fruchtknoten können lateral mehr oder weniger ausgezogen sein, die Fruchtknoten sind dadurch auf ihrer gesamten Länge kurz bzw. lang geflügelt. Es wurden zwei Zustände definiert:

(0) Flügel fehlend, (1) Flügel vorhanden (Abb. 7).

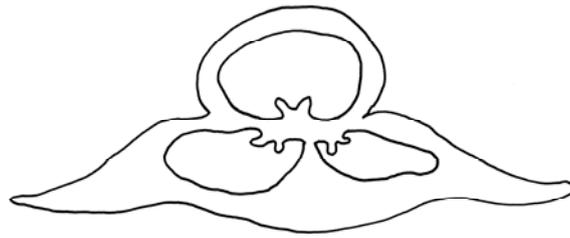


Abb. 7: Schematische Abbildung eines geflügelten Fruchtknoten im Querschnitt.

2.6.3.6 Rinnen

Als Fruchtknotenrinnen werden hier linienartige Strukturen des Fruchtknotens bezeichnet. Die Rinnen können sowohl bei dreieckigen als auch rundlichen Fruchtknotenformen auftreten. Die Rinnen wurden sowohl hinsichtlich ihrer Lage in Bezug auf die Fruchtfächer als auch ihrer relativen Tiefe in Bezug auf den Fruchtknotendurchmesser klassifiziert.

Lage

Bei der Lage der Rinnen wurden drei Zustände definiert:

- (0) Fehlende Rinnen: die Fruchtknotenwand ist rinnenfrei.
- (1) Septalrinnen: die Rinnen liegen direkt über den Fruchtfachsepten (Abb. 8c).
- (2) Fruchtfachrinnen: die Rinnen liegen über den Fruchtfächern (Abb. 8b).

Tiefe

Bei der Tiefe der Rinnen wurden drei Zustände definiert:

- (0) tiefe Rinnen: werden durch einen Quotienten aus absoluter Rinnentiefe und Fruchtknotendurchmesser (ohne Flügel) $\gg 1:2$ gekennzeichnet. Besonders tiefe Rinnen bewirken eine geflügelte Gestalt des Fruchtknotens (Abb. 8a).
- (1) flache Rinnen: werden durch einen Quotienten aus absoluter Rinnentiefe und Fruchtknotendurchmesser $\leq 1:2$ definiert (Abb. 8b).

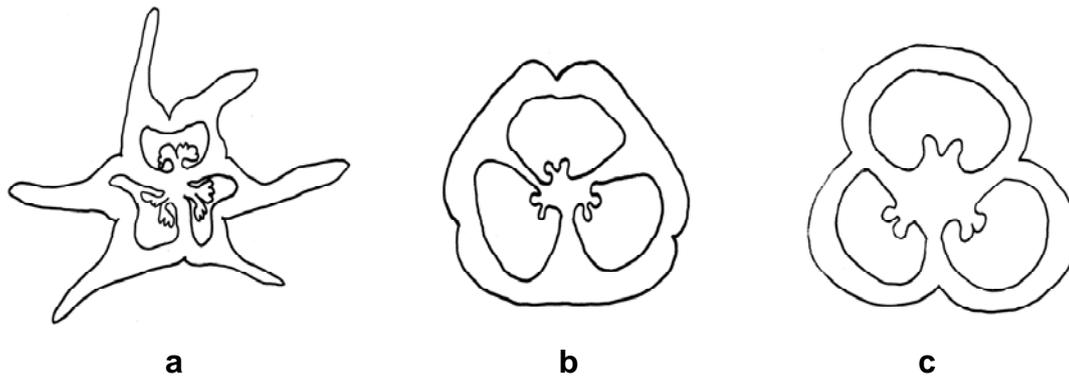


Abb. 8: Fruchtknotenrinnen. Schemazeichnungen tiefer (a) und flacher (b) Fruchtfachrinnen sowie von Septalrinnen (c). Der in (a) dargestellte Fruchtknotenurmriss zeigt sowohl Fruchtfach- als auch Septalrinnen.

2.6.3.7 Warzen

Als Fruchtknotenwarzen werden kegelförmige Auswüchse der äußeren Fruchtknotenwand, die maximal 0,25 mm hoch werden, bezeichnet.

2.6.3.8 Epigyne Röhre

Der oberen Rand des Fruchtknotens ist über dem unterständigen Fruchtknoten meist zylindrisch, trichter- oder becherartig verlängert. Diese Struktur bildet die sogenannte epigyne Röhre (MEZ, 1896), in welche der Nektar ausgeschieden wird. Die Länge der epigyner Röhre entspricht dem Abstand von der Basis des Griffels bis zum unteren Ende der Antheren (Abb. 5).

2.6.3.9 Septalnektarien

An den Septalnektarien wurde in Anlehnung an BÖHME (1988) die Höhe der Nektarien als der Abstand zwischen der Drüsenbasis und dem Drüsenscheitel gemessen. Während die Höhe der Septalnektarien leicht an Längsschnitten des Fruchtknotens ermittelt werden kann, sind für die Analyse der Form in Querschnitt Serienschnitten erforderlich die aber nur für einen kleinen Teil der untersuchten Taxa angefertigt werden konnten. Aus diesem Grund wird nur die Höhe der Septalnektarien berücksichtigt.

2.6.4 Samenanlagen

Bei den Samenpflanzen wird der weibliche Gametophyt (Embryosack) vom Nucellus und ein oder zwei Integumenten umhüllt. Gemeinsam mit dem Funikulus stellen diese Strukturen die Samenanlage dar, die sich später zum Samen entwickelt. Im Samenanlagenbereich wurden folgende Merkmale differenziert:

2.6.4.1 Anzahl pro Fruchtfach

Je nach Anzahl der Samenanlagen pro Fruchtfach wurden fünf Merkmalszustände definiert:

(0) 2, (1) 4-9, (2) 10-15, (3) 16-30, (4) 30-40, (5) >40.

2.6.4.2 Verteilungsdichte

Die Verteilungsdichte der Samenanlagen ist spezifisch für bestimmte Gruppen der Bromelioideae. Die Klassifizierung der Verteilungsdichten kann in Einzelfällen Schwierigkeiten bereiten. Daher wurden nur zwei immer gut trennbare Merkmalszustände unterschieden:

(0) Locker: die Samenanlagen berühren sich selten oder gar nicht.

(1) Gedrängt: die Samenanlagen berühren stets ihre Nachbarn.

2.6.4.3 Orientierung

Die Orientierung der Samenanlage wurde am Längsschnitt im Fruchtknotenbereich bestimmt.

Es wurden vier verschiedene Formen unterschieden:

(0) apotrop: die Längsachse der Samenanlagen zeigen in die Richtung der Fruchtknotenbasis und nehmen dabei einen Winkel von weniger als 75° zur Fruchtknotenachse ein (Abb. 9a).

(1) heterotrop: die Samenanlagen verteilen sich mit wechselnden Insertionswinkeln wie ein Fächer über die Plazenta (Abb. 8b).

(2) waagrecht: die Längsachsen der Samenanlagen stehen alle annähernd rechtwinklig (75° - 90°) zur Fruchtknotenachse (Abb. 8c).

(3) epitrop: die Samenanlagen hängen mit ventraler Raphe, bzw. aufrecht mit dorsaler Raphe (Abb. 8d).

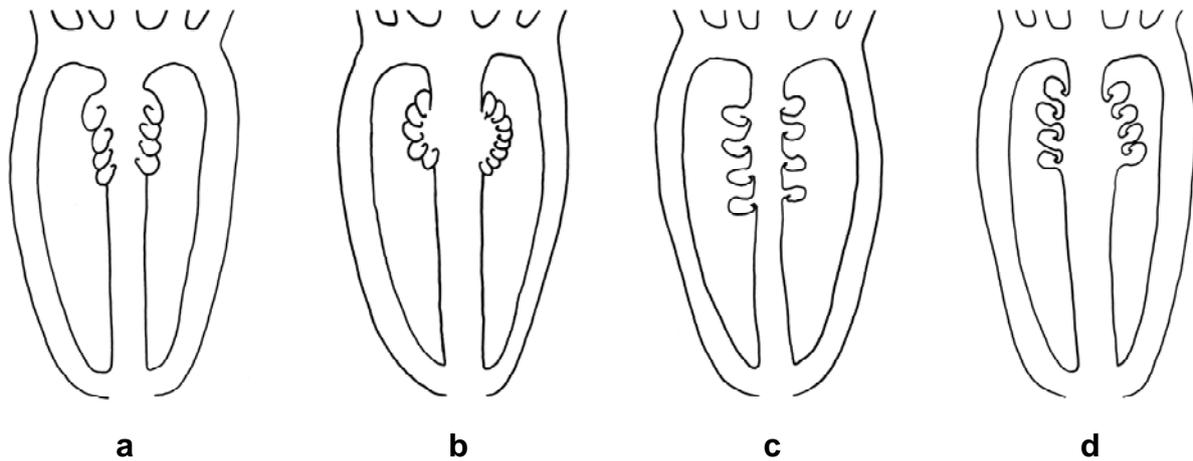


Abb. 9: Schematisierte Längsschnitt im Fruchtknotenbereich mit unterschiedlichen Typen der Samenanlagen-Orientierung: (a) apotrop, (b) heterotrop, (c) waagrecht, (d) epitrop.

2.6.4.4 Lage der obersten Samenanlagen im Fruchtfach

Die oberen Teile der Fruchtfächer sind entweder frei oder bis nahe der Spitze mit Samenanlagen bedeckt. Je nach der Anordnung der Samenanlagen im Fruchtfach wurden zusätzlich vier verschiedene Gruppen gebildet:

(0) apikal: Die oberste Samenanlage inseriert unmittelbar unter der Fruchtfachdecke (Abb. 10a).

(1) subapikal: Zwischen der Insertionsstelle der obersten Samenanlage und der Fruchtfachdecke liegt ein deutlich erkennbarer Zwischenraum. Dieser Zwischenraum bleibt kleiner als 30% der Länge der Fruchtknotenachse. (Abb. 10b)

(2) zentral: Zwischen der Insertionsstelle der obersten Samenanlage und der Fruchtfachdecke liegt ein ausgedehnter Zwischenraum, der sich über mehr als 30% der Länge der Fruchtknotenachse erstreckt (Abb. 10c).

2.6.4.5 Bedeckung der Fruchtknotenachse

Der Bereich der Fruchtknotenachse, auf dem die Samenanlagen verankert sind, schwankt in seiner Ausdehnung bei verschiedenen Bromelioideae erheblich. Für die Parsimonyanalyse wurde zwischen zwei Merkmalszuständen unterschieden:

(0): Die Länge des Abschnittes der Fruchtknotenachse auf der Samenanlagen inserieren bedeckten beträgt $<70\%$ (Abb. 10a-c)

(1): Die Länge des Abschnittes der Fruchtknotenachse auf der Samenanlagen inserieren bedeckten beträgt $\geq 70\%$ (Abb. 10d).

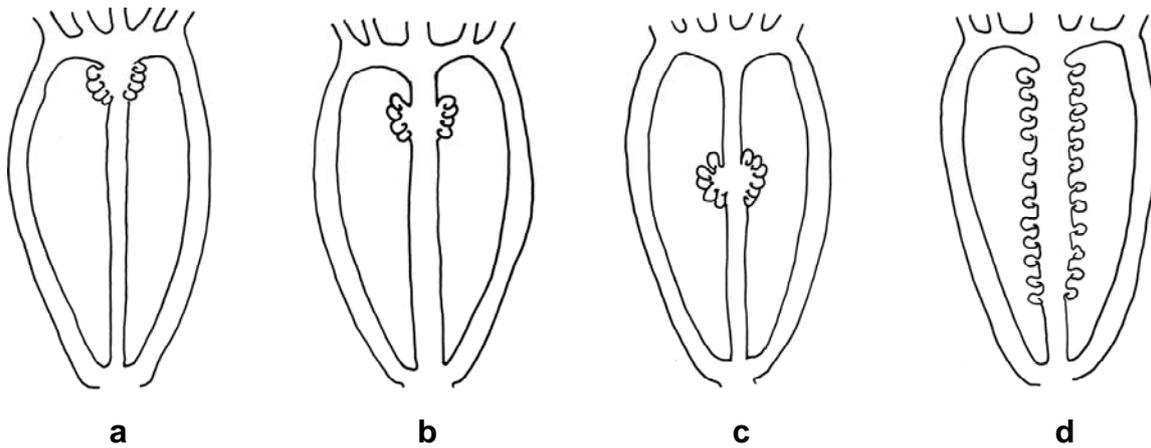


Abb. 10: Schematisierte Längsschnitte des Fruchtknotenbereiches mit unterschiedlichen Formen der Samenanlagenverteilung und Bedeckungsgraden des Fruchtknotensachse. Samenanlagenverteilung in (a): apikal, (b): subapikal, (c): zentral; Bedeckung der Fruchtknotensachse in (a)-(c): < 70%; Bedeckung der Fruchtknotensachse in (d): >70%.

2.6.4.6 Größe

An jeder Samenanlage wurden folgende Messungen durchgeführt:

Die Länge wurde von der Funikulusbasis bis zum oberen Ende der Chalaza gemessen. Die Breite wurde an der breitesten Stellen der Samenanlage gemessen (Abb.11).

2.6.4.7 Länge der Anhängsel

Die Länge wurde vom apikalen Ende der Chalaza bis zur Spitze der Anhängsel gemessen (Abb. 11). Für die Ermittlung der Länge bei den spiralförmigen Samenanlagen-Anhängseln von *Acanthostachys pitcairnioides* wurde die folgende Formel zur Berechnung der Anhängsellänge entwickelt:

$$2 \pi r = u ; 2 \pi r' = u' ; 2 \pi r'' = u'' \Rightarrow 2 \pi (r + r' + r'') = \sum u$$

Die Radien der Windungen der Samenanlagen- Anhängsel erweisen sich im Lichtmikroskop sowie am REM als gleichmäßig, fast federartig. Deswegen konnte die Anzahl der Drehungen gezählt, der Radius gemessen und die Länge der einzelnen Windungen kalkuliert werden. Der Wert $\sum u$ ist die gesamte Länge der Samenanlagen- Anhängsel.

2.6.4.8 Breite der Anhängsel

Die Breite wurde an der breitesten Stelle der Samenanlagenanhängsel gemessen (Abb. 11).

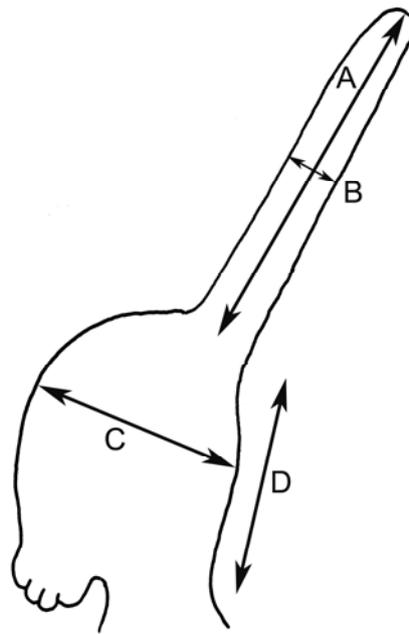


Abb. 11: Schematisierte Seitenansicht einer Samenanlage mit Anhängsel. A = Anhängsellänge, B = Anhängselbreite, C= Samenanlagenlänge, D= Samenanlagenbreite.

2.6.4.9 Anhängselform

Chalazale Anhängsel sind für einige Arten der Bromelioideae kennzeichnend. Es können vier deutlich verschiedene Anhängselformen unterschieden werden:

(0) Gerade: Das Anhängsel ist gestreckt (Abb. 12a).

(1) Gebogen: Das Anhängsel ist mehr oder weniger stark gebogen (Abb. 12b).

(2) mehrfach gewunden: Das Anhängsel ist entweder schneckenhausartig in einer Ebene gedreht oder es ist spiralförmig gedreht, so dass eine korkenzieherähnliche Gestalt entsteht (Abb. 12c-d).

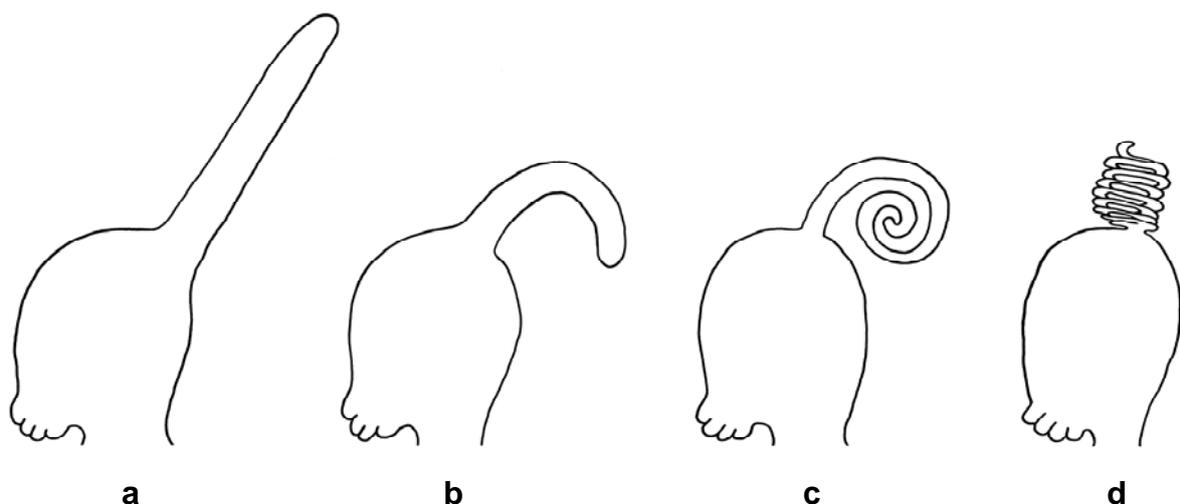


Abb. 12: Schematisierte Abbildung der Formen von Samenanlagen- Anhängseln. a) gerade, b) gebogen, c)-d) mehrfach gewunden.

2.6.4.10 Funikulus

Der Funikulus stellt die Verbindung der Plazenta mit der Samenanlage her. Er ist in seinem oberen Teil mit der Samenanlage verwachsen. Seine Basis kann auf einer mehr oder weniger langen Strecke frei liegen und eine stielartige Struktur zwischen Samenanlage und Plazenta bilden. Die Länge der Funikulusbasis wurde auf der der Mikropyle abgewandten Seite des Funikulus von der Plazentaverankerung bis zum Beginn der Krümmung der Samenanlage gemessen und in μm angegeben. Die Breite der Funikulusbasis wurde in der Mitte des Funikulus gemessen (Abb. 13).

2.6.4.11 Mikropyle

Als Mikropyle wird der vom inneren Integument ausgesparte Kanal bezeichnet, durch den der Pollenschlauch zum Nucellus gelangen kann. Zur Ermittlung der Mikropylenlänge wurde die Strecke von der Öffnung der Mikropyle bis zum Nucellus gemessen (Abb. 13).

2.6.4.12 Gesamtdicke der Integumente

Die Integumente bilden die äußeren, sterilen Hüllen der Samenanlage. Sie umschließen den Nucellus fast vollständig und lassen nur die Mikropyle frei. Die Samenanlagen der Bromelioideae sind bitegmisch. Bei der Datenerhebung wurden inneres und äusseres Integument im mittleren Bereich der Samenanlage separat vermessen (Abb. 13). Im Zuge der Datenauswertung stellte es sich heraus, dass beide Werte eng miteinander korrelieren. Für die weitere Auswertung wurden daher beide Werte addiert und als Gesamtdicke der Integumente behandelt.

2.6.4.13 Dicke des inneren Integumentes in Höhe der Nucellusapex (DIIN)

Diese Messung beschreibt die maximale Ausdehnung des inneren Integumentes in dem Bereich, der den Durchgang der Mikropyle zum Nucellus ermöglicht. Während sich die Dicke des äußerem Integumentes im Vergleich zu den mittleren Teilen der Samenanlage hier nur wenig ändert, werden taxonspezifische, teils beträchtliche Unterschiede des inneren Integumentes im Vergleich zu den mittleren Teilen der Samenanlage beobachtet (Abb. 13). Nur in der Höhe des Nucellusapex sind die Dimensionen von innerem und äußerem Integument nicht von einander abhängig.

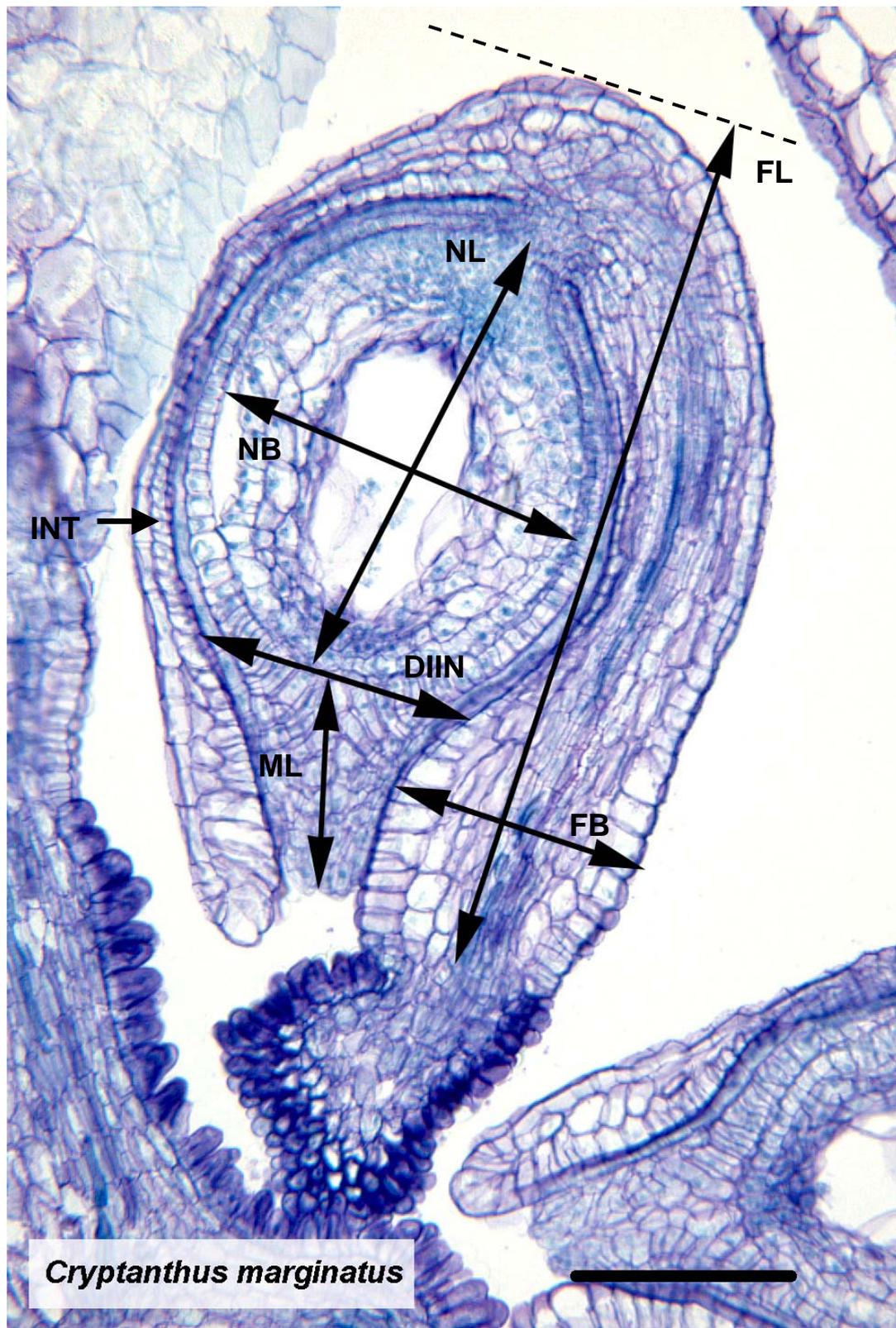


Abb. 13: Lage der Messtellen morphologischer Merkmale an einer Samenanlage ohne Anhängsel. NL: Nucelluslänge, NB: Nucellusbreite, INT: Messtelle der Integumente, ML: Micropylelänge, DIIN: Dicke des inneren Integumentes in Höhe des Nucellusapex, FL: Funiculuslänge, FB: Funiculusbreite. Länge des Maßstabes: 100 μm .

2.6.4.14 Nucellus

Der Nucellus ist der innere, den Embryosack umgebende Bereich der Samenanlage.

Die Länge des Nucellus wurde vom Ende der Mikropyle bis zum Chalazalbereich gemessen

Die Breite des Nucellus wurde im mittleren Bereich des Nucellus gemessen (Abb. 13).

2.6.5 Plazenta

2.6.5.1 Furchung

Die zentralwinkelständigen Plazenten sind im Querschnitt stets durch eine tiefe Rinne geteilt.

Bei einem Teil der Arten ist keine weitere Zerteilung der Plazentaoberfläche gegeben. Bei den meisten Arten dagegen ist jeder Plazentateil zusätzlich mit flachen Furchen ausgestattet. Die Samenanlagen befinden sich ausschließlich auf den durch die Furchung entstehenden Leisten (Abb. 14). Es können fünf deutlich verschiedenen Formen der Plazentafurchungen

unterschieden werden: (0) fehlend, (1) eins, (2) zwei, (3) drei, (4) vier.

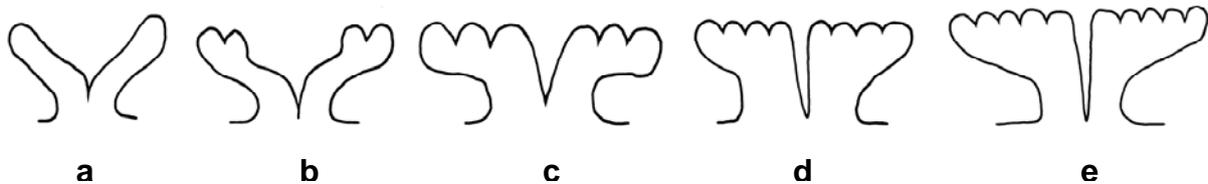


Abb. 14: Schematisierte Abbildungen von Plazenten mit unterschiedlicher Anzahl von Furchen auf den Plazentahälften. a) fehlende Furchung der Plazentahälften; in b) eine, in c) zwei, in d) drei, und in e) vier Furchen auf jeder Hälfte.

2.6.5.2 Größe der Zellen

Hier wurden am Funiculusansatz jeweils fünf Zellen der äußeren Plazentaschichten gemessen.

Die Länge wurde von den Zellenbasis bis zur Zellenspitze gemessen und in μm angegeben.

Die Breite der Plazentazellen wurde an der breitesten Stelle der Zelle gemessen.

2.6.6 Ergänzende Merkmale aus Literaturquellen

Um den Merkmalskatalog zu erweitern, wurde die Ausprägung folgender Merkmale aus der Literatur entnommen:

2.6.6.1 Früchte

Nach SMITH & DOWNS (1979) entwickeln alle Vertreter der Unterfamilie Bromelioideae aus unterständigen Fruchtknoten Beeren als Früchte. Die als Außengruppe gewählten Vertreter der Unterfamilie Pitcairnioideae dagegen bilden aus oberständigen Fruchtknoten trockene Kapseln. Die Merkmalszustände wurden als (0) Beeren und (0) Kapseln definiert.

2.6.6.2 Standort

Die Angaben zu den Standorten wurden aus SMITH & DOWNS (1979) sowie aus BENZIG (1980, 2000) und LEME (1997, 2000) entnommen. Folgende Standortstypen wurden unterschieden: (0) terrestrisch sonnig, (1) terrestrisch schattig, (2) epiphytisch, sonnig, (3) epiphytisch, schattig.

2.6.6.3 Pollen

Information zur Oberflächenstruktur der Pollenkörner wurden aus folgenden Quellen entnommen: EHLER & SCHILL (1973), ERDMAN & PRAGLOWSKI (1974), WANDERLEY & MELHEM (1991), HALBRITTER (1992), SOUSA et al. (1997), Faria et al. (2004). Folgende Merkmalszustände wurden nach dem Muster von FARIA et al. (2004) unterschieden: (0) geschlossen, (1) sulcat, (2) zweiporig, (3) dreiporig, (4) vier- oder mehrporig, (5) zwei- und dreiporig.

2.6.6.4 Bestäuber

Informationen über die Bestäuber der Bromelioideae sind je nach Artengruppe und Quelle sehr unterschiedlich präzise. Ausgewertet wurden die Arbeiten von FAEGRI et al. (1979), LINHART et al. (1987), BERNARDELLO et al. (1990), SIQUEIRA FILHO (1998), BENZIG (2000), LEME (1997, 1998, 2000), SAZIMA et al. (1999, 2000), BUZATO et al. (2000), KESSLER et al. (2000), RAMIREZ (2001), FERREIRA et al. (2003), CANELA et al. (2003, 2005), KAEHLER et al. (2005), SMITH-RAMIREZ et al. (2005), KRÖMER et al. (2006). Um eine auf alle untersuchten Taxa anwendbare Klassifizierung zu ermöglichen, wurde eine relativ grobe Einteilung der Bestäuber in zwei Gruppen vorgenommen: (0) Insekten, (1) Vögel.

2.6.6.5 Phytotelmata

Viele der Infloreszenzen von Bromelioideae entwickeln sich nicht frei dem Umgebungsklima ausgesetzt am Schaft, sondern \pm weniger tief eingesenkt in die Blattrosette. Ist diese auch noch in der Lage Wasser zu sammeln (Phytotelmata), so entsteht ein zeitweise dramatisch von der Umgebung verschiedenes (wässriges) Milieu, in dem sich die Infloreszenz entwickelt. Aus diesem Grund ist die Ausbildung von Phytotelmata mindestens ebenso wichtig für das Verständnis der ökologischen Bedingungen unter denen die Infloreszenz heranreift, wie der Standort der Pflanze als ganzem. Die Präsenz von Phytotelmata wurde durch eigene

Beobachtungen ermittelt und durch Literaturangaben ergänzt (KESSLER 2002, FARIA et al. 2004). Zwei Merkmalszustände wurden definiert:

(0) fehlende Phytothelmata und (1) vorhandene Phytothelmata.

2.6.6.6 Photosynthesetyp

Die Photosynthesetypen wurden der Arbeit von CRAYN et al. (2004) und SCHULTE et al. (2005) entnommen. Es wurde unterschieden zwischen den Merkmalszuständen:

(0) ausschließlich C3-Metabolismus und (1) Fähigkeit zu CAM vorhanden.

2.6.6.7 Arealtypen

Die Vertreter der Bromelioideae sind in den Neotropen weit verbreitet, von Süden Nordamerika bis Argentinien und Chile. Die Verbreitung der hier untersuchten Arten wurde aus SMITH & DOWNS (1979) sowie SCHULTE et al. (2005) entnommen. Für die später beschriebenen Gattungen und Arten wurde die Database VAST vom Missouri Botanischer Garden konsultiert (<http://www.mobot.mobot.org/W3T/Search/vast.html>). Es wurden folgende Arealtypen unterschieden: (0) Neotropisch, (1) nord- brasilianisch, (2) nord-südamerikanisch -inklusive Antillen-, (3) süd west- und ost- südamerikanisch, (4) zentral-Andin, (5) chilenisch –Küstenebene-,(6) mittelamerikanisch.

2.7 Statistische Analyse und grafische Darstellung

Alle statistischen Prozeduren wurden mit dem Programm Statistica6.0 für Windows durchgeführt.

Für die deskriptive Darstellung der morphometrischen Untersuchungsergebnisse wurden Histogramme sowie Streudiagramme verwendet. Boxplots dienen zur Darstellung der innerartlichen Variabilität ausgewählter Merkmale.

Das Hauptziel der Arbeit war es, größere Verwandtschaftsgruppen (Gattungen und Gattungsgruppen) innerhalb der Unterfamilie Bromelioideae anhand morphologischer Merkmale zu umgrenzen. Dazu wurden einerseits morphologische Merkmalszustände mit Hilfe des Programmes MESQUITE1.12 auf vorhandene Topologien möglicher Verwandtschaftsverhältnisse mit molekularen Daten (entnommen aus HORRES et al. 2003) als Grundlage geplottet und ihre Verteilung interpretiert. Als weiterer Ansatz wurden Parsimonieanalysen morphologischer und gemischt morphologisch-ökologischer Datensätze durchgeführt (siehe unten). Entscheidend für die Qualität der Parsimonieanalysen ist es, dass

die Merkmale unabhängig voneinander sind. Die Unabhängigkeit der Merkmale lässt sich bei qualitativen Merkmalen meist leichter erschließen als bei rein quantitativen Merkmalen. Mögliche funktionale Kopplungen verschiedener quantitativer Merkmale sollten daher über die Berechnung Paarweiser Korrelationskoeffizienten erschlossen werden. Um hier Verzerrungen durch weit von den übrigen Messwerten entfernte Ausreißerdaten zu vermeiden, wurde zuvor eine Hauptkomponentenanalyse mit den einzelnen Replikas der untersuchten Pflanzen als Fällen und den Merkmalen als Variablen durchgeführt. Die Projektion der Variablen auf die aus der 1. und 2. Faktorenachse gebildeten Ebene gibt bereits erste Hinweise auf Variablen, die eine enge Kopplung aufweisen können (Abb. 15). In einem zweiten Schritt wurden die untersuchten Replikas der bearbeiteten Arten auf die aus der 1. und 2. Faktorenachse gebildeten Ebene projiziert. Das Resultat dieser Projektion wird im Ergebnisteil näher behandelt.

Ein wesentliches Problem in der PCA können *missing data* bilden, da diesen entweder durch das fallweise Eliminieren der Eintragungen für ganze Taxa oder über die Errechnung von Mittelwerten als *Dummy*-Werten begegnet werden muss. Im vorliegenden Fall wurde das Problem auf verschiedene Weise gelöst. Der Funikulus fehlt unter den Bromelioideae nur bei *Deinacanthon urbanianum*, also bei weniger als 1% der insgesamt untersuchten Taxa. In diesem Fall wurden die *missing data* durch den Mittelwert der für alle übrigen Taxa gemessenen Werte ersetzt. Das selbe Verfahren wurde für die beiden *Ananas*-Arten angewandt, bei denen die Verschmelzung der Fruchtknoten eine exakte Messung der Fruchtknotenlänge unmöglich macht.

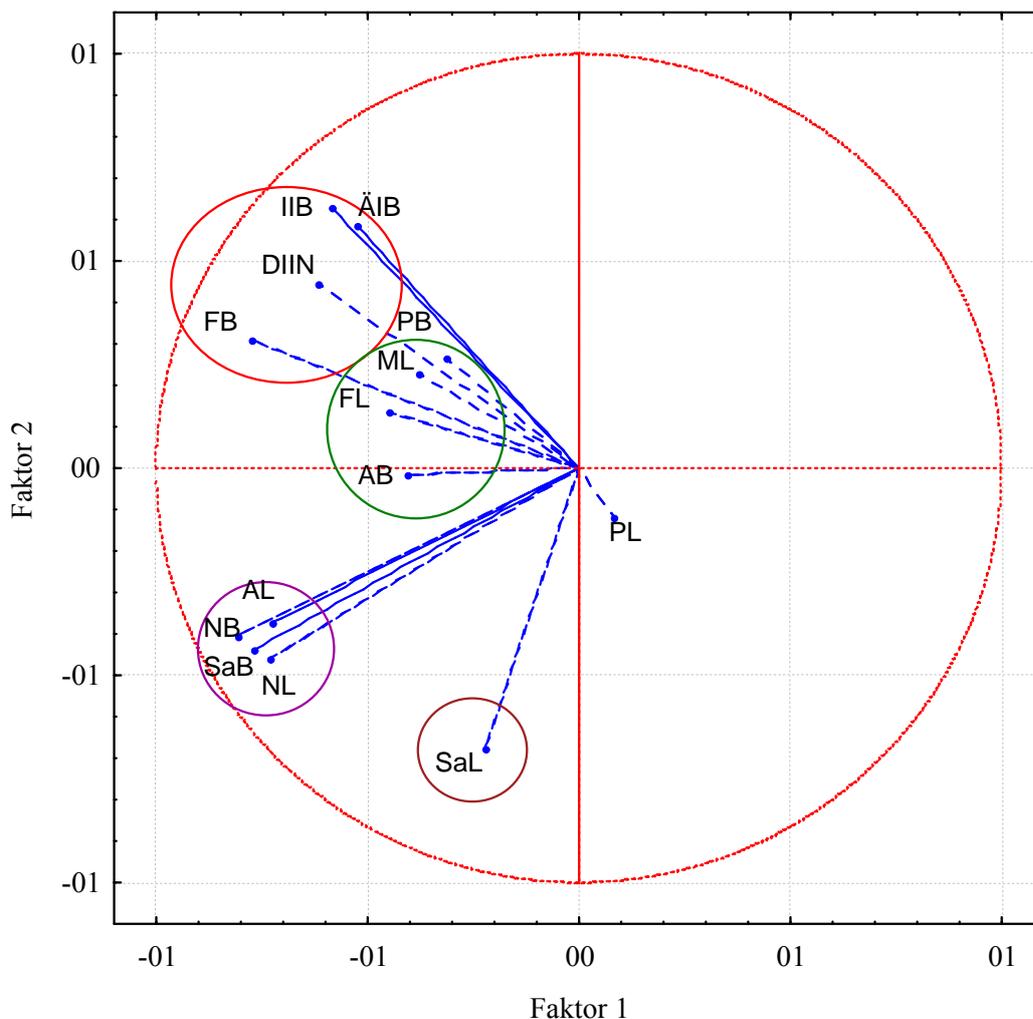


Abb 15: PCA mit morphologischen Merkmalen als Variablen und den Meßwerten der untersuchten Bromelien als Fällen. Projektion der Merkmalsvariablen auf die aus den Faktoren 1 und 2 gebildete Ebene. AB = Samenanlagenanhängselbreite, AL = S.-Anhängsellänge, ÄIB = Breite des äusseren Integumentes, IIB = Breite des Inneren Integumentes im mittleren Bereich der Samenanlage, DIIN = Dicke des Inneren Integumentes in Höhe des Nucellus, FB = Funikulusbreite, FL = Funikuluslänge, NB = Nucellusbreite, NL = Nucelluslänge, SaL = Samenanlagenlänge, SaB = Samenanlagenbreite, PB = Plazentazellenbreite, PL = Plazentazellenlänge.

Gravierendere Auswirkungen hätten sich durch das Fehlen der Samenanlagenanhängsel bei einer Vielzahl von Arten ergeben können. Für die Arten ohne Samenanlagenanhängsel wurde dahe als Meßwerte für dieses Merkmal betreffende Teilstrukturen als Nullwerte eingesetzt.

Die Ergebnisse dieser Analyse sind in Abb. 15 (Projektion der Merkmalsvariablen auf die Faktorenachsen) sowie im Ergebnisteil in Abb. 41 (Projektion der Messreplika jeder Art auf die Ebene der auf die Faktorenachsen) dargestellt. Nach Ausschluss der Messwerte für stark von den übrigen Bromelioideae abweichenden Taxa (hier *Acanthostachys pitcairnoides*) erfolgte die paarweise Berechnung der Korrelationskoeffizienten. Merkmalspaare, die einen hohen ($r > 0.6$) oder sehr hohen ($r > 0.8$) Korrelationskoeffizienten bei einem Signifikanzniveau von < 0.001 erreichten, wurden einer eingehenden Diskussion hinsichtlich möglicher

funktionaler Beziehungen unterzogen. Für die anschließende Parsimonieanalyse wurde dann nur eines der gekoppelten Merkmale verwendet, um Pseudoreplikationen zu vermeiden. Zusätzlich wurde abschließend überprüft, ob und wie stark die Merkmale innerhalb der einzelnen Gattungen schwanken. Merkmale, deren Merkmalsausprägung in mehreren Gattungen selbst bei nah verwandten Arten stark schwankt wurden ebenfalls aus dem Datensatz für die Parsimonieanalyse entfernt. Dies betraf die Merkmale Mikropylenbreite, Nucellusbreite, Plazentazellenlänge und den Quotienten aus Plazentazellenbreite und –länge.

2.8 Parsimonieanalyse

Die Parsimonieanalyse stellt den Kernansatz zur Aufdeckung verwandtschaftlicher Beziehungen in dieser Arbeit dar. Dieser Ansatz (engl. *maximum parsimony*) folgt dem Prinzip der sparsamsten Erklärung. Konkret wird er für die Suche nach der minimalen Anzahl von Evolutionsschritten angewendet, die bei einem zugrunde gelegten Stammbaum erforderlich sind, um die beobachtete Merkmalsverteilung bei den untersuchten Taxa zu erklären. Ausgehend von einer minimalen Anzahl von vier Taxa werden für alle möglichen Topologien die Merkmalsmuster der Vorfahren an allen Verzweigungsknoten rekonstruiert. Wenn für alle Verzweigungsknoten des Baumes die Merkmalsmuster rekonstruiert sind, werden die Evolutionsschritte gezählt, die für das Zustandekommen des vorliegenden Baumes erforderlich sind. Die Anzahl erforderlicher Evolutionsschritte für alle Bäume wird anschließend verglichen. Der Baum mit der geringsten Anzahl solcher Schritte gilt als der sparsamste Baum und wird deshalb favorisiert. Anschließend wird die Anzahl der Taxa vergrößert und die Suche nach dem „sparsamsten“ (*most parsimonious*) Baum wiederholt bis alle Taxa in die Analyse eingegangen sind. Als Resultat können mehrere (oder sehr viele) gleichermaßen sparsamste Bäume resultieren, die sich in ihrer Verzweigungsstruktur in Details unterscheiden können. In derartigen Fällen wird ein Konsensbaum erstellt, in dem nur die Gruppierungen wiedergegeben werden, die in der Mehrzahl der ermittelten Bäume auftreten (mehr als 50% im *Majority-Rule 50%-consensus* Baum, 100% im *strict consensus* Baum). Zur Beurteilung der Stabilität einer Parsimonieanalyse wird das Bootstrapverfahren verwendet, welches aus einem vorliegenden Datensatz eine große Anzahl modifizierter Datensätze erzeugt. Die Modifikation besteht darin, dass zufällig einige Merkmalsvariablen aus dem Datensatz eliminiert und durch Kopien anderer Merkmalsvariablen des selben Datensatz ersetzt werden. Für jeden dieser veränderten Datensätze wird anschließend der sparsamste Baum (bzw. die sparsamsten Bäume) ermittelt. Das Ausmaß des Einflusses der

einzelnen Merkmale auf den ermittelten Baum wird auf diese Weise variiert. Schließlich wird für jede Gruppierung von Taxa ausgezählt, wie häufig sie in den ermittelten Bäume auftritt. Dabei ist die Annahme, dass eine Gruppierung eine monophyletische Gruppe ist, um so besser gestützt, je häufiger sie in den ermittelten Bäumen auftaucht. Diese Häufigkeit, welche in der Regel als Prozentwert angegeben wird, ist der sogenannte Bootstrapwert. Per Übereinkunft wird davon ausgegangen, dass ein Bootstrapwert von mindestens 75-80% eine gute Stütze für die Monophylie einer Gruppe darstellt, wobei aber beachtet werden muss, dass ein Bootstrapwert keine allgemeinen Aussagen über die Monophyliewahrscheinlichkeit erlaubt, sondern nur einen Test für die Güte der Ergebnisse im Hinblick auf das vorliegende Datenmaterial und das gewählte Rekonstruktionsverfahren darstellt.

Bei den quantitativen Merkmalen mussten für die Transformation in eine Parsimoniekompatible Matrix zunächst unter Hinzuziehung von Histogrammen und *Scatterplots* die Messwerte neu klassifiziert und in eine für die Parsimonie-Analyse geeignete Form umcodiert werden. Merkmale und Merkmalszustände wurden je nach Fall von 0 bis 6 kodiert, fehlende Merkmalszustände wurden mit einem Fragezeichen repräsentiert. Alle Merkmale blieben ungewichtet und *multistate* Merkmale wurden gleichgestellt. Die Matrix wurde im Nexus-Format geschrieben und mit Hilfe des Programmes PAUP 4.0 (SWOFFORD, 2001) eine Parsimonieanalyse durchgeführt.

Die Suche nach den sparsamsten Bäumen erfolgte mittels einer heuristischen Suche. Bei diesem Verfahren werden nicht alle theoretisch möglichen Topologien überprüft, sondern es erfolgt ein Vergleich unter einer Auswahl möglicher Topologien. Die Zeitdauer für die Suche nach den sparsamsten Bäumen ist vor allem durch die Anzahl der in die Analyse eingehenden Taxa, zum anderen aber auch von der Struktur des Datensatzes, insbesondere des Anteils an Homoplasien sowie dem Verhältnis der Anzahl von Merkmalen zur Anzahl der Taxa abhängig. Im vorliegenden Fall mit mehr als 100 Arten dauerten erste Suchläufe mit den von PAUP vorgegebenen Standardeinstellungen i.d.R. zwei bis drei Wochen. Die Anwendung des Bootstrap Verfahrens verlängerte die Berechnung für jeden Datensatz unter diesen Bedingungen im günstigsten Fall auf mindestens sechs Wochen. Schränkt man aber die Anzahl der untersuchten möglichen Topologien in einer sinnvollen Weise noch weiter ein, so kann die Geschwindigkeit für die heuristische Suche entscheidend abgekürzt werden. Dem theoretischen Nachteil, dass unter den getesteten Topologien möglicherweise nicht die absolut kürzestete Variante enthalten ist, kann durch die mehrfache Wiederholung der Suche und Überprüfung der jeweils resultierenden Topologien begegnet werden. Aufgrund der

erheblichen Verkürzung der Rechenzeit sind selbst mehrfache Wiederholungen in einem Bruchteil der Zeit möglich, die zuvor für eine einzige heuristische Suche benötigt wurde und auch das *Bootstrapping* kann nun mit einer weitaus höheren Zahl von Replika durchgeführt werden. Eine Strategie um die hier skizzierten Ziele zu erreichen wird von MÜLLNER et al. (2003) im Detail beschrieben. Für die vorliegende Arbeit wurden die Analysen mit den selben Einstellungen wie sie von MÜLLNER et al. (2003) vorgeschlagen wurden durchgeführt und führten auch bei mehrfacher Wiederholung stets zu konsistenten Ergebnissen.

Das Verfahren besteht für die Suche nach den sparsamsten Bäumen aus zwei aufeinander folgenden heuristischen Suchen. Beide Suchen erfolgen im *delayed transformation*-Modus (PAUP-Kommando: „DELTRAN“, (SWOFFORD 2001, MADDISON & MADISSON 1992). In der ersten Suche erfolgt die Reihenfolge der Aufnahme der Taxa in den Rechenvorgang zufällig, wobei dieser Vorgang 1000 mal wiederholt wird (*addition sequence = random*, *nrep=1000*), es wird der *tree-bisection-reconnection* (TBR)-Modus für das *Branch Swapping* selektiert, Bäume gleicher Länge werden nicht untereinander ersetzt, sondern bleiben im Speicher erhalten (MULTREES =on). Im Unterschied zu den Standarteinstellungen werden nun nach jeder Wiederholung nur 10 (*nchuck= 10*, *chucklen=9*) der besten Bäume im Speicher behalten. Die Gesamtzahl der im Speicher befindlichen Bäume aus allen Replikas wird auf 1000 gesetzt (*Maxtrees=1000*). Nach dieser ersten Suche mit 1000 Wiederholungen erfolgt mit den zehn kürzesten Bäumen als Startpunkten eine zweite heuristische Suche, bei der die Anzahl der bei jedem Schritt maximal gespeicherten Bäume auf 15000 gesetzt wird (*Maxtrees=15000*). Als Produkt dieser zweiten Suche werden die sparsamsten Bäume in ein *Treefile* ausgegeben und von diesem ausgehend die Topologien des 50% *Majority-Rule* und des *strict-consensus* Baumes ermittelt. Die Stabilität der erhaltenen *Clades* wird anhand der Bootstrap-Werte abgeschätzt, wobei 1000 Replikas der Ursprungsmatrix verrechnet wurden. Auch hierbei wurden die Standarteinstellungen nach den Vorgaben von MÜLLNER et al. (2003) verwendet.

Insgesamt wurden drei unterschiedliche Merkmalsmatrizen analysiert. In einer ersten Matrix wurden nur die 30 selbst erhobenen Merkmale des Samenanlagen- und Fruchtknotenbereiches verwendet (siehe Tab. 6, Merkmale 6-36). In einer zweiten Analyse wurde eine Matrix verwendet in die fünf ausgewählte Merkmale des floralen Bereichs mit berücksichtigt wurden, die an dem untersuchten Material selbst beobachtet wurden (Datensatz II: inklusive der Orientierung der Petalen, Petalengrundfarbe, Farbe der Petalenspitzen und Petalenanhängsel; siehe Tab. 6, Merkmale 1-5). Für eine dritte Analyse wurden zusätzlich

sieben Merkmale einbezogen, deren Merkmalszustände aus verschiedenen Literaturquellen erschlossen wurden (Datensatz III: inklusive Fruchttyp, Pollenoberfläche, Bestäuber, Standort, Ausbildung von Phytothelmata, Photosynthesetyp und Arealtyp; Tab. 6, Merkmale 37-43).

Analyse molekularer Daten

Morphologische Datensätze haben wichtige Beiträge zur Entwicklung begründeter Hypothesen über die Verwandtschaftsbeziehungen der Organismen geliefert, und sie werden auch in Zukunft eine Rolle spielen, einerseits als Ausgangspunkt zur Hypothesenbildung, vor allem aber als Grundlage für das funktionale Verständnis der während der Evolution wirksamen Prozesse.

Die technischen Möglichkeiten haben seit gut zwei Jahrzehnten einen Siegeszug der an molekularen Merkmalen orientierten Systematik ermöglicht, der auch in der Botanik die Möglichkeit eröffnet, ursprünglich anhand morphologischer Merkmale begründete Verwandtschaftsbeziehungen mit neuen, weitgehend unabhängigen Datensätzen auf ihre Falsifizierbarkeit zu überprüfen. Die nucleären und plastidären Genome bieten dabei prinzipiell eine breite Auswahl an unterschiedlich schnell evolvierenden Regionen und eine um ein vielfaches höhere Zahl von Merkmalen, die für Fragestellungen auf verschiedenen systematischen Hierarchieebenen genutzt werden können. Grenzen gesetzt werden der molekularen Systematik allerdings durch die Unterschiede in der technischen Zugänglichkeit bestimmter Gene oder Genomregione mit den bisher verfügbaren Mitteln. Gerade für die Bromelioideae scheiterten bislang noch alle Versuche, fein auflösende genetische Marker zu finden, die innerhalb der Familie auf der Artbildungsebene in allen Gattungen eine für die systematische Analyse hinreichende Merkmalsvariabilität aufwiesen. Bislang veröffentlichte Studien zur Abgrenzbarkeit ausgewählter Gattungen (*Ochagavia*, *Lymania*) zeigen diese Schwierigkeiten beispielhaft auf. Erschwerend kommt hinzu, dass alle molekularsystematischen Studien an Bromelioideae ausschließlich auf Marker des Chloroplasten-Genoms zurückgreifen mussten. Die erfolgreiche Sequenzierung sowohl mitochondrialer als auch nucleärer Genomteile steht nach wie vor aus. Damit spiegeln alle bislang veröffentlichten molekular begründeten Phylogenien der Bromelioideae letztlich lediglich die Phylogenese der in den Pflanzen vertretenen Chloroplasten wieder. Die Erfahrung aus anderen Pflanzengruppen hat gezeigt, dass die Phylogenien plastidärer und nucleärer Gene zwar häufig, aber keineswegs zwangsläufig miteinander vereinbar sind. Bildlich gesprochen kann ein und die selbe Pflanze durchaus zwei verschiedene

„phylogenetische Geschichten erzählen“, je nachdem ob Gene des ehemaligen prokaryotischen Endosymbionten oder das Genom der eukaryotischen „Wirtszelle“ betrachtet werden.

Für die vorliegende Arbeit wurden publizierte Sequenzen der plastidären Regionen intergenischer Spacer (3' *trnL-trnF*, *trnK*, *psbA-trnH*) sowie der codierende Abschnitt *matK*, aus den Arbeiten von SCHULTE et al. (2005) und DE SOUSA et al. (2007) zu einem Datensatz zusammengefügt und sowohl mittels Parsimonie als Optimalitätskriterium analysiert als auch einer auf dem Maximum-Likelihood-Kriterium aufbauende Bayes'schen Analyse unterzogen. Die verwendeten GenBank-Sequenzen sind in den zitierten Arbeiten aufgelistet.

In das Taxonsampling für diesen aus verschiedenen Quellen kombinierten rein molekularen Datensatz gingen alle Arten ein, die sowohl in der vorliegenden Arbeit auf ihre Merkmalszustände im Fruchtknoten- und Samenanlagenbereich untersucht wurden, als auch in einer der beiden Arbeiten von SCHULTE et al. (2005) und DE SOUSA et al. (2007) berücksichtigt wurden. Die selbst erarbeiteten morphologischen Merkmalszustände wurden anschließend mit Hilfe des Programmes MESQUITE1.12 auf einen anhand der molekularen Daten errechneten *strict consensus* Baum geplottet. Diese Darstellung stellt die Basis dar für die Diskussion der Rolle morphologischer Merkmale des Fruchtknotenbereichs und der Samenanlagen als phylogenetische Marker.

Zusätzlich werden die Ergebnisse einer Analyse aller in der von DE SOUSA et al. (2007) zur Abgrenzbarkeit der Gattung *Lymania* verwandten Sequenzen dargestellt und diskutiert. DE SOUSA et al. (2007) veröffentlichten eine auf einer kombinierten Analyse molekularer und morphologischer Daten beruhende Phylogeniehypothese. Die explizite Darstellung der Ergebnisse einer Analyse der molekularen Daten alleine fehlte in der Publikation. Sie ist aber für die in der vorliegenden Arbeit erwünschten Vergleiche der Ergebnisse rein molekular und rein morphologisch basierter Phylogeniehypothesen erforderlich gewesen. Aus diesem Grund wurden zusätzlich zu den oben erwähnten Analysen Parsimonie- und Bayes'sche Analysen für alle Sequenzen aus der Arbeit von DE SOUSA rekonstruiert und für die Diskussion der Abgrenzbarkeit der Gattung *Lymania* verwertet.

Für die Bewertung der Unterstützung bzw. Signifikanz interner Äste aus der Maximum – Likelihood-Analyse wurde eine Bayes'sche Statistik verwendet. Dieser Ansatz ist einem Bootstrapping beim Maximum-Likelihood-Verfahren sowohl durch die drastische Zeitersparnis, als auch die einfachere Interpretierbarkeit der Ergebnisse deutlich überlegen. Grundlage des Verfahrens ist das „Markov Chain Monte Carlo“ Verfahren (MCMC, METROPOLIS et al. 1953, HASTINGS 1970) sowie die Formel nach Bayes zur Berechnung

bedingter Wahrscheinlichkeiten. Topologien, die im Rahmen des Bayes/Markov Chain Monte Carlo-Verfahren ermittelt werden, sind in der Regel mit jenen, die mit Hilfe von PAUP4.0 unter Anwendung des Maximum-Likelihood-Kriteriums erzeugt werden identisch (KAUFF & LUTZONI 2002). Aus diesem Grund wird der Maximum Likelihood-Ansatz in der vorliegenden Arbeit nur im Rahmen der Bayes'schen Analyse verwendet.

Für die Parsimonieanalysen wurden die oben dargestellten Einstellungen nach MÜLLNER et al. (2003) übernommen. Konstante Positionen wurden aus dem Datensatz vor der Analyse ausgeschlossen.

Für die Analyse nach dem Maximum-Likelihood-Kriterium wurden alle Positionen einbezogen. Es erfolgte zunächst eine Bestimmung des am besten auf den Datensatz passenden Evolutionsmodells mit Hilfe des Programms Modeltest3.7 (POSADA et al. 1998). Anschließend wurde mit den ermittelten Modellparametern eine Bayes'sche Analyse mit dem Programm MrBayes3.1 (<<http://mrbayes.csit.fsu.edu/index.php>>) durchgeführt. Dabei wurden in fünf parallelen Läufen je eine Million Generationen durchlaufen. Details zu den gewählten Modellparametern und die Befehlssyntax für die Programmgestaltung werden im hang dokumentiert.

Tab. 6: Merkmale und Merkmalszustände für die Parsimonieanalysen morphologischer Daten.

	Merkmalszustände	Merkmale
1	Gerade (0); ausgebreitet (1); einfach nach hinten gerollt (2)	Orientierung der Petalen am Anthesetag
2	Weiß, creme oder hellgrün (0); blau, lila oder purpur (1); rot oder rosa (2); gelb oder orange (3)	Grundfarbe der Petalen
3	Spitzen identisch wie Grundfarbe (0); Spitzen blau (1); Spitzen weiß (2)	Farbe der Petalenspitzen
4	Fehlend (0); taschenförmig (1); fransig (2); zungenförmig (3); gezähnt (4)	Petalenanhängsel
5	Fehlend (0); stumpf (1); spitz (2)	Petalpapillen
6	Kahl (0); zerstreut, (1); dicht (2)	Trichomverteilung
7	Trichomforsätze fehlend (0); Trichomforsätze mit Länge:Breite ≤10:1 (1); Trichomforsätze mit Länge:Breite >10:1 (2)	Trichomforsätze
8	fehlend (0); vorhanden (1)	Epigyne Röhre
9	Oberständig (0); unterständig (1)	Lage der Fruchtknoten
10	< 2,25 (0); ≥ 2,25 , < 32,5 (1); ≥ 32,5 (2)	Länge der Fruchtknoten (mm)
11	< 0,9 (0); { ≥ 0,9 , < 3,2 } (1); ≥ 3,2 (2)	Länge/Breite des Fruchtknotens (mm)
12	Dreieckig (0); radiär (1); viereckig (2)	Fruchtknotenform im Querschnitt
13	Rundlich (0); elliptisch (1); eiförmig (2);, umgekehrt eiförmig (3); rechteckig (4)	Fruchtknoten im Längsschnitt, Grundrissform
14	Fehlend (0); vorhanden (1)	Fruchtknoten, Flügel
15	Rinnen fehlend (0); Septalrinnen (1); Fruchtfachrinnen (2); sowohl Septal- als auch Fruchtfachrinnen (3)	Fruchtknotenrinnen
16	Tiefe Rinnen (0); flache Rinnen (1)	Tiefe der Fruchtknotenrinnen
17	Fehlend (0); vorhanden (1)	Fruchtknotenwarzen
18	< 0,5 (0); { ≥ 0,5 , < 1,5 } (1); ≥ 1,5 (2)	Höhe der Septalnektarien (mm)
19	2 (0); 4-9 (1); 10-15 (2); 16-30 (3); 30-40 (4); >40 (5)	Samenanlagen pro Fruchtfach
20	Locker (0), gedrängt (1).	Samenanlagen-Verteilungsdichte pro Fruchtfach
21	Apotrop (0); heterotrop (1); waagrecht (2); epitrop (3)	Samenanlagen, Orientierung
22	Apikal (0), subapikal (1), zentral (2)	Lage der obersten Samenanlagen im Fruchtfach
23	<70% (0); ≥ 70% (1)	Samenanlagen, Bedeckung der Fruchtknotenachse
24	< 500 (0); ≥ 500 (1)	SA-Länge (µm)
25	< 462 (0); ≥ 462 (1)	SA-Breite (µm)
26	gerade (0); gebogen (1); mehrfach gewunden (2)	Samenanlagenanhängselform
27	0 (0); 45 - 500 (1); > 700 (2)	SA-Anhängsel, Länge (µm)
28	0 (0); > 0,0 < 125 (1); ≥ 125 (2)	Funikulus, Breite (µm)
29	< 105 (0); ≥ 105 (1)	Mikropyle, Länge (µm)
30	< 8,2 (0); ≥ 8,2 (1)	Dicke des inneren Integumentes in Höhe der Nucellusapex (µm)
31	< 30 (0); ≥ 30 (1)	Gesamtdicke der Integumente (µm)
32	< 270 (0); ≥ 270 (1)	Nucellus, Länge (µm)
33	< 2,3 (0); ≥ 2,3 (1)	Nucellus, Länge/Breite (µm)
34	Fehlend (0); eins (1); zwei (2); drei (3); vier (4)	Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte
35	13 < (0); ≥ 13 (1)	Plazentazellenbreite (µm)
36	Kapseln (0); Beeren (1)	Früchte
37	Geschlossen (0), sulcat (1), zweiporig (2), dreiporig (3), vier- oder mehrporig (4), zwei- und dreiporig (5)	Pollenoberfläche
38	Insekten (0), Vögel (1)	Bestäuber
39	Terrestrisch schattig (0), epiphytisch, schattig (1) Terrestrisch sonnig (2), epiphytisch, sonnig (3)	Standort
40	Fehlend (0), vorhanden (1)	Phytotelmata
41	C3 (0), CAM (1)	Photosynsetyp
42	Neotropisch (0), nord- brasilianisch (1), nord- südamerikanisch -inklusive Antillen- (2), süd west- und ost- südamerikanisch (3), zentral- andin (4), chilenisch -Küstenebene- (5), mittelamerikanisch (6).	Arealtypen

Legende: ■ Merkmale die in Datensatz I, II und III verwendet wurden, ■ zusätzliche Merkmale in Datensatz II und III, ■ zusätzliche Merkmale in Datensatz III.

3. Ergebnisse

3.1 Allgemeiner Teil.

Für die Darstellung der Ergebnisse werden fallweise qualitative Merkmalszustände durch REM- oder lichtmikroskopische Bilder illustriert bzw. für quantitative Merkmale die Verteilung der Meßwerte durch Box-Whisker-Plots dargestellt. Das Auftreten bestimmter Merkmale in den einzelnen Gattungen der Bromelioideae wird tabellarisch dargestellt.

Im Anhang finden sich Darstellungen der Verteilung aller Merkmale für alle Arten, zu denen auch molekulare Daten verfügbar waren. Die morphologischen Merkmalszustände wurden auf das Gerüst eines Kladogramms geplottet, das der unten beschriebenen Bayes'schen Analyse eines kombinierten Datensatzes mit Sequenzen der Regionen *matK*, 3' *trnL-trnF*, *trnK*, *psbA-trnH* aus Schulte (2007) und De Sousa (2007) entstammt. Das Mapping der Merkmale erfolgte unter Verwendung von MESQUITE 1.12 (MADDISON & MADDISON 2006). Die Rekonstruktion der Merkmalszustände für basale Knoten der Topologie erfolgte anhand des Parsimonie-Kriteriums in MESQUITE 1.12 (MADDISON & MADDISON 2006).

3.1.1 Petalen

3.1.1.1 Orientierung am ersten Anthesetag

Der Orientierung der Petalen am Anthesetag wurde als „gerade“, „ausgebreitet“ und „nach hinten gerollt“ spezifiziert. Nach hinten gerollte Petalen am Anthesetag wurden nur bei der Gattung *Billbergia* beobachtet. Ausgebreitete Petalen wurden bei den Gattungen *Lymania*, *Ronnbergia*, *Cryptanthus*, *Fascicularia* und den Arten *Acanthostachys pitcairnioides*, *Aechmea longifolia* (subg. *Aechmea*), *Ochagavia carnea* und *Orthophytum albopictum* gefunden. Gerade nach vorn gerichtete Petalen wurden bei allen anderen untersuchten Vertretern der Bromelioideae gesehen.

3.1.1.2 Farben

Für die Petalenfarbe (Grundfarbe) wurden die Merkmalszustände „weiß, creme oder hellgrün“, „blau, lila oder purpurn“, „rot oder rosa“ und „gelb oder orange“ unterschieden. Weiß, cremefarbene oder hellgrüne Petalen wurden bei den Gattungen *Araeococcus*, *Billbergia* (mit die Ausnahme von *B. pyramidalis*, die rote Petalen besitzt), *Canistropsis*, *Deinacanthos*, *Edmundoa*, *Neoglaziovia*, *Nidularium*, *Orthophytum* und *Wittrockia* gesehen. Blau, lila oder purpurne Petalen wurden bei den Gattungen *Quesnelia*, *Fascicularia*, *Fernseea* und *Ronnbergia* beobachtet. Rot oder rosa Petalen wurden bei der Gattungen *Bromelia*,

Greigia, *Ochagavia* und *Ursulaea* gesehen. Gelbe oder orange Petalen wurden bei der Gattungen *Androlepis* und *Pseudananas* beobachtet. Innerhalb der Gattung *Aechmea* sind alle Merkmalszustände vertreten. Bei den untersuchten Vertretern der Pitcairnioideae wurden sowohl cremefarbene (*Fosterella caulescens*) als auch blaue Petalen (*Puya densiflora*) beobachtet.

Als Merkmalszustände für die Farbe an der Spitze der Petalen wurde im Kapitel Material und Methode zwischen „Spitzen identisch wie Grundfarbe“ (einfarbig), „Spitzen blau“ sowie „Spitzen weiß“ unterschieden. Weiße Spitzen wurden bei der Gattung *Bromelia* und bei den Arten *Aechmea warasii* (subg. *Lamprococcus*), *Aechmea weilbachii* (subg. *Lamprococcus*), *Neoregelia marmorata*, *Billbergia saundersii*, *B. chlorosticta*, und *Bilbergia sp.* beobachtet. Blaue Petalenspitzen wurden bei den Gattung *Ananas* und bei den Arten *Aechmea ferruginea* (subg. *Podaechmea*), *Billbergia euphemiae*, *B. horrida* und *B. macrocalyx* gesehen. Bei allen anderen untersuchten Vertretern der Bromelioideae und der Außengruppe (Pitcairnioideae) sind die Petalen einfarbig.

3.1.1.3 Anhängsel

Die Form der Petalenanhängsel (Petalenschuppe) wurde als „fehlend“, „taschenförmig“, „fransig“, „zungenförmig“ oder „gezähnt“ klassifiziert. Zahlreiche Gattungen weisen jeweils charakteristische Ausbildungen dieses Merkmales auf, gerade innerhalb der meisten Untergattungen von *Aechmea* finden sich dagegen oft mehrere Merkmalszustände (Tab. 7). Eine Ausnahme bilden alle untersuchten Vertreter der Untergattung *Macrochordium*, die sich durch einheitlich fransige Petalenanhängsel auszeichnen.

Tab. 7: Formen der Petalenanhängsel bei Vertretern der Bromelioideae.

fehlend	taschenförmig	fransig	zungenförmig	gezähnt
<i>Araeococcus</i> *	<i>Canistropsis</i> *	<i>Quesnelia</i> *	<i>Androlepis</i> *	<i>Fascicularia</i> *
<i>Bromelia</i> *		<i>Ursulaea</i> *	<i>Edmundoa</i> *	<i>Greigia</i> *
<i>Cryptanthus</i> *			<i>Neoglaziovia</i> *	<i>Orthophytum</i> *
<i>Deinacanthon urbanianum</i>			<i>Wittrockia</i> *	
<i>Fernseea</i> *				
<i>Lymania</i> *				
<i>Neoregelia</i> *				
<i>Nidularium</i> *				
<i>Ochagavia</i> *				
<i>Pseudananas</i> *				
<i>Ronbergia</i> *				
<i>Acanthostachys pitcairnioides</i>	<i>Acanthostachys strobilacea</i>			
<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. longifolia</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. purpurea</i> var. <i>aureorosea</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. bambusoides</i> <i>A. filicaulis</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. aquilega</i> <i>A. emmerichiae</i> <i>A. eurycorymbus</i> <i>A. rubens</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. fendleri</i> <i>A. nidularioides</i> <i>A. paniculata</i>
			<i>Aechmea</i> (subg. <i>Chevaliera</i>): <i>A. cariocae</i>	
<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. weilbachii</i>		<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. blumenavii</i> <i>A. farinosa</i> var. <i>conglomerata</i> <i>A. miniata</i> <i>A. servitensis</i> var. <i>exigua</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. warasii</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. racinae</i>
		<i>Aechmea</i> subg. <i>Macrochordion</i> *		
	<i>Aechmea</i> subg. <i>Ortgiesia</i> p.p.: <i>Aechmea gamosepala</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Ortgiesia</i> p.p.: <i>A. gracilis</i> <i>A. kertezsiae</i> <i>A. pimenti-velosoi</i>		<i>Aechmea</i> subg. <i>Ortgiesia</i> p.p.: <i>A. winklerii</i>
		<i>Aechmea</i> subg. <i>Pothuava</i> p.p.: <i>A. allenii</i> <i>A. lindenii</i> var. <i>lindenii</i> <i>A. nudicaulis</i> (subg.)		
		<i>Aechmea</i> subg. <i>Platyaechmea</i> p.p.: <i>A. chantinii</i> <i>A. fasciculata</i> <i>A. tillandsioides</i> var. <i>tillandsioides</i> <i>A. tillandsioides</i> var. <i>kienastii</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Platyaechmea</i> p.p.: <i>A. distichantha</i> <i>A. mexicana</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Platyaechmea</i> p.p.: <i>A. smithiorum</i>
			<i>Aechmea ferruginea</i> (subg. <i>Podaechmea</i>)	
				<i>Aechmea</i> sp. A
				<i>Canistrum</i> <i>aurantiacu,m</i>
<i>Ananas nanus</i>			<i>Ananas comosus</i>	
	<i>Billbergia horrida</i> <i>Billbergia pyramidalis</i> <i>Billbergia elegans</i>	<i>Billbergia chlorosticta</i> <i>Billbergia euphemiae</i> <i>Billbergia macrocalyx</i> <i>Billbergia saundersii</i>		
<i>Hohenbergia correia-araujoii</i>			<i>Hohenbergia distans</i> <i>Hohenbergia humilis</i> <i>Hohenbergia rosea</i> <i>Hohenbergia stellata</i> <i>Hohenbergia leopoldo-</i> <i>horstii</i>	
			<i>Portea kermesina</i>	<i>Portea leptantha</i>

*Bei allen untersuchten Vertretern der Gattung wurde der selbe Merkmalszustand beobachtet.

3.1.1.4 Papillen

Innerhalb der Bromelioideae treten papillöse Oberflächen auf den Petalen von Vertretern der Gattungen *Acanthostachys*, *Lymania* und *Orthophytum* auf. Es wurden zwei verschiedene Sorten Papillen beobachtet: spitz und stumpf (Abb. 16), wobei spitze Papillen ausschließlich bei *A. strobilacea* auftreten. Innerhalb der Gattung *Lymania* wurden nur bei zwei von drei untersuchten Arten Papillen gefunden.

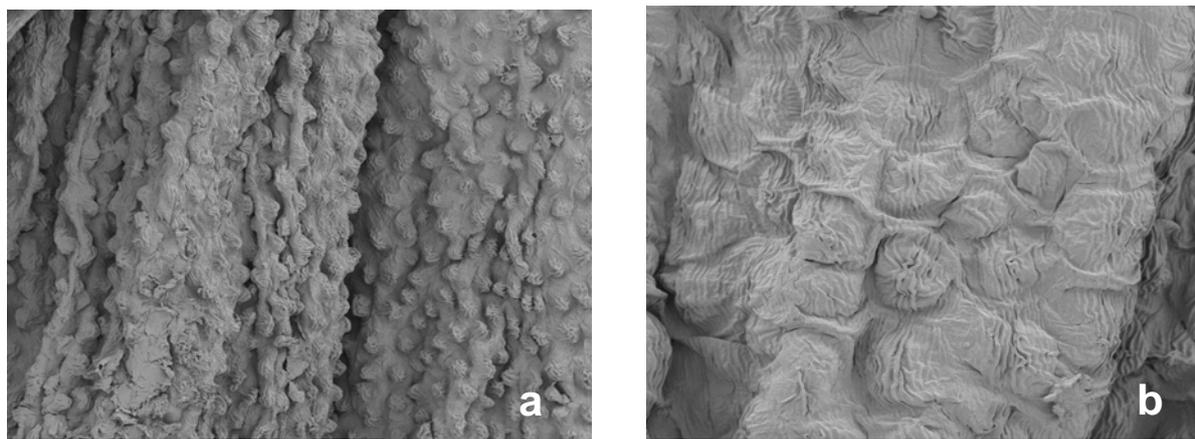


Abb. 16: Petalpapillentypen bei Vertretern der Bromelioideae. a) spitze Papillen (*Acanthostachys strobilacea* HG 102615, RD24), b) stumpfe Papillen (*A. pitcairnioides* HG 103527, RD51) Maßstab a: 100 µm, Maßstab a: 30 µm.

3.1.2 Trichome

Der Behaarungstyp ging mit drei Merkmalen in die Parsimonieanalyse ein, der Präsenz von Trichomen, der Trichomverteilung sowie der Länge der Trichomfortsätze. Für jene Taxa, bei denen keine Trichome auftreten und daher auch kein Merkmalszustand für die Länge der Trichomfortsätze definiert werden kann, wurde für dieses Merkmal formal der Zustand „missing data“ in die PAUP-Matrix eingetragen.

3.1.2.1 Verteilungstypen

Die Trichomverteilung wurde in Kapitel Material und Methoden als „kahl“, „zerstreut“ und „dicht“ definiert (Abb.17). Die Verteilung der Trichome ist bei vielen Gattungen für alle Arten jeweils einheitlich in anderen Fällen sind mehrere Merkmalszustände selbst innerhalb einer Gattung zu beobachten (Tab. 8).

Tab. 8: Typen der Trichomverteilung auf den Fruchtknoten von Vertretern der Bromelioideae.

kahl	zerstreut	dicht
<i>Androlepis</i> *	<i>Acanthostachys</i> *	<i>Bromelia</i> *
<i>Canistrum</i> *	<i>Ananas</i> *	<i>Deinacanthon</i> *
<i>Cryptanthus</i> *	<i>Canistropsis</i> *	<i>Ursulaea</i> *
<i>Greigia</i> *	<i>Fernsea</i> *	
<i>Fascicularia</i> *	<i>Neoglaziovia</i> *	
<i>Neoregelia</i> *		
<i>Nidularium</i> *		
<i>Pseudananas</i> *		
<i>Ochagavia</i> *		
<i>Wittrockia</i> *		
<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. aquilega</i> <i>A. bambusoides</i> <i>A. eurycorymbus</i> <i>A. filicaulis</i> <i>A. mulfordii</i> <i>A. nidularioides</i> <i>A. purpurea</i> <i>A. servitensis</i> var. <i>exigua</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. longifolia</i> <i>A. emmerichiae</i> <i>A. rubens</i> <i>A. paniculata</i> <i>A. fendleri</i>	
		<i>Aechmea cariocae</i> (subg. <i>Chevaliera cariocae</i>)
<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. farinosa</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. miniata</i> <i>A. racinae</i> <i>A. warasii</i> <i>A. weilbachii</i>	
	<i>Aechmea</i> subg. <i>Macrochordion</i> p.p.: <i>A. triangularis</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Macrochordion</i> p.p.: <i>A. bromeliifolia</i>
<i>Aechmea</i> subg. <i>Ortgiesia</i> p.p.: <i>A. gracilis</i> <i>A. winklerii</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Ortgiesia</i> p.p.: <i>A. blumenavii</i> <i>A. gamosepala</i> <i>A. ketzesiae</i> <i>A. pimenti-velosoi</i>	
	<i>Aechmea</i> subg. <i>Pothuava</i> p.p.: <i>A. allenii</i> <i>A. lindenii</i> var. <i>lindenii</i> <i>A. nudicaulis</i>	
<i>Aechmea</i> subg. <i>Platyaechmea</i> p.p.: <i>A. distichantha</i> <i>A. smithiorum</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Platyaechmea</i> p.p.: <i>A. chantinii</i> <i>A. fasciculata</i> <i>A. mexicana</i> <i>A. tillandsioides</i> var. <i>tillandsioides</i> <i>A. tillandsioides</i> var. <i>kienastii</i>	
	<i>Aechmea</i> subg. <i>Podaechmea</i> p.p.: <i>Aechmea ferruginea</i>	
<i>Araeococcus pectinatus</i>	<i>Araeococcus flagellifolius</i> <i>Araeococcus parviflorus</i>	
<i>Billbergia macrocalyx</i> <i>Billbergia saundersii</i>	<i>Billbergia chlorosticta</i> <i>Billbergia euphemiae</i> <i>Billbergia elegans</i> <i>Billbergia horrida</i> <i>Billbergia pyramidalis</i> <i>Billbergia viridiflora</i>	
<i>Edmundoa lindenii</i>		<i>Edmundoa ambigua</i>
	<i>Hohenbergia stellata</i>	<i>Hohenbergia correia-araujoi</i> <i>Hohenbergia distans</i> <i>Hohenbergia rosea</i> <i>Hohenbergia humilis</i> <i>Hohenbergia leopoldo-horstii</i>
<i>Lymania alvimii</i>	<i>Lymania globosa</i> <i>Lymania smithii</i>	
<i>Orthophytum albopictum</i> <i>Orthophytum foliosum</i>	<i>Orthophytum alvimii</i>	
<i>Portea leptantha</i>	<i>Portea kermesina</i>	
<i>Quesnelia lateralis</i> <i>Quesnelia liboniana</i>	<i>Quesnelia seideliana</i>	
<i>Ronnbergia explodens</i>	<i>Ronnbergia petersii</i>	

*Bei allen untersuchten Vertretern der Gattung wurde der selbe Merkmalszustand beobachtet.

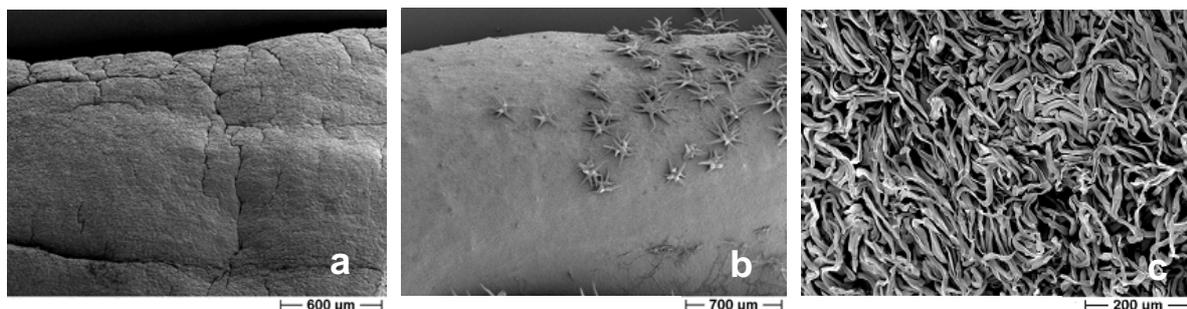


Abb. 17: Verteilungstypen der Trichome bei Bromelioideae: a) kahl (*Neoregelia* sp. HG 130162 (R: 69468), RD67), b) zerstreut (*Aechmea ferruginea* HG 103964 R: 63823, RD106), c) dicht (*Bromelia serra* FRPG. o.N., RD97).

3.1.2.2 Gestalt der Fortsätze

Die Form der Trichomfortsätze wurde in der folgenden Weise klassifiziert: „Trichomfortsätze fehlend“, „Trichomfortsätze mit einem Länge: Breite-Verhältnis von $\leq 10:1$ “,

„Trichomfortsätze mit einem Länge: Breite-Verhältnis von $> 10:1$ “ (Abb. 18).

Fehlende Trichomfortsätze wurden stets bei den Arten der Gattungen *Quesnelia* und *Ananas* festgestellt. Die Gattung *Aechmea* zeigt sich heterogener, hier wurden allen Trichomtypen gefunden. Trichomfortsätze mit einem Länge: Breite-Verhältnis $\leq 10:1$ wurden bei mehreren Vertretern der Gattung *Aechmea* sowie bei allen untersuchten Individuen der Gattungen *Araeococcus*, *Deinacanthon*, *Fernseea*, *Lymania*, *Neoglaziovia*, *Portea*, *Ronnbergia* und *Ursulaea* beobachtet. Dieses Merkmal kommt ferner bei einzelnen Vertretern der Gattungen *Billbergia* (*B. euphemiae* var. *euphemiae*, *B. horrida* var. *tigrina* und *B. pyramidalis*) und *Neoregelia* (*N. chlorosticta* und *N. marmorata*) vor. Trichomfortsätze mit einem Länge: Breite-Verhältnis $> 10:1$ wurden bei allen untersuchten Vertretern der Gattung *Bromelia* und bei *Aechmea kertesziae* (subg. *Ortgiesia*) gefunden. *Aechmea kertesziae* ist der einzige untersuchte Vertreter der Gattung *Aechmea* die Trichome mit langen Fortsätzen aufweist.

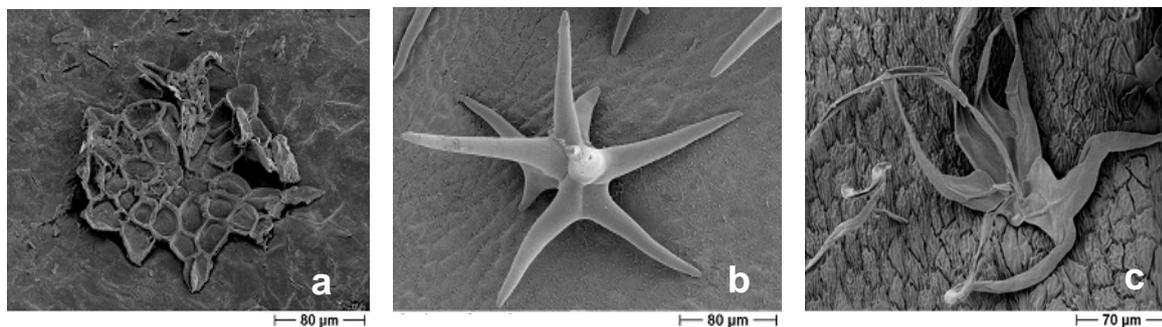


Abb. 18: REM-Aufnahmen von Formen der Trichomfortsätze bei ausgewählten Vertretern der Bromelioideae: a) Trichomfortsätze fehlend (*Aechmea fendleri* FRP 95142170, RD42), b) Trichome mit Fortsätzen bei einem Länge: Breite-Verhältnis $\leq 10:1$ (*Aechmea ferruginea* HG 103964 R: 63823, RD106), c) Trichome mit Trichomfortsätzen bei einem Länge: Breite-Verhältnis $> 10:1$ (*Fernseea itatiaie* HG 102174, RD63).

3.1.3 Fruchtknoten

3.1.3.1 Lage

Die Lage des Fruchtknotens trennt die Bromelioideae von den Taxa der als Außengruppe verwendeten Pitcairnioideae (*Puya densiflora* und *Fosterella caulescens*). Alle Arten der Unterfamilie Bromelioideae haben unterständigen Fruchtknoten, mit der Ausnahme von *Acanthostachys strobilacea*, die nach BÖHME (1988) als $\frac{3}{4}$ unterständig gilt, was anhand eigener Beobachtungen bestätigt werden konnte (Abb. 19).

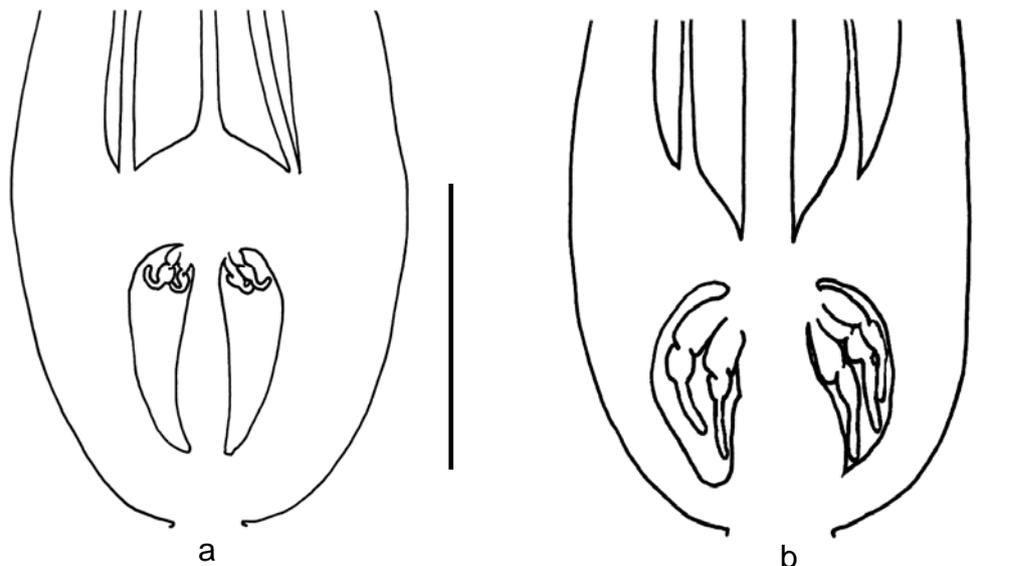


Abb. 19: Lage des Fruchtknotens bei Vertretern Bromelioideae: a) $\frac{3}{4}$ unterständiger Fruchtknoten bei *Acanthostachys strobilacea* (HG 102615, RD24), b) unterständiger Fruchtknoten bei *Aechmea cariocae* subg. Chevaliera (FRP o.N., RD 99). Maßstab: 5mm.

3.1.3.2 Größe

Bei den Bromelioideae ist die Länge des Fruchtknotens sehr variabel. Die längsten Fruchtknoten wurden bei *Bromelia nidus-puellae* (40 mm) und *Ochagavia carnea* (30 mm) gemessen (Abb. 20). Die kürzesten Fruchtknoten mit jeweils 3 mm wurden bei *Araeococcus goeldianus*, *A. pectinatus* und *Aechmea triangularis* (subg. *Macrochordion*) beobachtet. Bei der Gattung *Ananas* konnten keine Messungen dieser Struktur durchgeführt werden, weil die Fruchtknoten miteinander fusioniert sind. Ein außergewöhnlich breiter Fruchtknoten wurde mit 15 mm bei *Bromelia nidus-puellae* gemessen (Abb. 21). Bei der Gattung *Ananas* konnten wiederum keine Messungen erfolgen, weil die Fruchtknoten miteinander fusioniert sind.

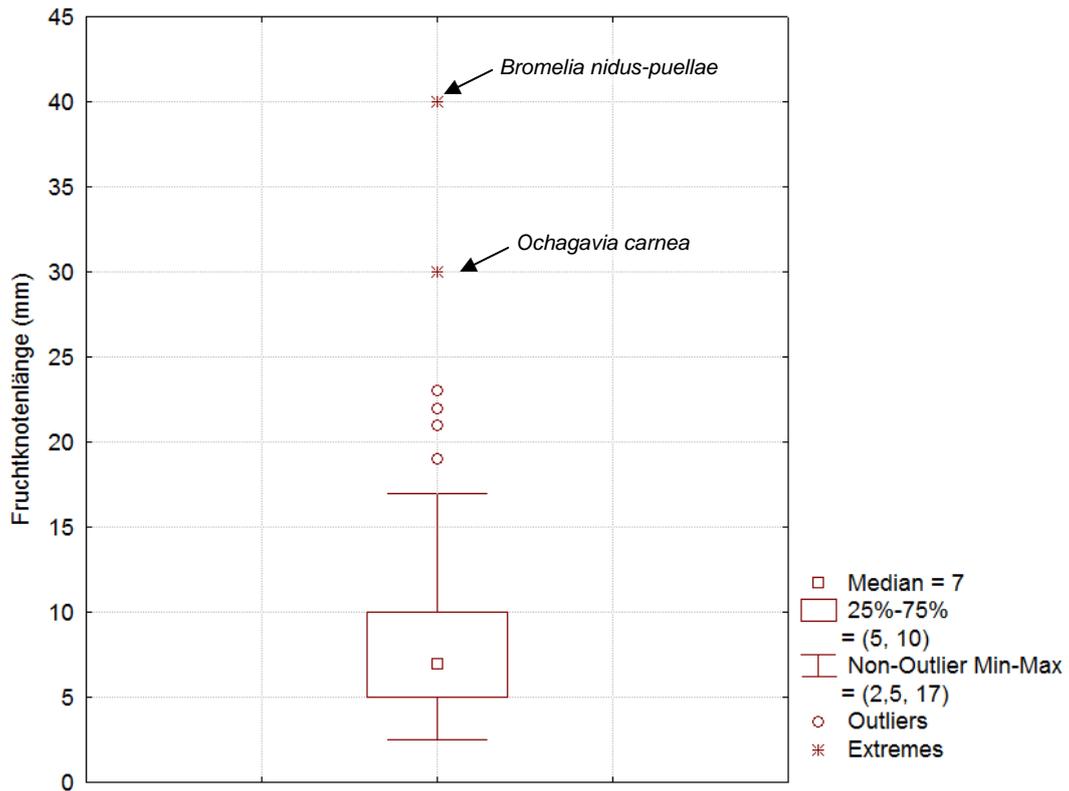


Abb. 20: Box-Wisker-Plot der Maßwerte für die Fruchtknotenlänge ausgewählter Arten der Bromelioideae.

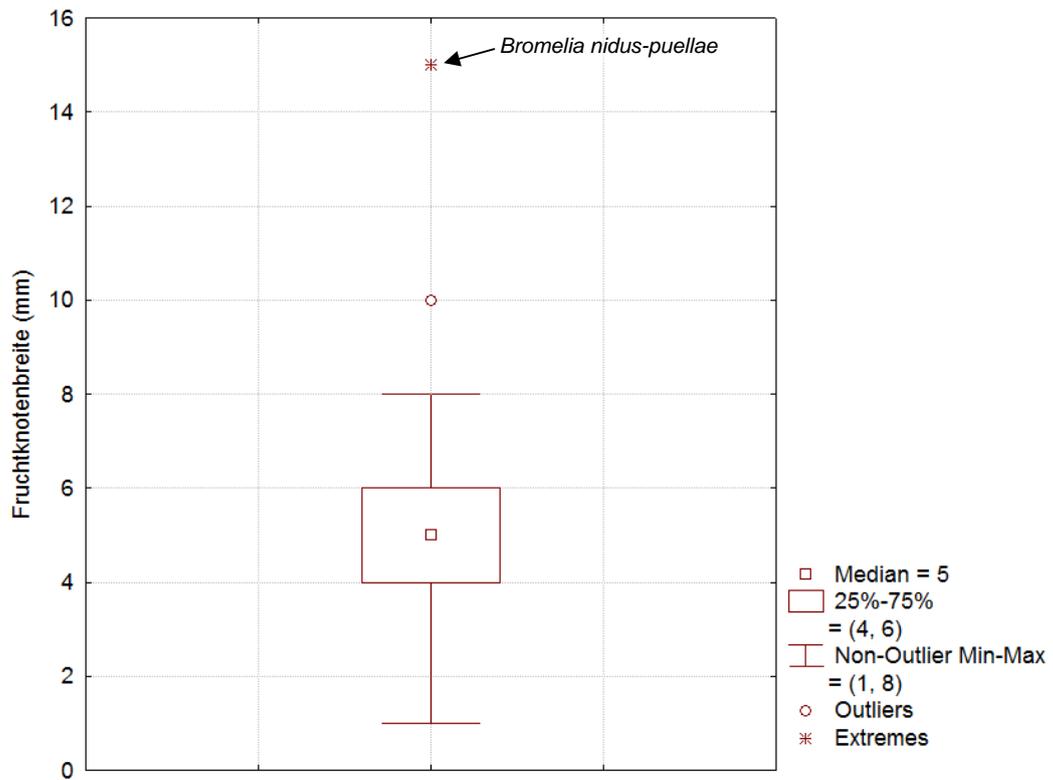


Abb. 21: Box-Wisker-Plot der Maßwerte für die Fruchtknotenlänge ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.3.3 Umriss des Querschnittes

Für die Beschreibung des Umrisses des Fruchtknotenquerschnittes wurden in Kapitel Material und Methoden drei Formen definiert: „dreieckig“, „radiär“, und „viereckig“. In Tabelle 6 wird die Grundform des Querschnittes bei der Bromelioideae beschrieben.

3.1.3.4 Umriss des Längsschnittes

Bei den Bromelioideae sind unterschiedliche Umrisse des Fruchtknotens im Längsschnitt erkennbar. Elliptische Formen sind unter Vertretern fast aller Gattungen weit verbreitet (Tab. 9). Rundliche Fruchtknoten wurden bei *Aechmea cariocae* (subg. *Chevaliera*), *A. servitensis* var. *exigua* (subg. *Aechmea*), *A. smithii* (subg. *Platyaechmea*) *Araeococcus goeldianus* und *A. parviflorus* beobachtet. Eiförmige Fruchtknoten wurden bei *Aechmea miniata* (subg. *Lamprococcus*), *A. pimenti-velosoi* (subg. *Ortgiesia*), *Neoglaziovia variegata*, *Ronnbergia explodens* und *R. petersii* gefunden. Umgekehrt eiförmige Fruchtknoten wurden bei allen Vertretern der Gattungen *Edundoa*, *Hohenbergia*, und *Quesnelia* registriert, daneben wurde dieser Zustand auch bei jeweils einzelnen Arten anderer Gattungen beobachtet. Rechteckige Fruchtknoten sind für die untersuchten Vertreter der Gattung *Lymania* charakteristisch. Rechteckige Fruchtknoten wurden, mit Ausnahme von *Aechmea pimenti-velosoi* (subg. *Ortgiesia*), auch bei allen untersuchten Vertretern der *Aechmea* subg. *Ortgiesia* gefunden.

Tab. 9: Grundformen des Fruchtknotenquerschnittes bei Vertretern der Bromelioideae.

dreieckig	radiär	viereckig
<i>Acanthostachys</i> *	<i>Neoglaziovia</i> *	<i>Bromelia</i> *
<i>Ananas</i> *	<i>Portea</i> *	<i>Deinacanthon</i> *
<i>Androlepis</i> *	<i>Ronnbergia</i> *	<i>Ursulaea</i> *
<i>Canistropsis</i> *	<i>Ursulaea</i> *	
<i>Canistrum</i> *		
<i>Cryptanthus</i> *		
<i>Edmundoa</i> *		
<i>Fascicularia</i> *		
<i>Fernseea</i> *		
<i>Greigia</i> *		
<i>Hohenbergia</i> *		
<i>Nidularium</i> *		
<i>Ochagavia</i> *		
<i>Orthophytum</i> *		
<i>Pseudananas</i> *		
<i>Quesnelia</i> *		
<i>Wittrockia</i> *		
<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. aquilega</i> <i>A. bambusoides</i> <i>A. emmerichiae</i> <i>A. eurycorymbus</i> <i>A. fendleri</i> <i>A. longifolia</i> <i>A. mulfordii</i> <i>A. nidularioides</i> <i>A. rubens</i> <i>A. purpurea</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. servitensis</i> var. <i>exigua</i> <i>A. filicaulis</i> <i>A. paniculata</i>	
	<i>Aechmea cariocae</i> (subg. <i>Chevaliera cariocae</i>)	
<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. weilbachii</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. farinosa</i> <i>A. miniata</i> <i>A. racinae</i> <i>A. warasii</i>	
<i>Aechmea</i> subg. <i>Macrochordion</i> p.p.: <i>A. triangularis</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Macrochordion</i> p.p.: <i>A. bromeliifolia</i>	
<i>Aechmea</i> subg. <i>Orgiesia</i> p.p.: <i>A. pimenti-velosoi</i> <i>A. winklerii</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Orgiesia</i> p.p.: <i>A. blumenavii</i> <i>A. gamosepala</i> <i>A. gracilis</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Orgiesia</i> p.p.: <i>A. ketzesiae</i>
<i>Aechmea</i> subg. <i>Pothuava</i> p.p.: <i>A. allenii</i> <i>A. lindenii</i> var. <i>lindenii</i> <i>A. nudicaulis</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Pothuava</i> p.p.:	
<i>Aechmea</i> subg. <i>Platyaechmea</i> p.p.: <i>A. fasciculata</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Platyaechmea</i> p.p.: <i>A. chantinii</i> <i>A. distichantha</i> <i>A. mexicana</i> <i>A. smithiorum</i> <i>A. tillandsioides</i> var. <i>kienastii</i> <i>A. tillandsioides</i> var. <i>tillandsioides</i>	
	<i>Aechmea</i> subg. <i>Podaechmea</i> p.p.: <i>A. ferruginea</i>	
<i>Araeococcus goeldianus</i>	<i>Araeococcus flagellifolius</i> <i>Araeococcus parviflorus</i> <i>Araeococcus pectinatus</i>	
<i>Billbergia chlorosticta</i> <i>Billbergia elegans</i> <i>Billbergia horrida</i> <i>Billbergia macrocalyx</i> <i>Billbergia saundersii</i> <i>Billbergia viridiflora</i>	<i>Billbergia euphemiae</i> <i>Billbergia pyramidalis</i>	
<i>Neoregelia coriacea</i> <i>Neoregelia pineliana</i> <i>Neoregelia</i> sp.	<i>Neoregelia chlorosticta</i> <i>Neoregelia marmorata</i>	

*Bei allen untersuchten Vertretern der Gattung wurde der selbe Merkmalszustand beobachtet.

3.1.3.5 Flügel

Geflügelte Fruchtknoten wurden bei *Acanthostachys strobilacea* und *Lymania globosa* gefunden. Sie sind ein konstantes Merkmal bei den Vertretern der Gattungen *Hohenbergia* und *Orthophytum* und fehlen bei allen übrigen Bromelioideae. (Abb. 22)

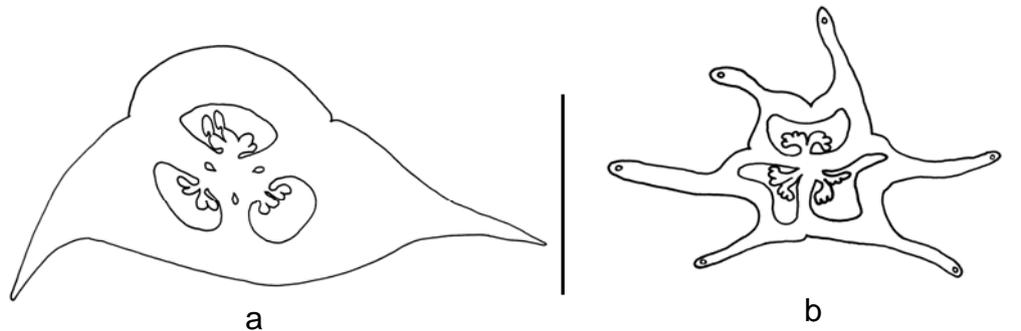


Abb. 22: Schematische Strichzeichnungen von Fruchtknotenflügeln. a) *Hohenbergia stellata* (FRP o.N.), b) *Lymania globosa*: (HG 103738, RD81). Länge des Maßstabalkens: 5 mm.

3.1.3.6 Rinnen

Für dieses Merkmal wurde die Zustände „Rinnen fehlend“, „Septalrinnen“ (Abb. 23b, f) und „Fruchtfachrinnen“ definiert (Abb. 23c). Die Rinnentypen wurden wiederum als „tiefe Rinnen“ (Abb. 23b-c) oder „flache Rinnen“ klassifiziert (Abb. 23d). Unter den Arten der Gattung *Aechmea* finden sich alle genannten Merkmalszustände. Das Fehlen jeglicher Rinnen (Abb. 23a) ist charakteristisch für die Gattungen *Ananas*, *Bromelia*, *Canistropsis*, *Fascicularia*, *Edmundoa*, *Greigia*, *Neoglaziovia*, *Ochagavia*, *Portea*, *Pseudananas*, und *Ronnbergia*. Septalrinnen wurden ausser bei einem Teil der *Aechmea*-Arten bei allen Vertretern der Gattungen *Hohenbergia*, *Orthophytum* und *Wittrockia* gesehen. Fruchtfachrinnen wurden bei *Acanthostachys strobilacea*, *Aechmea blumenavii* (subg. *Ortgiesia*), *A. cariocae* (*Chevaliera cariocae*), *A. tillandsioides* var. *tillandsioides* (subg. *Platyaechmea*), *A. tillandsioides* var. *kienastii* (subg. *Platyaechmea*), *Araecoccus goeldianus*, *A. parviflorus*, *Billbergia chlorosticta*, *B. macrocalyx*, *B. pyramidalis*, *B. saundersii*, *B. elegans*, *Canistrum aurantiacum*, *Cryptanthus bromelioides* und *Neoregelia pineliana* gefunden. Sowohl Septalrinnen als auch Fruchtfachrinnen wurden nur bei *Nidularium regelioides* und der Gattungen *Fernseea* und *Lymania* beobachtet. Tiefe Rinnen wurden bei *Araecoccus parviflorus*, *Billbergia chlorantha*, *B. macrocalyx*, *B. elegans*, *Lymania globosa* und *L. smithii* gesehen. Sowohl tiefe als auch flache Rinnen wurden bei *Fernseea itatiaiae* beobachtet (Abb. 24e). Alle anderen Arten weisen flache Rinnen auf.

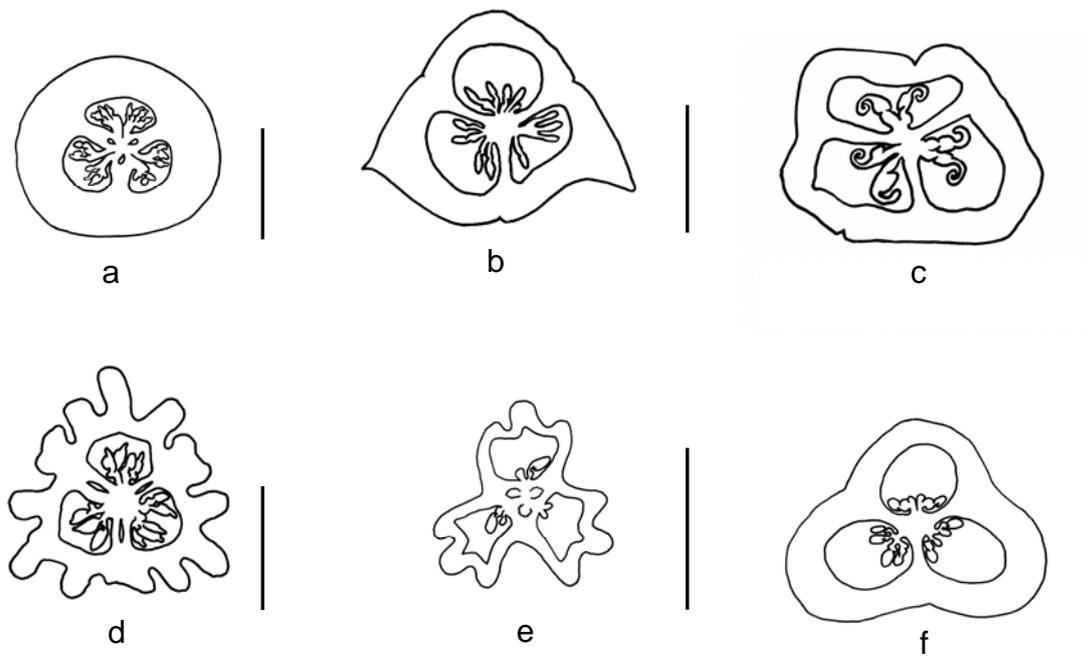


Abb. 23: Beispiele der Typen von Fruchtknotenrinnen bei Vertretern der Bromelioideae. a) *Portea leptantha*, b) *Hohenbergia distans*, c) *Aechmea tillandsioides* var. *tillandsioides* (subg. *Platyaechmea*), d) *Billbergia chlorantha*, e) *Fernsea itatiaie*, f) *Aechmea bambusoides* (subg. *Aechmea*). Länge der Maßstabsbalken: 2,5 mm. Weitere Erläuterungen im Text. Präparatenummern der verwendeten Schnitte werden im Speziellen Teil der Ergebnisse aufgeführt.

3.1.3.7 Warzen

Als Fruchtknotenwarzen werden kegelförmige Auswüchse der äußeren Fruchtknotenwand, die maximal 0,25 mm hoch werden, bezeichnet. Diese Strukturen wurden ausschließlich bei *Aechmea racinae* und *Aechmea warasii* (beide subg. *Lamprococcus*) beobachtet.

(Abb. 24)

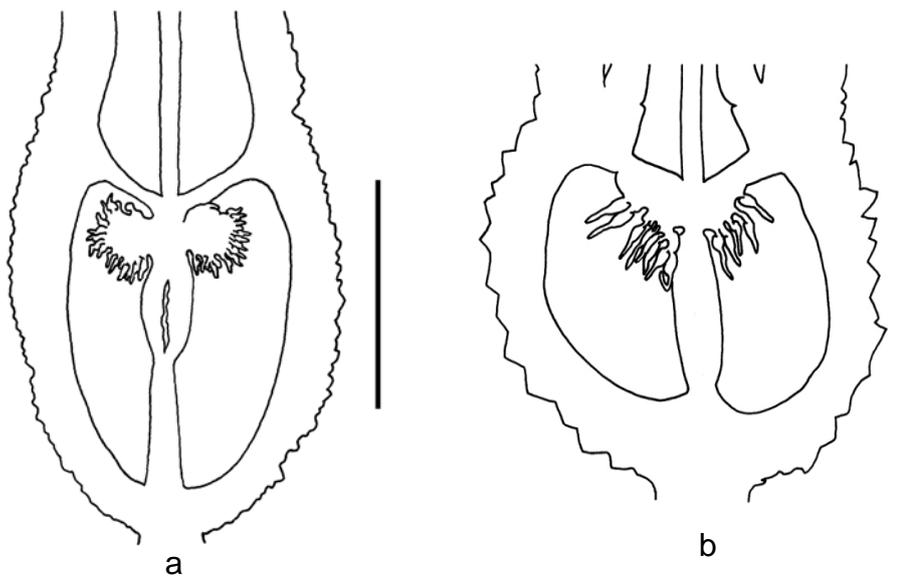


Abb. 24: Fruchtknotenwarzen bei Vertretern der Bromelioideae. a) *Aechmea racinae*, b) *A. warasii*. Länge der Maßstabsbalken: 5 mm.

3.1.3.8 Epigyne Röhre

Die epigyne Röhre zeigt sich bei den Bromelioideae je nach Gattung sehr variabel.

Diese Struktur ist bei *Quesnelia liboniana* mit 5 mm Länge und bei *Ochagavia carnea*, *Bromelia pinguin*, *Aechmea fendleri* (subg. *Aechmea*) und *Aechmea gracilis* (subg. *Ortgiesia*) mit 4 mm am längsten ausgebildet. Bei den Gattungen *Bromelia* und *Aechmea* ist die Länge der epigyne Röhre sehr variabel und kann von relativ langen epigygen Röhren bis hin zum völligen Fehlen dieser Struktur reichen. Bei den untersuchten Vertretern der Gattungen *Ananas*, *Androlepis*, *Cryptanthus*, *Hohenbergia*, *Orthophytum* und *Pseudananas* ist grundsätzlich keine epigyne Röhre ausgebildet. In den übrigen Gattungen ist sie zwar stets ausgebildet, in ihrer Länge aber sehr variabel.

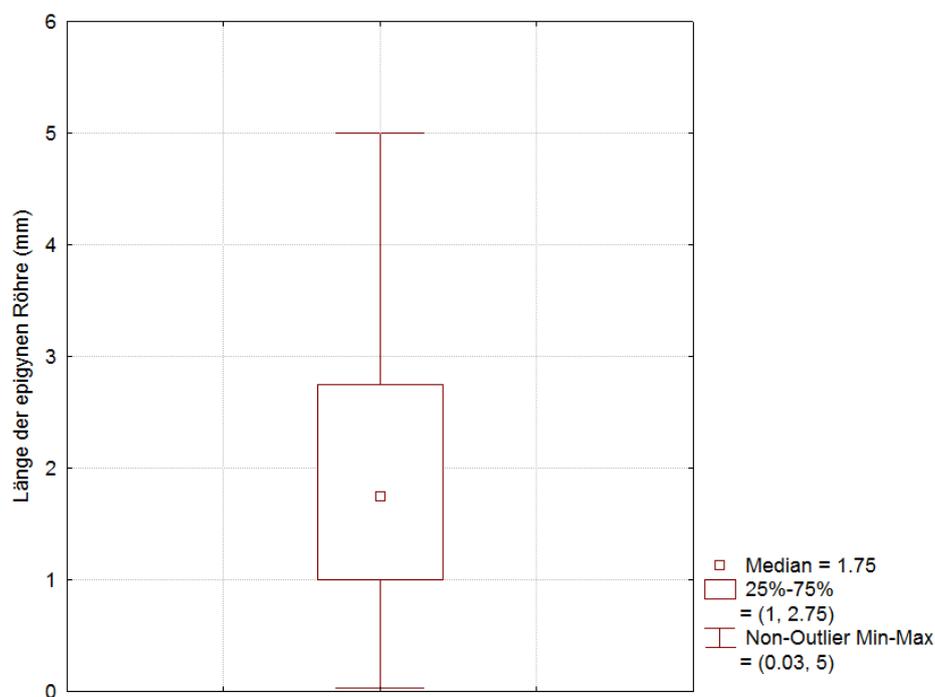


Abb. 25: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die epigyne Röhre ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.3.9 Septalnektarien

Die längste Septalnektarie wurden mit eine Länge von 16 mm bei *Deinacanthon urbanianum* gemessen. (Abb. 26). Sehr kleine Septalnektarien (um die 50 μm) wurden bei der Gattung *Araeococcus* gemessen.

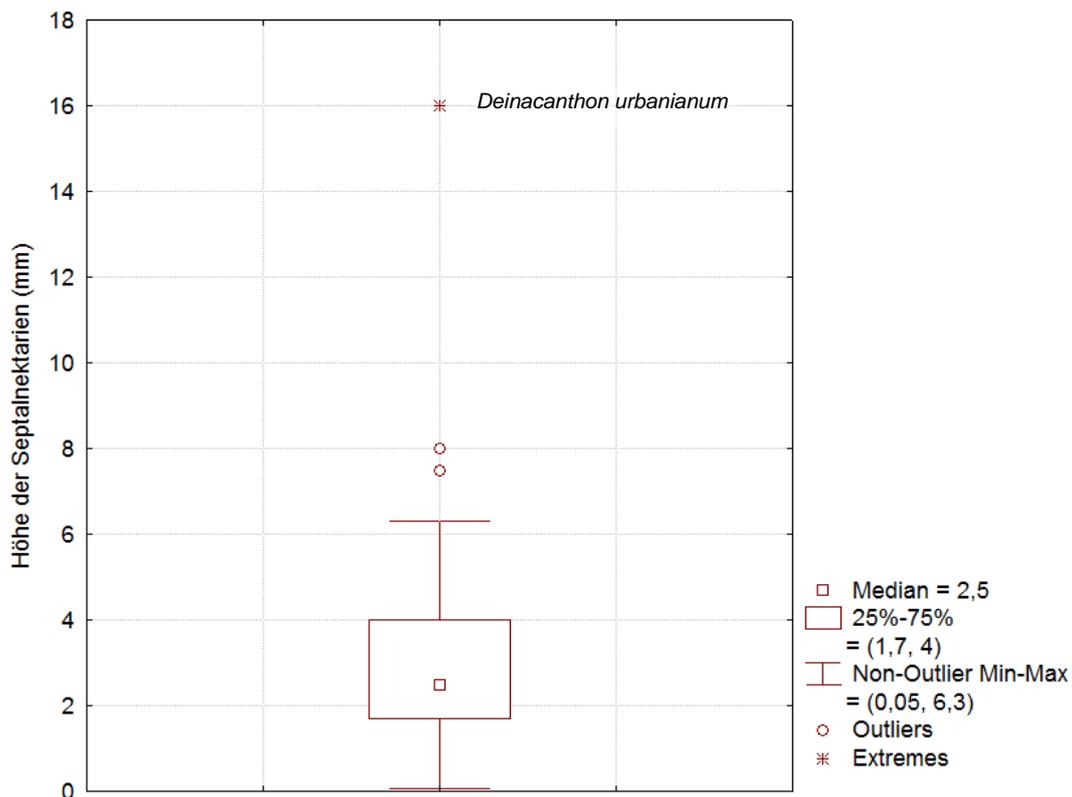


Abb. 26: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Septalnektarien ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.4 Samenanlagen

3.1.4.1 Anzahl pro Fruchtfach

Abgesehen von der Gattung *Acanthostachys*, die sich durch nur zwei Samenanlagen pro Fruchtfach von allen anderen Bromelioideae abhebt, zeigten sich auch unter Verwendung der in fünf Klassen differenzierten Erfassung der Zahl der Samenanlagen keine diagnostisch relevanten Verteilungsmuster.

3.1.4.2 Verteilungsdichte

Die Verteilungsdichte der Samenanlagen im Fruchtfach bei Bromelioideae wurde ins Kapitel Material und Methode als „locker“ oder „gedrängt“ definiert. Locker verteilte Samenanlagen pro Fruchtfach wurden bei der Gattungen *Acanthostachys*, *Edmundoa*, *Fernseea*, *Greigia*, *Ochagavia* sowie bei der Taxa *Aechmea blumenavii* (subg. *Ortgiesia*), *Aechmea tillandsioides* var. *tillandsioides* (subg. *Platyaechmea*), *Aechmea tillandsioides* var. *kienastii* (subg. *Platyaechmea*) und *Araeococcus pectinatus* gesehen. Gedrängt verteilte Samenanlagen pro Fruchtfach wurden bei allen anderen untersuchten Taxa beobachtet.

3.1.4.3 Orientierung

Die Orientierung der Samenanlage wurde am Längsschnitt der Fruchtknoten beobachtet und im Kapitel Material und Methoden mit den Merkmalszuständen „apotrop“, „heterotrop“, „waagrecht“ und „epitrop“ spezifiziert. Epitrop orientierte Samenanlagen wurden nur bei *Fosterella caulescens* (Pitcairnioideae) beobachtet.

Tab. 10: Orientierung der Samenanlagen im Fruchtfach bei Vertretern der Bromelioideae.

Apotrop	Heterotrop	Waagrecht
<i>Acanthostachys</i> *	<i>Ananas</i> *	<i>Androlepis</i> *
<i>Canistrum aurantiacum</i>	<i>Canistropsis</i> *	<i>Billbergia</i> *
<i>Edmundoa</i> *	<i>Cryptanthus</i> *	<i>Bromelia</i> *
<i>Hohenbergia</i> *	<i>Neoglaziovia</i> *	<i>Fascicularia</i> *
<i>Lymania</i> *	<i>Neoregelia</i>	<i>Fernseea</i> *
<i>Portea</i> *	<i>Nidularium</i> *	<i>Greigia</i> *
<i>Ronnbergia</i> *	<i>Orthophytum</i> *	<i>Ochagavia</i> *
	<i>Pseudananas</i>	
	<i>Quesnelia</i> *	
	<i>Ursulaea</i> *	
<i>Aechmea</i> sp. a.		
<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. aquilega</i> , <i>A. emmerichiae</i> , <i>A. fendleri</i> , <i>A. filicaulis</i> , <i>A. longifolia</i> , <i>A. mulfordii</i> , <i>A. nidularioides</i> , <i>A. purpurea</i> var. <i>aureorosea</i> , <i>A. servitensis</i> var. <i>exigua</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Aechmea</i> p.p.: <i>A. bambusoides</i> , <i>A. paniculata</i> , <i>A. rubens</i> <i>A. eurycorymbus</i>	
	<i>Aechmea</i> subg. <i>Chevaliera</i> : <i>A. cariocae</i>	
<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. warasii</i> , <i>A. miniata</i> , <i>A. farinosa</i> var. <i>conglomerata</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Lamprococcus</i> p.p.: <i>A. racinae</i>	
<i>Aechmea</i> subg. <i>Macrochordion</i> : <i>A. triangularis</i>		
	<i>Aechmea</i> subg. <i>Orgiesia</i> p.p.: <i>A. winklerii</i> , <i>A. pimenti-velosoi</i> , <i>A. blumenavii</i> , <i>A. gracilis</i> , <i>A. kertezsiae</i>	<i>Aechmea</i> subg. <i>Orgiesia</i> p.p.: <i>A. gamosepala</i>
	<i>Aechmea</i> subg. <i>Pothuava</i> p.p.: <i>A. nudicaulis</i> , <i>A. allenii</i> , <i>A. lindenii</i> var. <i>lindenii</i>	
	<i>Aechmea</i> subg. <i>Platyaechmea</i> p.p.: <i>A. chantinii</i> , <i>A. distichantha</i> var. <i>distichantha</i> f. <i>distichantha</i> , <i>A. fasciculata</i> , <i>A. mexicana</i> , <i>A. smithiorum</i>	
<i>Aechmea</i> subg. <i>Podaechmea</i> p.p.: <i>A. ferruginea</i>		
<i>Araeococcus goeldianus</i>	<i>Araeococcus flagellifolius</i>	<i>Araeococcus parviflorus</i>

*Bei allen untersuchten Vertretern der Gattung wurde der selbe Merkmalszustand beobachtet.

3.1.4.4 Lage der obersten Samenanlage im Fruchtfach

Die Lage obersten Samenanlage im Fruchtfach wurde in der folgende Weise klassifiziert: „apikal“, „subapikal“, „zentral“. Apikal inserieren die obersten Samenanlagen bei den Arten der Gattungen *Acanthostachys*, *Ananas*, *Araecoccus*, *Edmundoa*, *Hohenbergia*, *Lymania*, *Neoglaziovia* und *Ronnbergia* gesehen. Subapikal inserierende Samenanlagen wurden bei der Gattungen *Androlepis*, *Bromelia*, *Cryptanthus*, *Deinacanthon*, *Fernseea*, *Greigia*, *Ochagavia*, *Portea*, *Pseudananas*, *Quesnelia* und *Wittrockia* sowie bei *Araecoccus flagellifolius*, *Billbergia viridiflora*, *Nidularium bilbergioides*, *N. regelioides* und *N. rutilans*. Zentral inserierende oberste Samenanlagen wurden bei der Gattungen *Billbergia* (mit Ausnahme von *Billbergia viridiflora*) *Canistropsis*, *Neoregelia*, *Ursulaea* und bei *Nidularium inocentii* beobachtet. Der Gattung *Aechmea* wies alle definierte Merkmalszustände auf.

3.1.4.5 Bedeckung der Fruchtknotenachse

Samenanlagen, die entlang des ganzes Fruchtfaches positioniert waren (>70% der Fruchtknotenachse) wurden sowohl bei den untersuchten Außengruppentaxa als auch bei der Gattungen *Androlepis*, *Bromelia*, *Deinacanthon*, *Greigia* und *Ochagavia* gesehen. Bei allen übrigen Vertretern sind die Samenanlagen auf einen weitaus kleineren Bereich der Fruchtknotenachse beschränkt.

3.1.4.6 Größe

Die längsten Samenanlagen wurden bei *Deinacanthon urbanianum*, *Cryptanthus bromelioides* und *Greigia sphacelata* beobachtet (Abb. 27). Die breitesten Samenanlagen wurden bei *Deinacanthon urbanianum*, *Neoregelia* sp. und *Cryptanthus bromelioides* gemessen (Abb. 28).

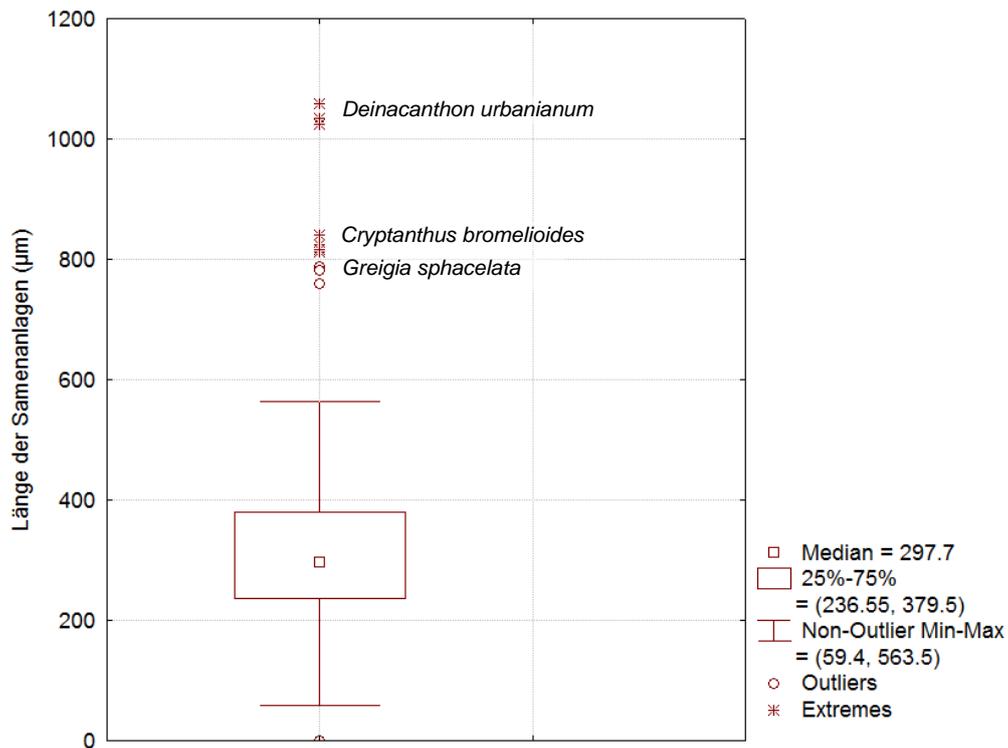


Abb. 27: Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Samenanlagen ausgewählter Arten der Bromelioideae.

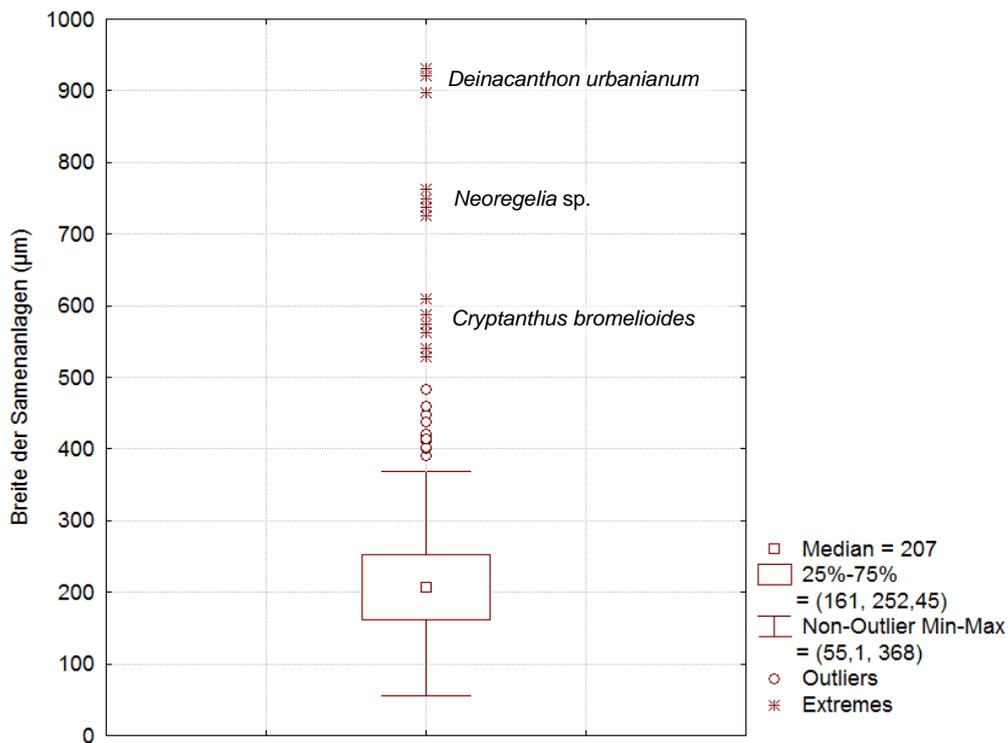


Abb. 28: Box-Wisker-Plot der Meßwerte für die Breite der Samenanlagen ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.4.7 Länge der Anhängsel

Die Mehrheit der untersuchten Vertreter der Unterfamilie Bromelioideae besitzt keine Anhängsel (55 der 103 untersuchten Arten). Für die meisten der Arten mit Anhängseln wurden Längen der Samenanlagenanhängsel zwischen 45 und 1800 μm gemessen. Lediglich *Acanthostachys pitcairnioides* besitzt stark abweichende, extrem lange Anhängsel von über 5000 μm (Abb. 29).

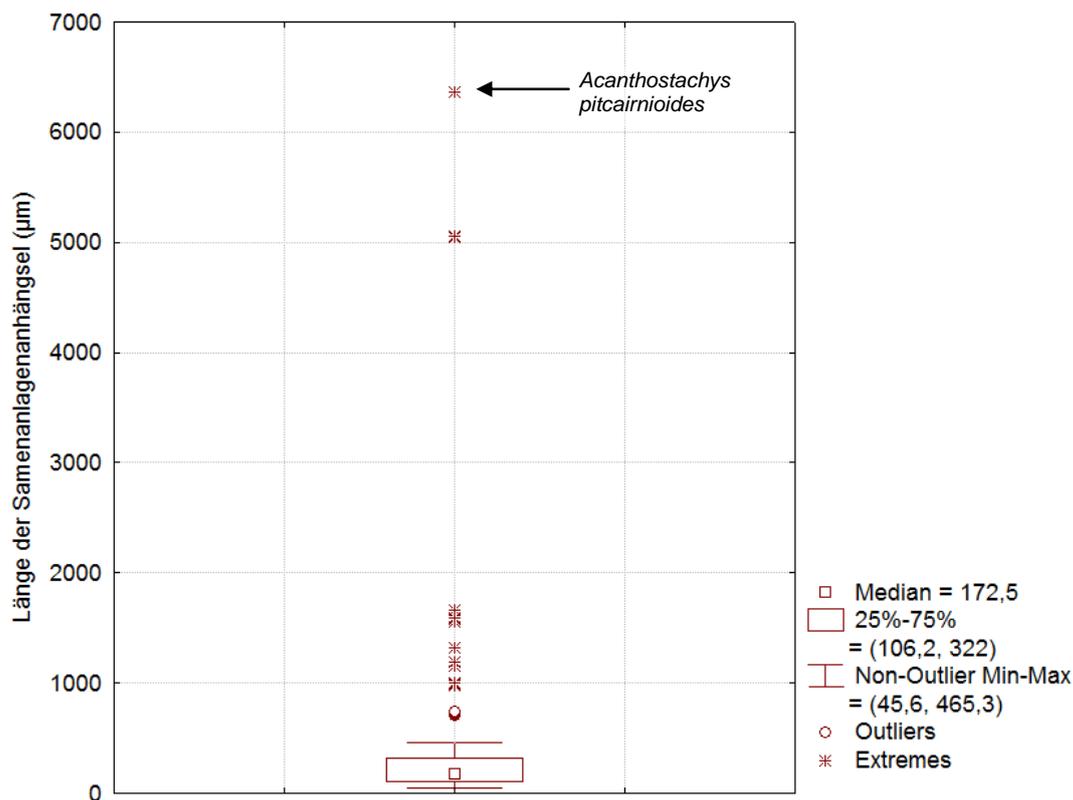


Abb. 29: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Samenanlagenanhängsel ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.4.8 Breite der Anhängsel

Die Samenanlagenanhängsel der meisten Bromelioideae sind zwischen 20 und 140 μm breit. Die breitesten Samenanlagen wurden bei *Aechmea cariocae*, *Billbergia chlorantha* und *Aechmea bromeliifolia* gemessen (Abb. 30). Die Anhängsel von *Acanthostachys pitcairnioides* sind dagegen trotz ihrer extremen Länge mit durchschnittlich nur 57 μm relativ schmal.

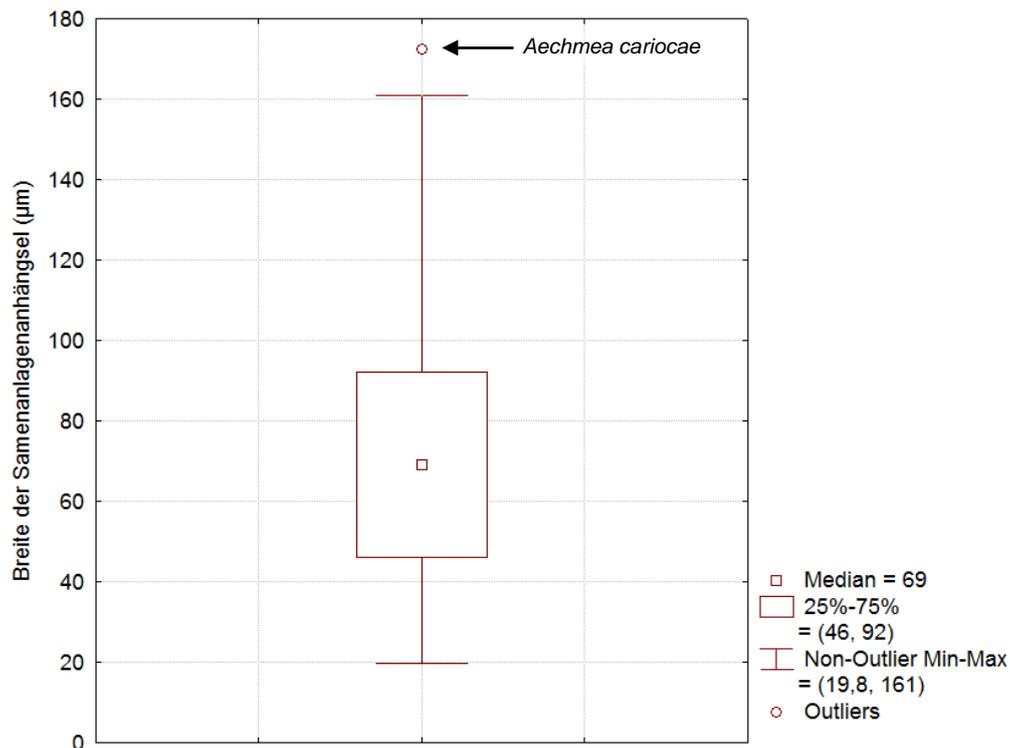


Abb. 30: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Breite der Samenanlagenanhängsel ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.4.9 Anhängselform

Die bei der Bromelioideae beobachteten Anhängselformen wurden im Kapitel „Material und Methoden“ als „gerade“, „gebogen“ und „mehrfach gewunden“ definiert. Repräsentative Vertreter der untersuchten Gattungen wurden mit dem REM fotografiert (Abb. 31). Viele Vertreter der Bromelioideae besitzen stumpfe Samenanlagen ohne Anhängsel (Abb. 31a). Gerade Samenanlagenanhängsel (Abb. 31b) wurden bei *Fosterella caulescens* (Pitcairnioideae), *Aechmea aquilega*, *Aechmea emmerichiae*, *Aechmea eurycorymbus*, *Aechmea fasciculata*, *Aechmea fendleri*, *Aechmea mexicana*, *Aechmea miniata*, *Aechmea racinae*, *Aechmea rubens*, *Aechmea weilbachii*, *Billbergia chlorosticta*, *B. euphemiae* var. *euphemiae*, *B. macrocalyx*, *B. pyramidalis*, *B. saundersii*, *B. viridiflora*, *Canistropsis billbergioides*, *Hohenbergia correia-araujoi*, *H. distans*, *H. stellata*, *Lymania alvimii*, *L. globosa*, und *Portea leptantha* gesehen.

Gebogene Samenanlagenanhängsel (Abb. 31c) wurden bei *Acanthostachys strobilacea*, *Aechmea bromeliifolia* (subg. *Macrochordion*), *Aechmea cariocae* (*Chevaliera cariocae*), *Aechmea chantinii* (subg. *Macrochordion*), *Aechmea farinosa* var. *conglomerata* (subg. *Lamprococcus*), *Aechmea mulfordii* (subg. *Aechmea*), *Aechmea purpurea* var. *aureorosea* (subg. *Aechmea*), *Aechmea tillandsioides* var. *kienastii* (subg. *Platyaechmea*), *Aechmea*

triangularis (subg. *Macrochordion*), *Araeococcus goeldianus*, *A. pectinatus*, beobachtet. Mehrfach gewundene Anhängsel wurden nur bei *Acanthostachys pitcairnioides* (Abb. 31d) und *Aechmea tillandsioides* var. *tillandsioides* (subg. *Platyaechmea*) (Abb. 31e) gefunden.

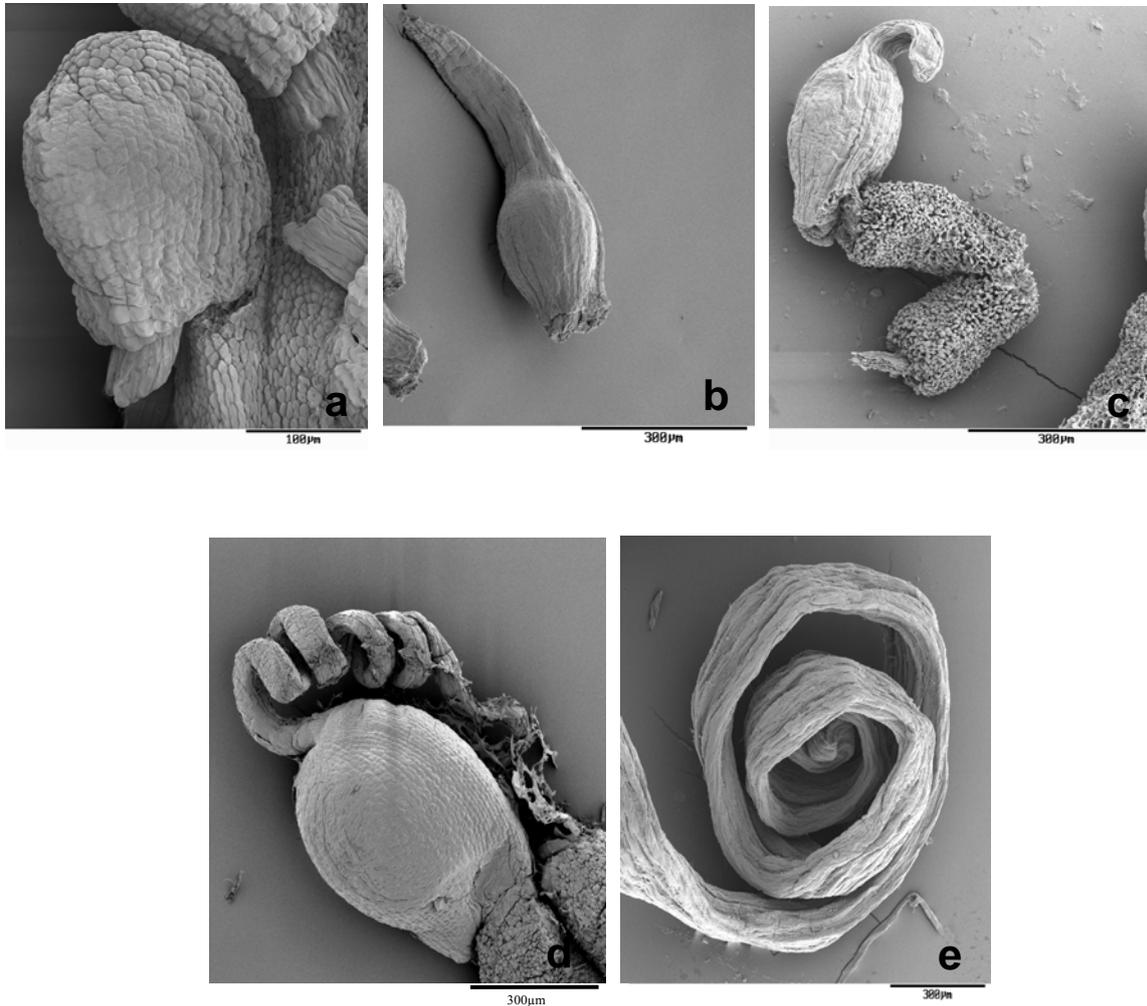


Abb. 31: Formen der Samenanlagenanhängsel bei Vertretern der Bromelioideae: a) Anhängsel fehlend (*Ochagavia carnea*), b) gerades Anhängsel (*Lymania alvimii*), c) gebogenes Anhängsel (*Araeococcus goeldianus*), d) - e) mehrfach gewundene Anhängsel; (d) *Acanthostachys pitcairnioides*, e) *Aechmea tillandsioides* var. *tillandsioides*).

3.1.4.10 Funikulus

Die längsten Funikuli wurden bei *Androlepis skinneri* und *Ronnbergia explodens* beobachtet (Abb. 32). Bei *Deinacanthon urbanianum* wurde kein Funikulus gesehen. Die breiteste Funikuli wurden bei *Pseudananas sagenarius* und *Neoglaziovia variegata* gemessen (Abb. 33).

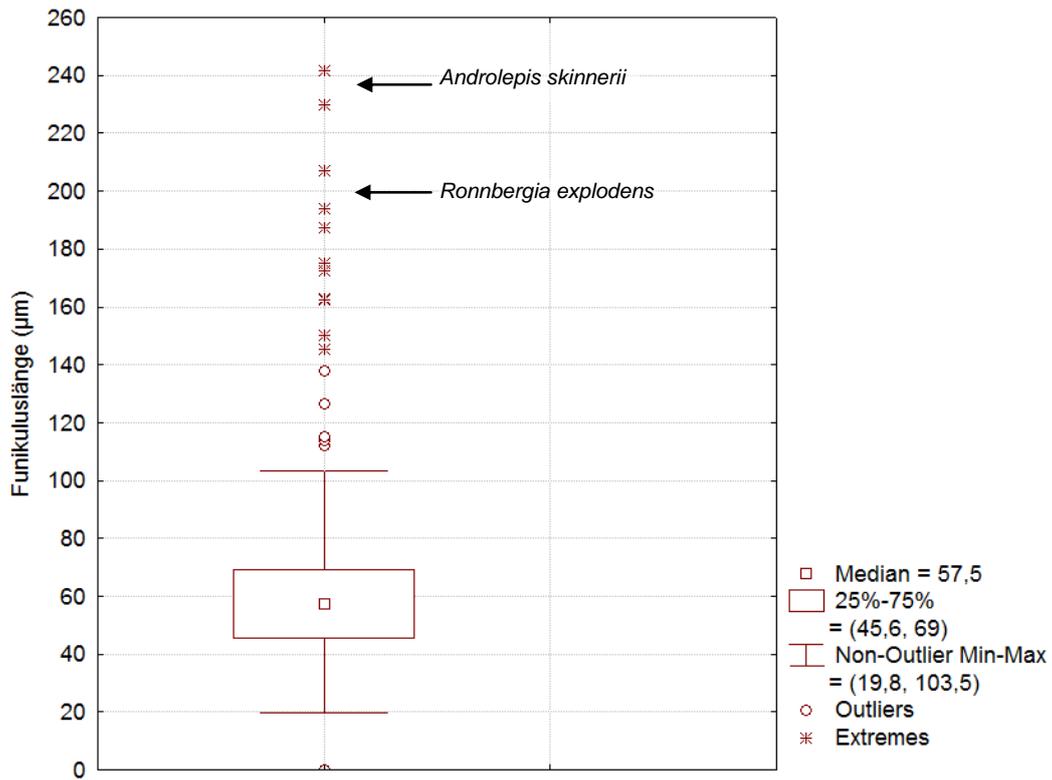


Abb. 32: Box-Whisker-Plot der Maßwerte für die Länge der Funikuli ausgewählter Arten der Bromelioideae.

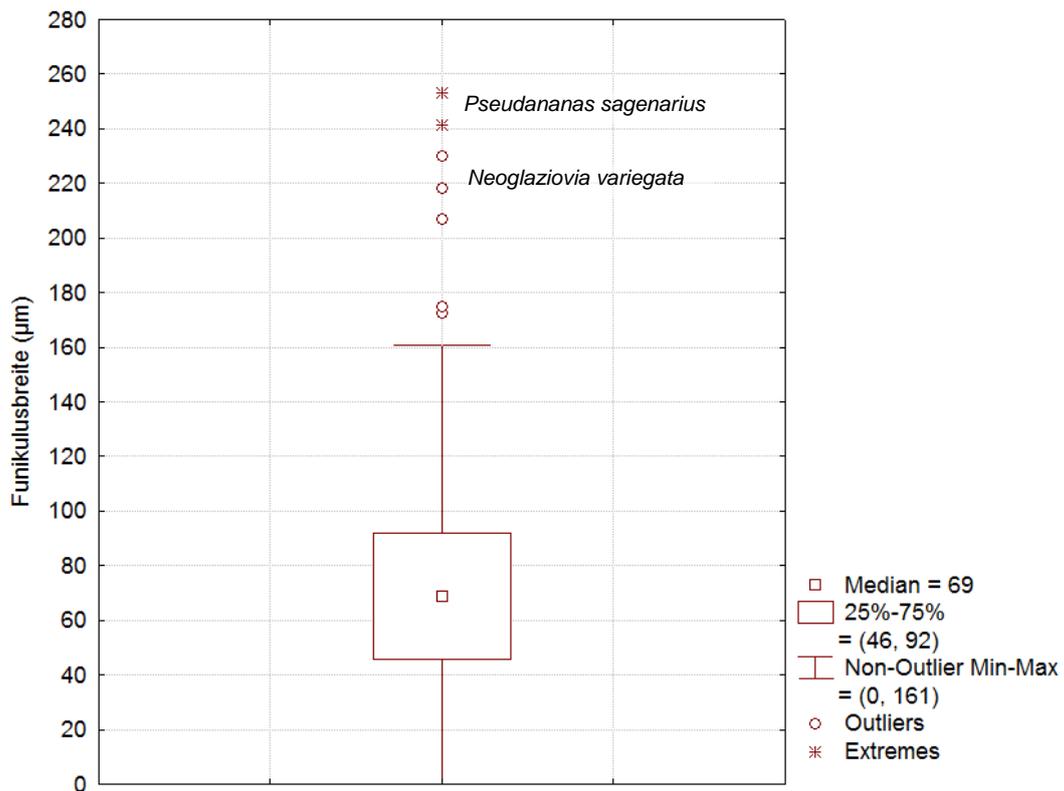


Abb. 33: Box-Whisker-Plot der Maßwerte für die Breite der Funikuli ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.4.11 Mikropyle

Die längsten Mikropylen wurden bei *Greigia sphacelata* und *Cryptanthus bromelioides* gemessen (Abb. 34).

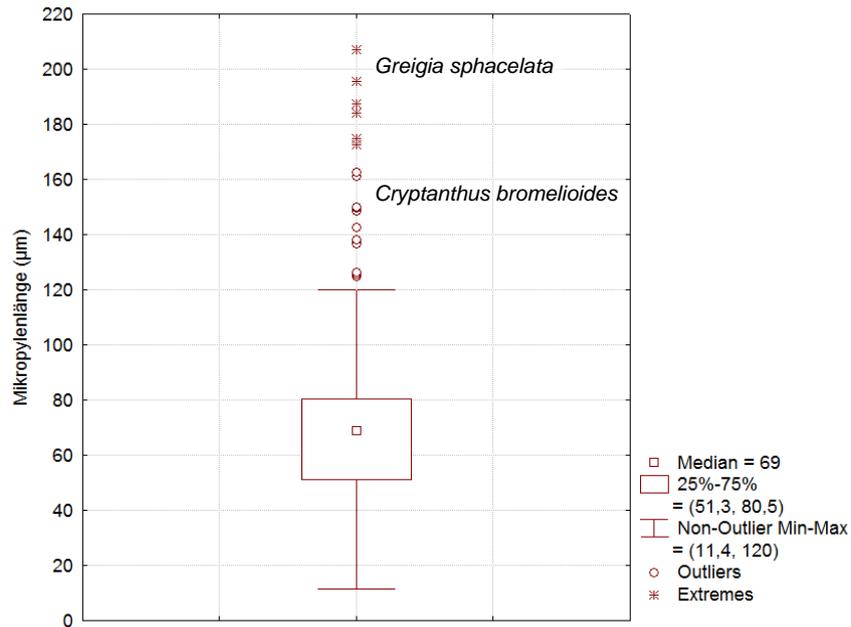


Abb. 34: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Mikropyle ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.4.12 Gesamtdicke der Integumente

Die dicksten Integumente wurden bei *Bromelia pinguin*, und *Cryptanthus bromelioides* gemessen (Abb. 35).

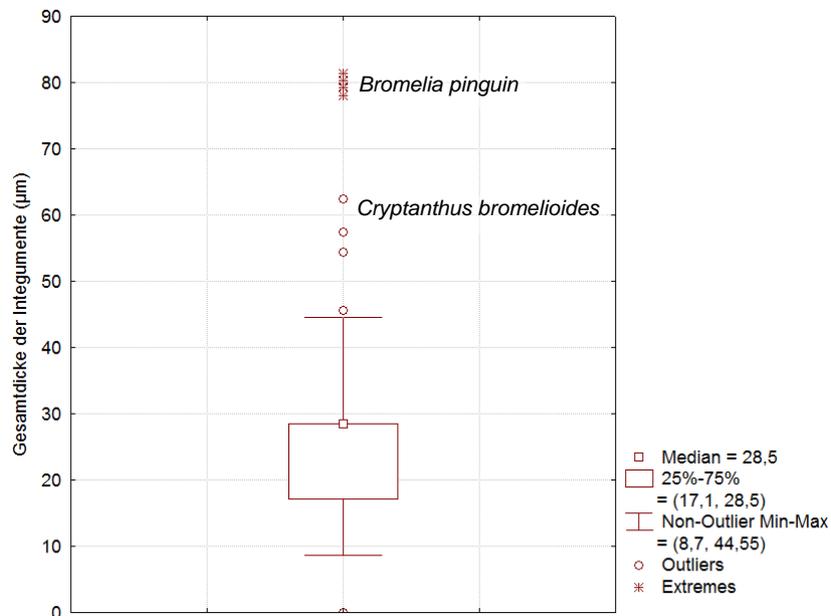


Abb. 35: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Gesamtdicke der Integumente ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.4.13 Dicke des inneren Integumentes in der Höhe des Nucellusapex (DIIN)

Die dicksten inneren integumenten in Höhe der Nucellusapex wurden bei *Greigia sphacellata* gemessen (Abb. 36).

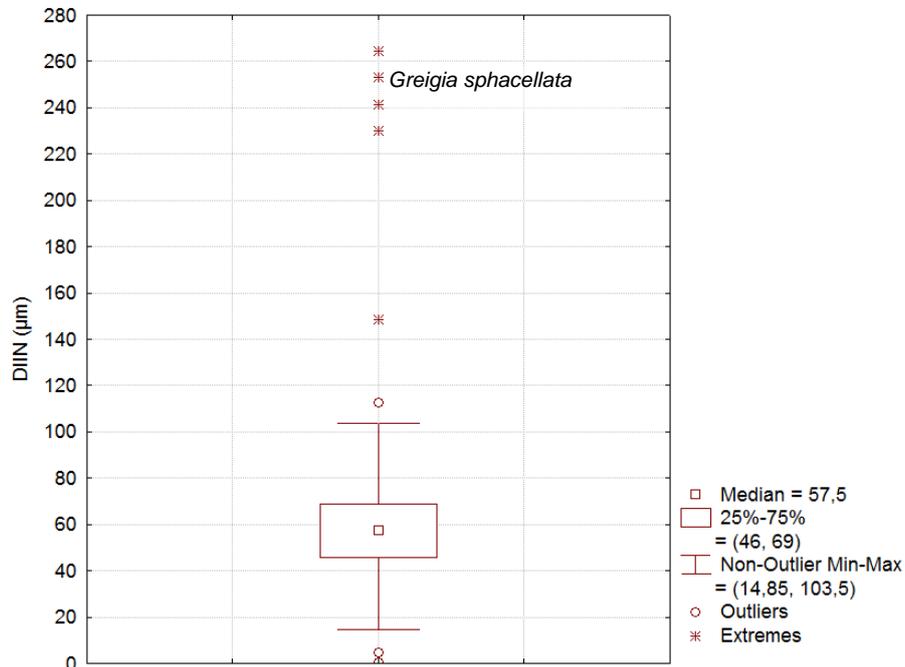


Abb. 36: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Dicke des inneren Integumentes in der Höhe des Nucellusapex ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.4.14 Nucellus

Die längsten Nucelli wurden bei *Ronnbergia explodens* und *Acanthostachys pitcairnioides* gemessen (Abb. 37).

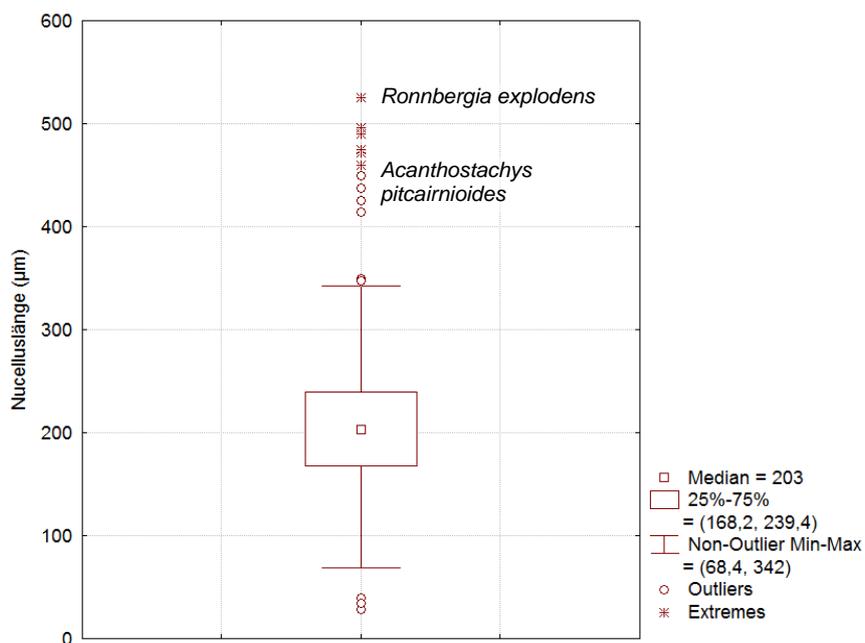


Abb. 37: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Nucellus ausgewählter Arten der Bromelioideae.

Die breitesten Nucelli wurden bei *Greigia sphacellata* und *Acanthostachys pitcairnioides* beobachtet (Abb. 38).

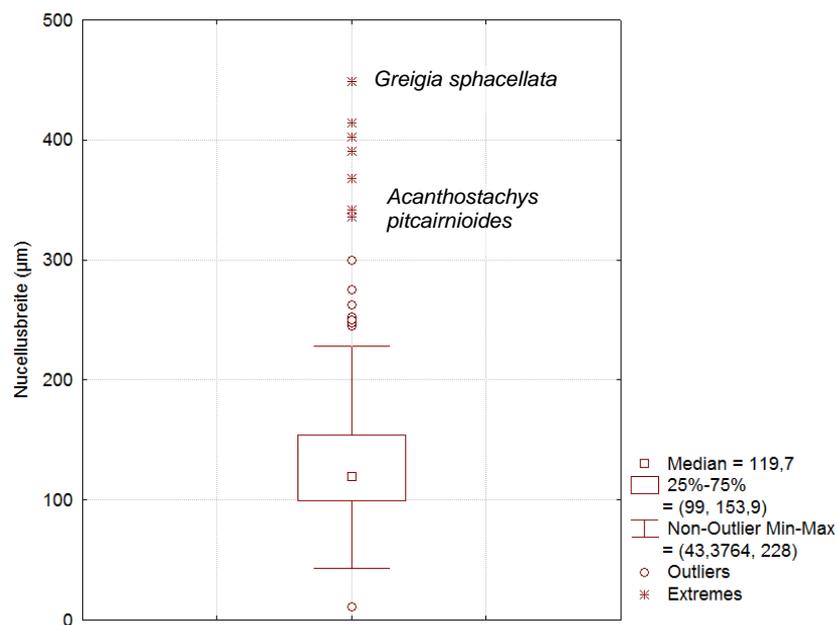


Abb. 38: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Breite der Nucellus ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.5 Plazenta

3.1.5.1 Furchung

Für dieses Merkmal wurden die Merkmalszustände „Furchen fehlend“, „eine Furche“, „zwei Furchen“, „drei Furchen“ und „vier Furchen“ unterschieden. Bei der Gattung *Aechmea* wurden alle Merkmalszustände beobachtet, mit der Ausnahme von „vier Furchen“. Keine Furchen wurden bei den Gattungen *Acanthostachys*, *Ananas*, *Cryptanthus*, *Fernseea*, *Fascicularia*, *Greigia*, *Deinacanthon* gefunden sowie bei den Arten *Aechmea longifolia* (subg. *Aechmea*), *Aechmea* sp. (siehe Anhang), *A. tillandsioides* var. *tillandsioides* (subg. *Platyaechmea*), *A. tillandsioides* var. *kienastii* (subg. *Platyaechmea*), *Araeococcus flagellifolius*, *A. pectinatus*. Eine Furche auf jeder Plazentahälfte wurde gesehen bei den Gattungen *Billbergia* (mit Ausnahme von *B. viridifolia*, die zwei Furchen zeigt), *Hohenbergia*, *Neoglaziovia*, *Ochagavia*, *Pseudananas*, und *Quesnelia* (mit die Ausnahme von *Q. seideliana* die zwei Furchen zeigt). Bei *Ursulaea tuitensis* wurden sowohl eine Furche als auch zwei Furchen auf jede Plazentahälfte beobachtet. Zwei Furchen wurden bei der Gattungen *Canistropsis*, *Fosterella*, *Lymania* (mit der Ausnahme von *Lymania alvimii*, bei der nur eine Furche auf jeder Plazentahälfte beobachtet wurde), *Orthophytum* und *Portea*.

Drei Furchen auf jeder Plazentahälfte wurden bei der Gattungen *Edmundoa*, *Nidularium*, und *Ronnbergia* gesehen. Vier Furchen auf jeder Plazentahälfte wurden bei *Puya densiflora* (Pitcairnioideae), *Androlepis skinerii*, *Neoregelia pineliana* und *Wittrockia smithii* gesehen.

3.1.5.2 Größe der Zellen

Die längsten Plazentazellen wurden bei *Neoglaziovia variegata* beobachtet (Abb. 39). Die breitesten Plazentazellen wurden bei *Aechmea distichantha* var. *distichantha* f. *distichantha* (subg. *Platyaechmea*) und *Wittrockia smithii* gesehen (Abb. 40).

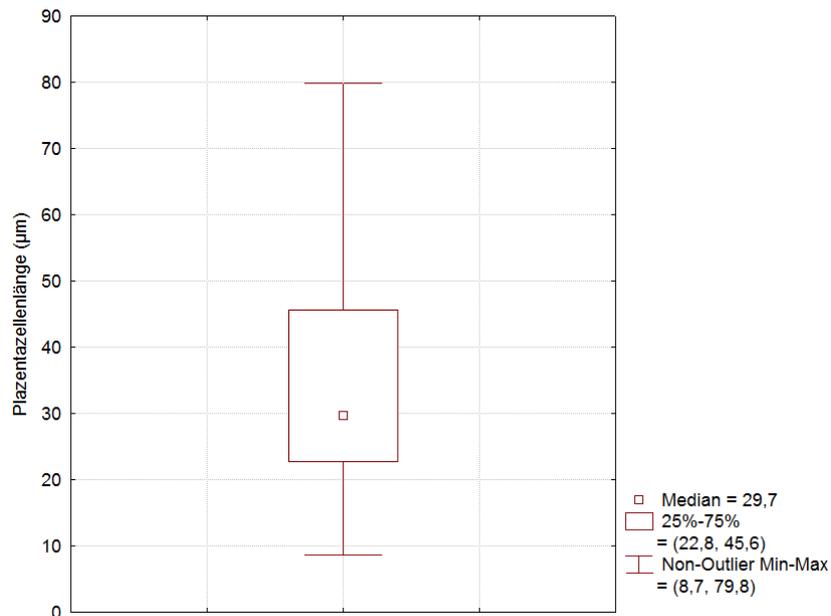


Abb. 39: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Länge der Plazentazellen ausgewählter Arten der Bromelioideae.

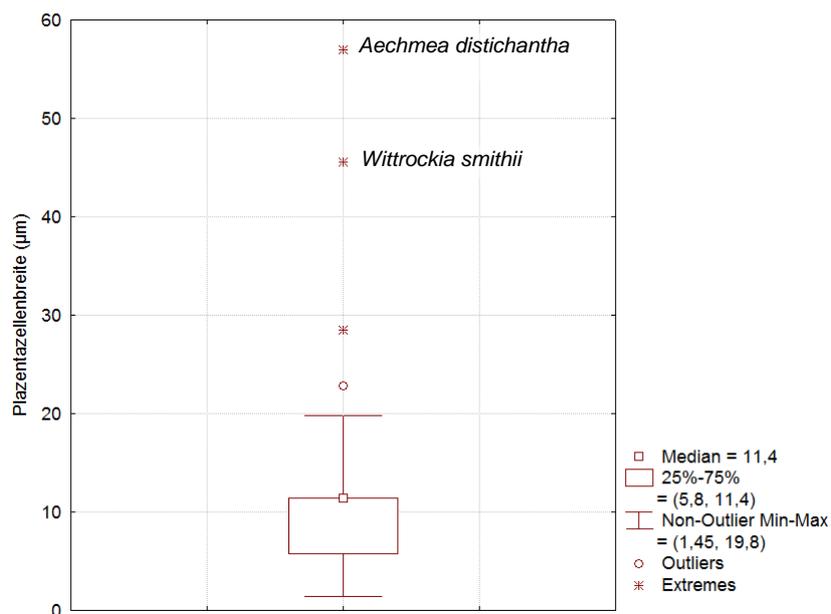


Abb. 40: Box-Whisker-Plot der Meßwerte für die Breite der Plazentazellen ausgewählter Arten der Bromelioideae.

3.1.6 Datenanalyse

Das Hauptziel der Arbeit war es, größere Verwandtschaftsgruppen (Gattungen und Gattungsgruppen) innerhalb der Unterfamilie Bromelioideae anhand morphologischer Merkmale zu umgrenzen. Dabei wurden einerseits morphologische Merkmalszustände mit Hilfe des Programmes MESQUITE1.12 auf vorhandene Topologien möglicher Verwandtschaftsverhältnisse mit molekularen Daten (entnommen aus SCHULTE et al. 2005) als Grundlage geplottet und ihre Verteilung interpretiert. Diese Ergebnisse werden im Anhang dokumentiert und in der Diskussion ausgewertet.

Da sich das Taxonsampling der Arbeiten von SCHULTE et al. (2005) aber nur teilweise mit dem der hier vorliegenden Arbeit überlappt, und molekulare Daten nur für wesentlich weniger Taxa verfügbar sind als wie sie anatomisch untersucht wurden, wurde zusätzlich Parsimonieanalysen auf der Basis mehrerer Datensätze durchgeführt, bei denen zunächst nur Merkmale des Fruchtknotenbereichs und anschließend weiterer, selbst beobachteter Strukturen des floralen Bereichs und schließlich von Merkmalen aus verschiedenen Literaturquellen zu der Merkmalsmatrix addiert wurden.

Ziel dieser Analysen war es zumindest für einen Teil der untersuchten Arten eine objektivierte Aussage über die Zuordnung zu bestimmten Gattungen bzw. Gattungsgruppen zu ermöglichen. Diese Ergebnisse können als Arbeitshypothesen bis zum Vorliegen aussagekräftiger molekularer Daten dienen.

Die Aussagekraft der Ergebnisse einer Parsimonieanalyse ist maßgeblich davon abhängig, dass nur unabhängige Merkmale berücksichtigt werden und Pseudoreplikationen vermieden werden. Bei den qualitativen Merkmalen lassen sich Pseudoreplikationen durch logische Schlussfolgerungen i.d.R. leichter vermeiden als bei quantitativen Merkmalen.

Als ein Weg, um enge funktionale Kopplungen scheinbar unabhängiger quantitativer Merkmale aufzudecken und Pseudoreplikationen zu entlarven wurden vor der Zusammenstellung der Merkmalsmatrix für die Parsimonieanalyse paarweise Korrelationskoeffizienten für alle Kombinationen quantitativer Messgrößen untereinander berechnet (Anhänge A5-A6). Die Tabellen der errechneten Korrelationskoeffizienten liefert Argumente, welche Kombinationen von Variablen einer kritischen Überprüfung auf mögliche Pseudoreplikationen und enge funktionale Kopplungen zu unterziehen sind. Die Interpretation

dieser Beziehungen muss aber stets in Betracht ziehen, dass gerade bei nicht randomisierter Stichproben neben funktionalen Beziehungen und der Kopplung vor dem Hintergrund verwandtschaftlicher Beziehungen auch zufällige Korrelationen durchaus signifikant werden können. Entscheidend muss daher stets das Bemühen einer inhaltlichen Interpretation der ermittelten Korrelationskoeffizienten sein.

Hohe paarweise Korrelationen ($r = 0,87$; $p < 0,01$) wurden sowohl zwischen der Länge der Samenanlagen-Anhängsel und dem Quotienten aus Anhängsellänge und -breite als auch zwischen Anhängsellänge und -breite ($r=0,67$; $< 0,01$) errechnet (siehe Anhang A5). Bei dieser Berechnung wurden die Messungen für *Acanthostachys pitcairnoides* mit ihrem extrem langen Anhängsel ausgeklammert, um Ausreissereffekte zu vermeiden. Die hohen paarweisen Korrelationskoeffizienten für die oben genannten Größen führen zu dem Schluß, dass diese nicht als unabhängigen Merkmalen behandelt werden können. Um eine Pseudoreplikation zu vermeiden, wird nur die Länge der Samenanlagenanhängsel für die Parsimonieanalyse verwendet. Eine signifikante Korrelation besteht ferner zwischen der Länge der Plazentazellen und dem Wert des Quotienten zwischen Plazentazellenlänge und -breite ($r = 0,62$; $p < 0,01$; siehe Anhang A6). Für die Parsimonieanalyse wird daher nur die Länge der Plazentazellen in der Parsimonieanalyse verwendet. Ein hoher Korrelationswert wurde schließlich für die Beziehung der Größen der Nucelluslänge und der Nucellusbreite untereinander errechnet ($r = 0,82$; $p < 0,01$). Der Quotient beider Größen, als mathematische Näherung an die Form des Nucellus, erwies sich dagegen als bis zu einer gewissen Grad abhängig von der Dimension der Breite ($r = - 0,48$; $p < 0,01$), kaum dagegen von die Nucelluslänge $r = - 0,06$, wobei letzteres Ergebnis allerdings nicht signifikant ist. Die Nucellusbreite wurde daher nicht für die Parsimonieanalyse berücksichtigt. Ebenfalls relative hohe Korrelationswerte ($r = 0,84$; $p < 0,05$) wurden zwischen der Dicke der äußeren und der inneren Integumente errechnet. Um auch hier eine Pseudoreplikation zu vermeiden, wurden beide Größen addiert und nur ihre Summe in der Parsimonieanalyse verwendet.

Im Rahmen der durchgeführten PCA ergab die Projektion der Taxa auf die aus den Faktorenachsen 1 und 2 gebildeten Ebene sowohl in der Variante mit den Merkmalen des Samenanlagenanhängsels als auch bei der PCA unter Ausschluss dieser Strukturen, dass fast alle Bromelioideae einen sehr homogenen, dichten Punktehaufen bilden, der in dieser Form keine Differenzierung nach systematischen Kriterien erlaubt (Abb. 41). Lediglich *Acanthostachys pitcairnoides* erweist sich in der Analyse unter Einschluss der

Anhängselmerkmale als stark von allen übrigen Taxa abweichend. Damit wird die Entscheidung die Werte für die Anhängsellänge sowie den Quotient aus Anhängsellänge und –breite von dieser Art bei den Berechnungen der paarweisen Korrelationskoeffizienten der Einzelmerkmale auszuschließen weiter legitimiert.

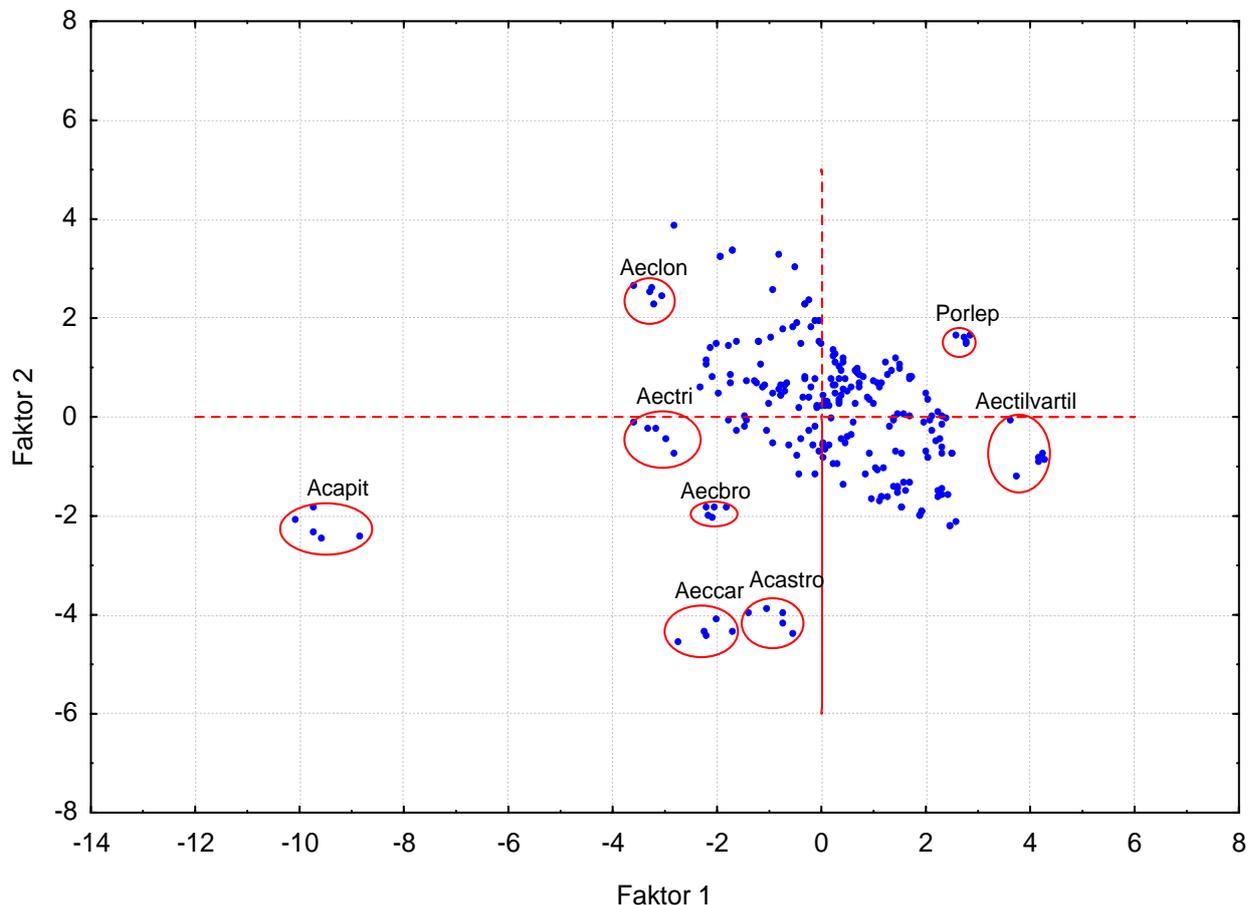


Abb. 41: PCA mit morphologischen Merkmalen als Variablen und den Meßwerten der untersuchten Bromelien als Fällen. Projektion der Fälle (je fünf Replikas der Messungen anatomischer Strukturen von 103 Arten der Bromelioideae) auf die Ebene der Faktoren 1 und 2.

Verwendete Abkürzungen in der Graphik: Acapit = *Acanthostachys pitcairnioides*, Acastro = *Acantostachys strobilacea*, Aeccar = *Aechmea cariocae*, Aecbro = *Aechmea bromeliifolia*, Aectri = *Aechmea triangularis*, Aectilvartil = *Aechmea tillandsioides* var. *tillandsioides*, Porlep = *Portea leptantha*, Aeclon = *Aechmea longifolia*.

Ein Grund für die geringe Aussagekraft der PCA für die Fragestellungen zur Verwandtschaft der Bromelioideae kann in der Struktur der Datenmatrix liegen. Die PCA setzt grundsätzlich lineare Beziehungen zwischen den Variablen sowie normalverteilte metrisch skalierte Größen voraus. Die Frage, ob lineare Beziehungen zwischen den Variablen angenommen werden können, wurde nicht in einzelnen überprüft, sie ist dagegen nach MCCUNE et al. (2002) bei biologischen Datensätzen grundsätzlich nur selten gegeben. Dennoch scheint die Verletzung dieser Bedingung die Aussagekraft der PCA in taxonomisch orientierten Arbeiten nicht

wesentlich zu schmälern. Selbst ordinal skalierte Merkmale werden von vielen Autoren in Hauptkomponentenanalysen einbezogen und ergaben biologisch sinnvoll interpretierbare Resultate (HENDERSON 2006, HORNUNG-LEONI 2008). Im vorliegenden Fall wurde ein Mittelweg eingeschlagen: die Linearität der Beziehungen wurde nicht im Einzelfall überprüft, für die Berechnung der Faktorenachsen wurden aber nur metrisch skalierte Merkmale verwendet. Als Hilfe für die Klärung von Verwandtschaftsfragen oberhalb der Artebene ist die PCA quantitativer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs für die ausgewählten Vertreter der Bromelioideae in dieser Form dennoch nicht ausreichend aussagefähig.

3.1.6.1 Parsimonieanalysen morphologischer und ökologischer Daten

Keine der Analysen lieferte weniger als 1000 gleichermaßen sparsame Bäume. Es überrascht daher nicht, dass der Anteil der Knoten im *strict consensus*-Baum in allen Analysen relativ niedrig bleibt (Abb. 42). Dieses Ergebnis und die geringe Anzahl der Merkmale im Verhältnis zur großen Anzahl an Taxa spiegelt sich auch in der sehr niedrigen Anzahl der durch einen Bootstrapwert ≥ 55 gestützten Knoten wieder. Mit der ausschließlich Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs enthaltenden Datenmatrix wird ein befriedigender Bootstrap-Wert von über 75 lediglich für das *clade* aus *Aechmea tillandsioides* var. *tillandsioides* und *Aechmea tillandsioides* var. *kienastii* erreicht. Die Berücksichtigung weiterer Merkmale aus dem floralen Bereich hebt den *Bootstrap-support* für dieses *clade* von 81 auf 87. Zusätzlich steigt die Unterstützung für das Artenpaar *Lymania globosa* und *L. smithii* von 68 auf 84. Die Ergänzung um ökologische Merkmale führt zu einer weiteren Steigerung des *Bootstrap-support* für die Vertreter der Gattung *Orthophytum* (*Bootstrap-support* = 75) und die als Außengruppe vorgesehenen Arten *Fosterella caulescens* und *Puya densiflora* (Pitcairnioideae, *Bootstrap-support* = 92),

Abgesehen von diesen punktuellen Veränderungen des *Bootstrap-support* führt die Ergänzung der Matrix um außerhalb der Fruchtknoten liegende Merkmale des floralen Bereichs und der Ökologie nur zu unwesentlichen Veränderungen der Güteparameter zur Beschreibung der Passung zwischen den verwendeten Daten und der errechneten Topologien (Tab. 11). Dies deutet darauf hin, dass die aus dem Fruchtknotenbereich entstammenden Merkmale in ihrem Anteil an Homoplasien nicht wesentlich von anderen Merkmalen des floralen Bereichs und aus der Ökologie der Arten verschieden sind.

Tab. 11: Kenngrößen der Topologien aus drei unterschiedlichen Datensätzen morphologischer Merkmale. N_{Char} = Anzahl der Merkmale in der Matrix. **CI**= Consistency Index, **RI**= Retention Index, **RC**= Rescaled Consistency Index, **HI**= Homplasie-Index, $N_{branches}$ (**strict cons.**)= Zahl der internen Äste im strict consensus Baum, $N_{branches}$ (**BT \geq 55**)= Zahl der Äste mit einem *Bootstrap-support* \geq 55.

	$N_{Char}=30$	$N_{Char}=35$	$N_{Char}=43$
Lenght	368	437	580
CI	0.152	0.153	0.153
RI	0.581	0.565	0.559
RC	0.088	0.087	0.086
HI	0.848	0.847	0.847
$N_{\text{Äste}}$ (strict cons.)	39	54	38
$N_{\text{Äste}}$ (Bt \geq 55)	2	4	9

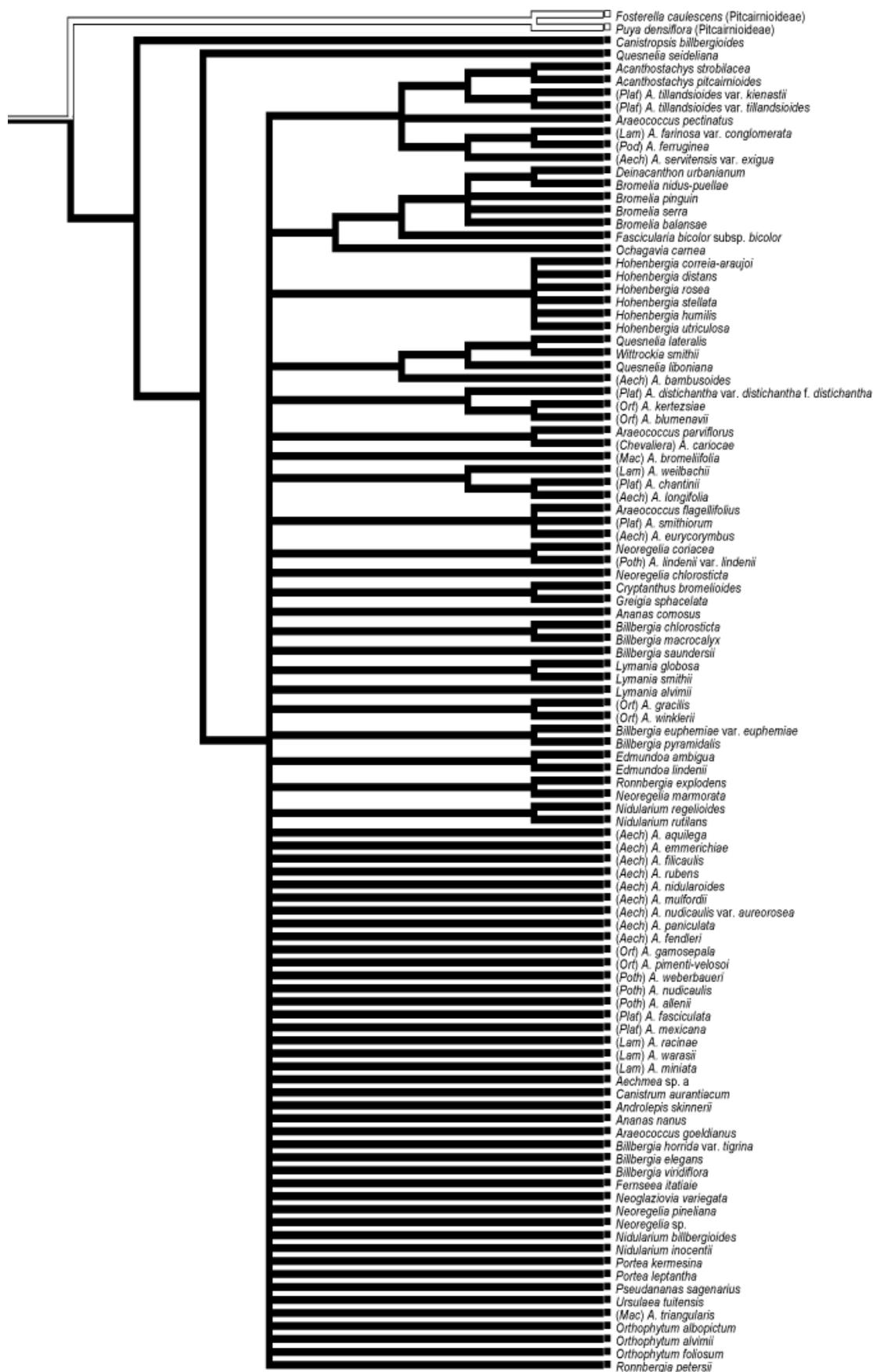


Abb. 42: Strict consensus Baum einer Parsimonie Analyse ausgewählter Arten der Bromelioideae, basierend auf Datensatz I mit 30 morphologischen Merkmalen des Fruchtknoten und Samenanlagenbereichs. Die Äste mit den Außengruppentaxa sind in weiß dargestellt (weitere Erläuterungen im Text).

3.1.6.2 Analysen molekularer Daten

Sowohl die Parsimonienanalyse als auch die Bayes'sche Analyse führen zu weitgehend identischen Topologien (beide Topologien werden im Anhang dargestellt, Abb. 42 gibt die die Topologie inklusive der Astlängen aus der Bayes'schen Analyse dar, zusätzlich sind die *Bootstrap-support*-wert der entsprechenden Äste aus der Parsimonieanalyse dargestellt. Die Ergebnisse der molekularen Analyse spiegeln, vor allem bei den basalen Knoten, erwartungsgemäß jene Gliederung der Bromelioideae wieder, wie sie von Schulte et al. 2005 erarbeitet wurde. Das veränderte Taxonsampling unter Einbeziehung der neuen Sequenzen aus der Arbeit von DE SOUZA et al. (2007) führt daneben zu einer Reihe neuer Erkenntnisse die in der Diskussion im einzelnen behandelt werden.

Zur Erhellung der Frage nach einer möglichen Monophylie der Gattung *Lymania* wurden separate Analysen der gesamten Sequenzdaten von DE SOUZA et al. (2007) durchgeführt. Für einen Teil der in diesem Datensatz vertretenen Taxa war kein Material für die Untersuchung der Samenanlagen- und Fruchtknotenmerkmale verfügbar. DE SOUZA et al. (2007) stützten ihre zentrale Aussage zur Monophylie der Gattung *Lymania* ausschließlich auf die Analyse eines kombinierten Datensatzes morphologischer und molekularer Merkmale. Mit den in der vorliegenden Arbeit durchgeführten Analysen des rein molekularen Anteils der Matrix von DE SOUZA et al. (2007) soll geklärt werden, welche der postulierten Verwandtschaftsbeziehungen tatsächlich eine Unterstützung durch die molekularen Daten erfahren und welche Aussagen lediglich auf morphologischen Merkmalsverteilungen beruhen. Die Analyse des molekularen Teils der Matrix erbrachte wesentliche Abweichungen zu der Topologie in der Publikation von DE SOUZA et al. (2007) und stellen die Monophylie der Gattung *Lymania* in Frage (Abb. 43).

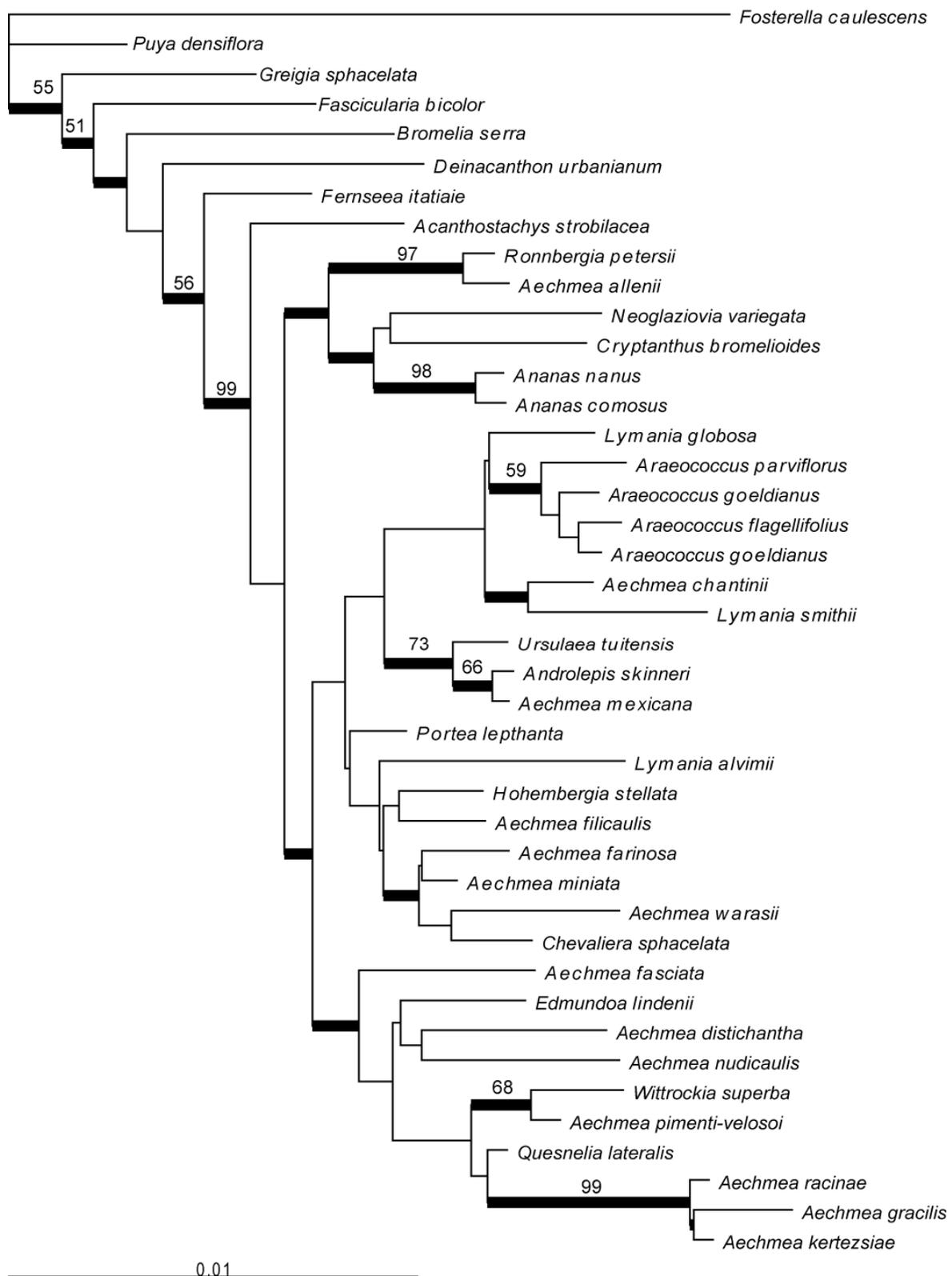


Abb. 42: Phylogenetischer Baum für ausgewählte Arten der Bromelioideae resultierend aus der Bayes'schen Analyse eines kombinierten Datensatzes mit Sequenzen der plastidären Genomregionen *matK*, *3'trnL-trnF*, *trnK* und *psbA-trnH* aus Schulte et al. (2005) und De Sousa (2007). Weitere Erläuterungen im Text. Eine vollständige Dokumentation der Analyse findet sich im Anhang.

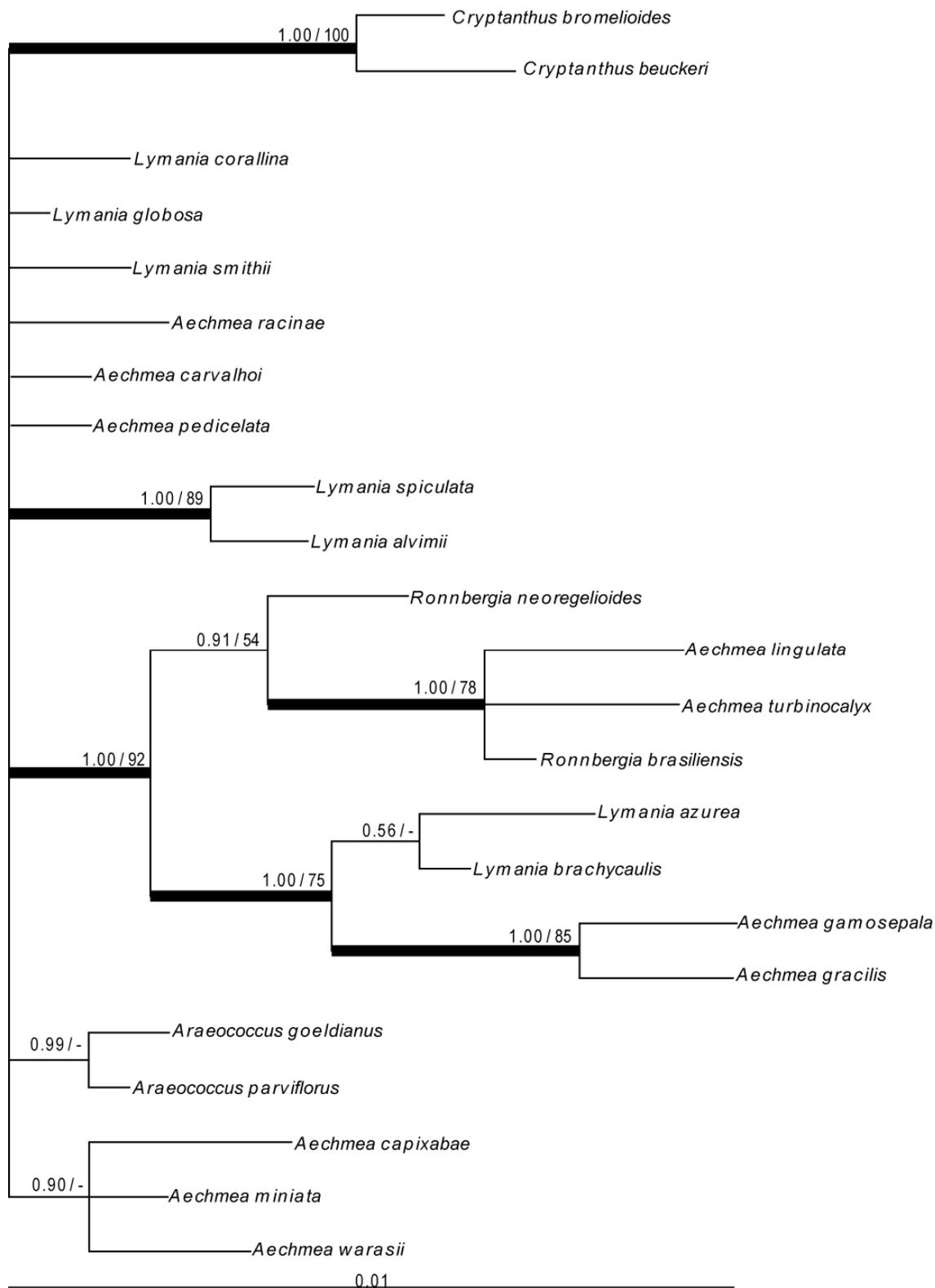


Abb 43: Phylogenetischer Baum ausgewählter Arten der Bromelioideae resultierend aus der Bayes'schen Analyse der von De Souza et al. (2007) verwendeten Sequenzen der plastidären Genomregionen *matK*, *3'trnL-trnF* und *psbA-trnH*. Über den Ästen angegeben sind die im Rahmen der Bayes'schen Analyse ermittelten *Posterior Probabilities* (PP) sowie *Bootstrap support* –werte aus einer Parsimonieanalyse des selben Datensatzes (unter Ausschluss konstanter Merkmale). Äste, die sowohl PP > 0.95 als auch einen *Bootstrap support* > 75 aufweisen, sind durch Fettdruck hervorgehoben. Eine vollständige Dokumentation der Analyse findet sich im Anhang.

3.2 Spezieller Teil: Detaildarstellungen für ausgewählte Taxa der Bromelioideae

Die untersuchten Gattungen und Arten werden in alphabetische Reihenfolge abgehandelt. Damit soll den in der Diskussion thematisierten systematischen Aussagen nicht vorgegriffen werden und das Auffinden der Taxa erleichtert werden. Die Nomenklatur der hier behandelten Taxa richtet sich nach SMITH & DOWNS (1979), TILL & SMITH (1998) LEME (1998), LUTHER (2004), für ergänzende Angaben wurden den folgenden Internet-Seiten konsultiert:

„International Plant Names Index“ <http://www.ipni.org> [accessed 6 Juni 2008]

Tropicos.org. Missouri Botanical Garden. 06 Jun 2008 <<http://www.tropicos.org>>

„Herbaria, Harvard University“ <http://www.huh.harvard.edu/databases/>. [accessed 6 Juni 2008].

Eine Übersicht über die derzeit zur Charakterisierung der Gattung *Aechmea* s.l. und ihrer Untergattungen verwendeten Merkmale wurde erstellt auf der Basis von SMITH & DOWNS (1979) erstellt.

Die Daten zu den hier im Detail dargestellten Arten der Bromelioideae stammen alle aus eigenen Beobachtungen und Messungen an den jeweils angegebenen Pflanzen und werden auf den folgenden Seiten dargestellt. Ergänzende Beobachtungen an zwei ausgewählten Vertretern der Pitcairnioideae (*Puya mirabilis*, *Fosterella caulescens*) werden im Anhang dokumentiert. Diese Arten wurden für die Parsimonieanalysen als Außengruppentaxa verwendet und daher nach dem selben Schema wie die Arten der Bromelioideae bearbeitet. Es wurde jeweils nur eine Pflanze pro Art ausführlich untersucht (jeweils drei Blüten), um eine maximale Zahl von Arten in jeder Gattung abdecken zu können. Bei der Angabe quantitativer Merkmale wird in den Beschreibungen der Minimalwert, gefolgt von dem Mittelwert und dem Maximalwert aufgeführt.

***Acanthostachys* KLOTSCH in LINK, KLOTSCH & OTTO**

Icon. Pl. Rar. 1: 21, Taf. 9. 1840.

Typus-Art: *Hohenbergia strobilacea* SCHULT. f. = *Acanthostachys strobilacea* (SCHULT. f.) KLOTSCH.

Icon. Pl. Rar. 1: 21, Taf. 9. 1840.

(Typus-Art untersucht).

***Acanthostachys pitcairnioides* (MEZ) RAUH & BARTHOLOTT**

Trop. Subtrop. Pflanzenwelt 39: 5-35. 1982.

Basionym: *Aechmea pitcairnioides* MEZ.

Monogr. Phan. [A.DC. & C.DC.] 9: 258. 1896.

Verbreitung: Brasilien, Estados Bahia bis Espirito Santo.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103527.

Sammelnummer: RD51.

Petalpapillen: stumpf. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 11,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,83. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:**

3,7 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 2. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im**

Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (540-) 550

(-563) μm . **Samenanlagen, Breite:** (437-) 444 (-448) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:**

(1,4-) 1,5 (1,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** mehrfach gewunden. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (5048-) 5837 (-6359) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 57 μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: (88-) 102 (-111). **Samenanlagen, Lage im**

Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (103-) 110

(-115) μm . **Funikulus, Breite:** (149-) 158 (-172) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,6-) 0,7

(-0,7). **Mikropyle, Länge:** (103-) 108 (-115) μm . **Mikropyle, Breite:** (80-) 87 (-103) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: (1,1-) 1,2 (-1,3). **Äußeres Integument, Dicke:** 23 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 17 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (490-) 492 (-496) μm . **Nucellus, Breite:** (336-) 338

(-342) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4 (-1,5). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 0. **Plazentazellen, Länge:** (34-) 40 (-46) μm . **Plazentazellen, Breite:** (11-) 15

(-17) μm . **Plazentazellen Länge/Breite:** (2,0-) 3,0 (-4,0).

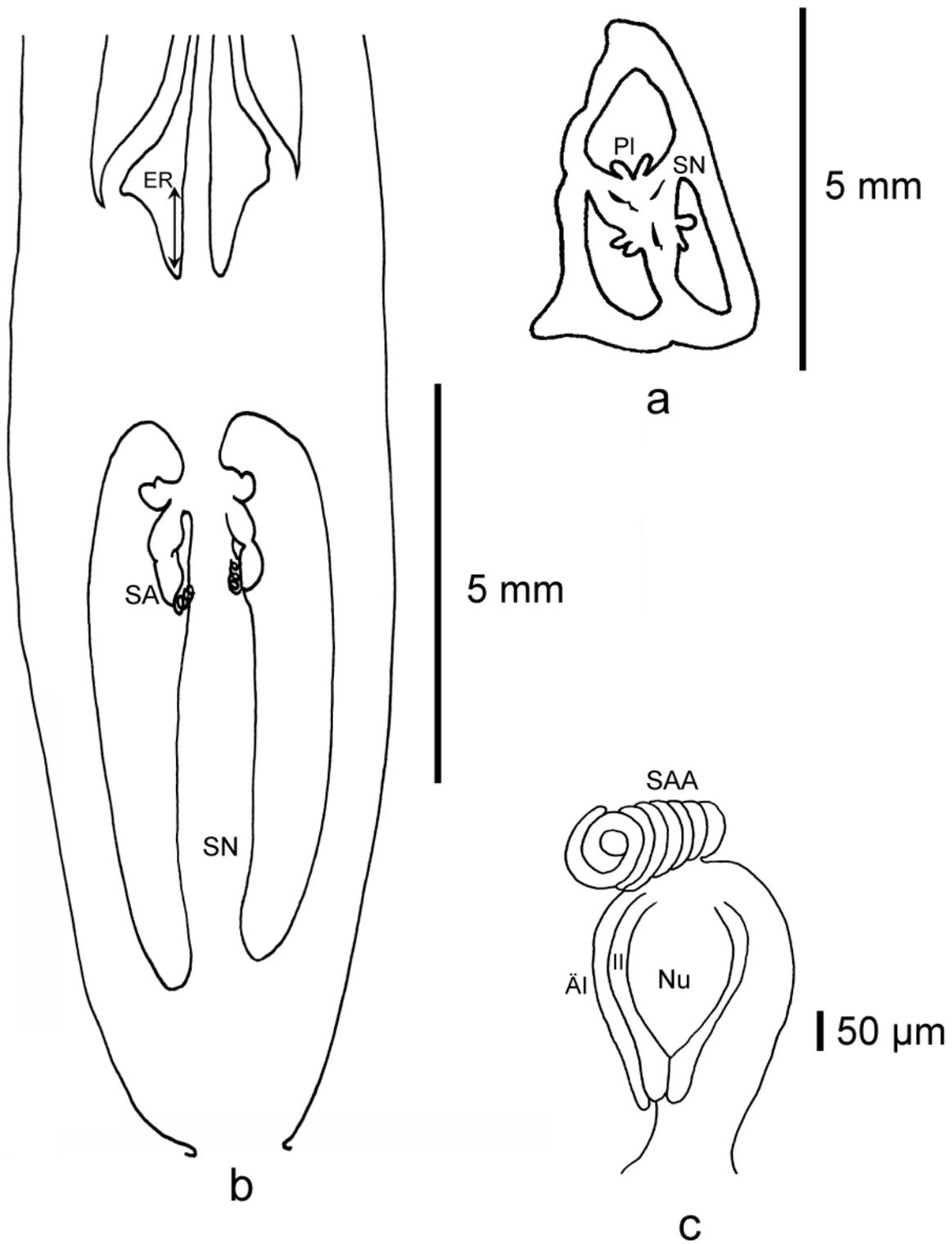


Abb. 44: *Acanthostachys pitcairnioides*. a) Querschnitt (Präparat RD51/4). SN = Septalnectarien, Pl = Plazenta; b) Längsschnitt (Präparat RD51/A). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlagen, SN = Septalnectarien; c) Samenanlage (Präparat RD51/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Acanthostachys strobilacea* (SCHULT. f.) KLOTZSCH**

Icon. Pl. Rar. 1: 21, Taf. 9. 1840.

Basionym: *Hohenbergia strobilacea* SCHULT. f.

Syst. Veg. 7(2): 1252. 1830.

Verbreitung: Ostbrasilien, Paraguay, Nordost-Argentinien.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 102615.

Sammelnummer: RD24.

Petalpapillen: spitz. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 6,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: vorhanden. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig.

Fruchtknoten, Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:**

Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 2,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 2. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (345-) 389 (-460) μm . **Samenanlagen, Breite:** (345-) 350 (-356) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (3,2-) 3,3 (-3,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen.

Samenanlagen, Anhängsellänge: (713-) 734 (-747) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:**

(46-) 54 (-57) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (13,0-) 14,0 (-16,0).

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop.

Funikulus, Länge: (34-) 44 (-55) μm . **Funikulus, Breite:** (34-) 44 (-55) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: 1,0. **Mikropyle, Länge:** (34-) 41 (-46) μm . **Mikropyle, Breite:** (34-) 39

(-46) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,1 (-1,3). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm .

Äußeres Integument, Zellschichten: 3. **Inneres Integument, Dicke:** 6 μm . **Inneres**

Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (285-) 295 (-307) μm . **Nucellus, Breite:**

(245-) 247 (-251) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,1-) 1,2 (-1,2). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 0. **Plazentazellen, Länge:** (11-) 14 (-17) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 9

(-11) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,0-) 1,5 (-3,0).

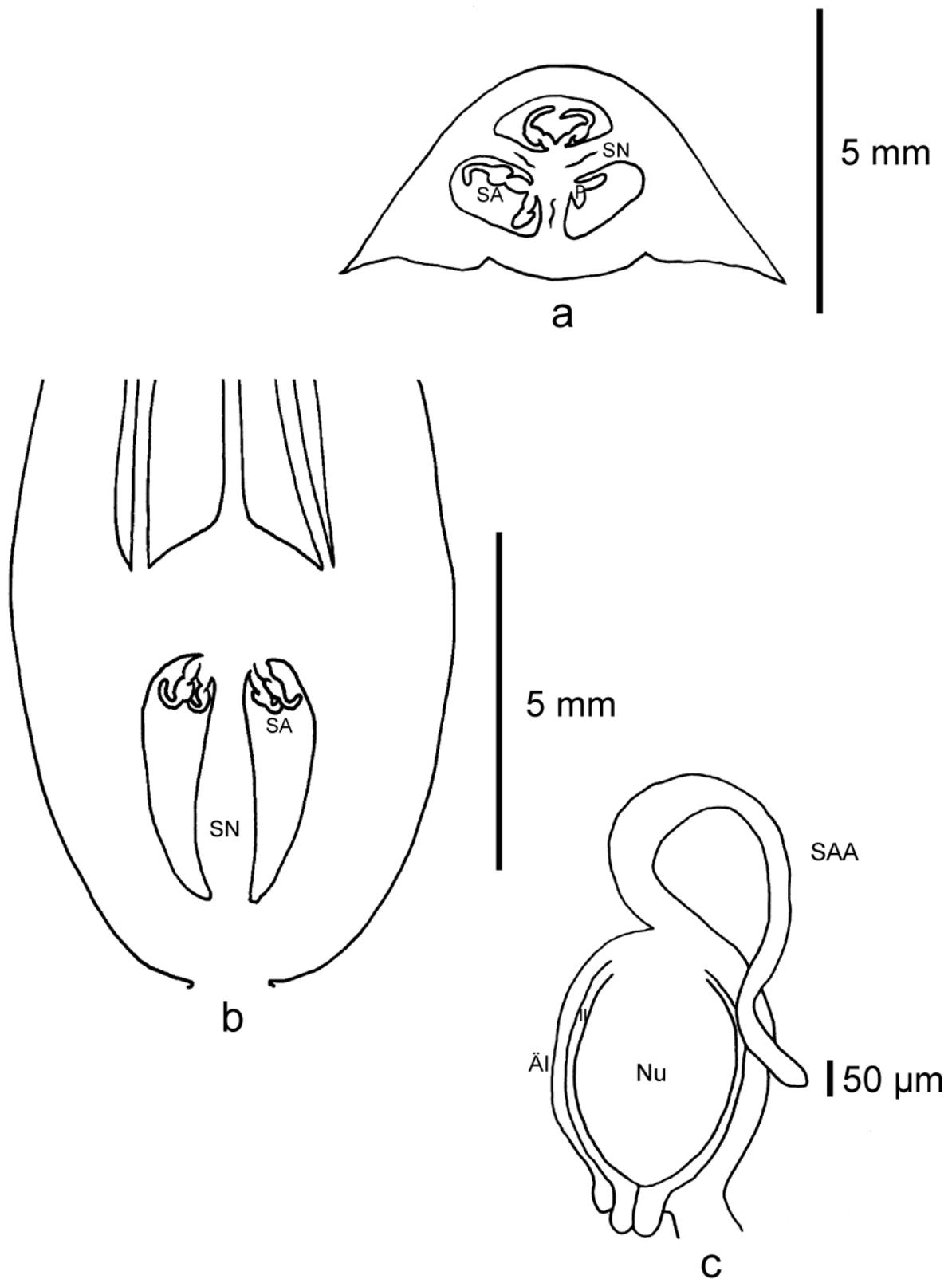


Abb. 45: *Acanthostachys strobilacea*. a) Querschnitt (Präparat RD24/4). SN = Septalnektarien, SA = Samenanlagen. b) Längsschnitt (Präparat RD24/A). SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD24/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea* RUIZ & PAV. nom. cons.**

Fl. Peruv. Prod. 47. 1794.

Typus-Art: *Aechmea paniculata* RUIZ & PAV.

Fl. Peruv. 3: 37. 1802.

(Typus-Art untersucht).

Die systematische Gliederung der artenreichen Gattung erfolgt hauptsächlich nach blütenmorphologischen Merkmalen und hat sich seit HARMS (1930) und MEZ (1935) nur wenig verändert. HARMS und MEZ unterscheiden neun Untergattungen, von denen SMITH & DOWNS (1979) acht übernehmen. Nachfolgend eine kurze Charakterisierung der Untergattungen nach SMITH & DOWNS:

Aechmea s.str.

Infloreszenz zusammengesetzt oder einfach. Blüten distich oder polystich, sitzend. Sepalen meist frei, bewehrt oder unbewehrt.

Typus-Art: *Aechmea paniculata* RUIZ & PAV.

(Typus-Art untersucht).

Podaechmea MEZ 1896

Infloreszenz zusammengesetzt. Blüten gestielt, polystich. Sepalen mucronat.

Typus-Art: *Pironneava lüddemannianna* K. KOCH

= *Aechmea lueddemanniana* (K. KOCH) MEZ.

(Typus-Art nicht untersucht).

Lamprococcus (BEER) BAKER 1889

Infloreszenz zusammengesetzt oder einfach, locker. Florale Brakteen klein. Blüten polystich, sitzend oder gestielt. Sepalen unbewehrt.

Typus-Art: *Aechmea paniculata* RUIZ & PAV.

(Typus-Art untersucht).

Ortgiesia (REGEL) MEZ 1892

Infloreszenz zusammengesetzt oder einfach. Blüten sitzend. Sepalen auf $\frac{1}{3}$ bis $\frac{1}{2}$ ihrer Länge verwachsen, stachelspitzig.

Typus-Art: *Aechmea recurvata* (KLOTZSCH) L. B. SM. var. *ortgiesii* (BAKER) REITZ.

(Typus-Art nicht untersucht).

Platyaechmea (BAKER) BAKER 1889

Infloreszenz zusammengesetzt oder einfach. Florale Brakteen taschenförmig. Blüten distich oder polystich, sitzend. Sepalen frei oder zu $\frac{1}{3}$ verwachsen.

Typus-Art: *Aechmea distichantha* LEM.

(Typus-Art nicht untersucht).

Pothuava (BAKER) BAKER 1889

Infloreszenz einfach. Florale Brakteen meist nicht imbricat. Blüten polystich, sitzend. Sepalen frei.

Typus-Art: *Aechmea nudicaulis* (L.) GRISEB.

(Typus-Art nicht untersucht).

Macrochordion (DE VRIESE) BAKER 1889

Infloreszenz einfach, zapfenförmig. Florale Brakteen ganzrandig, unbewehrt. Blüten polystich, sitzend. Sepalen unbewehrt.

Typus-Art: *Aechmea bromeliifolia* (RUDGE) BAKER.

(Typus-Art untersucht).

Chevaliera (GAUDICH. ex BEER) BAKER 1889

Infloreszenz einfach und zapfenförmig oder zusammengesetzt. Sepalen frei oder verwachsen. Polystich oder bistich. Einzige Untergattung mit weitgehend reduzierten oder fehlenden Petalenanhängseln.

Typus-Art: *Chevaliera sphaerocephala* GAUDICH. = *Aechmea sphaerocephala* BAKER.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Aechmea allenii* L. B. SM.**

Ann. Missouri Bot. Gard. 28: 411, Taf. 19. 1941.

Untergattung: *Pothuava*.

Verbreitung: Panama.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104587.

Sammelnummer: RD10.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,2 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 15,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 10,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,5. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: leicht gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:**

Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 1,6 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (264-) 306 (-356) μm . **Samenanlagen, Breite:** (195-) 209 (-230) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (1,7-) 1,9 (-2,1). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen.

Samenanlagen, Anhängsellänge: (46-) 53 (-57) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:**

(34-) 41 (-46) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,2-) 1,2 (-1,3).

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: 34 μm . **Funikulus, Breite:** (92-) 99 (-103) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,3-) 0,3 (-0,4). **Mikropyle, Länge:** (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:**

(46-) 51 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,2 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:**

17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm .

Inneres Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (210-) 219 (-228) μm . **Nucellus,**

Breite: (97-) 99 (-103) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,0-) 2,2 (-2,3). **Zahl der Furchen auf**

jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** 34 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: 3.

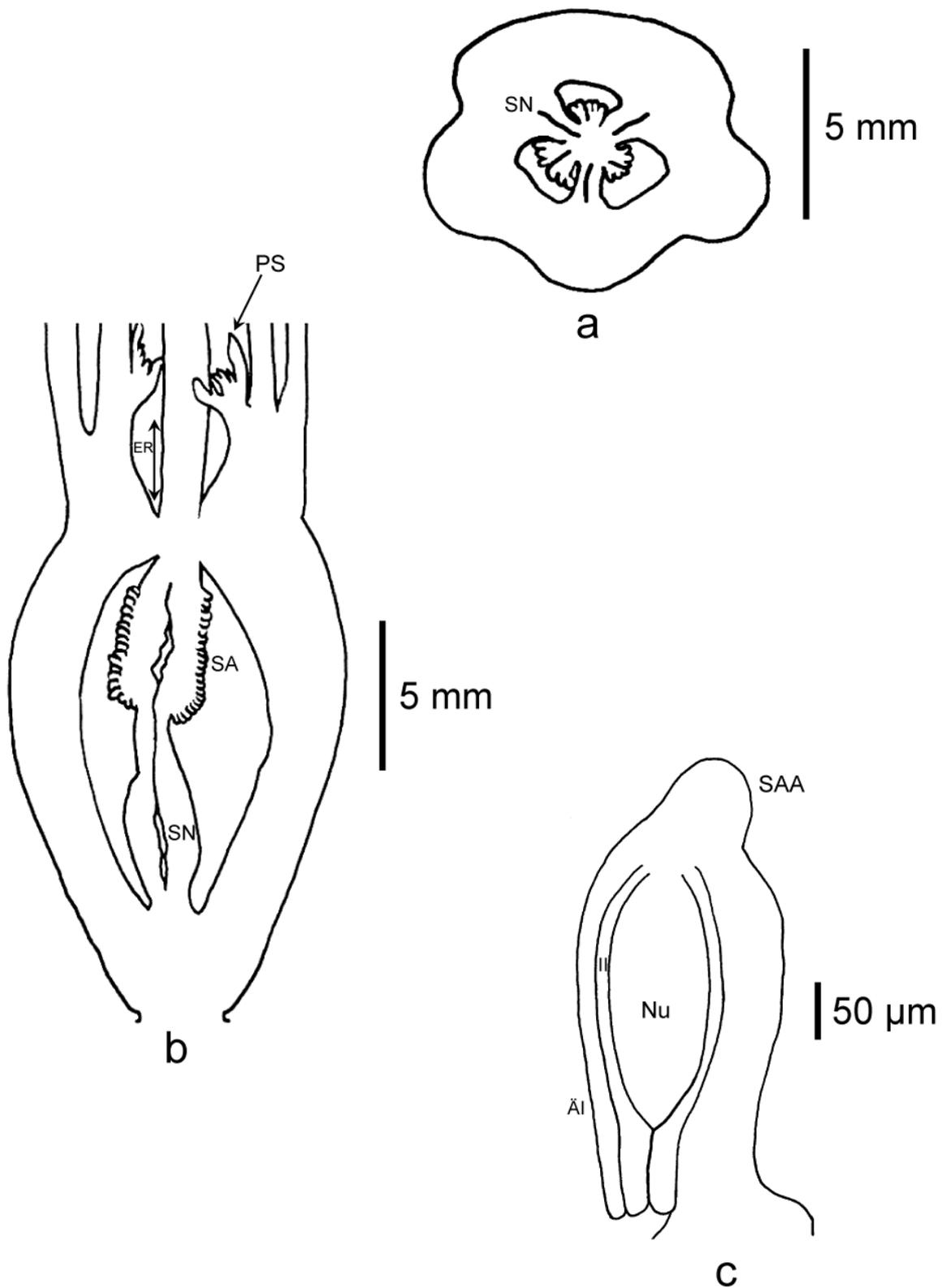


Abb. 46: *Aechmea allenii*. a) Querschnitt (Präparat RD10/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD10/B) PS: Petalenanhängsel, ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD10/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea aquilega* (SALISB.) GRISEB.**

Fl. Brit. W. Ind. 592. 1864.

Basionym: *Bromelia aquilega* SALISB.

Parad. Lond. 1(2): 40. 1806.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Costa Rica, Jamaica, Venezuela, Trinidad & Tobago, Guiana, Nordost-Brasilien.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD36.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 11,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 12,3. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 3,3 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (230-)

253 (-299) μm . **Samenanlagen, Breite:** (184-) 198 (-218) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (3,3-) 3,8 (-4,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (368-) 409 (-460) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (80-) 94

(-115) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (3,3-) 4,7 (-5,7). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: Samenanlagen entlang des ganzen Fruchtfaches verteilt. **Samenanlagen,**

Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (92-) 103 (-97) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 57

(-69) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,72 (-2,2). **Mikropyle, Länge:** (80-) 90

(-103) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,16-) 1,75

(-1,5). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2.

Inneres Integument, Dicke: 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus,**

Länge: (216-) 228 (-239) μm . **Nucellus, Breite:** (131-) 146 (-158) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,5-) 1,6 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 0.

Plazentazellen, Länge: (23-) 26 (-28) μm . **Plazentazellen, Breite:** (8-) 10 (-11) μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: (2,0-) 2,5 (-3,3).

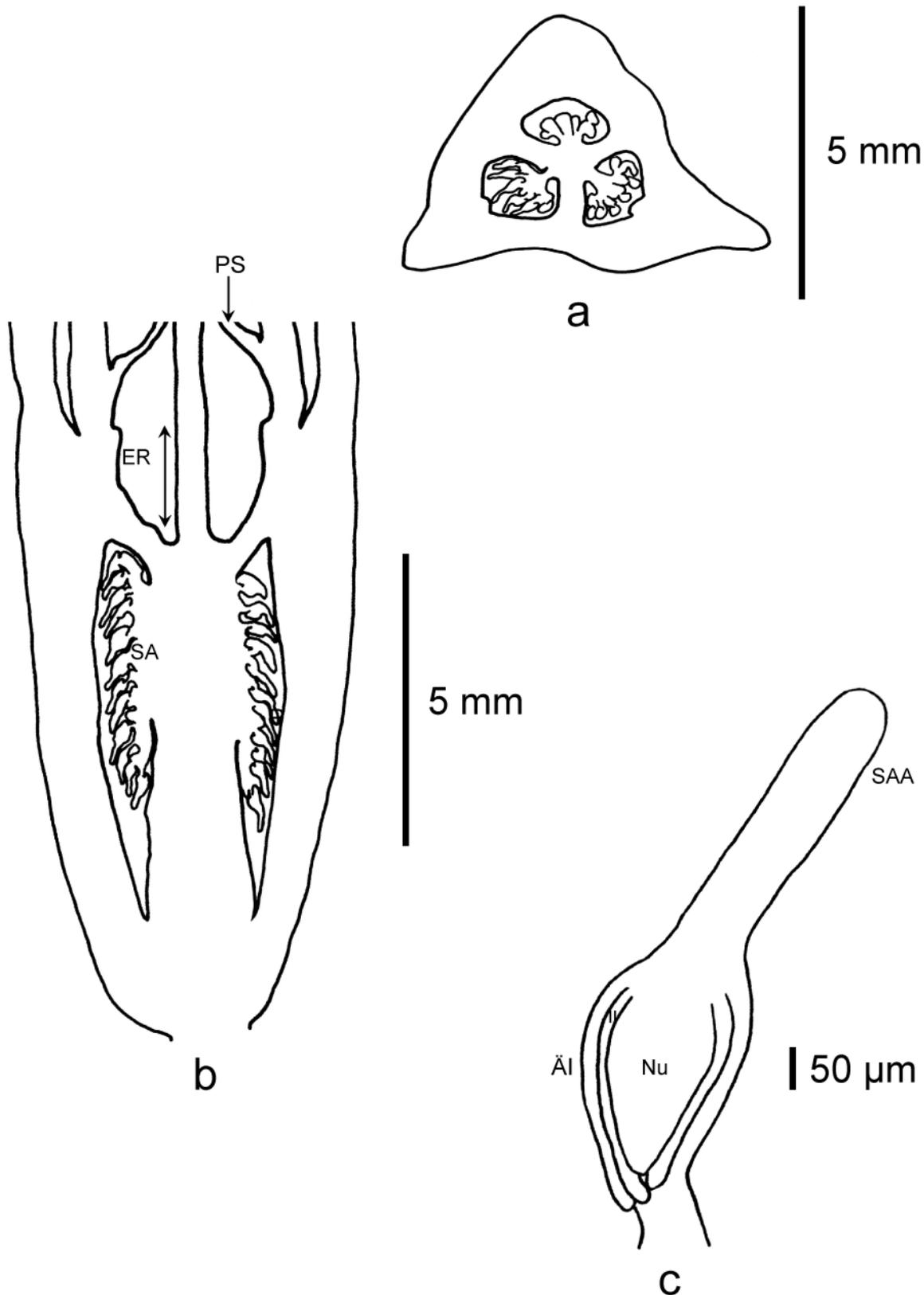


Abb. 47: *Aechmea aquilega*. a) Querschnitt (Präparat RD36/A). b) Längsschnitt (Präparat RD36/B) PS= Petalenanhängsel, ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien.
c) Samenanlage (Präparat RD36/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea bambusoides* L. B. SM. & REITZ**

Bromel. Soc. Bull. 14: 31. 1964.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD2.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,33. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 1,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (356-

368 (-379) μm . **Samenanlagen, Breite:** (253-) 264 (-276) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (1,5-) 1,6 (-1,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** Anhängsel fehlend.

Samenanlagen, Anhängsellänge: Anhängsel fehlend. **Samenanlagen, Anhängselbreite:**

Anhängsel fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** Anhängsel fehlend.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: 46 μm . **Funikulus, Breite:** (57-) 62 (-69) μm . **Funikulus, Länge/Breite:**

(0,6-) 0,7 (-0,8). **Mikropyle, Länge:** (34-) 37 (-46) μm . **Mikropyle, Breite:** (34-) 37

(-46) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** 1,0. **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 6 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (262-) 264 (-268) μm . **Nucellus, Breite:** (171-) 174

(-178) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5 (-1,6). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (63-) 66 (-68) μm . **Plazentazellen, Breite:**

17 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (3,6-) 4,0 (-4,0).

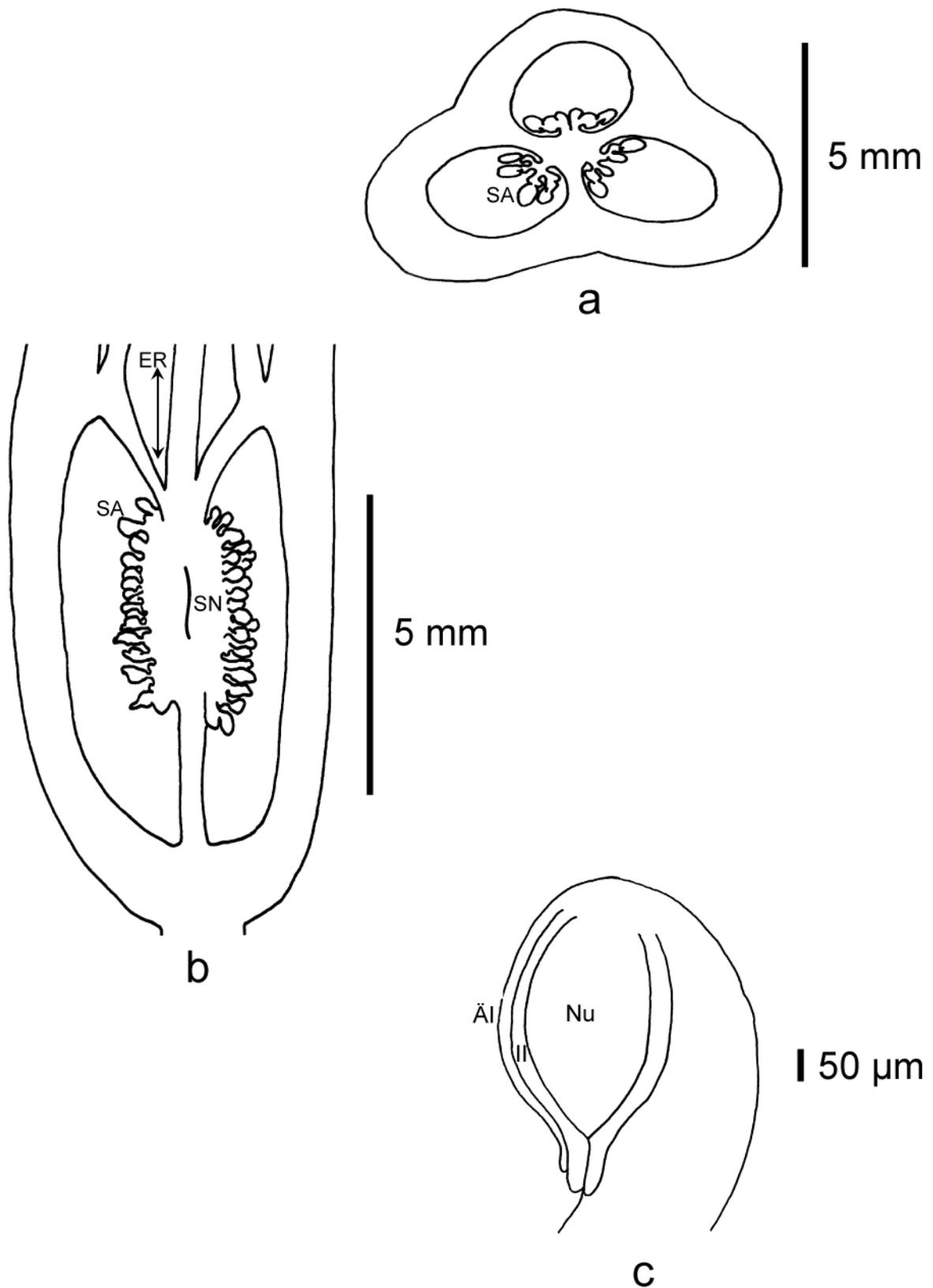


Abb. 48: *Aechmea bambusoides*. a) Querschnitt (Präparat RD2/A). SA = Samenanlagen.
 b) Längsschnitt (Präparat RD2/B). ER= epigyne Röhre, SA = Samenanlagen, SN = Septalnectarien.
 c) Samenanlage (Präparat RD2/B) ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea blumenavii* REITZ**

Anais Bot. Herb. Barbosa Rodrigues 4: 21. Taf. 6. 1952.

Basionym: *Ortgiesia blumenavii* (REITZ) L. B. SM. & W. J. KRESS.

Phytologia 66: 70-9. 1989.

Untergattung: *Ortgiesia*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Santa Catarina.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104588.

Sammelnummer: RD11.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,5. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite \leq 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** viereckig. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: radiär. **Fruchtknoten, Wände:** leicht gewellt. **Fruchtknoten,**

Flügel: fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:**

flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 1,0 mm. **Samenanlagen**

pro Fruchtfach: > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (108-) 115 (-119) μm .

Samenanlagen, Gesamtlänge: (148-) 158 (-165) μm . **Samenanlagen, Breite:** (103-) 112

(-114) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4 (-1,4). **Samenanlagen,**

Anhängselform: Anhängsel fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** Anhängsel fehlend.

Samenanlagen, Anhängselbreite: Anhängsel fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-**

breite: Anhängsel fehlend. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal. **Samenanlagen,**

Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (40-) 43 (-46) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 52

(-57) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 0,8 (-0,9). **Mikropyle, Länge:** (11-) 14 (-15) μm .

Mikropyle, Breite: 0,6 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (20,0-) 25,0 (-30,0). **Äußeres**

Integument, Dicke: 9 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (68-) 74 (-80) μm .

Nucellus, Breite: (51-) 54 (-57) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4 (-1,4). **Zahl der**

Furchen auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** 9 μm . **Plazentazellen, Breite:**

(1-) 2 (-3) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (3-) 4 (-6).

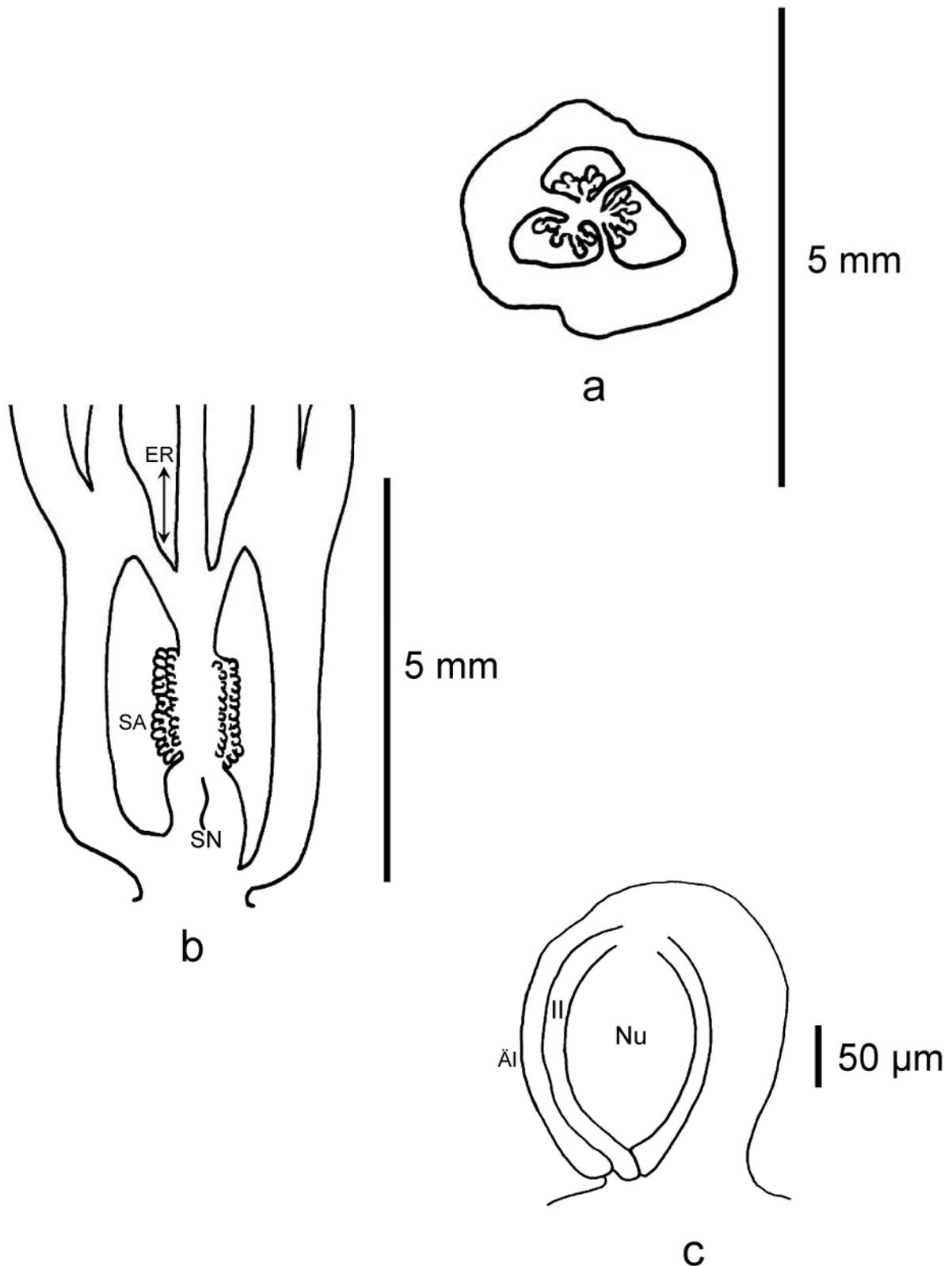


Abb. 49: *Aechmea blumenavii*. a) Querschnitt (Präparat RD11/A) b) Längsschnitt (Präparat RD11/4). ER= epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD11/B) AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea bromeliifolia* (RUDGE) BAKER ex BENTH. & HOOK. f.**

Gen. Pl. 3: 664. 1883.

Basionym: *Tillandsia bromeliifolia* RUDGE.

Pl. Guian. 32, Taf. 50. 1807.

Untergattung: *Macrochordion*.

Verbreitung: Mittelamerika bis Argentinien.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD49.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,14. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig. Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** umgekehrt eiförmig.

Fruchtknoten, Form im Querschnitt: radiär. **Fruchtknoten, Wände:** glatt.

Septalnektarien, Höhe: 2,2 mm. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** Rinnen fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 2,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (253-) 276 (-299) μm . **Samenanlagen, Gesamtlänge:** (1276-) 1309 (-1334) μm .

Samenanlagen, Breite: (253-) 281 (-299) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (4,4-) 4,6

(-5,0). **Samenanlagen, Anhängselform:** Anhängsel gebogen. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (977-) 984 (-1000) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (138-) 143

(-149) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (6,6-) 7,0 (-7,0). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 48

(-57) μm . **Funikulus, Breite:** (126-) 133 (-138) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,3-) 0,3

(-0,4). **Mikropyle, Länge:** 46 μm . **Mikropyle, Breite:** 34 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:**

1,3. **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres**

Integument, Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (228-)

236 (-239) μm . **Nucellus, Breite:** (160-) 176 (-182) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,3

(-1,4). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2. **Plazentazellen, Länge:** (34-) 38

(-40) μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (3,0-) 3,0 (-3,5).

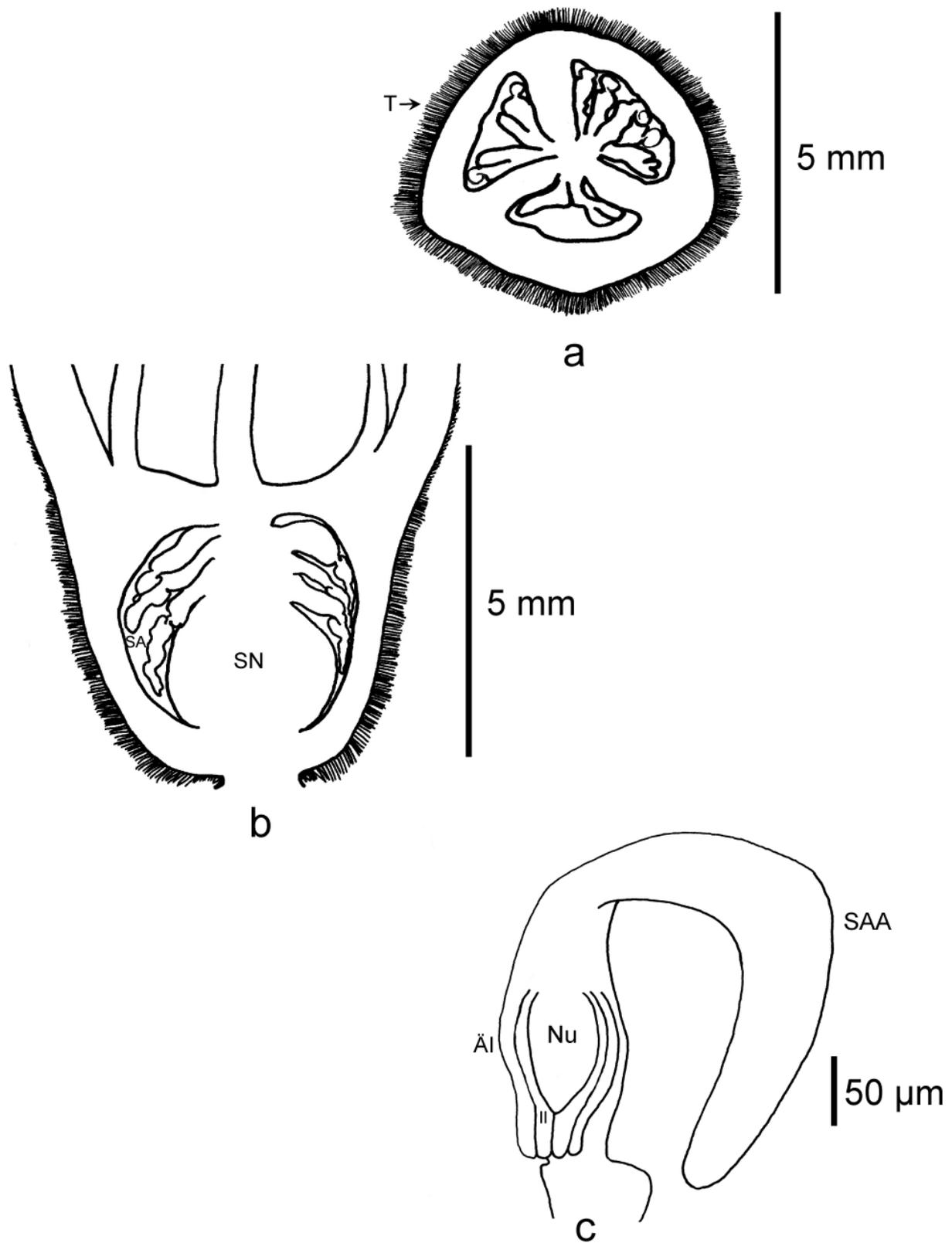


Abb. 50: *Aechmea bromeliifolia*. a) Querschnitt (Präparat RD49/A). T= Trichome. b) Längsschnitt (Präparat RD49/B) SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD49/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea cariocae* L. B. SM.**

Smithson. Misc. Collect. 126: 13, 228. 1955.

Basionym: *Chevaliera cariocae* (L. B. SM.) L. B. SM. & W. J. KRESS.

Phytologia 66: 70-9. 1989.

Untergattung: *Chevaliera*.

Verbreitung: Rio de Janeiro, Brasilien.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer (Etikettaufschrift: „DFG Horres“).

Sammelnummer: RD99.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 0,9. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Form**

im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** leicht gewellt. **Septalnektarien, Höhe:**

1,7 mm. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 1,7 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (448-)

520 (-563) μm . **Samenanlagen, Breite:** (322-) 329 (-345) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (4,4-) -5,0 (5,4). **Samenanlagen, Anhängselform:** Anhängsel gebogen.

Samenanlagen, Anhängsellänge: (977-) 1000 (-1228) μm . **Samenanlagen,**

Anhängselbreite: (138-) 149 (-163) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (6,6-) 7,0

(-7,5). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop.

Funikulus, Länge: (34-) 39 (-46) μm . **Funikulus, Breite:** (34-) 41 (-46) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,7-) 0,9 (-1,3). **Mikropyle, Länge:** (46-) 39 (-46) μm . **Mikropyle, Breite:**

(34-) 41 (-46) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,7-) 0,9 (-1,0). **Äußeres Integument, Dicke:**

17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm .

Inneres Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (325-)333 (-348) μm . **Nucellus,**

Breite: (199-) 209 (-228) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6 (-1,6). **Zahl der Furchen**

auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 33 (-34) μm . **Plazentazellen,**

Breite: 6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (5,0-) 6,0 (-6,0).

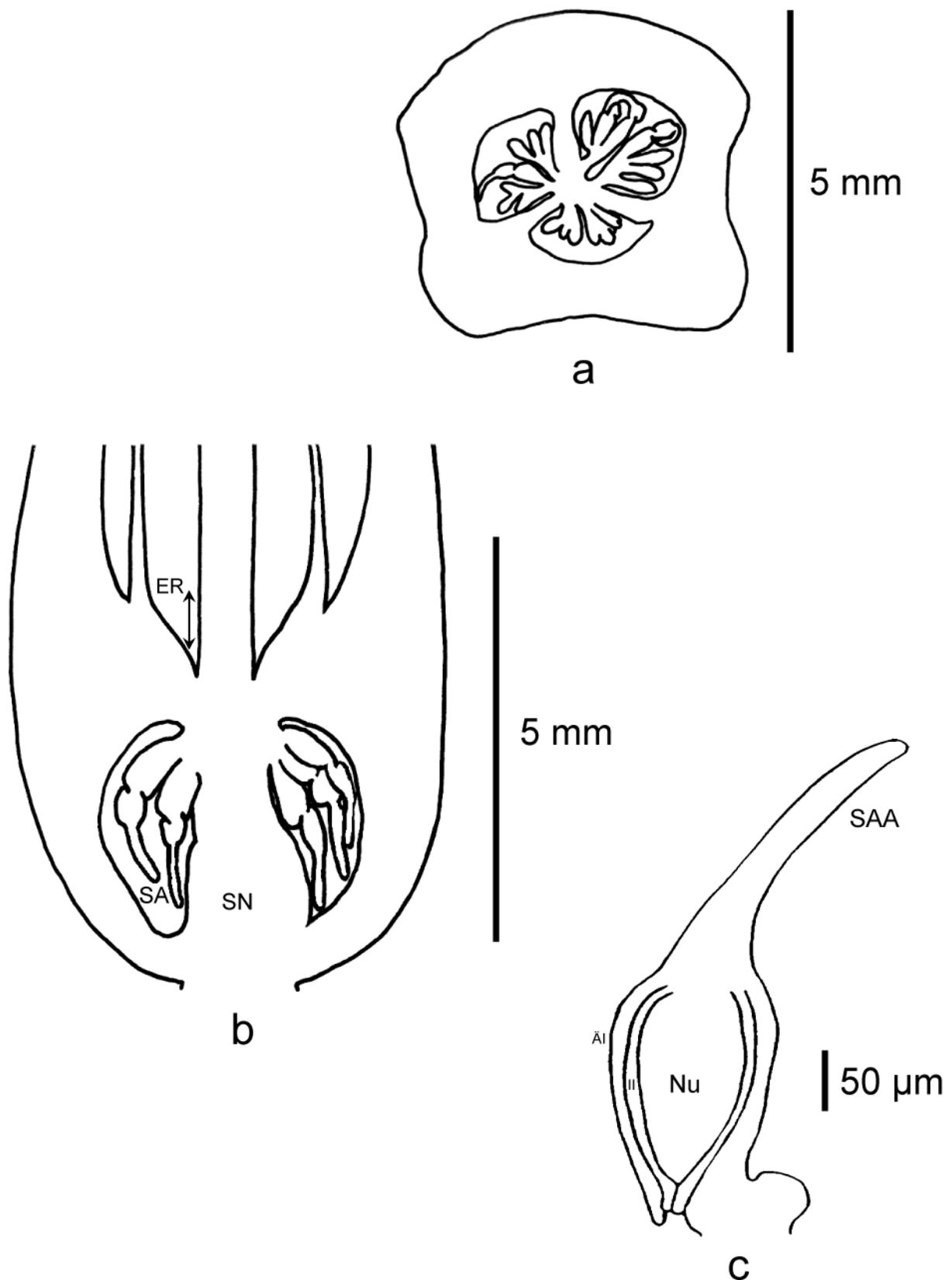


Abb. 51: *Aechmea cariocae*. a) Querschnitt (Präparat RD99/A). b) Längsschnitt (Präparat RD99/B)
 SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. ER= epigyne Röhre. c) Samenanlage (Präparat RD99/C).
 SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = äußeres Integument, II = inneres Integument. Nu = Nucellus.

Aechmea chantinii* (CARRIÈRE) BAKER var. *chantinii* f. *chantinii

Handb. Bromel. 49.1889.

Basionym: *Billbergia chantinii* CARRIÈRE.

Revue Horticole 50: 112, Abb. 22. 1878.

Untergattung: *Platyaechmea*.

Verbreitung: Venezuela, Kolumbien, Ecuador, Peru.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130293 (R: 69448).

Sammelnummer: RD13.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 6,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,2. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Form**

im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** leicht gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 3,5 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (276-) 281 (-299) µm.

Samenanlagen, Breite: (207-) 212 (-218) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,7-) 2,8

(-3,0). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (241-)

251 (-253) µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (46-) 55 (-57) µm. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: (4,4-) 4,5 (-5,2). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal.

Samenanlagen, Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (69-) 74 (-80) µm. **Funikulus,**

Breite: 80 µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 0,9 (-1,0). **Mikropyle, Länge:** (103-) 110

(-115) µm. **Mikropyle, Breite:** 57 µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,8-) 1,9 (-2,0). **Äußeres**

Integument, Dicke: 11 µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 6 µm. **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (211-) 214

(-216) µm. **Nucellus, Breite:** (137-) 141 (-142) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5 (-1,5).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (57-) 60 (-63) µm.

Plazentazellen, Breite: 11 µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (5,0-) 5,3 (-5,5).

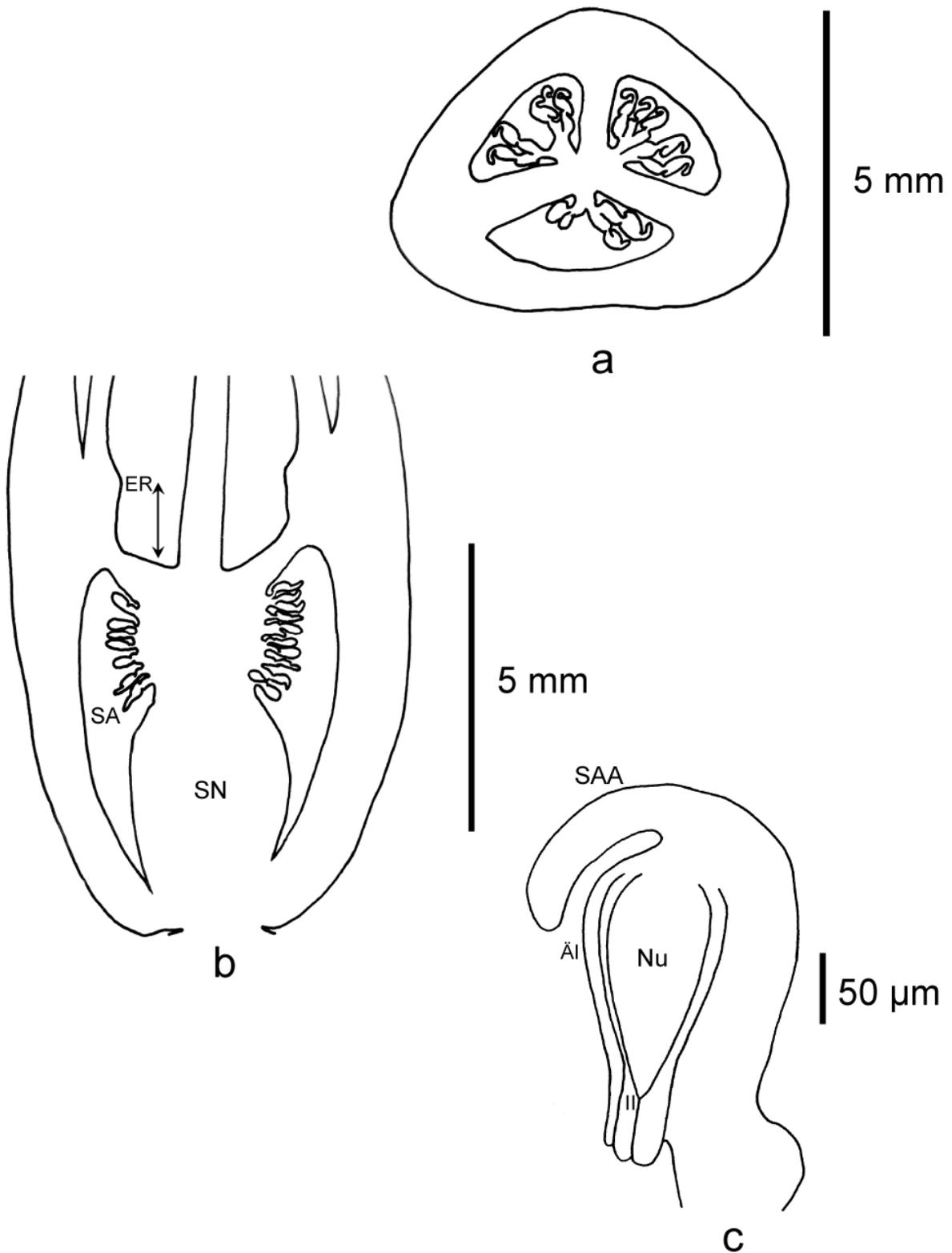


Abb. 52: *Aechmea chantinii*. a) Querschnitt (Präparat RD13/A). b) Längsschnitt (Präparat RD13/B)
 SA = Samenanlangen, SN = Septalnectarien. ER= epigyne Röhre. c) Samenanlage (Präparat RD13/C).
 SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

Aechmea distichantha* LEM. var. *distichantha* f. *distichantha

Jard. Fleur. III, Taf. 269. 1853.

Untergattung: *Platyaechmea*.

Verbreitung: Brasilien, Bolivien, Paraguay, Argentinien, Uruguay.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104948 (T4.46).

Sammelnummer: RD95.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,67. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** Rinnen fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 1,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (333-) 350 (-368) μm . **Samenanlagen, Breite:** (149-) 163 (-172) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,5-) 2,6 (-2,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** Anhängsel gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (115-) 129 (-138). **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (57-) 64 (-69). **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,7-) 2,0 (-2,4). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (57-) 60 (-69) μm . **Funikulus, Breite:** (57-) 60 (-69) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 1,0. **Mikropyle, Länge:** (57-) 64 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (34-) 41 (-46) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,5-) 1,5 (-1,7). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 5,7 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (171-) 177 (-182) μm . **Nucellus, Breite:** (57-) 63 (-68) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,7-) 2,8 (-3,0). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 33 (-40) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 8 (-11) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,0-) 4,0 (-6,0).

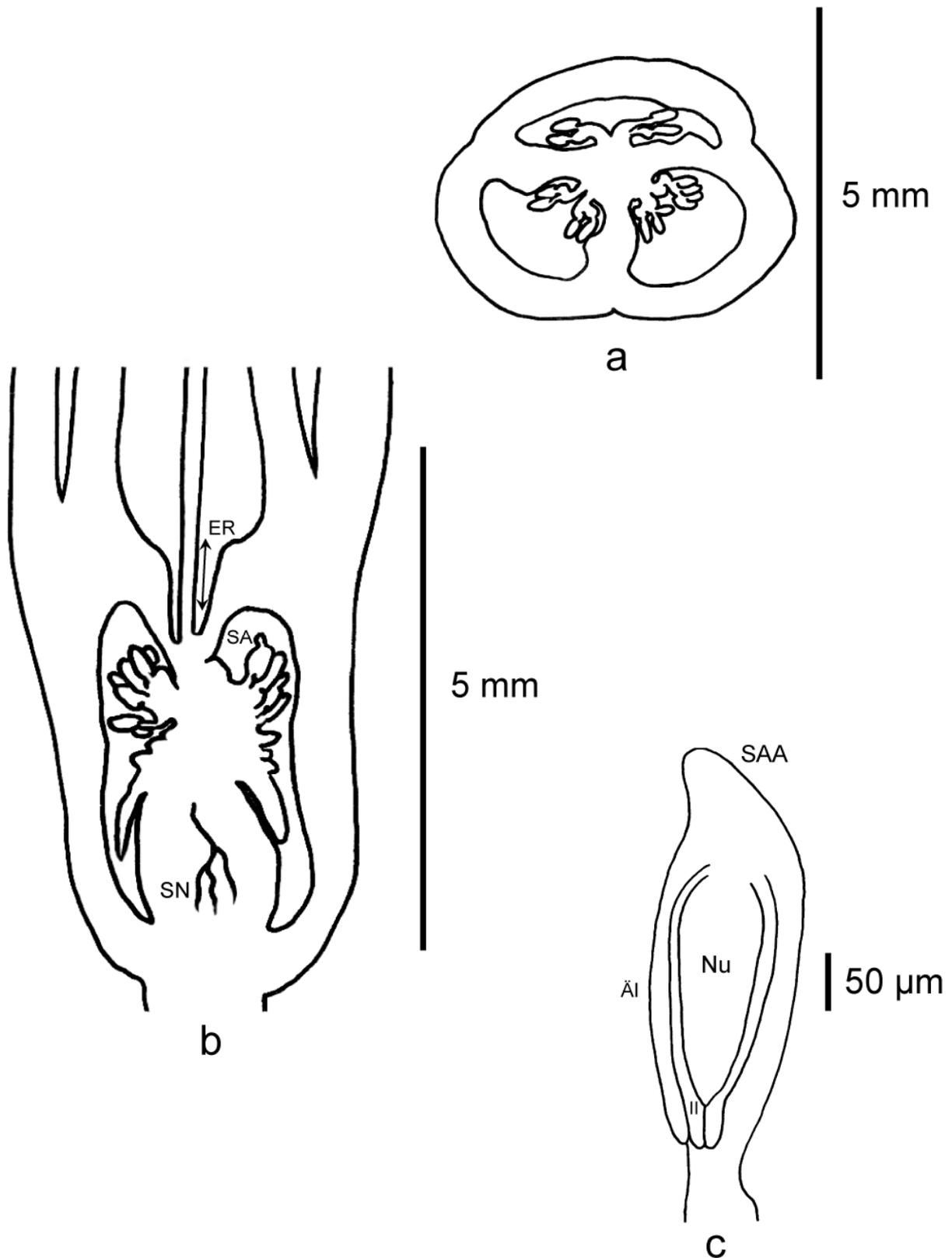


Abb. 53: *Aechmea distichantha* var. *distichantha* f. *distichantha*. a) Querschnitt (Präparat RD95/A). b) Längsschnitt (Präparat RD95/B) SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien. ER= epigyne Röhre. c) Samenanlage (Präparat RD95/C). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea emmerichiae* LEME**

Bradea 4(39): 309. 1987.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Kolumbien bis Peru und brasilianisches Amazonien.

Lebenssammlung: WU.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: B284/95.

Sammelnummer: W1.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,67. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Form**

im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** leicht gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 3,0 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (207-) 235 (-253) μm .

Samenanlagen, Breite: (149-) 163 (-172) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,5-) 2,6

(-2,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (115-)

129 (-138) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (57-) 64 (-69) μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: (1,6-) 2,0 (-2,4). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal.

Samenanlagen, Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (57-) 59 (-69) μm . **Funikulus,**

Breite: (57-) 59 (-69) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 1,0. **Mikropyle, Länge:** (57-) 64

(-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (34-) 41 (-46) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,5-) 1,5 (-1,7).

Äußeres Integument, Dicke: 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres**

Integument, Dicke: 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (171-)

177 (-182) μm . **Nucellus, Breite:** (57-) 63 (-68) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,7-) 2,8

(-3,0). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 33

(-40) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 8 (-11) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,0-) 4

(-6,0).

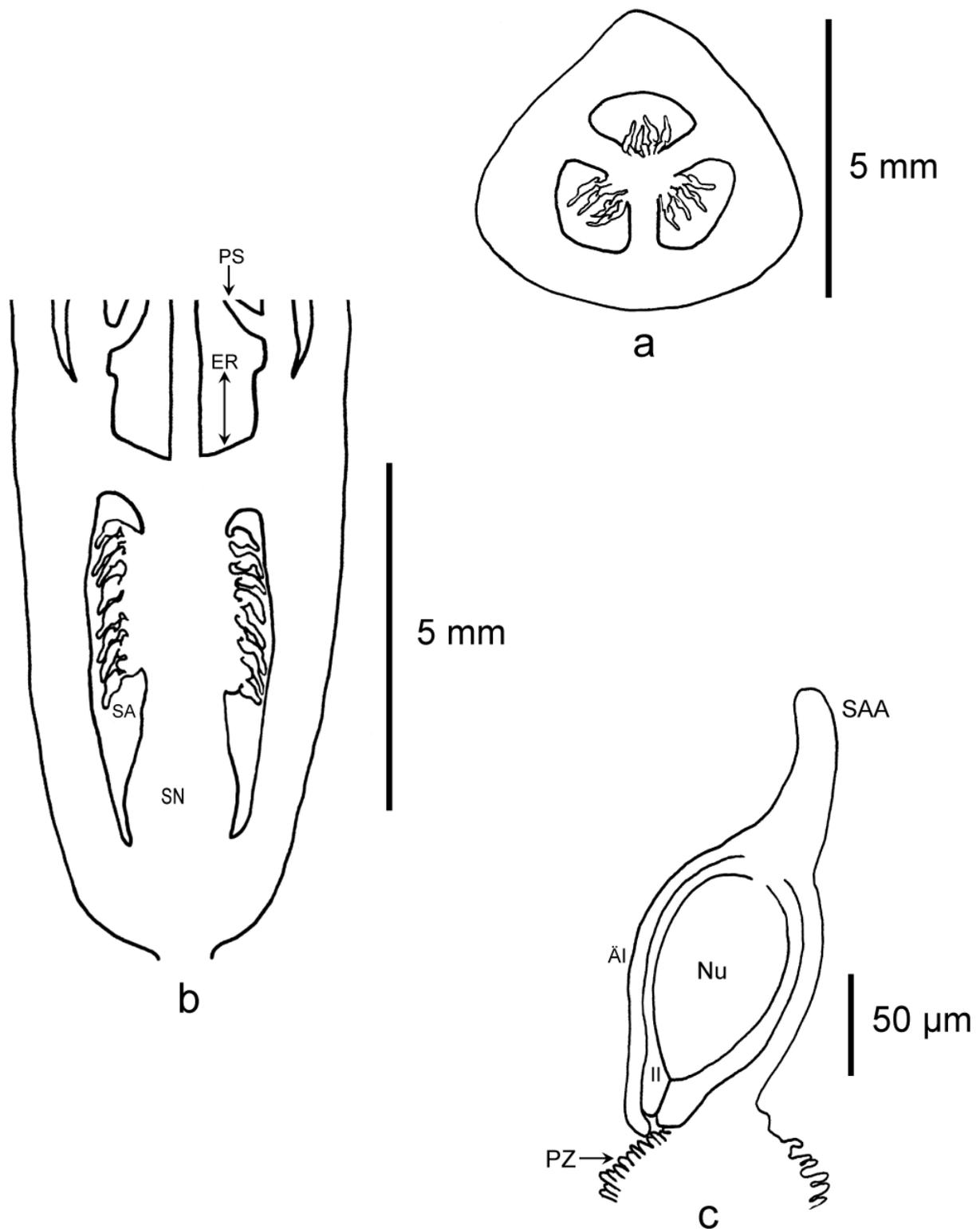


Abb. 54: *Aechmea emmerichiae*. a) Querschnitt (Präparat W1/A). b) Längsschnitt (Präparat W1/B) SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien. ER= epigyne Röhre. PS= Petalaanhängsel; c) Samenanlage (Präparat W1/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus, PZ: Plazentazellen.

***Aechmea eurycorymbus* HARMS**

Notizbl. Bot. Gart. Berlin-Dahlem 12: 528. 1935.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Nordwest-Brasilien.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 2-3, 1972.

(Samenherkunft: Botanischer Garten Rio de Janeiro).

Sammelnummer: RD13.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.
Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 1,3 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (253-) 269 (-276) μm . **Samenanlagen, Gesamtlänge:** (517-) 533 (-540) μm . **Samenanlagen, Breite:** (161-) 177 (-184) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,9-) 3,0 (-3,2).
Samenanlagen, Anhängselform: gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (195-) 202 (-207) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (92-) 99 (-103) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (2,0-) 2,0 (-2,1). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal.
Samenanlagen, Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (57-) 62 (- 80) μm . **Funikulus, Breite:** (92-) 97 (-115) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,6-) 0,7 (-0,6).
Mikropyle, Länge: (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (69-) 74 (-92) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,7-) 0,8 (-0,8). **Äußeres Integument, Dicke:** 34 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 3. **Inneres Integument, Dicke:** 23 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (194-) 198 (-199) μm . **Nucellus, Breite:** (120-) 124 (-125) μm .
Nucellus, Länge/Breite: (1,5-) 1,6 (-1,6). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2. **Plazentazellen, Länge:** 40 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 3,5.

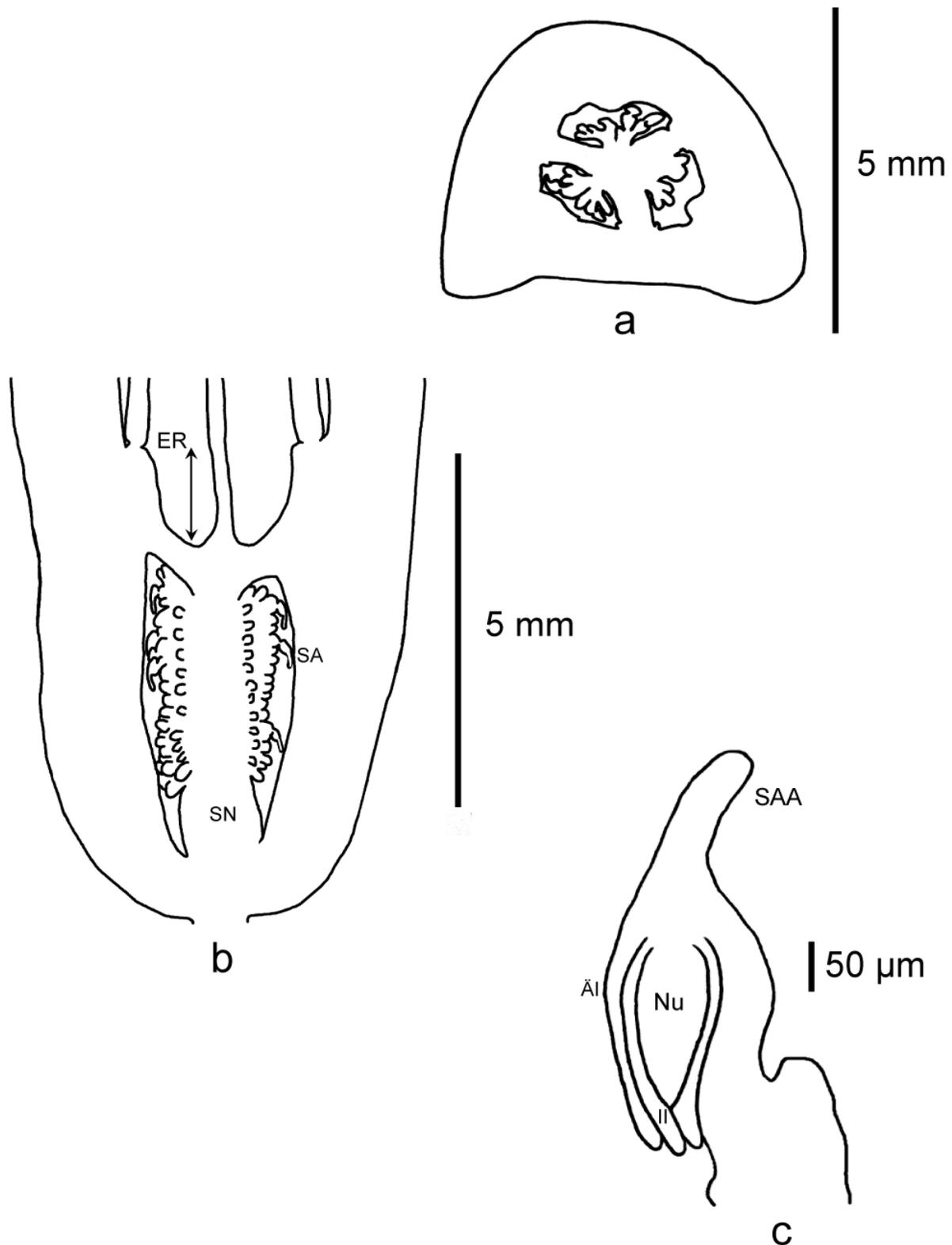


Abb. 55: *Aechmea eurycorymbus*. a) Querschnitt (Präparat RD13/A). b) Längsschnitt (Präparat RD13/B) SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. ER= epigyne Röhre. c) Samenanlage (Präparat RD13/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea farinosa* var. *conglomerata* (BEER) L. B. SM.**

Phytologia 13: 148. 1966.

Basionym: *Lamprococcus glomeratus* BEER.

Die Familie der Bromeliaceen 105. 1856.

Untergattung: *Lamprococcus*.

Verbreitung: Kolumbien bis Peru und brasilianisches Amazonien.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 98-169613.

Sammelnummer: RD7.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich.

Fruchtknoten, Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** Rinnen fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 2,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (59-) 63 (-69) μm . **Samenanlagen, Breite:** (198-) 202 (-208) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (1,1-) 1,2 (-1,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen.

Samenanlagen, Anhängsellänge: (139-) 146 (-148) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:**

(74-) 75 (-79) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,87-) 1,9 (-2,00).

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop.

Funikulus, Länge: (35-) 39 (-44) μm . **Funikulus, Breite:** (64-) 73 (-79) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,4-) 0,5 (-0,6). **Mikropyle, Länge:** (49-) 56 (-59) μm . **Mikropyle, Breite:**

(44-) 48 (-49) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,1-) 1,2 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:**

15 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 10 μm .

Inneres Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (173-) 178 (-183) μm . **Nucellus,**

Breite: (109-) 114 (-118) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6 (-1,6). **Zahl der Furchen**

auf jeder Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** 25 μm . **Plazentazellen, Breite:** 20 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: 1,25.

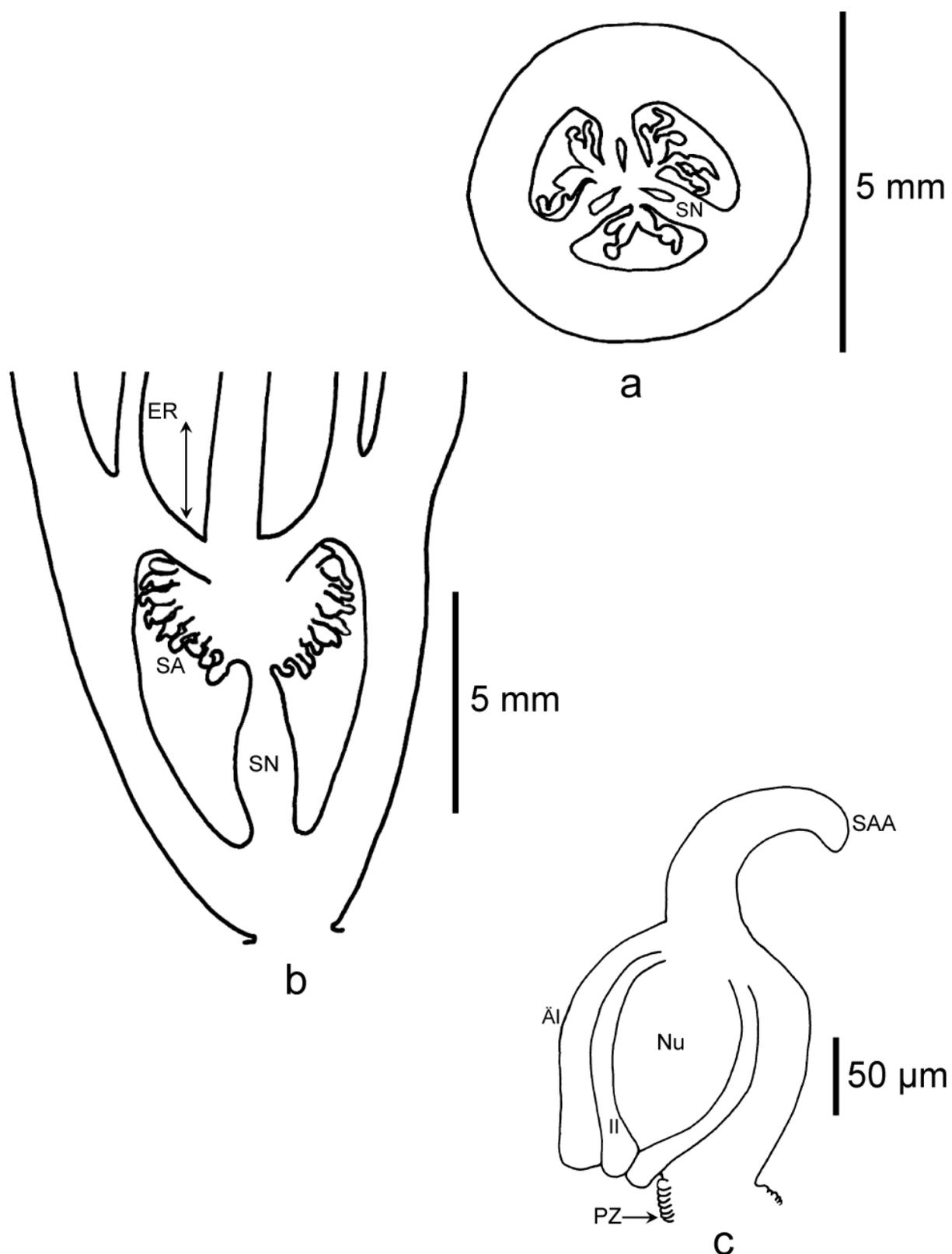


Abb. 56: *Aechmea farinosa* var. *conglomerata*. a) Querschnitt (Präparat RD7/A). SN = Septalnektarien; b) Längsschnitt (Präparat RD7/B) SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. ER= epigyne Röhre. c) Samenanlage (Präparat RD7/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus, PZ = Plazentazellen.

Aechmea fasciata* (LINDL.) BAKER var. *fasciata

J. Bot. 17: 231. 1879.

Basionym: *Billbergia fasciata* LINDL.

Bot. Reg. 13: Taf. 1130. 1828.

Untergattung: *Platyaechmea*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Rio de Janeiro.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130252.

Sammelnummer: RD14.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich.

Fruchtknoten, Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** Rinnen fehlend.. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 2,7 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (460-) 497 (-540) µm. **Samenanlagen, Breite:** (198-) 202 (-208) µm.

Samenanlagen, Länge/Breite: (1,1-) 1,2 (-1,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen.

Samenanlagen, Anhängsellänge: (139-) 146 (-148) µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:**

(74-) 75 (-79) µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,8-) 1,9 (-2,0).

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop.

Funikulus, Länge: (35-) 39 (-44) µm. **Funikulus, Breite:** (64-) 73 (-79) µm. **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,4-) 0,5 (-0,6). **Mikropyle, Länge:** (49-) 56 (-59) µm. **Mikropyle, Breite:**

(44-) 48 (-49) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,1-) 1,2 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:**

15 µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 10 µm.

Inneres Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (173-) 178 (-183) µm. **Nucellus,**

Breite: (109-) 114 (-118) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6 (-1,6). **Zahl der Furchen**

auf jeder Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** 25 µm. **Plazentazellen, Breite:** 20 µm.

Plazentazellen, Länge/Breite: 1,25.

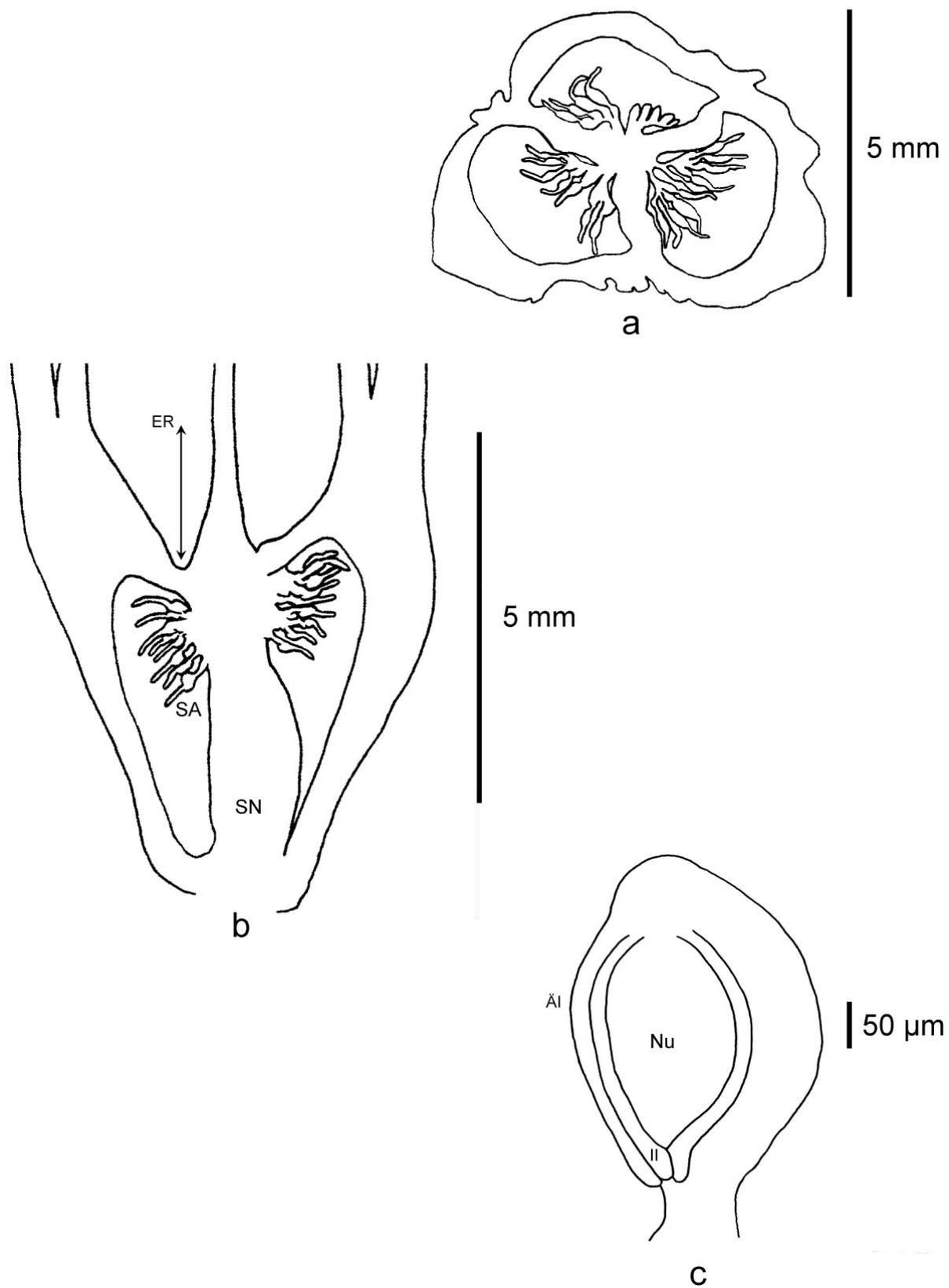


Abb. 57: *Aechmea fasciata* var. *fasciata*. a) Querschnitt (Präparat RD14/A). b) Längsschnitt (Präparat RD14/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD14/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea fendleri* ANDRÉ ex MEZ**

Monogr. Phan. 9: 223. 1896.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Venezuela und Trinidad.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 95142170.

Sammelnummer: RD42.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,33. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: Rinnen fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 3,7 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (310-) 329 (-345) μm . **Samenanlagen, Breite:** (149-) 159 (-172) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (2,4-) 2,5 (-2,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend.

Samenanlagen, Anhängsellänge: fehlend. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** fehlend.

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral.

Samenanlagen, Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (69-) 71 (- 80) μm . **Funikulus,**

Breite: (92-) 97 (-103) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,6-) 0,7 (-0,8). **Mikropyle, Länge:**

(69-) 71 (-80) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,1-)

1,2 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** (11-) 13 (-14) μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** (6-) 7 (-8) μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (142-) 150 (-160) μm . **Nucellus, Breite:** (74-) 81

(-85) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8 (-1,9). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (51-) 57 (-62) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 9

(-11) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (5,0-) 6,2 (-9,0).

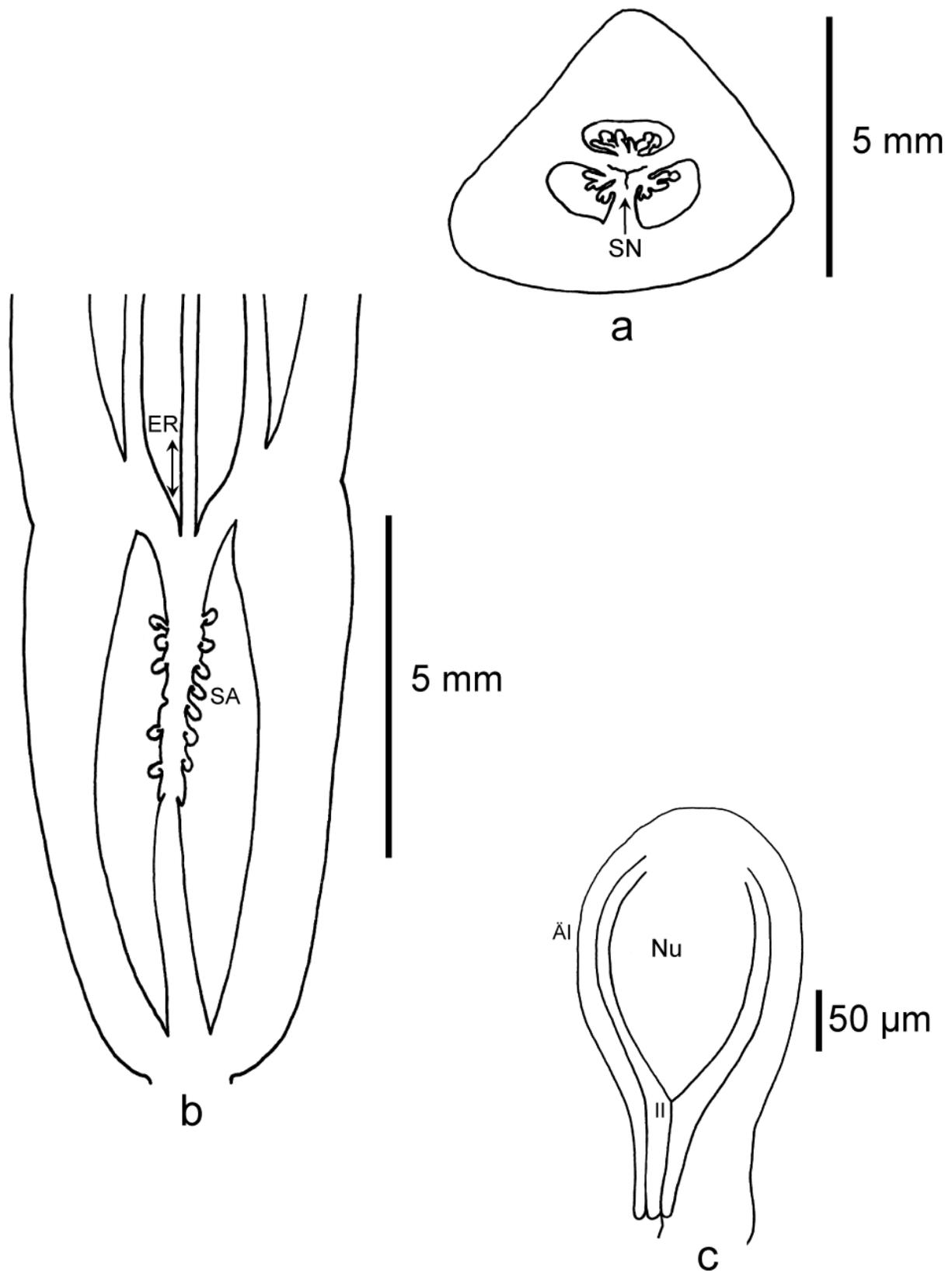


Abb. 58: *Aechmea fendleri*. a) Querschnitt (Präparat RD42/A). SN = Septalnektarien;
 b) Längsschnitt (Präparat RD42/B) SA = Samenanlangen, ER= epigyne Röhre.
 c) Samenanlage (Präparat RD42/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea ferruginea* L. B. SM.**

Contr. Gray Herb. 98: 5, Taf. 1, Abb. 1-3. 1932.

Untergattung: *Podaechmea*.

Verbreitung: Peru, Departamento Junin.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103964 (R: 63823).

Sammelnummer: RD106.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,11. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite \leq 10:1, sternförmig, rot gefärbt. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:**

elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt.

Fruchtknoten, Flügel: fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten,**

Rinntiefe: fehlend.. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 3,8 mm.

Samenanlagen pro Fruchtfach: 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:**

gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (287-) 315 (-345) μm .

Samenanlagen, Breite: (207-) 228 (-241) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,05-) 2,17

(-2,25). **Samenanlagen, Anhängselform:** nach Vorne gebogen. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (126-) 138 (-149) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 46 μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: (2,7-) 3,0 (-3,2). **Samenanlagen, Lage im**

Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (34-) 41

(-46) μm . **Funikulus, Breite:** (69-) 74 (-80) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,5-) 0,6 (-0,7).

Mikropyle, Länge: (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 51 (-69) μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,0-) 1,1 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** (11-) 14 (-17) μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (222-) 223 (-229) μm . **Nucellus, Breite:** (125-) 128

(-131) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8 (-1,8). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (45-) 52 (-57) μm . **Plazentazellen, Breite:** (11-)

15 (-17) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (3,3-) 3,5 (-4,0).

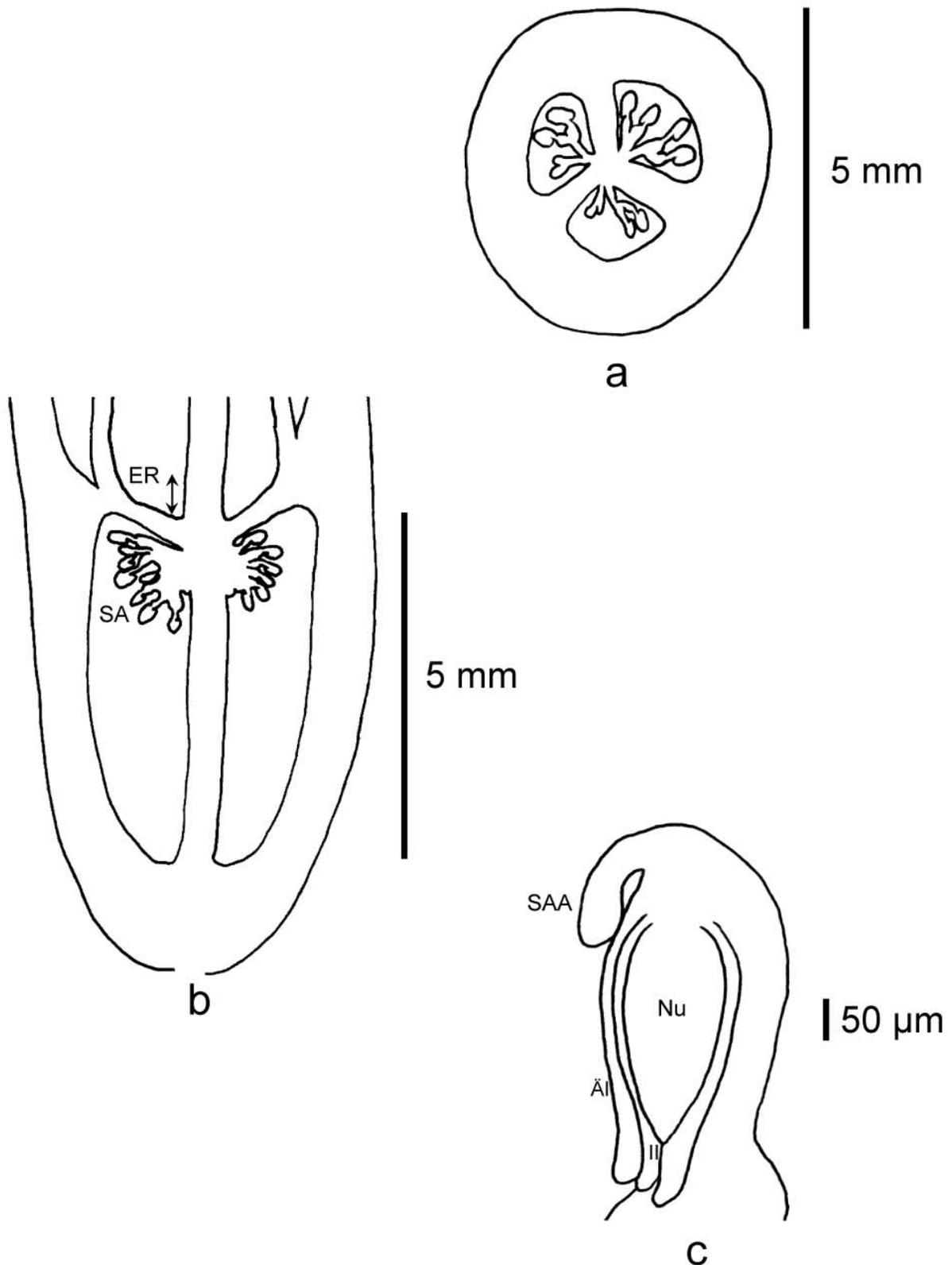


Abb. 59: *Aechmea ferruginea*. a) Querschnitt (Präparat RD106/A). b) Längsschnitt (Präparat RD106/B) SA = Samenanlangen, ER= epigyne Röhre. c) Samenanlage (Präparat RD106/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, SAA = Samenanlagenanhängsel, Nu = Nucellus.

***Aechmea filicaulis* (GRISEB.) MEZ**

Fl. Bras. 3(3): 425. 1894.

Basionym: *Billbergia filicaulis* GRISEB.

Geog. Verbr. Pfl. Westind. 1864(1): 13. 1865.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Venezuela und Trinidad.

Lebenssammlung: DA.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD55.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: Rinnen fehlend.. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 1,1 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (310-) 317 (-333) μm . **Samenanlagen, Breite:** (161-) 175 (-207) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (3,8-) 4,4 (-4,8). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade.

Samenanlagen, Anhängsellänge: (391-) 398 (-414) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:**

(103-) 106 (-115) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (3,5-) 3,7 (-4,0).

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop.

Funikulus, Länge: 57 μm . **Funikulus, Breite:** 80 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 0,7.

Mikropyle, Länge: (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 57 (-60) μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,1-) 1,2 (-1,5). **Äußeres Integument, Dicke:** (17-) 20 (-23) μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** (11-) 15 (-17) μm . **Inneres**

Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (131-) 147 (-154) μm . **Nucellus, Breite:**

(57-) 58 (-63) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,3-) 2,5 (-2,7). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (23-) 30 (-34) μm . **Plazentazellen, Breite:**

17 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,3-) 1,7 (-2,0).

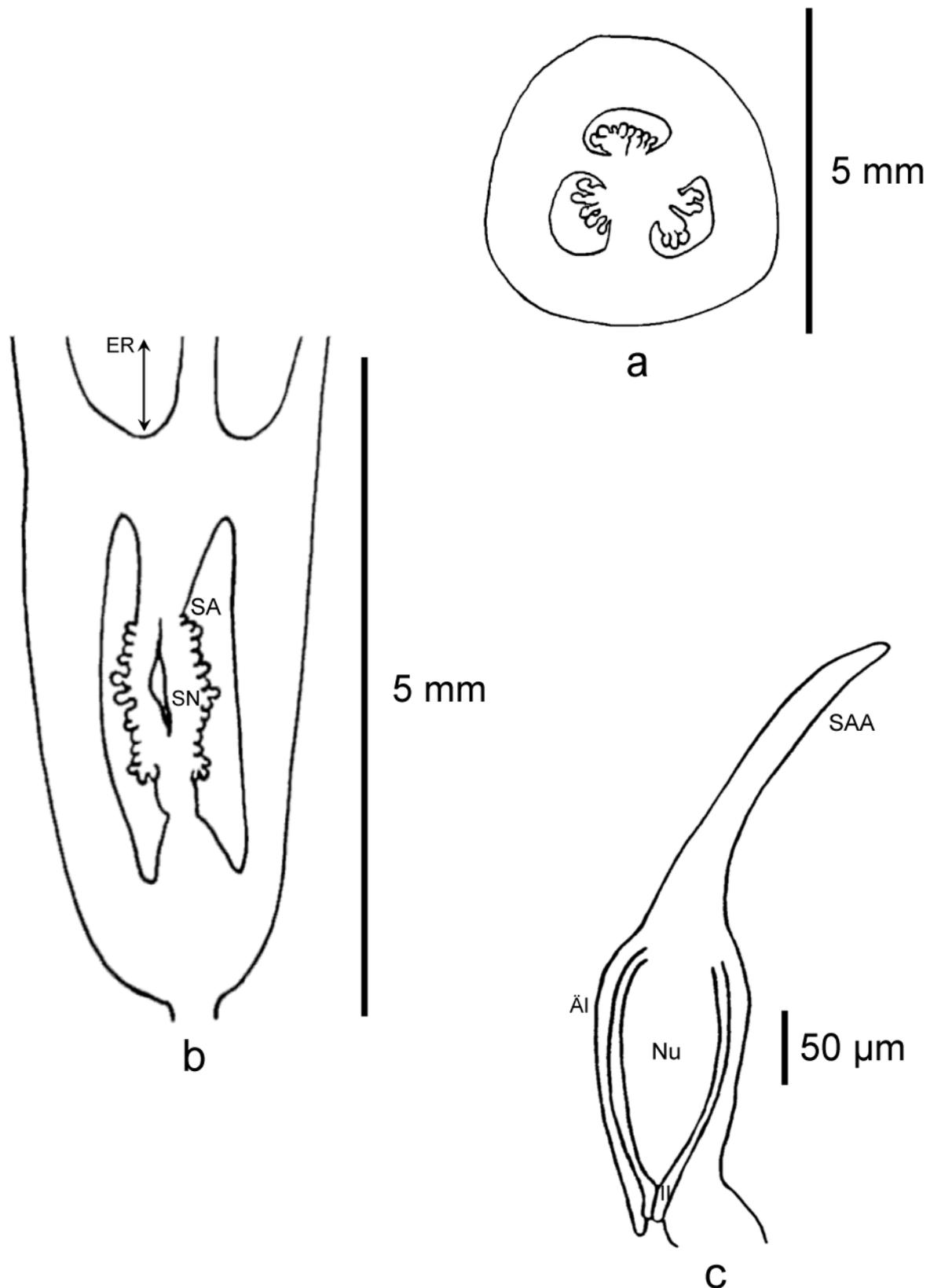


Abb. 60: *Aechmea filicaulis*. a) Querschnitt (Präparat RD55/A). b) Längsschnitt (Präparat RD55/B)
 SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien. ER= epigyne Röhre. c) Samenanlage (Präparat RD55/B).
 SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

Aechmea gamosepala* WITTM. var. *gamosepala

Bot. Jahrb. Syst. 13 (Beibl. 29): 3, 13. 1891.

Untergattung: *Ortgiesia*.

Verbreitung: Brasilien, Estados São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130391 (R: T4.7).

Sammelnummer: RD66.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,75. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig. Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rechteckig. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,1 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (230-) 253 (-264) µm.

Samenanlagen, Breite: (149-) 163 (-172) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,8-) 2,1

(-2,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm.

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:**

waagrecht. **Funikulus, Länge:** (69-) 83 (-92) µm. **Funikulus, Breite:** (57-) 76 (-80) µm.

Funikulus, Länge/Breite: (0,8-) 1,1 (-1,1). **Mikropyle, Länge:** (46-) 53 (-57) µm.

Mikropyle, Breite: 69 µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,6-) 0,76 (-0,83). **Äußeres**

Integument, Dicke: 17 µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 11 µm. **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (177-) 186

(-199) µm. **Nucellus, Breite:** (103-) 107 (-114) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** 1,7. **Zahl der**

Furchen auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** 23 µm. **Plazentazellen,**

Breite: 11 µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** 2,0.

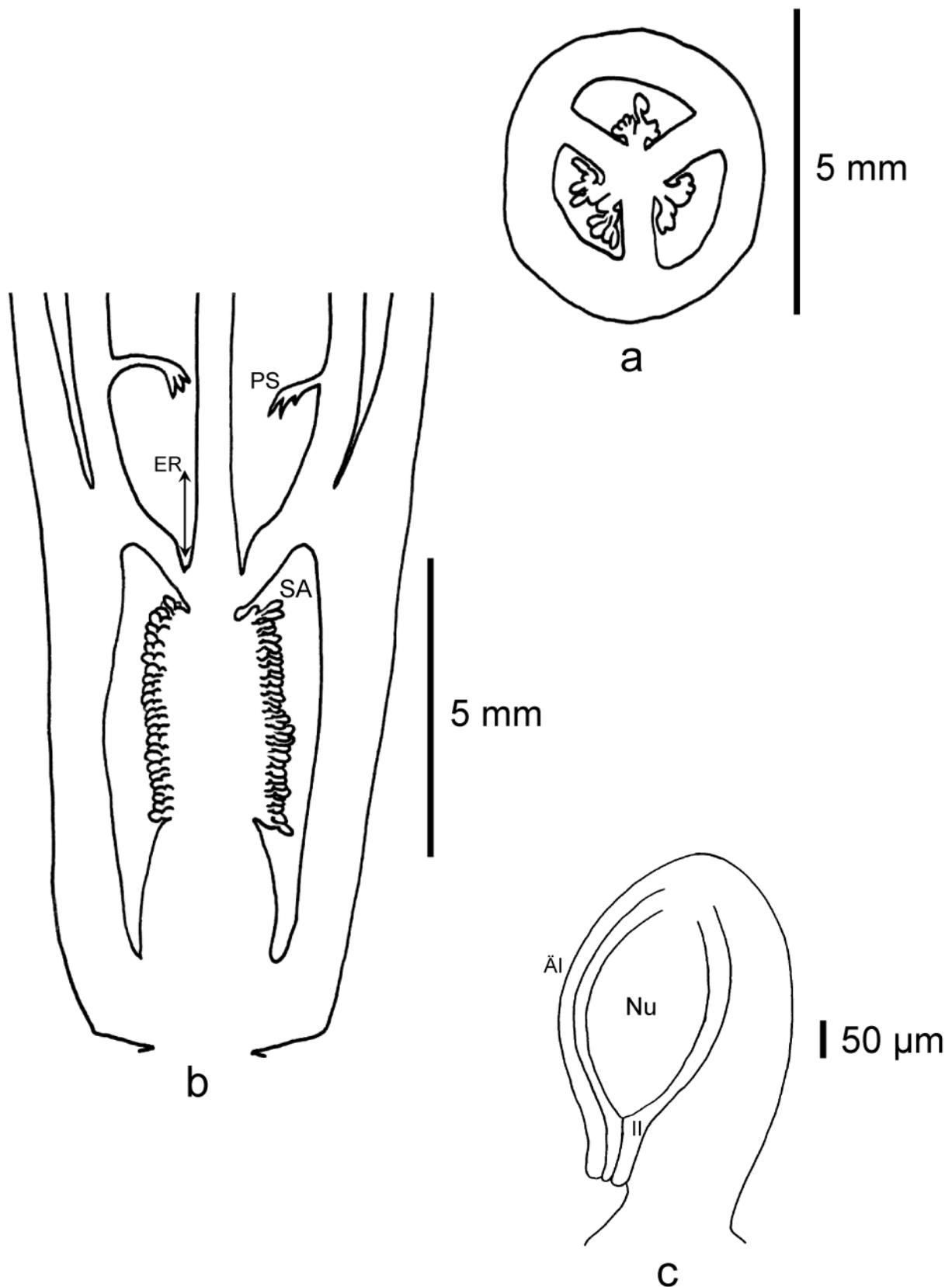


Abb. 61: *Aechmea gamosepala* var. *gamosepala*. a) Querschnitt (Präparat RD66/A). b) Längsschnitt (Präparat RD66/B) SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. ER = epigyne Röhre, PS: Petalenanhängsel. c) Samenanlage (Präparat RD66/B) AI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea gracilis* LINDM.**

Kongl. Svenska Vetenskapsakad. Handl. 24(8): 30, Taf. 6, Abb. 10-16. 1891.

Untergattung: *Ortgiesia*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Minas Gerais.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103595 (R: 31063b).

Sammelnummer: RD12.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 9,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,25. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: rechteckig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (163 -)

190 (-218) μm . **Samenanlagen, Breite:** (129-) 143 (-153) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (1,7-) 1,9 (-2,0). **Samenanlagen, Anhängselform:** Anhängsel fehlend.

Samenanlagen, Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral.

Samenanlagen, Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (74-) 87 (-99) μm .

Funikulus, Breite: (79-) 85 (-89) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 1,0 (-1,1).

Mikropyle, Länge: (74-) 77 (-84) μm . **Mikropyle, Breite:** (49-) 51 (-59) μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,4-) 1,5 (-1,6). **Äußeres Integument, Dicke:** 15 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 10 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (198-) 199 (-203) μm . **Nucellus, Breite:** (99-) 103 (-108) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,8-) 1,9 (-2,0). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.

Plazentazellen, Länge: 15 μm . **Plazentazellen, Breite:** 15 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: 1.

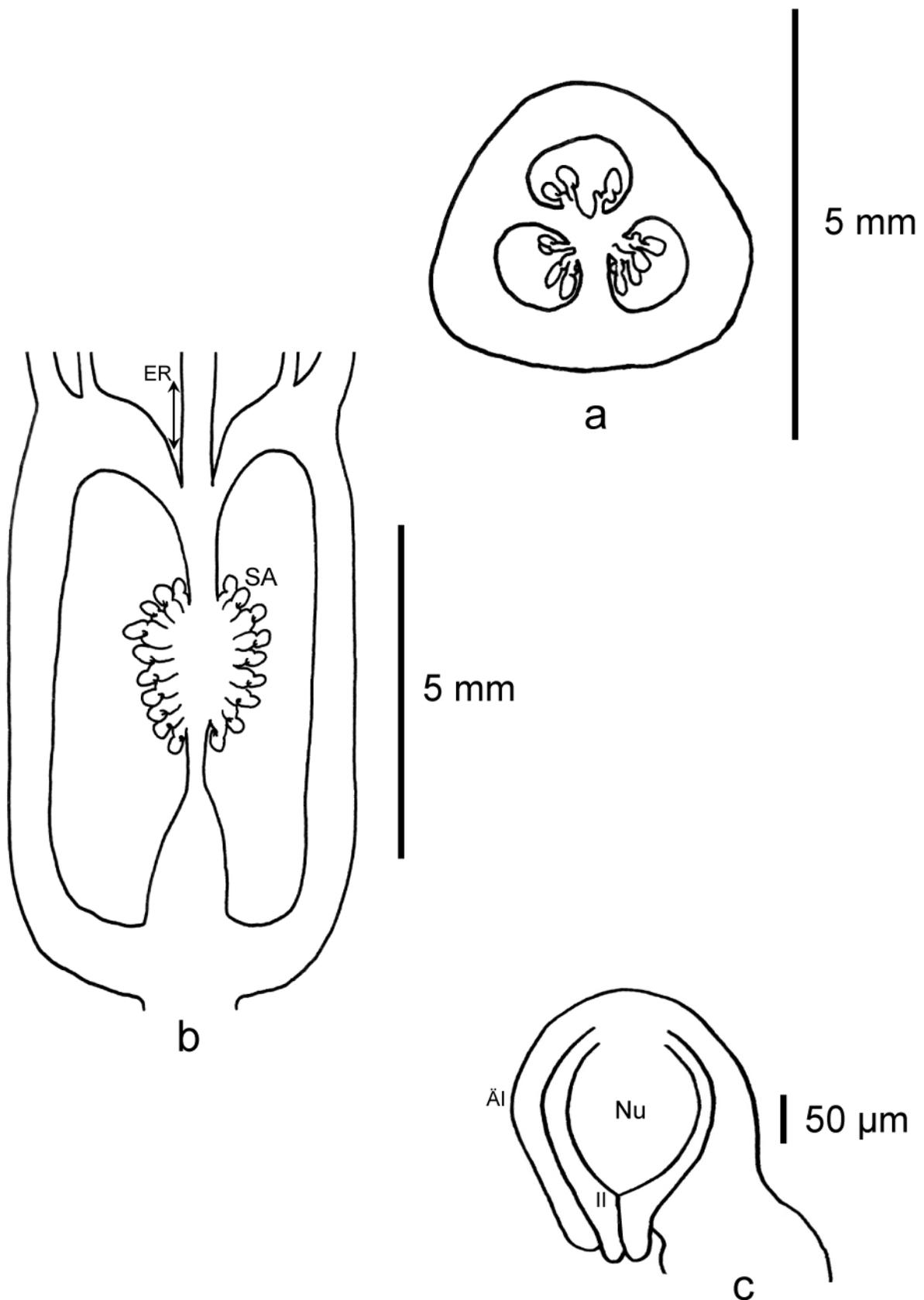


Abb. 62: *Aechmea gracilis*. a) Querschnitt (Präparat RD12/A). b) Längsschnitt (Präparat RD12/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD12/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea kertesziae* REITZ**

Anais Bot. Herb. "Barbosa Rodrigues" 4: 24. 1952.

Untergattung: *Ortgiesia*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Santa Catarina.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 98-169353.

Sammelnummer: RD103.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 9,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 3. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite \leq 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rechteckig. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: rechteckig. **Fruchtknoten, Wände:** leicht gewellt. **Fruchtknoten,**

Flügel: fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 0,8 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (245-) 252 (-256) μm .

Samenanlagen, Breite: (165-) 171 (-176) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,6-) 1,6

(-1,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: (28-) 32 (-40) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 47 (-51) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,6-) 0,7 (-0,8). **Mikropyle, Länge:** (49-) 57 (-66) μm . **Mikropyle, Breite:**

(46-) 53 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,1 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:**

(9-) 11 (-12) μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** (6-) 9

(-8) μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (174-) 186 (-180) μm .

Nucellus, Breite: (116-) 119 (-122) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5 (-1,6). **Zahl der**

Furchen auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** 14 μm . **Plazentazellen,**

Breite: 6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,0-) 2,5 (-4).

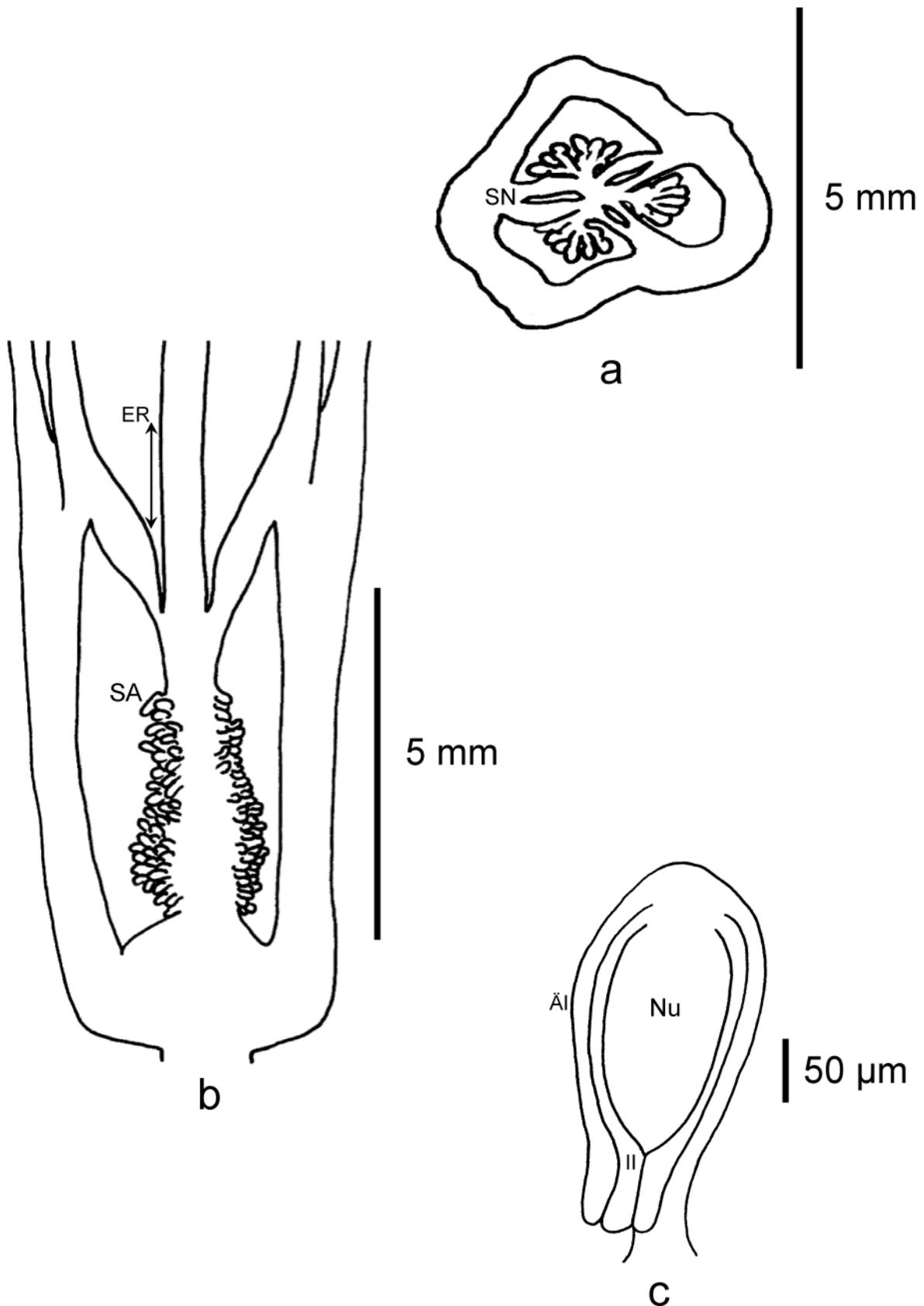


Abb. 63: *Aechmea kertesziae*. a) Querschnitt (Präparat RD103/A). SN = Septalnectarien. b) Längsschnitt (Präparat RD103/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD103/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea lindenii* (E. MORR.) BAKER**

J. Bot. 17: 233. 1879.

Basionym: *Hoplophytum lindenii* E. MORR.

Belgique Hort. 15: 164. 1865.

Untergattung: *Pothuava*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Espiritu Santo.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104302.

Sammelnummer: RD104.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,3. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: warzig. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** vorhanden. **Septalnektarien,**

Höhe: 1,6 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (299-)

310 (-322) μm . **Samenanlagen, Breite:** (172-) 200 (-218) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (1,6-) 1,7 (-2,0). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen,**

Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** 34 μm . **Funikulus, Breite:** 46 μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: 0,7. **Mikropyle, Länge:** 46 μm . **Mikropyle, Breite:** 34 μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: 1,3. **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (228-) 231 (-234) μm . **Nucellus, Breite:** (74-) 78 (-85) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (2,7-) 2,9 (-3,0). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 3.

Plazentazellen, Länge: 28 μm . **Plazentazellen, Breite:** 17 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: 1,7.

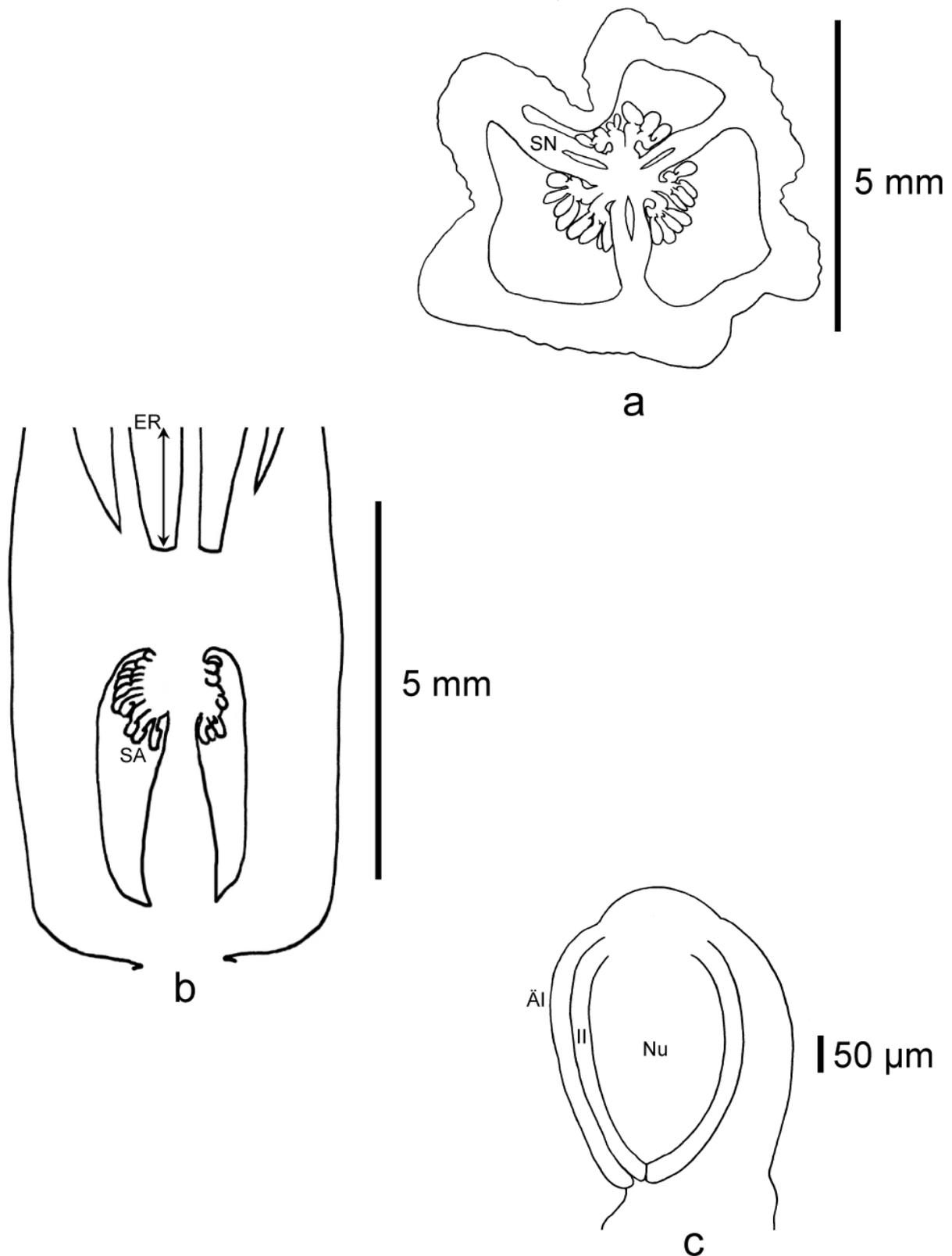


Abb. 64: *Aechmea lindenii*. a) Querschnitt (Präparat RD104/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD104/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, c) Samenanlage (Präparat RD104/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea longifolia* (RUDGE) L. B. SM. & M. A. SPENCER**

Phytologia 72(2): 97. 1992.

Basionym: *Bromelia longifolia* RUDGE.

Pl. Guian. 1: 31, Taf. 49. 1805.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Kolumbien, Amazonasgebiet von Brasilien und Bolivien.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130511.

Sammelnummer: RD26.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,2 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 11,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,7. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 4,1 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (175-)

185 (-195) μm . **Samenanlagen, Breite:** (198-) 205 (-207) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (1,3-) 1,4 (-1,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (49-) 52 (-59) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (74-) 76 (-79) μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: (0,6-) 0,7 (-0,8). **Samenanlagen, Lage im**

Fruchtfach: zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** 62 μm .

Funikulus, Breite: (112-) 117 (-125) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,5-) 0,5 (-0,6).

Mikropyle, Länge: (125-) 130 (-137) μm . **Mikropyle, Breite:** (100-) 105 (-112) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: (1,1-) 1,2 (-1,4). **Äußeres Integument, Dicke:** 20 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 20 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (325-) 335 (-350) μm . **Nucellus, Breite:** (175-) 177

(-187) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,8-) 1,8 (-2,1). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 0. **Plazentazellen, Länge:** 20 μm . **Plazentazellen, Breite:** 10 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: 2.

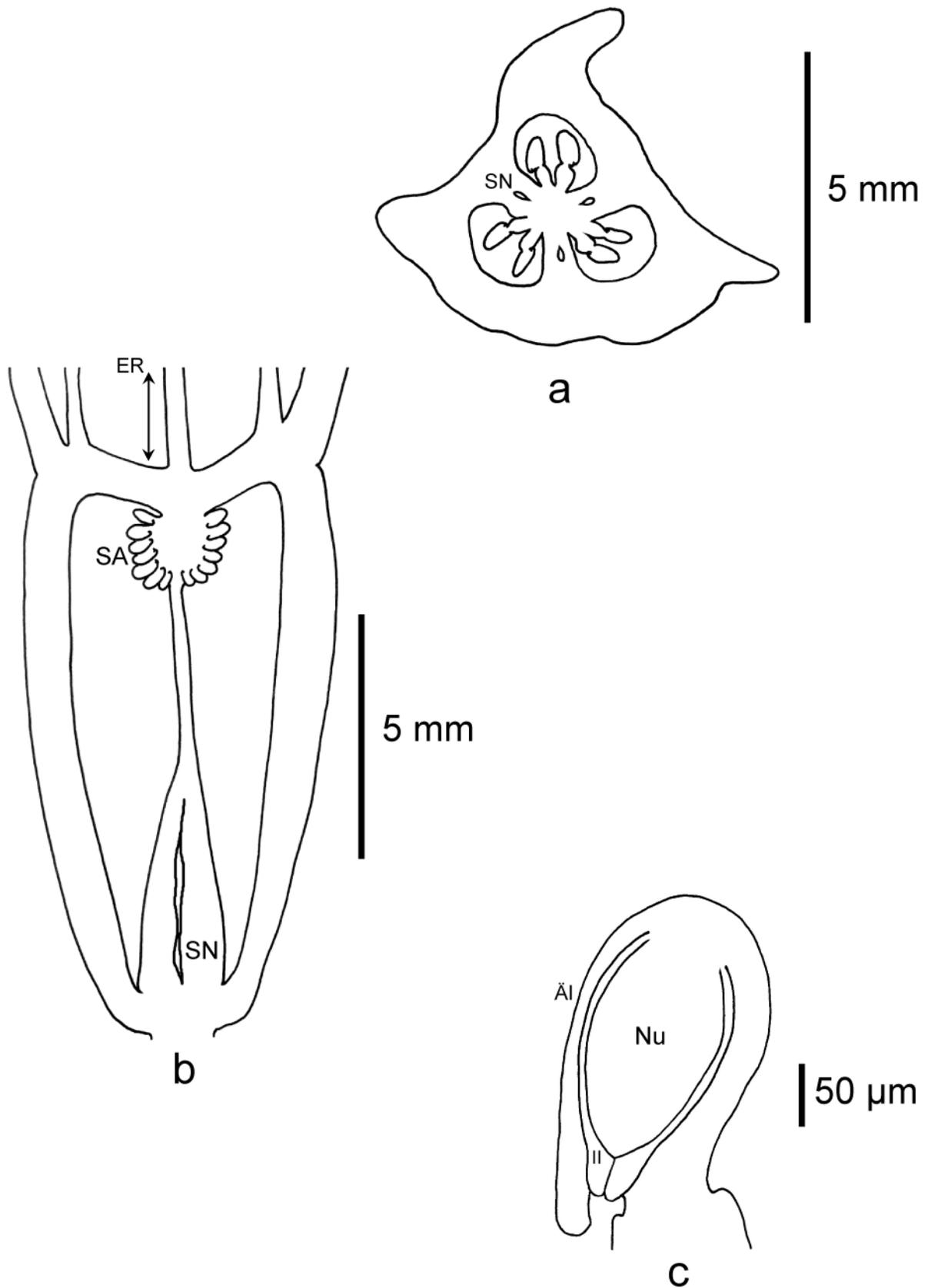


Abb. 65: *Aechmea longifolia*. a) Querschnitt (Präparat RD26/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD26/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD26/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea mexicana* BAKER**

J. Bot. 17: 165. 1879.

Untergattung: *Podaechmea*.

Verbreitung: Süd-Mexiko bis Ecuador.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104025 (R: 34420).

Sammelnummer: RD35.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,75. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.
Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 1,7 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (207-) 228 (-241) μm . **Samenanlagen, Breite:** (184-) 189 (-195) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,9-) 2,0 (-2,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (92-) 106 (-115) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (46-) 60 (-69) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,7-) 1,8 (-2,0). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 53 (-69) μm . **Funikulus, Breite:** (69-) 78 (-92) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,6-) 0,7 (-0,7). **Mikropyle, Länge:** (46-) 53 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 64 (-80) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,8-) 0,8 (-0,9). **Äußeres Integument, Dicke:** 28 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 3. **Inneres Integument, Dicke:** 17 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (142-) 161 (-171) μm . **Nucellus, Breite:** (91-) 106 (-114) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,5 (-1,6). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** 57 μm . **Plazentazellen, Breite:** 17 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 3,3.

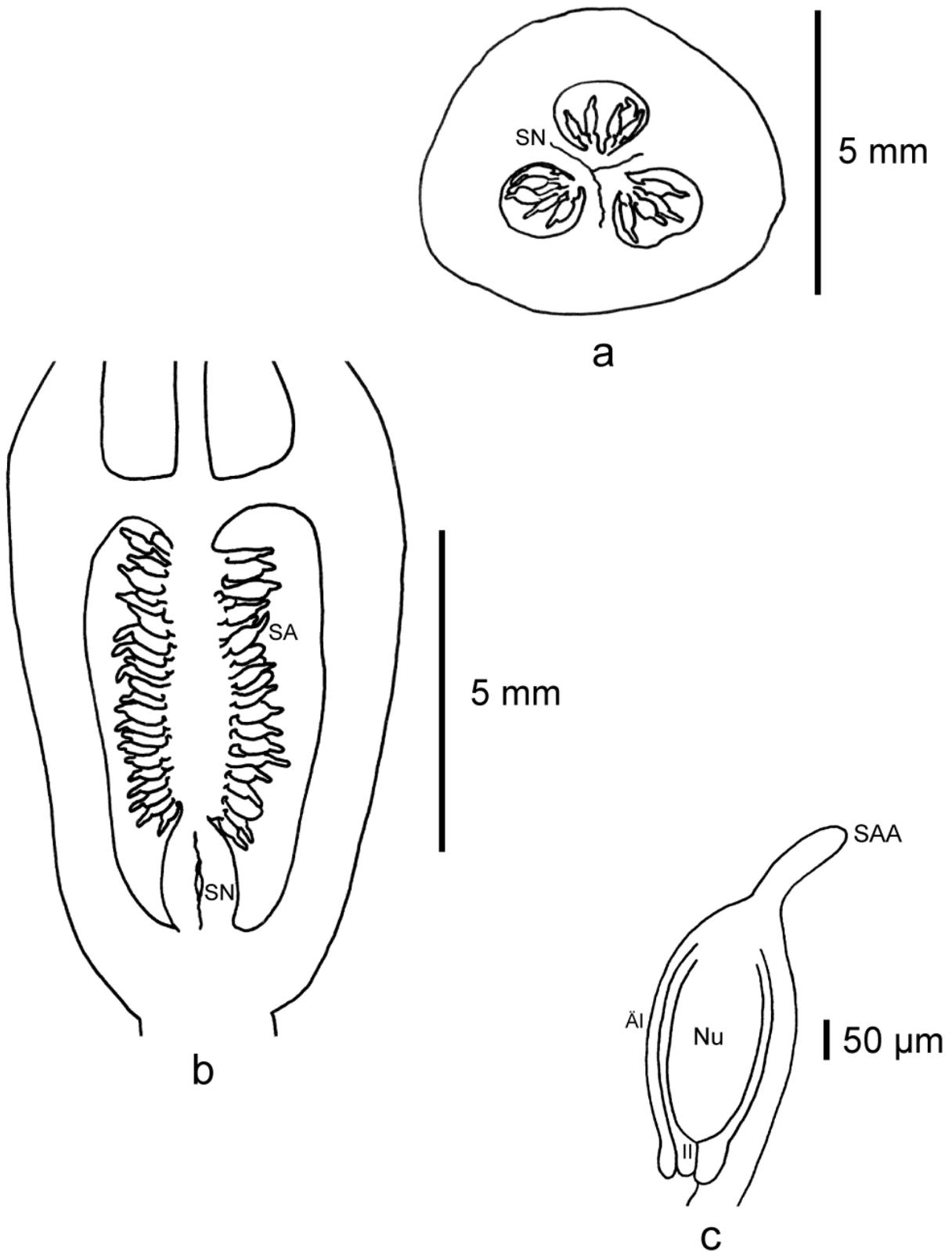


Abb. 66: *Aechmea mexicana*. a) Querschnitt (Präparat RD35/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD35/B) SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD35/B) AI = äußere Integument, II = innere Integument, SAA = Samenanlagenanhängsel, Nu = Nucellus.

***Aechmea miniata* var. *discolor* (BEER) BEER**

Handb. Bromel. 53. 1889.

Basionym: *Lamprococcus miniatus* var. *discolor* BEER.

Fam. Bromel. 104. 1856.

Untergattung: *Lamprococcus*.

Verbreitung: Brasilien.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 98-166947-0.

Sammelnummer: RD5.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,0. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: leicht gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (287-)

338 (-425) μm . **Samenanlagen, Breite:** (149-) 154 (-161) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (3,9-) 4,2 (-5,0). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (253-) 260 (-264) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (80-) 90

(-92) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (2,7-) 2,3 (-3,1). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 51

(-57) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 53 (-57) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 0,9 (-1,0).

Mikropyle, Länge: (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 55 (-57) μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,0-) 1,0 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (131-) 140 (-153) μm . **Nucellus, Breite:** (96-) 101 (-108) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,3-) 1,4 (-1,5). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.

Plazentazellen, Länge: (23-) 26 (-28) μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: (2,0-) 2,3 (-2,5).

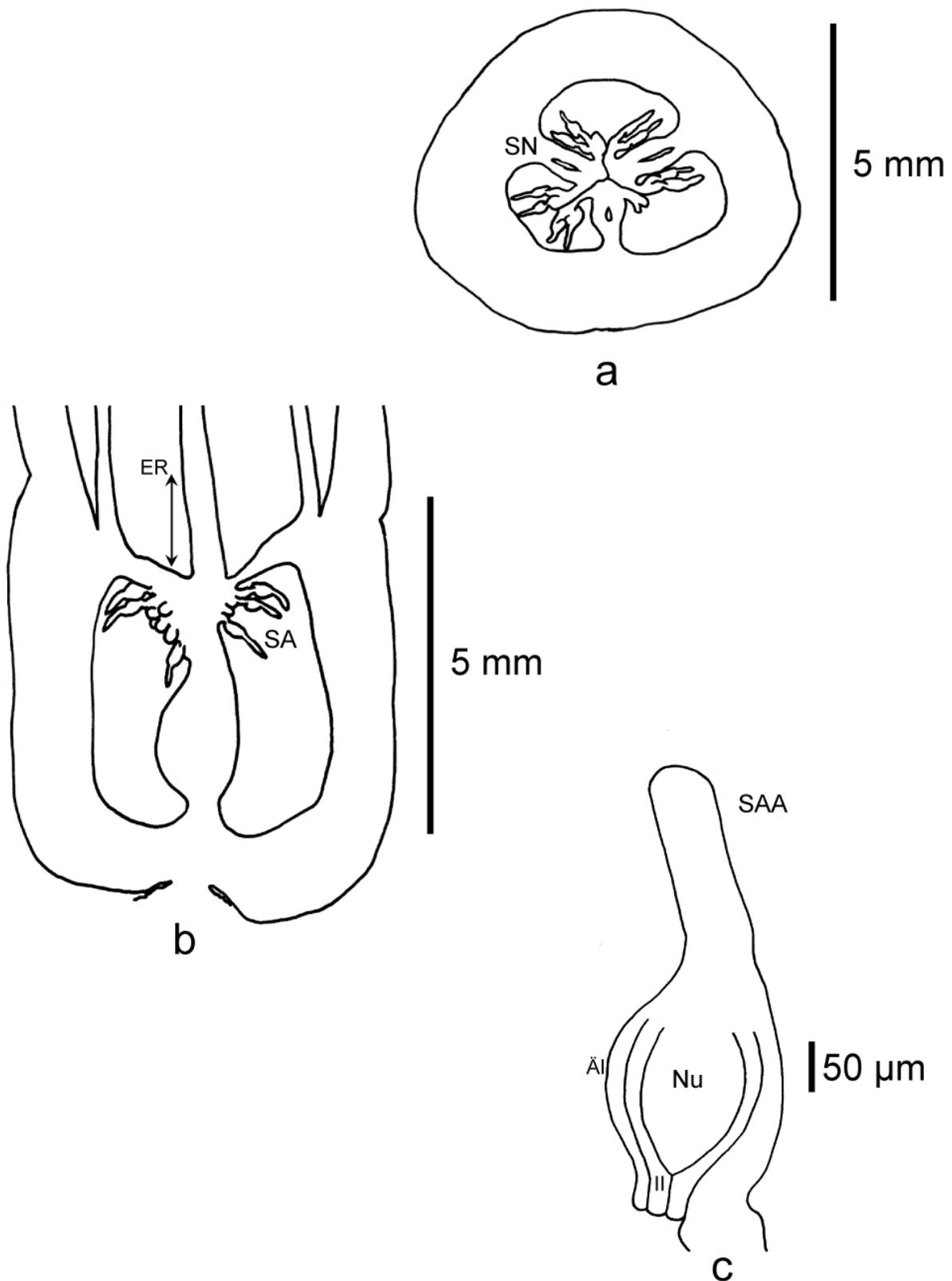


Abb. 67: *Aechmea miniata* var. *discolor*. a) Querschnitt (Präparat RD5/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD5/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD5/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, SAA = Samenanlagenanhängsel, Nu = Nucellus.

***Aechmea mulfordii* L. B. SM.**

Phytologia 19: 281. 1970.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 93121362.

Sammelnummer: RD40.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,8 mm.

Fruchtknoten, Breite: 7,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 0,7. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 0,6 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (276-)

303 (-322) μm . **Samenanlagen, Breite:** (241-) 253 (-264) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (1,9-) 2,0 (-2,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (172-) 184 (-195) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (115-)119

(-126) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,4-) 1,5 (-1,7). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (23-)

32 (-34) μm . **Funikulus, Breite:** (69-) 85 (-80) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,3-) 0,4

(-0,4). **Mikropyle, Länge:** (69-) 69 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 64 (-69) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: (1,0-) 1,0 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (245-) 248 (-251) μm . **Nucellus, Breite:** (199-) 202

(-205) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,2-) 1,2 (-1,3). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** 34 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: 3.

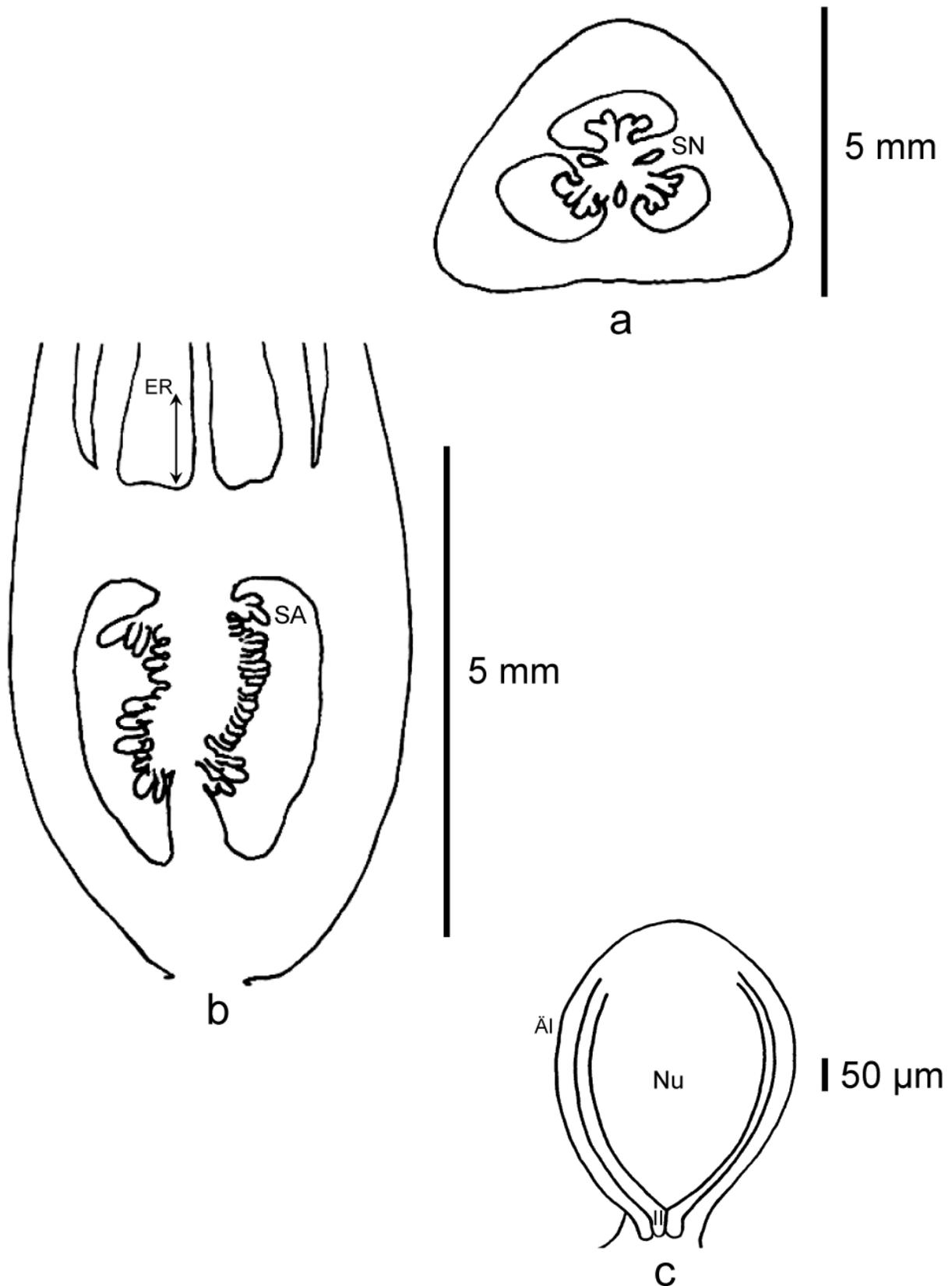


Abb. 68: *Aechmea mulfordii*. a) Querschnitt (Präparat RD40/A). SN = Septalnectarien. b) Längsschnitt (Präparat RD40/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD40/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, SAA = Samenanlagenanhängsel, Nu = Nucellus.

***Aechmea nidularioides* L. B. SM.**

Phytologia 4: 356, Taf. 1, Abb. 7-11. 1953.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Süd-Kolumbien bis Nord-Peru.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103652.

Sammelnummer: RD15.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 9,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 8,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätzen mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 4,8 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (460-) 497 (-540) μm .

Samenanlagen, Breite: (138-) 149 (-161) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (5,2-) 5,8

(-6,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (310-)

322 (-333) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (34-) 39 (-46) μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: (7,0-) 8,4 (-9,7). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal.

Samenanlagen, Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 53 (-57) μm . **Funikulus,**

Breite: (34-) 41 (-46) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,2-) 1,3 (-1,3). **Mikropyle, Länge:**

(46-) 53 (-57) μm . **Mikropyle, Breite:** (23-) 32 (-46) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,2-)

1,7 (-2,0). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2.

Inneres Integument, Dicke: 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus,**

Länge: (245-) 254 (-262) μm . **Nucellus, Breite:** (102-) 109 (-119) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (2,1-) 2,3 (-2,5). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.

Plazentazellen, Länge: (51-) 55 (-62) μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: (9,0-) 9,6 (-11,0).

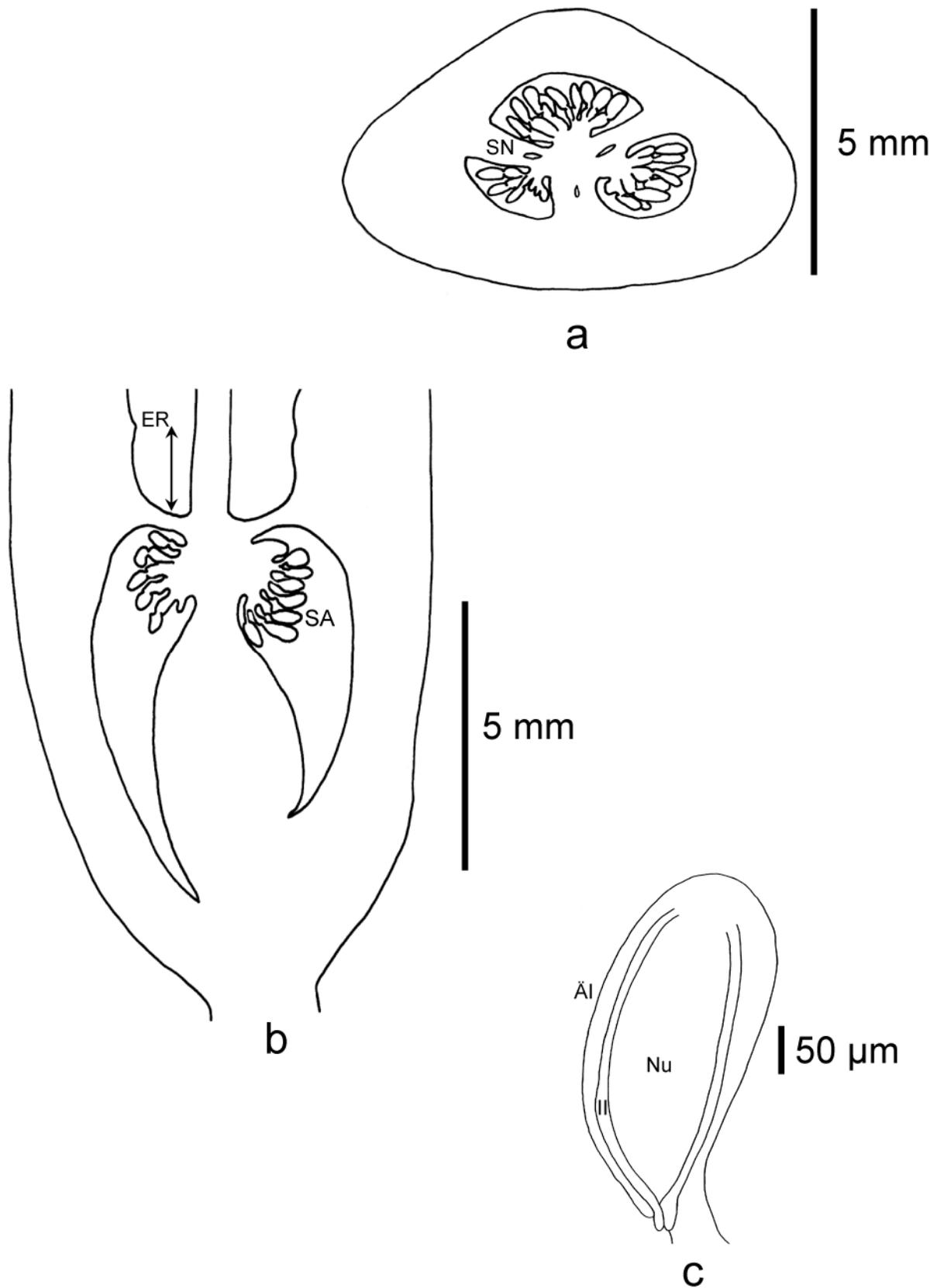


Abb. 69: *Aechmea nidularioides*. a) Querschnitt (Präparat RD15/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD15/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD15/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea nudicaulis* var. *aureorosea* (ANTOINE) L. B. SM.**

Smithsonian Misc. Collect. 126: 17, 220. 1955.

Basionym: *Hoplophytum aureoroseum* ANTOINE.

Wiener Ill. Gart.-Zeitung 6: 97, Taf. I. 1881.

Untergattung: *Pothuava*.

Verbreitung: Brasilien.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104949 (R: 35715).

Sammelnummer: RD43.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 6,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,5. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätzen mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,3 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (251-) 255 (-262) µm.

Samenanlagen, Breite: (182-) 189 (-194) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6

(-1,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm.

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: (46-) 50 (-57) µm. **Funikulus, Breite:** (46-) 52 (-57) µm. **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,9-) 0,9 (-1,0). **Mikropyle, Länge:** (51-) 52 (-57) µm. **Mikropyle, Breite:**

34 µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,5-) 1,5 (-1,7). **Äußeres Integument, Dicke:** 14 µm.

Äußeres Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 12 µm. **Inneres**

Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (168-) 170 (-174) µm. **Nucellus, Breite:**

(104-) 108 (-113) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6 (-1,6). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (72-) 74 (-75) µm. **Plazentazellen, Breite:** 9 µm.

Plazentazellen, Länge/Breite: (8,3-) 8,4 (-8,7).

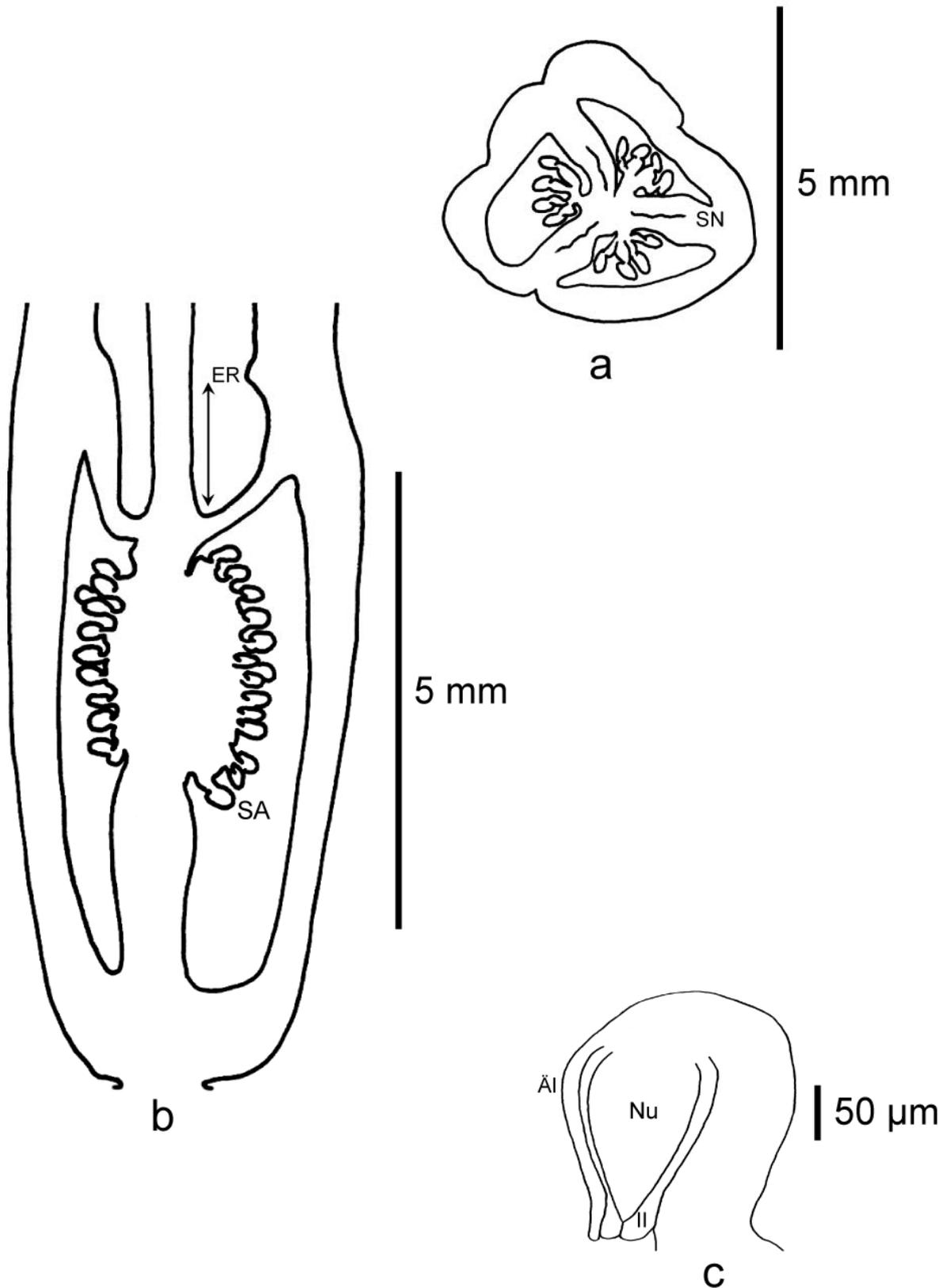


Abb. 70: *Aechmea nudicaulis* var. *aurorosea*. a) Querschnitt (Präparat RD43/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD43/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD43/B) ÄI = äußere Integument, Nu = Nucellus, II = innere Integument.

***Aechmea paniculata* RUIZ & PAV.**

Fl. Peruv. 3: 37. Taf. 264. 1802.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Brasilien, Estados São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD83.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,4. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite $\leq 10:1$. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,7 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (299-) 310 (-322) μm .

Samenanlagen, Breite: (195-) 200 (-207) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,8-) 1,9

(-1,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: (57-) 62 (-69) μm . **Funikulus, Breite:** 80 μm . **Funikulus, Länge/Breite:**

(0,7-) 0,7 (-0,9). **Mikropyle, Länge:** 69 μm . **Mikropyle, Breite:** (69-) 74 (-80) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: (0,8-) 0,9 (-1,0). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (177-) 188 (-199) μm . **Nucellus, Breite:** (142-) 149

(-153) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,2-) 1,2 (-1,3). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** 17 μm . **Plazentazellen, Breite:** 26 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: (0,6-) 0,6 (-0,7).

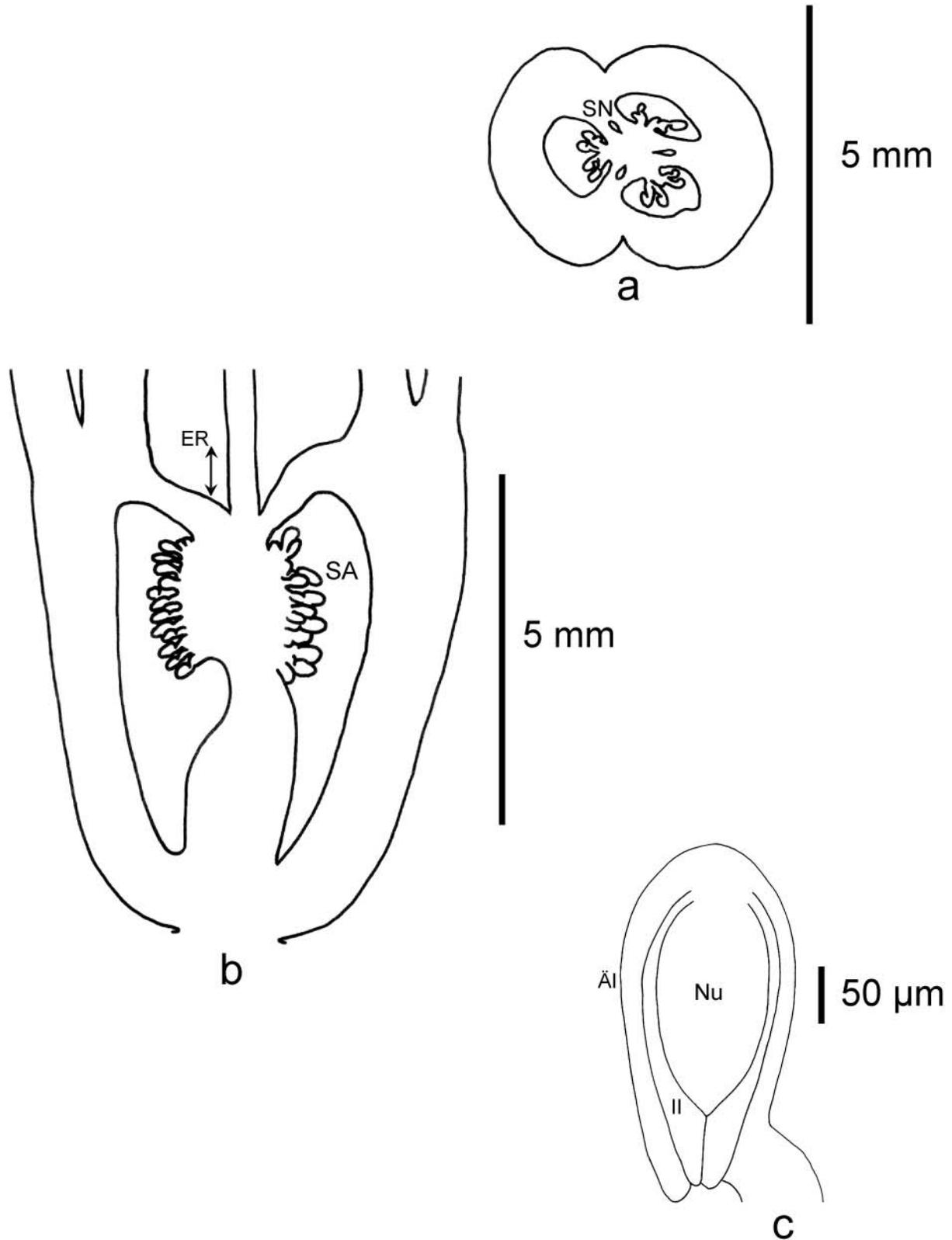


Abb. 71: *Aechmea paniculata*. a) Querschnitt (Präparat R83/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD83/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD83/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea pimenti-velosoi* REITZ**

Anais Bot. Herb. "Barbosa Rodrigues" 4: 26, Taf. 8. 1952.

Untergattung: *Ortgiesia*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Santa Catarina.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 90-11444-0.

Sammelnummer: RD101.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,2. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (233-

245 (-256) μm . **Samenanlagen, Breite:** (322-) 354 (-368) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (0,7-) 0,8 (-0,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: 0 μm . **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral.

Samenanlagen, Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (34-) 37 (-39) μm . **Funikulus,**

Breite: 46 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,7-) 0,8 (-0,8). **Mikropyle, Länge:** (28-) 36

(-45) μm . **Mikropyle, Breite:** (39-) 38 (-45) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,7-) 0,9 (-1,0).

Äußeres Integument, Dicke: 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres**

Integument, Dicke: 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (159-)

165 (-171) μm . **Nucellus, Breite:** (97-) 109 (-125) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5

(-1,6). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2. **Plazentazellen, Länge:** 23 μm .

Plazentazellen, Breite: 11,4 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 2.

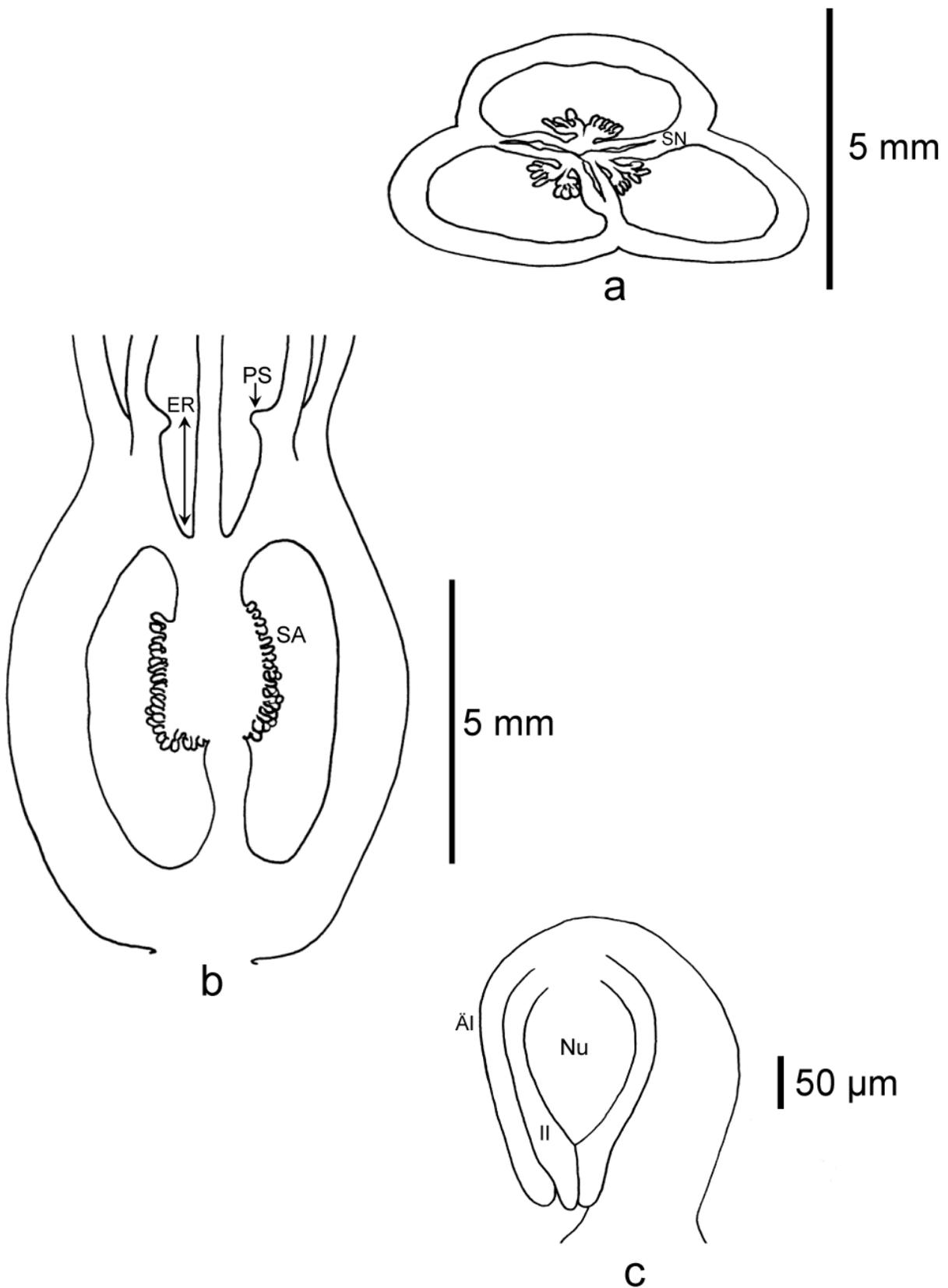


Abb. 72: *Aechmea pimentovelosoi*. a) Querschnitt (Präparat R101/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD101/B). ER = epigyne Röhre, PS = Petalenanhängsel, SA = Samenanlangen, c) Samenanlage (Präparat RD101/B) AI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea purpureo-rosea* (HOOK.) WAWRA**

Oesterr. Bot. Z. 30: 148. 1880.

Basionym: *Billbergia purpureo-rosea* HOOK.

Bot. Mag. 61: Taf. 3304. 1834.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Brasilien, Estados Minas Gerais und Rio de Janeiro.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104040.

Sammelnummer: RD61.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rechteckig. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 4,3 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (92-) 118 (-215) µm.

Samenanlagen, Breite: (165-) 171 (-175) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,2-) 1,9

(-2,4). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (170-)

173 (-175) µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (50-) 52 (-55) µm. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: (3,1-) 3,3 (-3,5). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal.

Samenanlagen, Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (34-) 45 (-49) µm. **Funikulus,**

Breite: (40-) 41 (-42) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 1,1 (-2,2). **Mikropyle, Länge:**

(54-) 66 (-87) µm. **Mikropyle, Breite:** (35-) 36 (-38) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,4-)

1,8 (-2,5). **Äußeres Integument, Dicke:** (15-) 15 (-16) µm. **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** (10-) 10 (-11) µm. **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (203-) 205 (-208) µm. **Nucellus, Breite:** (134-) 138

(-143) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5 (-1,5). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (11-) 18 (-22) µm. **Plazentazellen, Breite:** (6-) 7

(-8) µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,8-) 2,5 (-3,7).

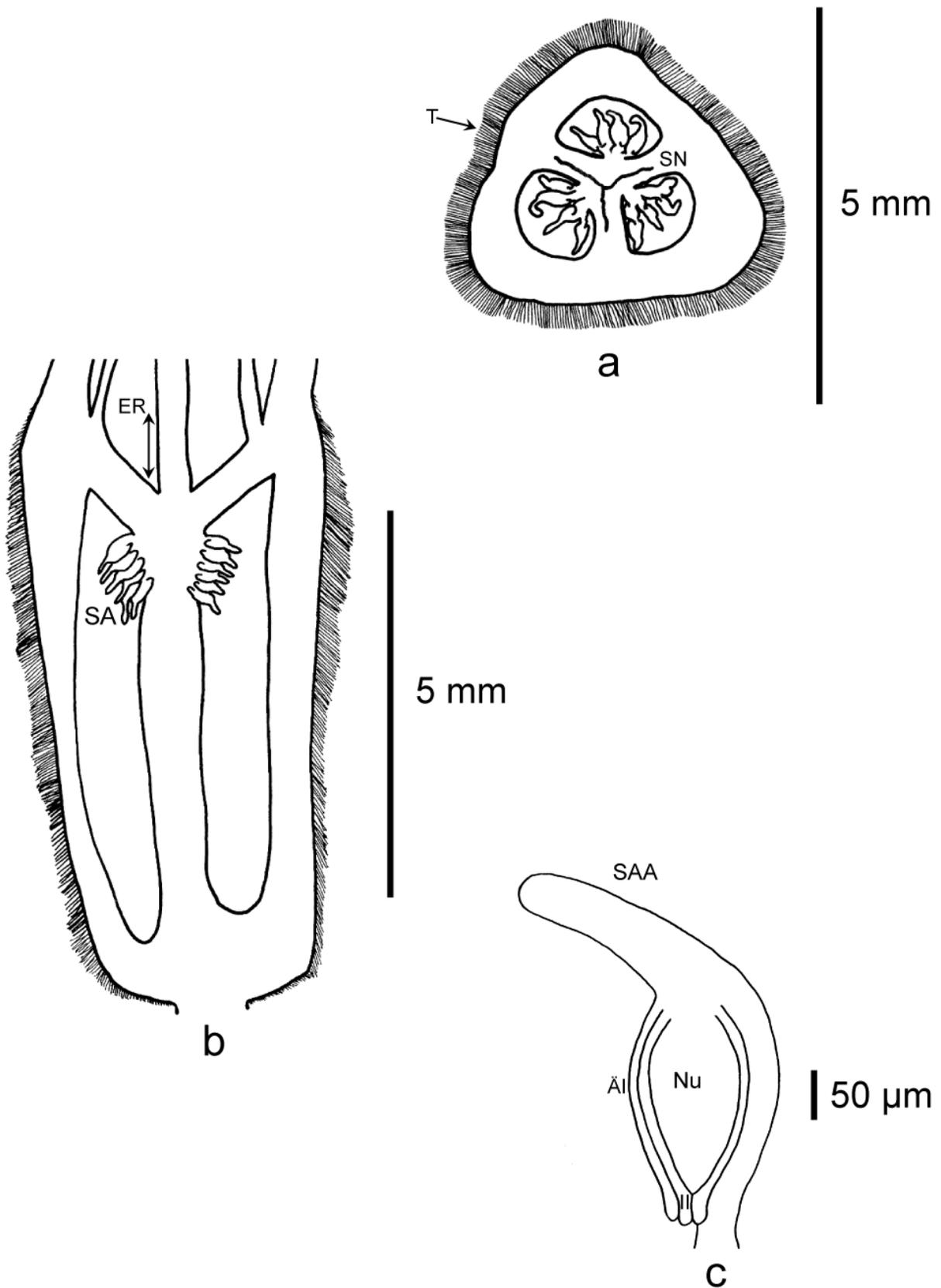


Abb. 73: *Aechmea purpureo-rosea*. a) Querschnitt (Präparat R61/A). T= Trichome, SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD61/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD61/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea racinae* L. B. SM.**

Arq. Bot. Estado São Paulo. n.s. 1, fasc. 3: 56, Abb. 71. 1941.

Untergattung: *Lamprococcus*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Espiritu Santo.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 98169343.

Sammelnummer: RD57.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,3. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite $\leq 10:1$. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** warzig. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach.

Fruchtknoten, Warzen: vorhanden. **Septalnektarien, Höhe:** 5,5 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (161-) 202 (-218) μm .

Samenanlagen, Breite: (115-) 133 (-138) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,7-) 3,0

(-3,0). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 115 μm .

Samenanlagen, Anhängselbreite: (46-) 55 (-57) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-**

breite: (2,0-) 2,1 (-2,5). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen,**

Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (57-) 62 (-69) μm . **Funikulus, Breite:** 46 μm .

Funikulus, Länge/Breite: (1,2-) 1,3 (-1,5). **Mikropyle, Länge:** (57-) 64 (-69) μm .

Mikropyle, Breite: 34 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8 (-2,0). **Äußeres**

Integument, Dicke: 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (182-) 190

(-199) μm . **Nucellus, Breite:** (108-) 120 (-131) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6

(-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 3. **Plazentazellen, Länge:** 57 μm .

Plazentazellen, Breite: (6-) 6 (-8) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (6,7-) 9,0 (-10,0).

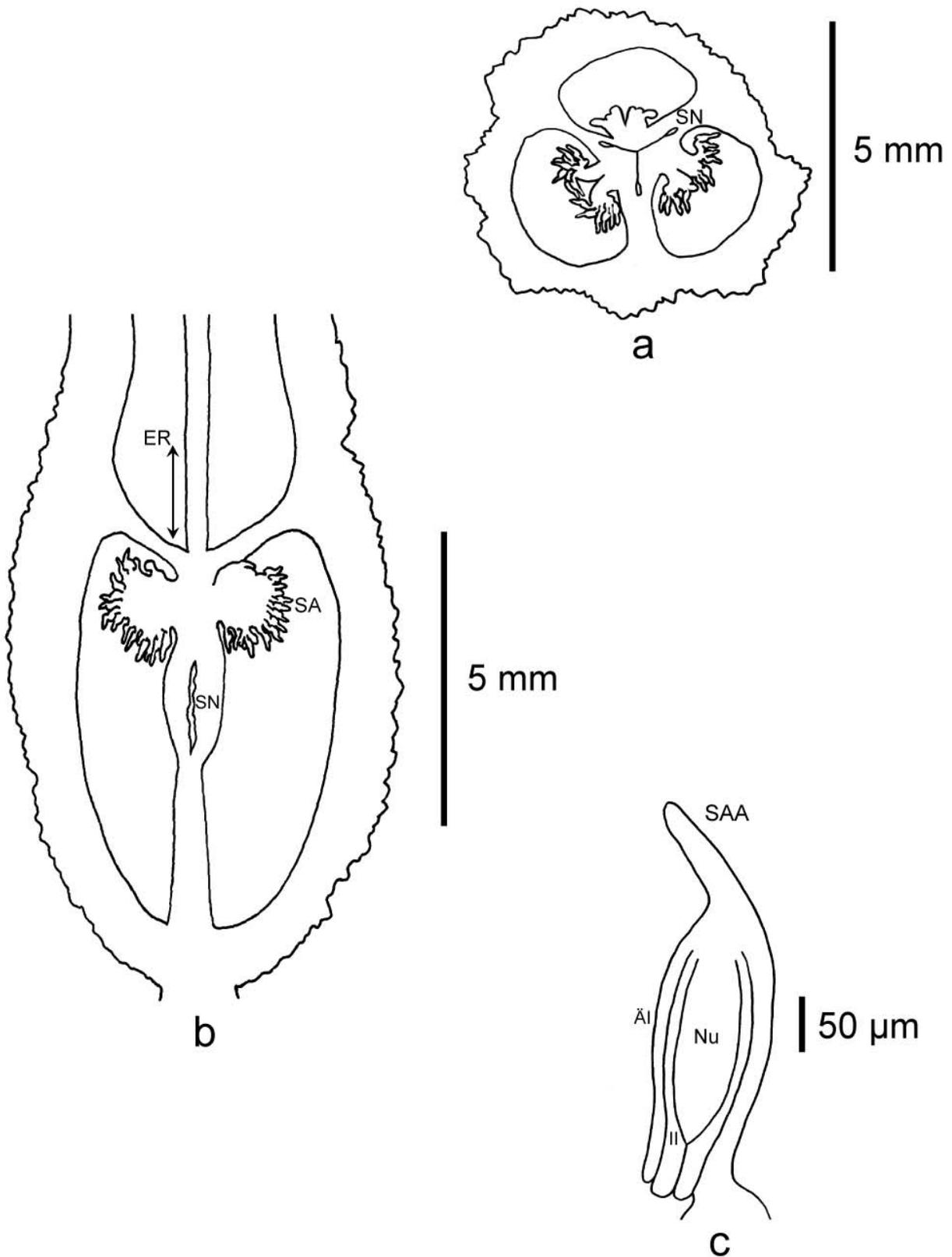


Abb. 74: *Aechmea racinae*. a) Querschnitt (Präparat R75/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD75/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD75/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea rubens* (L. B. SM.) L. B. SM.**

Phytologia 19: 282. 1970.

Basionym: *Gravisia rubens* L. B. SM.

Phytologia 8(5): 218. 1962.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Brasilien, Estados São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 98-16939-2.

Sammelnummer: RD3.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,2 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 9,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,2. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 4,9 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (208-)

240 (-278) μm . **Samenanlagen, Breite:** (253-) 264 (-276) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (1,3-) 1,5 (-1,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (109-) 119 (-124) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (52-) 52

(-52) μm . **Samenanlagen- Anhängsel, Länge/Breite:** 2,3. **Samenanlagen, Lage im**

Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** 34

μm . **Funikulus, Breite:** (92-) 99 (-103) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,3-) 0,3 (-0,4).

Mikropyle, Länge: (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 51 (-57) μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,0-) 1,2 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (211-) 219 (-228) μm . **Nucellus, Breite:** (97-) 99 (-103) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (2,0-) 2,2 (-2,3). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.

Plazentazellen, Länge: 34 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: 3.

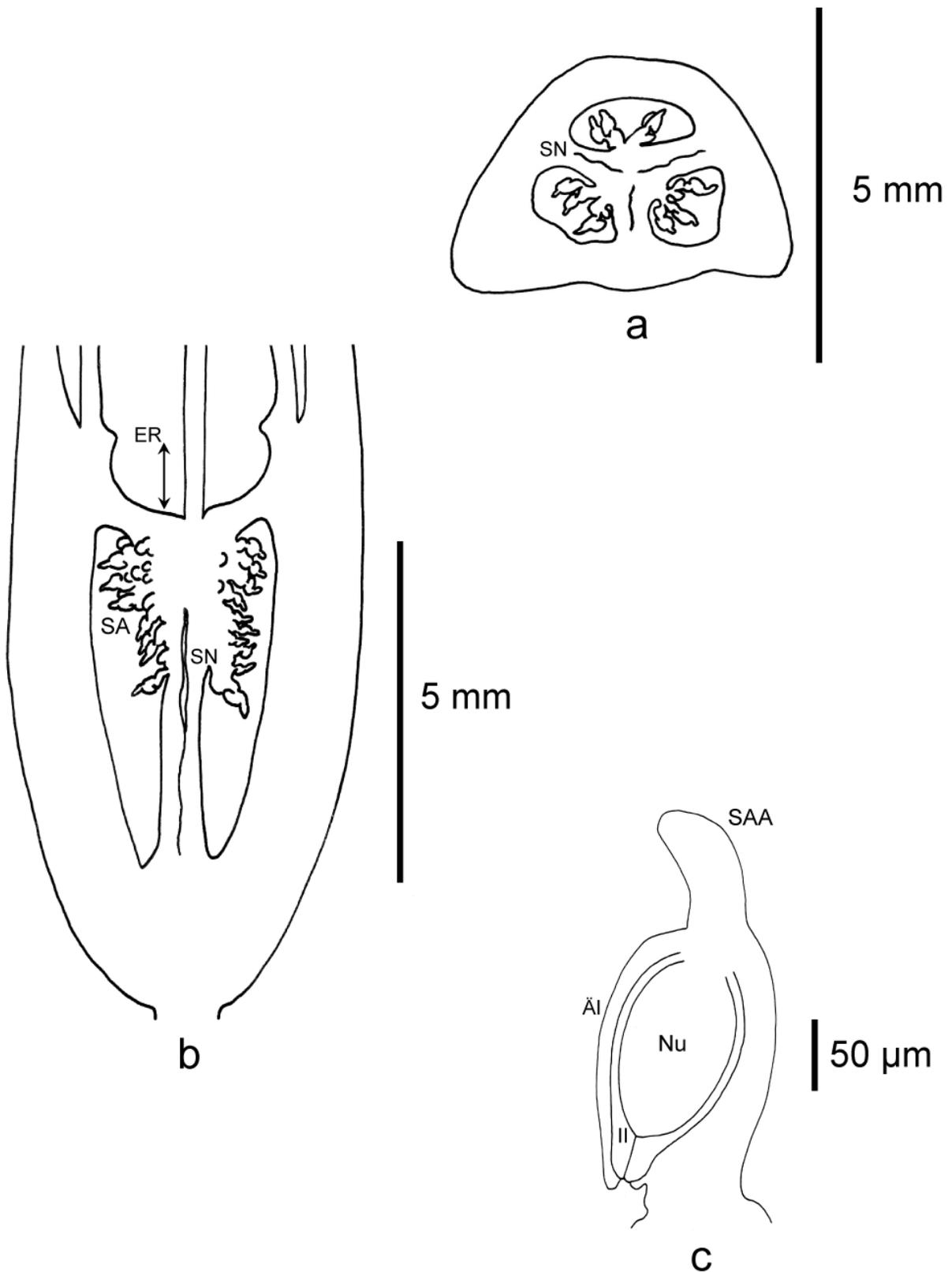


Abb. 75: *Aechmea rubens*. a) Querschnitt (Präparat R3/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD3/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD3/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea servitensis* var. *exigua* L. B. SM.**

Phytologia 4: 358. 1953.

Untergattung: *Aechmea*.

Verbreitung: Kolumbien, Estado Nariño.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD4.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 4,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (178-

189 (-198) μm . **Samenanlagen, Breite:** (198-) 200 (-203) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: 1,7. **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (124-) 134 (-143) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (44-) 46

(-49) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (2,7-) 2,8 (-3,1). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (25-) 26

(-30) μm . **Funikulus, Breite:** 49 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 0,5. **Mikropyle, Länge:**

(34-) 38 (-40) μm . **Mikropyle, Breite:** 5 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (7-) 8 (-8). **Äußeres**

Integument, Dicke: 10 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 5 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (223-) 229

(-237) μm . **Nucellus, Breite:** (123-) 131 (-138) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,6-) 1,7 (-1,9).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (24-) 28 (-30) μm .

Plazentazellen, Breite: (15-) 16 (-17) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,4-) 1,7 (-2,0).

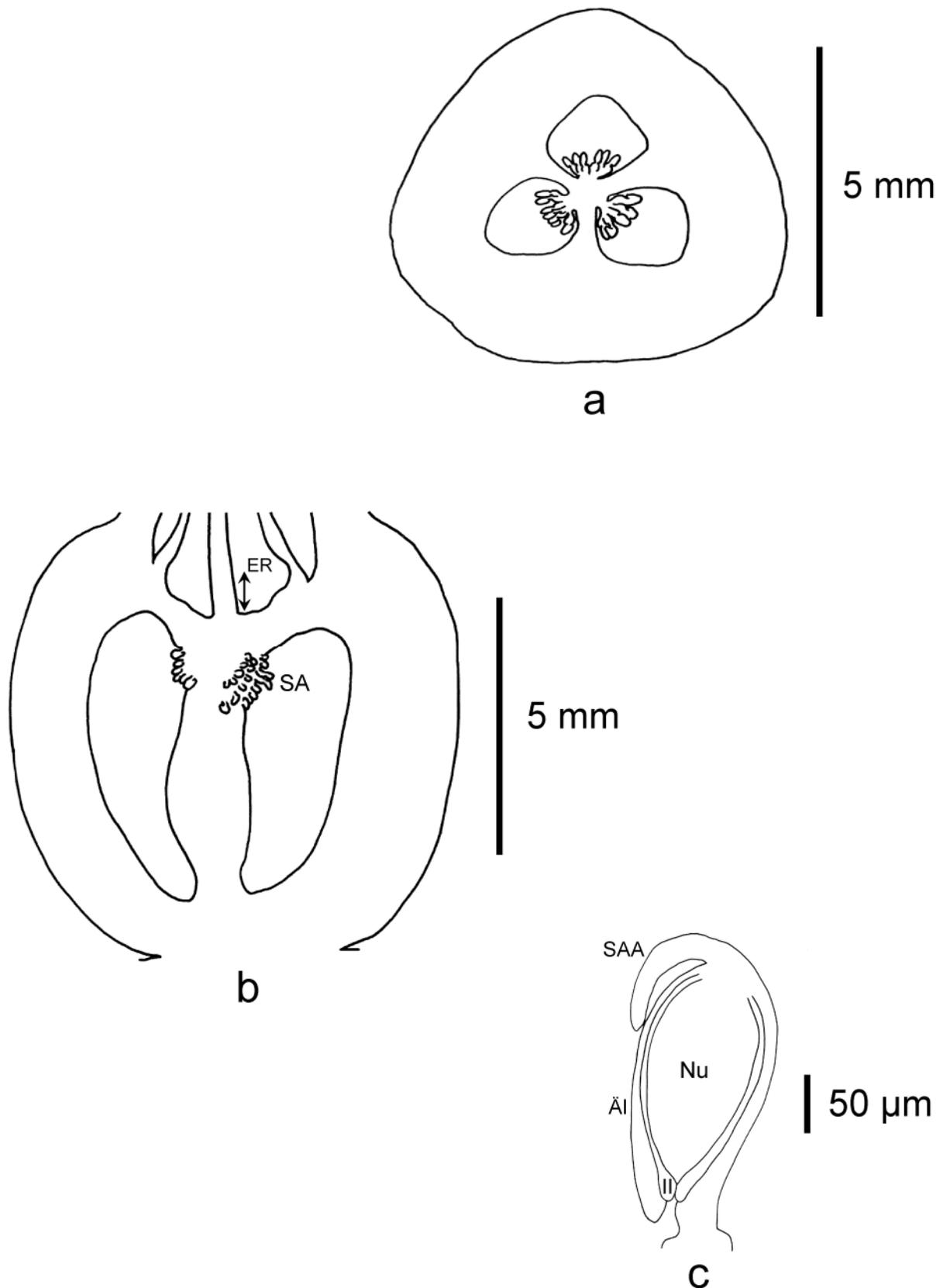


Abb. 76: *Aechmea servitensis* var. *exigua*. a) Querschnitt (Präparat RD4/A). b) Längsschnitt (Präparat RD4/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD4/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea smithiorum* MEZ**

Monogr. Phan. 9: 246. 1896.

Untergattung: *Platyaechmea*.

Verbreitung: Kleine Antillen (St. Vincent).

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD44.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 2,8 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 1,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (195-)

209 (-218) μm . **Samenanlagen, Breite:** (149-) 156 (-161) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (2,1-) 2,3 (-2,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (80-) 87 (-103) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (34-) 37 (-46) μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: (2,0-) 2,4 (-3,0). **Samenanlagen, Lage im**

Fruchtfach: entlang des ganzen Fruchtfaches. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: (57-) 62 (-69) μm . **Funikulus, Breite:** (57-) 64 (-69) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,8-) 1,0 (-1,2). **Mikropyle, Länge:** (57-) 64 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:**

(46-) 51 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,2-) 1,3 (-1,5). **Äußeres Integument, Dicke:**

(11-) 15 (-17) μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** (8-)

10 (-11) μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (148-) 154 (-160) μm .

Nucellus, Breite: (80-) 82 (-85) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8 (-2,0). **Zahl der**

Furchen auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (51-) 56 (-62) μm .

Plazentazellen, Breite: (6-) 7 (-8) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (7,0-) 8,2 (-11,0).

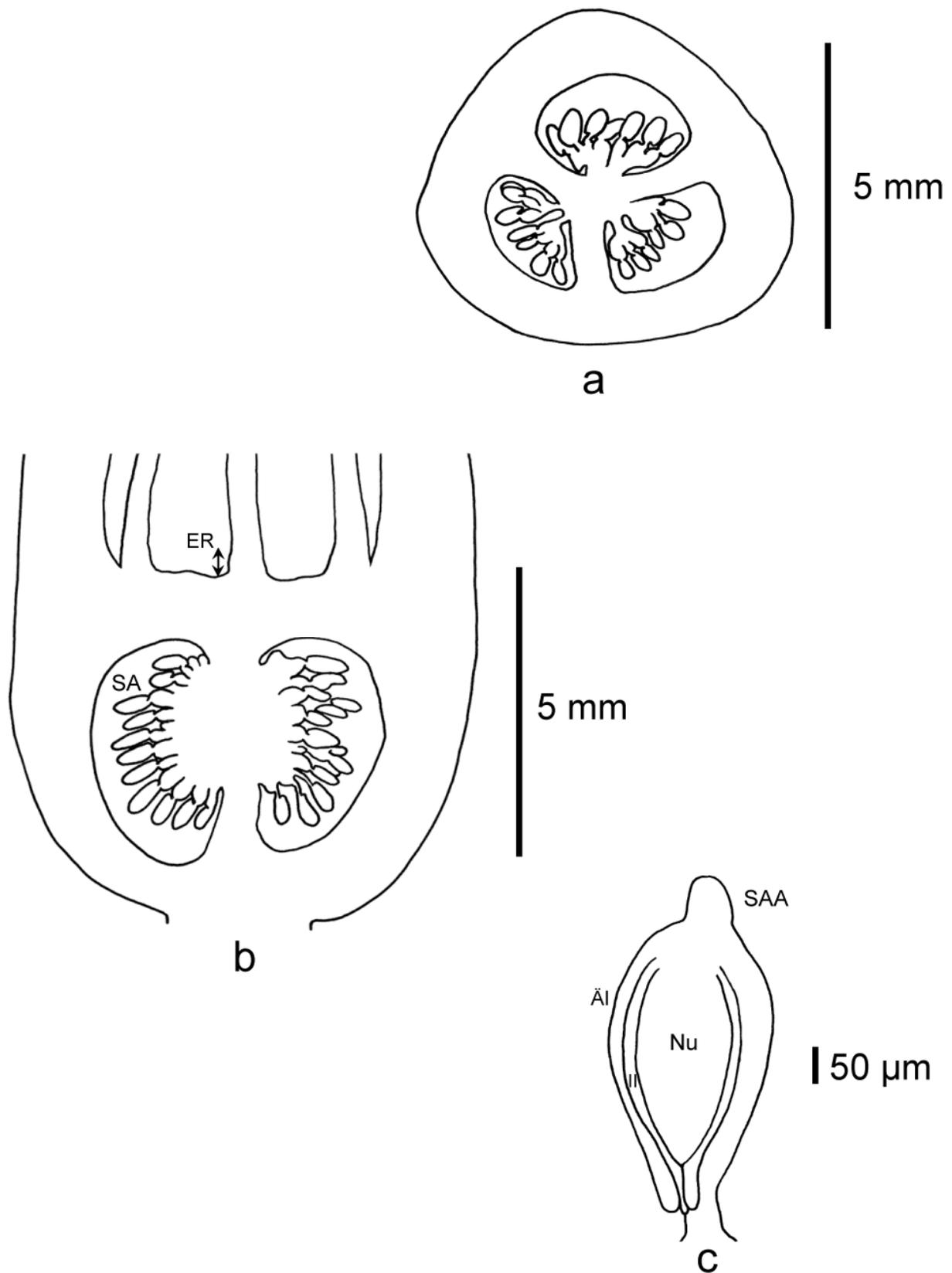


Abb. 77: *Aechmea smithiorum*. a) Querschnitt (Präparat RD44/A). b) Längsschnitt (Präparat RD44/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD44/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea* sp.** (sp. nov.?)

Verbreitung: Brasilien Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130236 (R: 66907).

Sammelnummer: RD96.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 7,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** eiförmig. **Fruchtknoten, Form**

im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnen: fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend. **Fruchtknoten,**

Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 4-9.

Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne**

Anhängsel und Funikulus: (356-) 382 (-402) μm . **Samenanlagen, Breite:** (264-) 278

(-287) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** 1,6. **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend.

Samenanlagen, Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal.

Samenanlagen, Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (57-) 64 (-69) μm . **Funikulus,**

Breite: (60-) 76 (-80) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 0,8 (-0,9). **Mikropyle, Länge:**

(46-) 51 (-57) μm . **Mikropyle, Breite:** 57 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,8-) 0,9 (-1,0).

Äußeres Integument, Dicke: 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres**

Integument, Dicke: 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (160-)

167 (-171) μm . **Nucellus, Breite:** (103-) 106 (-108) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6

(-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 0. **Plazentazellen, Länge:** (46-) 53

(-57) μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (8-) 9 (-10).

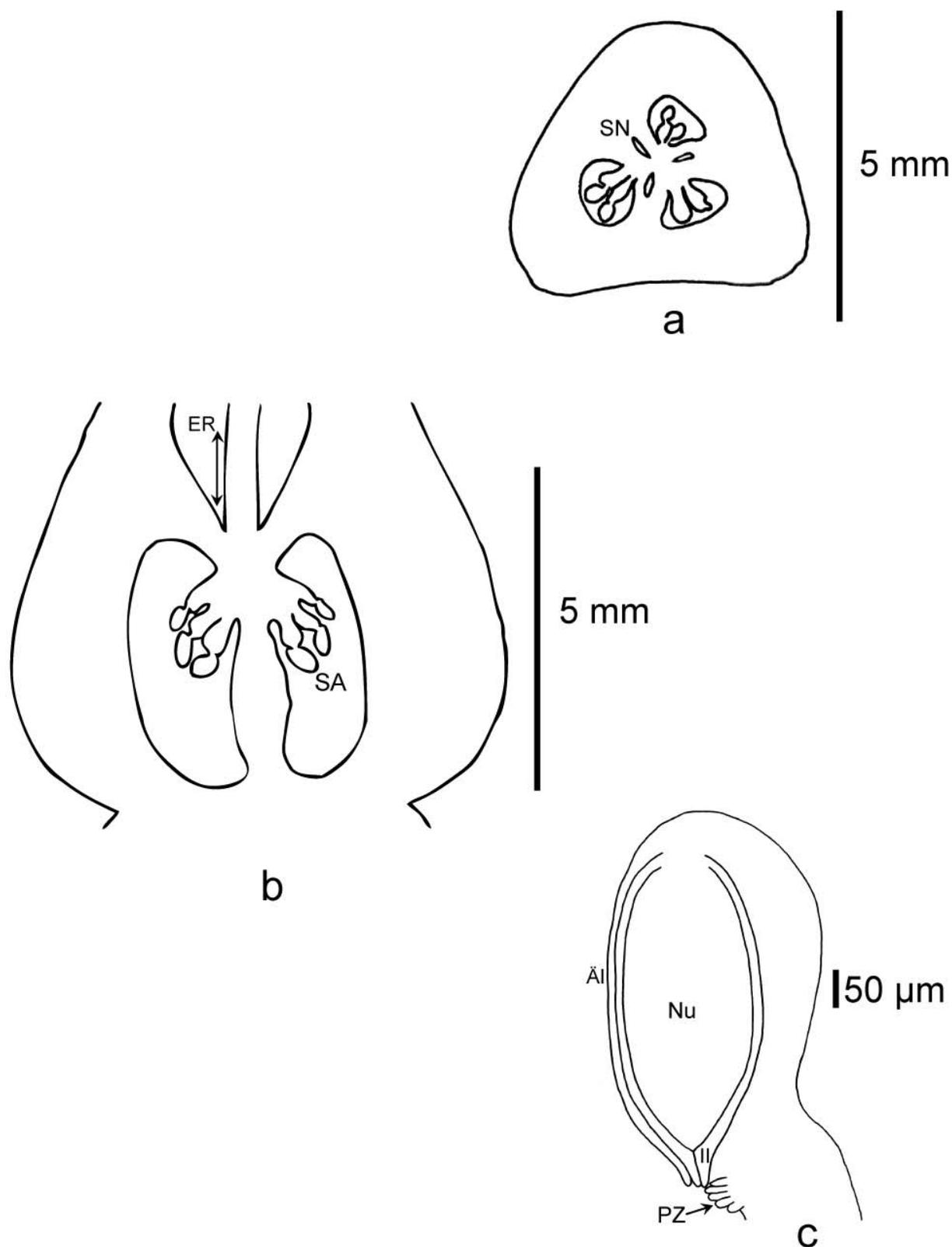


Abb. 78: *Aechmea* sp. a) Querschnitt (Präparat RD96/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD96/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD96/B) AI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus, PZ: Plazentazellen.

***Aechmea tillandsioides* var. *kienastii* (E. MORR. ex MEZ) L. B. SM.**

Caldasia 1(5): 5. 1942.

Basionym: *Billbergia tillandsioides* MART. ex SCHULT. & SCHULT. f.

Syst. Veg. 7: 1269. 1830.

Untergattung: *Platyaechmea*.

Verbreitung: Mexiko bis in das brasilianische Amazonien.

Lebenssammlung: B.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: B277-01-86-33.

Sammelnummer: RD86.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,8 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,25. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 4,8 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (158-) 179 (-188) µm.

Samenanlagen, Breite: (129-) 143 (-153) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,7-) 1,9

(-2,1). **Samenanlagen, Anhängselform:** circinat. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (59-) 73

(-79) µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (20-) 24 (-25) µm. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: (2,8-) 3,0 (-3,2). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal.

Samenanlagen, Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (20-) 25 (-30) µm.

Funikulus, Breite: 20 µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (1,0-) 1,2 (-1,5). **Mikropyle, Länge:**

(44-) 47 (-49) µm. **Mikropyle, Breite:** (15-) 18 (-20) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (2,5-)

2,6 (-3,0). **Äußeres Integument, Dicke:** (10-) 11 (-15) µm. **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** (5-) 6 (-10) µm. **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (134-) 136 (-139) µm. **Nucellus, Breite:** (69-) 71

(-74) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,8-) 1,9 (-1,9). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 0. **Plazentazellen, Länge:** (25-) 26 (-30) µm. **Plazentazellen, Breite:** 5 µm.

Plazentazellen, Länge/Breite: (5,0-) 5,4 (-6,0).

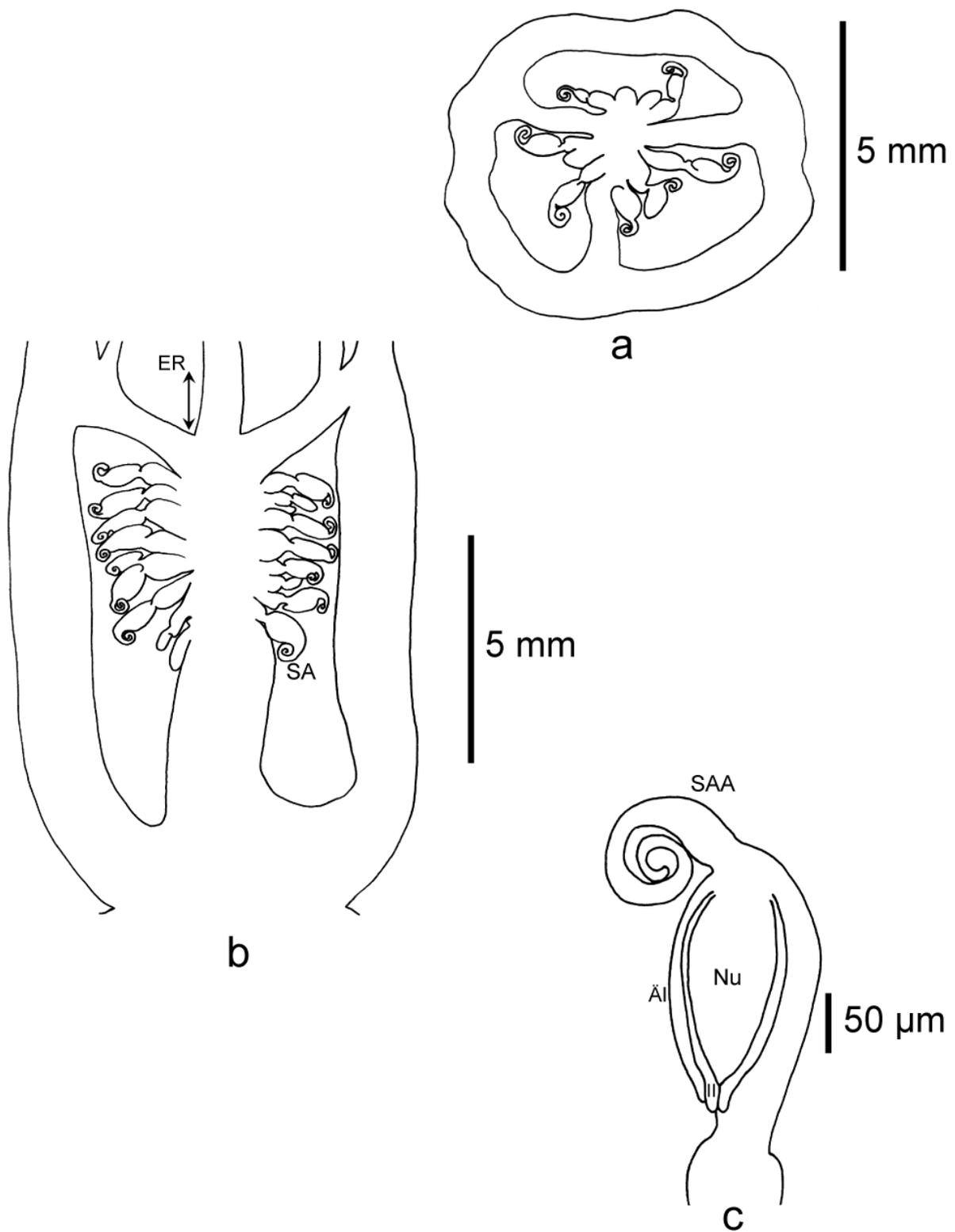


Abb. 79: *Aechmea tillandsioides* var. *kienastii*. a) Querschnitt (Präparat RD86/A). b) Längsschnitt (Präparat RD86/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD86/B). SAA = Samenanlagenanhängsel. ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea tillandsioides* (MART. ex SCHULT. & SCHULT. f.) BAKER
var. *tillandsioides***

J. Bot. 17: 134. 1879.

Basionym: *Billbergia tillandsioides* MART. ex SCHULT. & SCHULT. f.

Syst. Veg. 7: 1269. 1830.

Untergattung: *Platyaechmea*.

Verbreitung: Mexiko, Venezuela, Kolumbien, Brasilien, Guyana.

Lebenssammlung: B.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD85.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,6. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 5,2 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (195-) 218 (-241) µm.

Samenanlagen, Breite: (172-) 189 (-195) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,7-) 1,9

(-2,1). **Samenanlagen, Anhängselform:** circinat. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (391-)

414 (-437) µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 115 µm. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: (3,4-) 3,6 (-3,8). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal.

Samenanlagen, Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (57-) 80 (-103) µm.

Funikulus, Breite: (57-) 66 (-80) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 1,2 (-1,6).

Mikropyle, Länge: (68-) 72 (-80) µm. **Mikropyle, Breite:** 57 µm. **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,2-) 1,3 (-1,4). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 µm. **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 µm. **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (160-) 170 (-177) µm. **Nucellus, Breite:** (103-) 109 (-114) µm.

Nucellus, Länge/Breite: (1,5-) 1,5 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 0.

Plazentazellen, Länge: (11-) 15 (-17) µm. **Plazentazellen, Breite:** (3-) 5 (-7) µm.

Plazentazellen, Länge/Breite: (3,0-) 3,4 (-4,0).

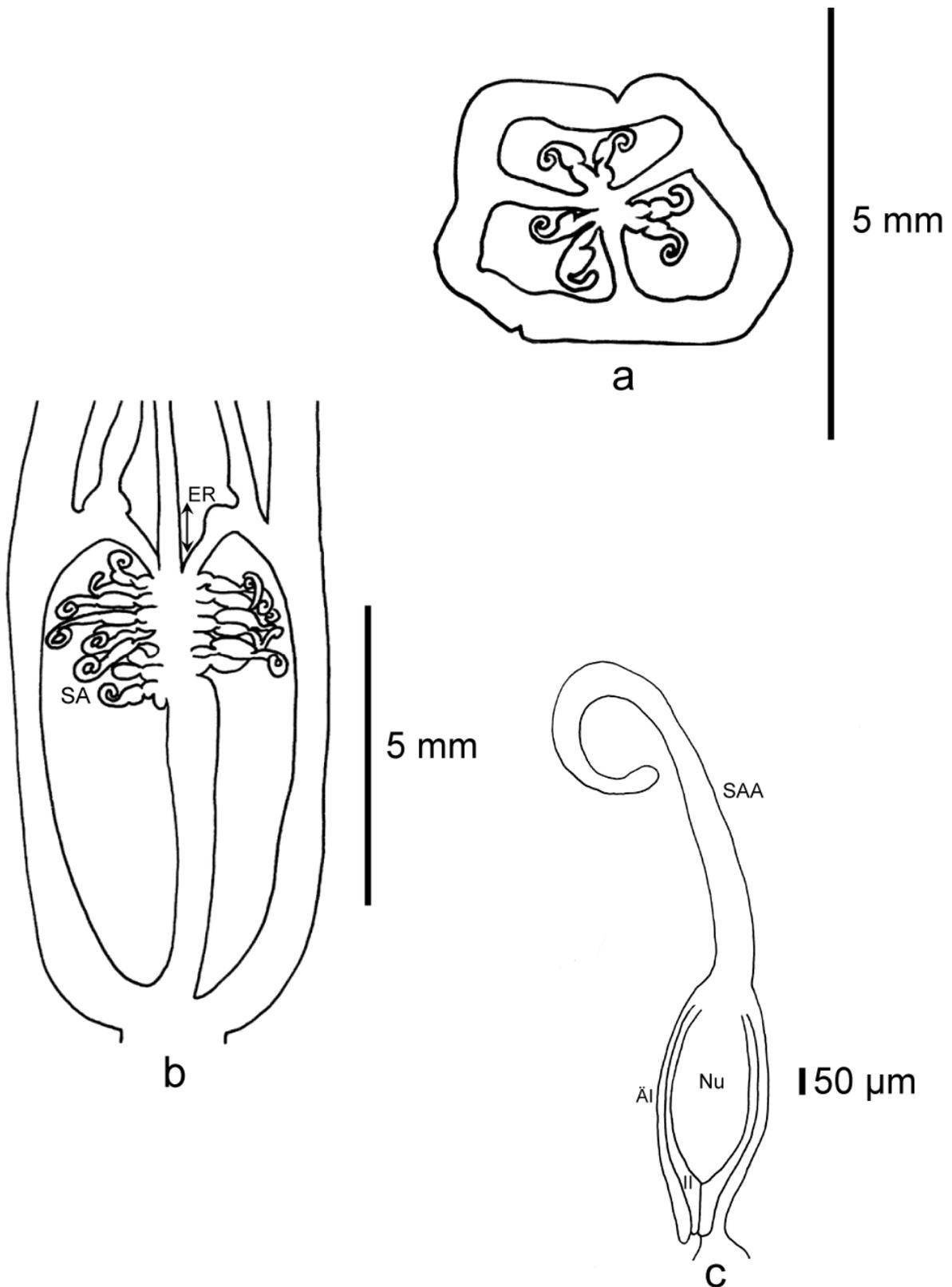


Abb. 80: *Aechmea tillandsioides* var. *tillandsioides*. a) Querschnitt (Präparat RD85/A). b) Längsschnitt (Präparat RD85/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD85/B). SAA = Samenanlagenanhängsel. ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea triangularis* L. B. SM.**

Smithsonian Misc. Collect. 126(1): 19, Abb. 106. 1955.

Untergattung: *Macrochordion*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Espirito Santo.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103632.

Sammelnummer: RD59.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 3,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 0,75. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Form**

im Querschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnen: fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend. **Fruchtknoten,**

Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15.

Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne**

Anhängsel und Funikulus: (345-) 370 (-391) μm . **Samenanlagen, Breite:** (264-) 276

(-287) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,6-) 1,7 (-1,7). **Samenanlagen,**

Anhängselform: gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (1552-) 1596 (-1667) μm .

Samenanlagen, Anhängselbreite: (92-) 98 (-103) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-**

breite: (15-) 16 (-18). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen,**

Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (92-) 103 (-115) μm . **Funikulus, Breite:** (92-)

108 (-126) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,9-) 0,9 (-1,0). **Mikropyle, Länge:** (57-) 64

(-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (69-) 76 (-80) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,8-) 0,8 (-0,9).

Äußeres Integument, Dicke: 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres**

Integument, Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (285-)

292 (-286) μm . **Nucellus, Breite:** (199-) 206 (-210) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4

(-1,4). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** (34-) 37

(-40) μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (3,0-) 3,3 (-3,5).

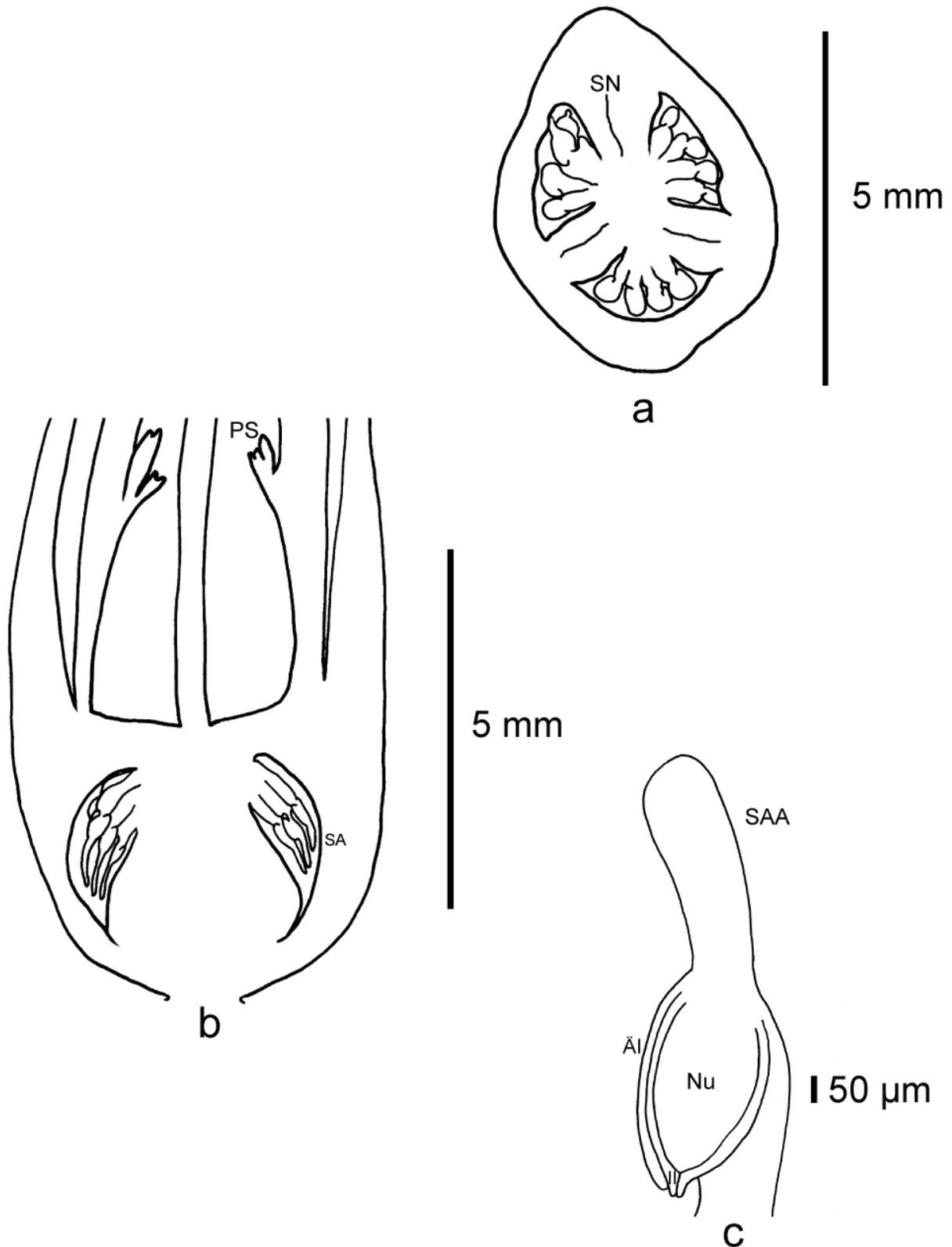


Abb. 81: *Aechmea triangularis*. a) Querschnitt (Präparat RD59/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD59/B) PS: Petalenanhägsel, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD59/B). SAA = Samenanlagenanhägsel. AI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea warasii* E. PEREIRA**

Bradea 1(18): 160. 1972.

Untergattung: *Lamprococcus*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Espirito Santo

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130381 (R: 64627).

Sammelnummer: RD94.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 7,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: warzig. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** vorhanden. **Septalnektarien,**

Höhe: 3,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (287-

306 (-333) μm . **Samenanlagen, Breite:** (207-) 228 (-253) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (2,7-) 3,1 (-3,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (345-) 361 (-368) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (57-) 60

(-69) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (5,0-) 6,1 (-6,4). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 55

(-57) μm . **Funikulus, Breite:** (34-) 37 (-40) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,5 (-1,7).

Mikropyle, Länge: (57-) 62 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** 46 μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,2-) 1,3 (-1,5). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 6. **Inneres Integument, Dicke:** 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2.

Nucellus, Länge: (205-) 214 (-228) μm . **Nucellus, Breite:** (120-) 128 (-137) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,6-) 1,6 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 3.

Plazentazellen, Länge: 57 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: 5.

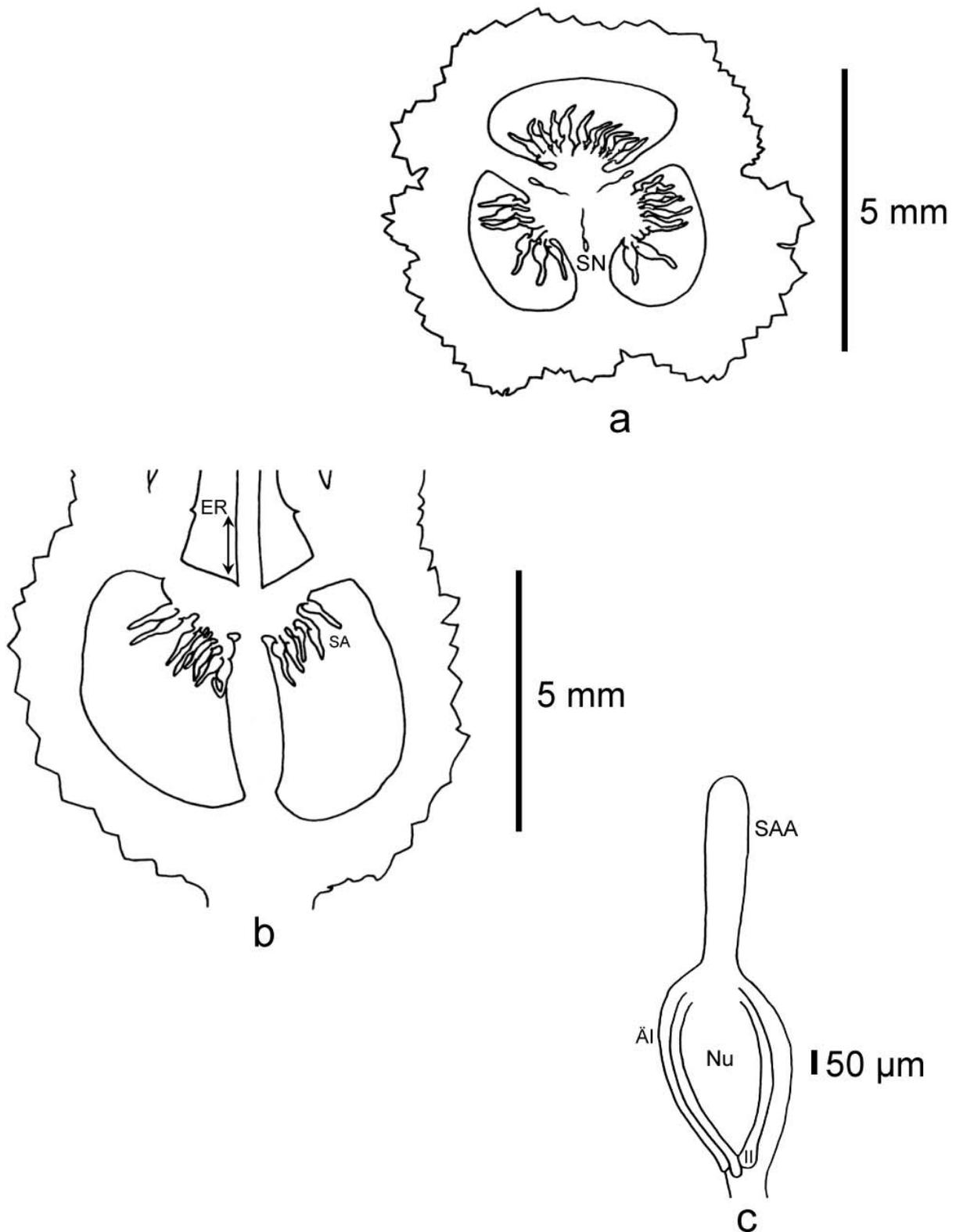


Abb. 82: *Aechmea warasii*. a) Querschnitt (Präparat RD94/A). SN = Septalnectarien. b) Längsschnitt (Präparat RD94/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD94/B). SAA = Samenanlagenanhängsel. ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea weilbachii* F. DIDR.**

Ann. Sci. Nat. Bot., ser. 4, 2: 375. 1854.

Untergattung: *Lamprococcus*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Rio de Janeiro.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 2-1467-8780.

Sammelnummer: RD45.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 6,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** radiär. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 1,8 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (218-

260 (-299) μm . **Samenanlagen, Breite:** (115-) 124 (-138) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (3,6-) 3,9 (-4,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (138-) 170 (-184) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (46-) 55

(-57) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (2,8-) 3,1 (-3,2). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (46-)

57 (-69) μm . **Funikulus, Breite:** 46 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,0-) 1,2 (-1,5).

Mikropyle, Länge: (103-) 110 (-115) μm . **Mikropyle, Breite:** (34-) 41 (-46) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: (2,5-) 2,6 (-3,0). **Äußeres Integument, Dicke:** (11-) 12 (-17) μm .

Äußeres Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** (6-) 7 (-11) μm .

Inneres Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (154-) 156 (160-) μm . **Nucellus,**

Breite: (80-) 82 (-85) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,8-) 1,9 (-1,9). **Zahl der Furchen auf**

jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 31 (-34) μm . **Plazentazellen, Breite:**

6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (5,0-) 5,4 (-6,0).

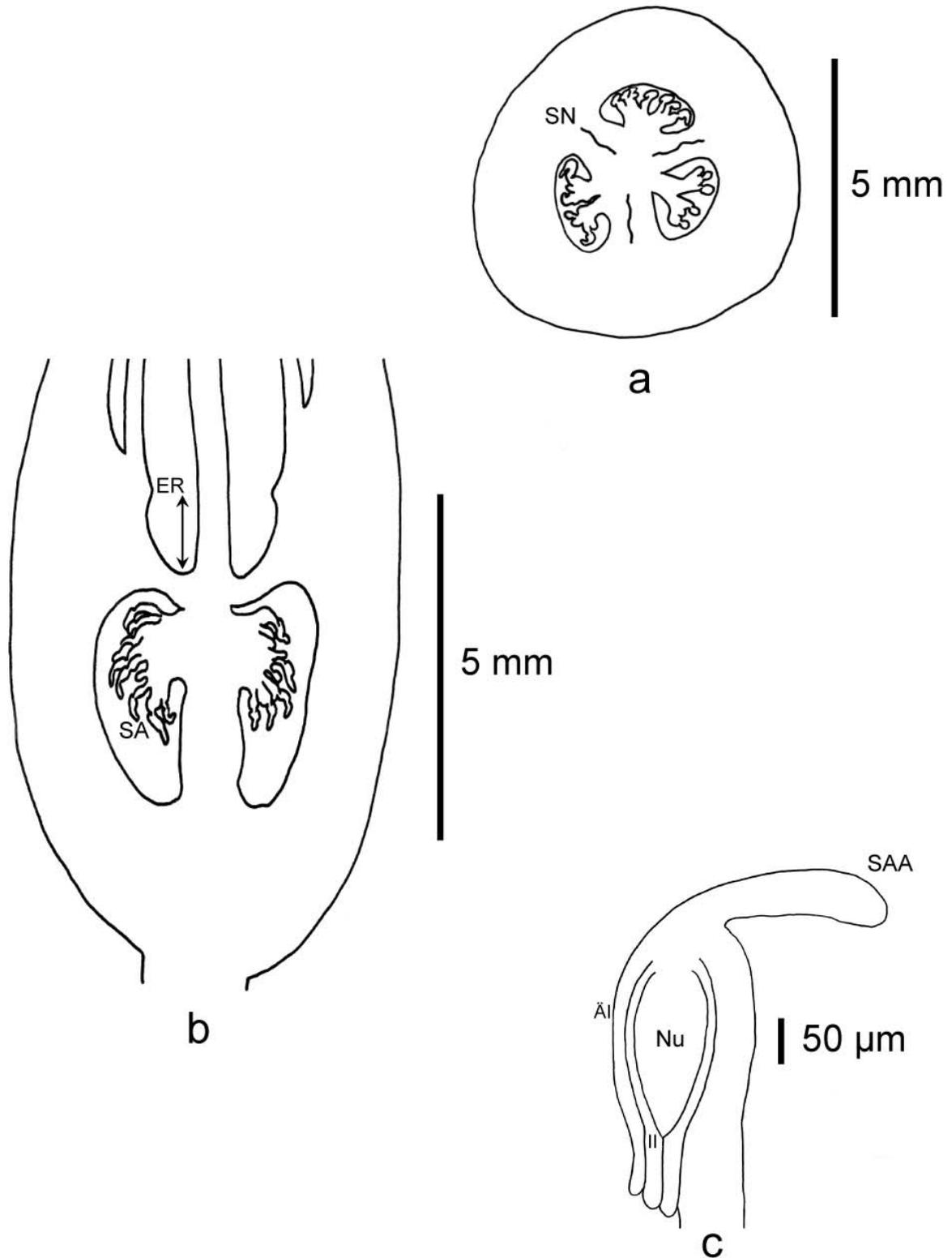


Abb. 83: *Aechmea weilbachii*. a) Querschnitt (Präparat RD45/A). SN = Septalnectarien. b) Längsschnitt (Präparat RD45/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen, SN = Septalnectarien. c) Samenanlage (Präparat RD45/B). SAA = Samenanlagenanhängsel. ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Aechmea winkleri* REITZ**

Sellowia 26: 63, Abb. 1, 1975.

Untergattung: *Ortgiesia*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Rio Grande do Sul.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103605 (R:72061).

Sammelnummer: RD16.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,33. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: rechteckig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: warzig. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** vorhanden. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (241-

267 (-322) μm . **Samenanlagen, Breite:** (184-) 198 (-207) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (1,6-) 1,7 (-1,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen,**

Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (57-) 74 (-80) μm . **Funikulus, Breite:** (69-) 97

(-115) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,7-) 0,8 (-0,8). **Mikropyle, Länge:** (46-) 51

(-57) μm . **Mikropyle, Breite:** 57 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,8-) 0,9 (-1,0). **Äußeres**

Integument, Dicke: 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (137-) 142

(-148) μm . **Nucellus, Breite:** (108-) 109 (-114) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,2-) 1,3 (-1,4).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** 17 μm .

Plazentazellen, Breite: 6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 3.

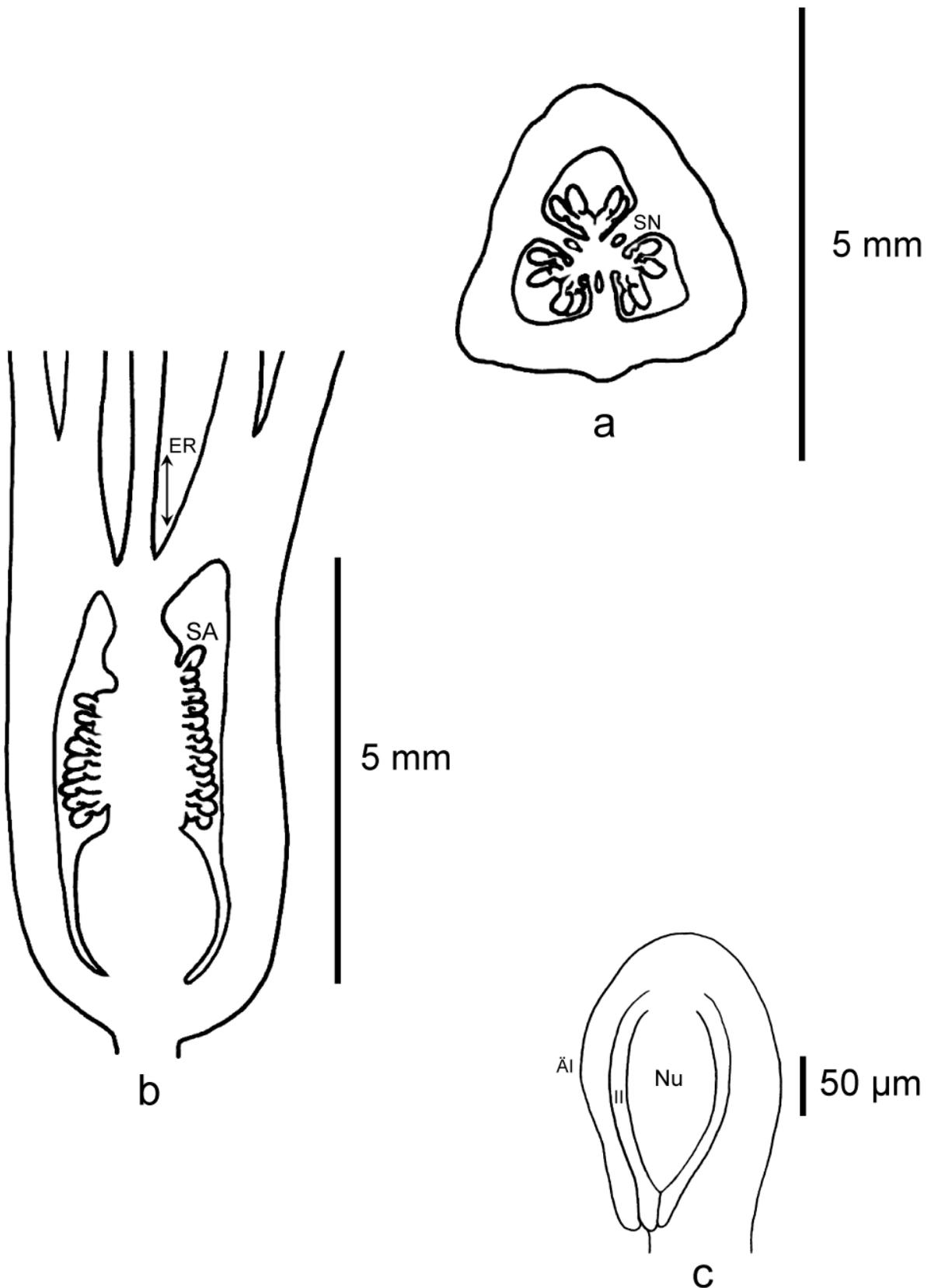


Abb. 84: *Aechmea winkleri*. a) Querschnitt (Präparat RD16/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD16/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD16/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

Ananas MILLER

Gard. Dict. Abr. 4. 1754.

Typus-Art: *Bromelia ananas* L.

Sp. Pl. 1: 285. 1753.

(Typus-Art nicht untersucht).

Ananas comosus (L.) MERR.

Interpr. Herb. Amboin. 133. 1917.

Basionym: *Bromelia comosa* L.

Herb. Amb. 21. 1754.

Verbreitung: Brasilien, Estados São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 36303.

Sammelnummer: RDW3.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** nicht bestimmbar.

Fruchtknoten, Breite: nicht bestimmbar. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** nicht bestimmbar.

Fruchtknoten, apikale Verlängerung: 0. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig.

Fruchtknoten, Form im Längsschnitt: fehlend. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:**

fehlend. **Fruchtknoten, Wände:** fehlend. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten,**

Rinnen: fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 4,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 4-9. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (471-) 517 (-540) μm . **Samenanlagen, Breite:** (345-) 368

(-391) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5 (-1,6). **Samenanlagen,**

Anhängselform: fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** (34-)

46 (-69) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 74 (-92) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,5-) 0,6

(-0,9). **Mikropyle, Länge:** (69-) 76 (-80) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 62 (-80) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: (1,0-) 1,2 (-1,8). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (302-) 311 (-319) μm . **Nucellus, Breite:** (182-) 194

(-205) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,6-) 1,6 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** 28 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: 2,5.

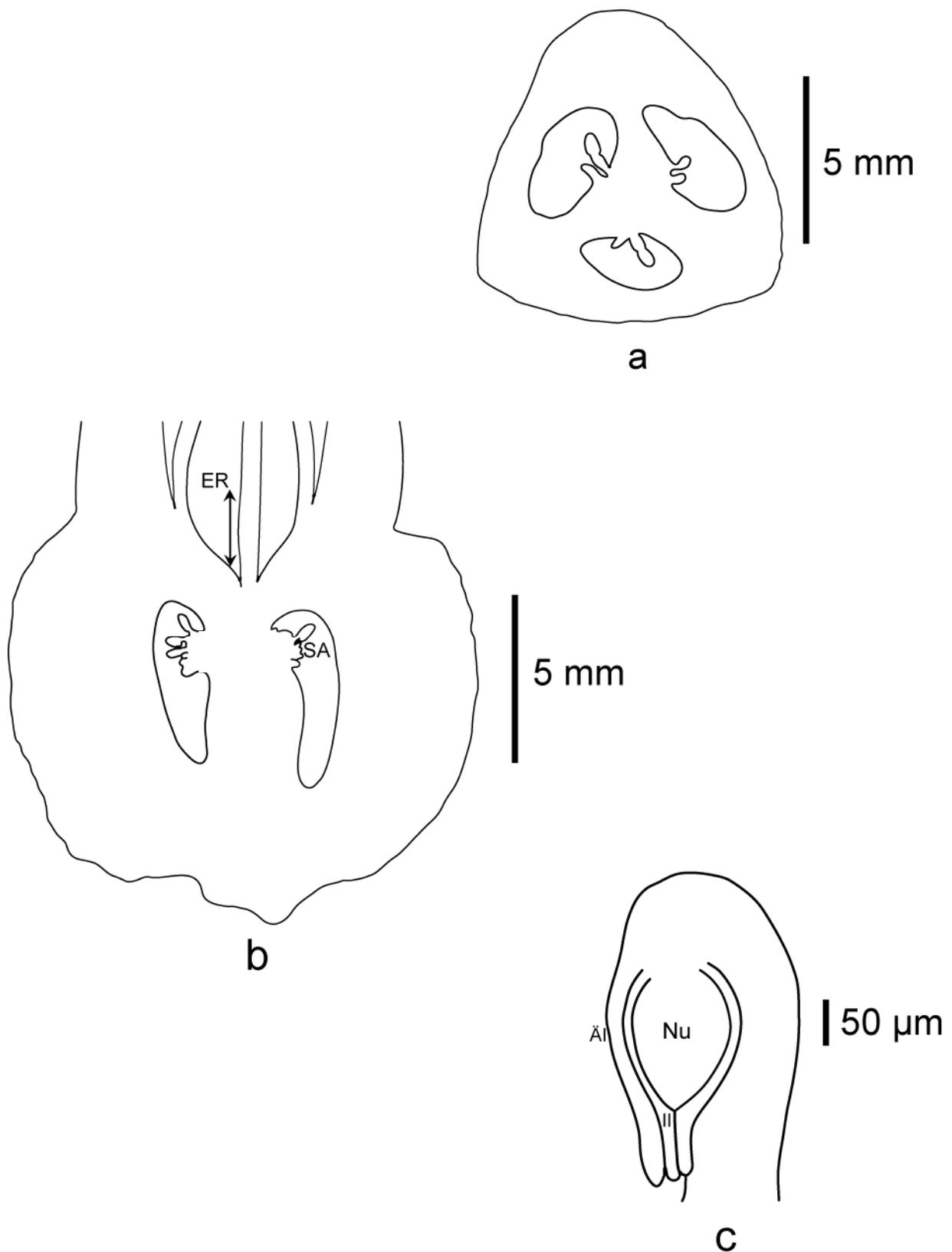


Abb. 85: *Ananas comosus*. a) Querschnitt (Präparat W3/A). b) Längsschnitt (Präparat W3/B). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat W3/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Ananas nanus* (L. B. SM.) L. B. SM.**

Bull. Bromeliad Soc. 12: 54. 1962.

Basionym: *Ananas ananassoides* var. *nanus* L. B. SM.

Bot. Mus. Leafl. 7: 79, Tab. 3. 1939.

Verbreitung: Venezuela, Ecuador, Bolivien.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD73.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** nicht bestimmbar.

Fruchtknoten, Breite: nicht bestimmbar. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** nicht bestimmbar.

Fruchtknoten, apikale Verlängerung: 0. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig.

Fruchtknoten, Form im Längsschnitt: fehlend. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:**

fehlend. **Fruchtknoten, Wände:** fehlend. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten,**

Rinnen: fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 2,1 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 4-9. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (391-) 416 (-437) μm . **Samenanlagen, Breite:** (264-) 290 (-333) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (1,5 -) 1,6 (-1,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend.

Samenanlagen, Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal.

Samenanlagen, Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 57 (-80) μm . **Funikulus,**

Breite: (103-) 115 (-138) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,4-) 0,5 (-0,6). **Mikropyle,**

Länge: (57-) 68 (-80) μm . **Mikropyle, Breite:** (34-) 44 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:**

(1,4-) 1,5 (-1,7). **Äußeres Integument, Dicke:** 23 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:**

2. **Inneres Integument, Dicke:** 17 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus,**

Länge: (256-) 264 (-274) μm . **Nucellus, Breite:** (165-) 172 (-177) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: 1,5. **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:**

57 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 5.

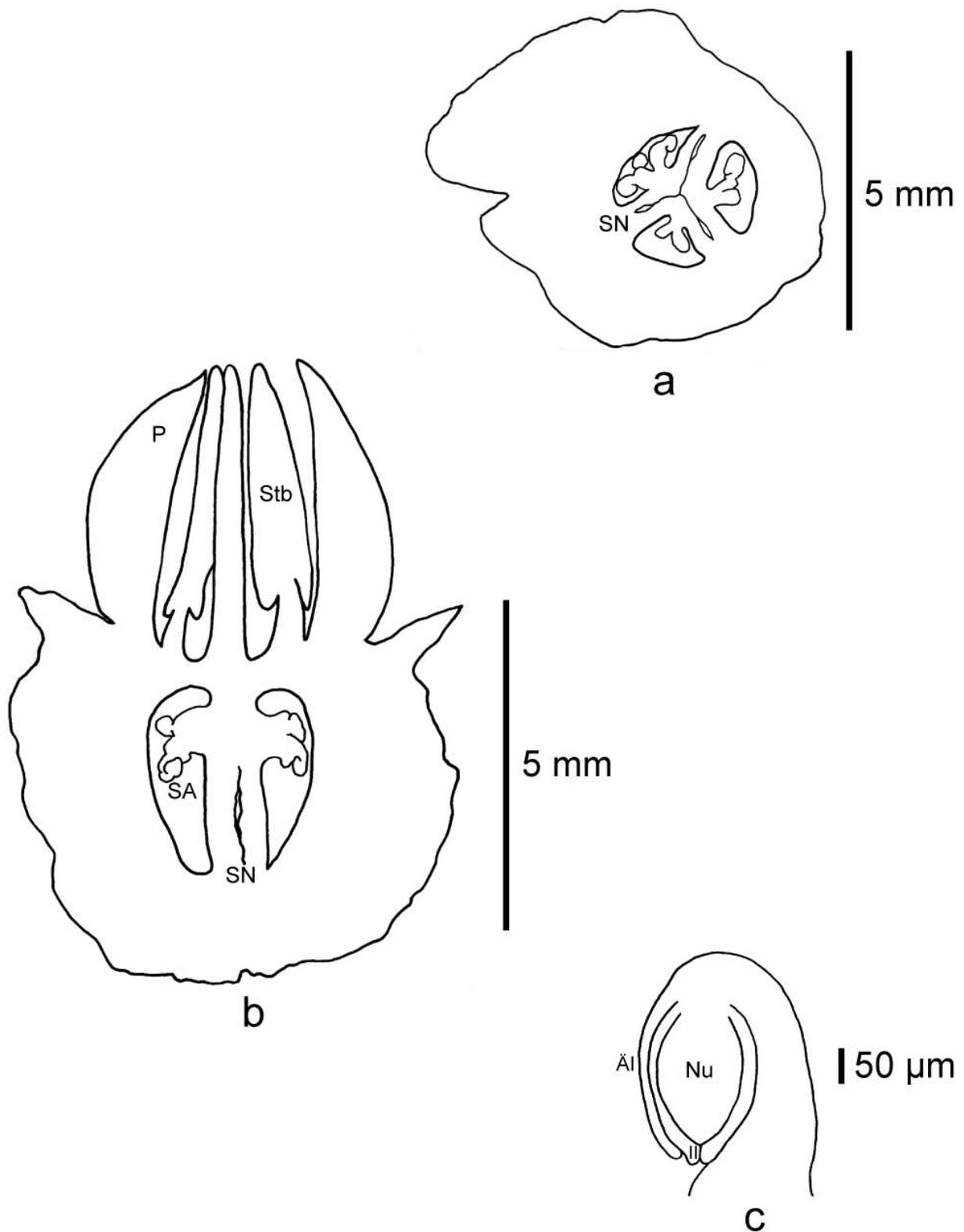


Abb. 86: *Ananas nanus*. a) Querschnitt (Präparat RD73/A). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD73/B) P = Petalen, Stb= Staubbeutel, SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD73/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu = Nucellus.

***Androlepis* BROGN.**

Rev. Hort. 42: 12. 1870.

Typus-Art: *Androlepis skinneri* BRONGN.

Rev. Hort. 42: 12. 1870.

(Typus-Art untersucht).

***Androlepis skinneri* BROGN.**

Rev. Hort. 42: 12. 1870.

Verbreitung: Brasilien, Estado São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebensammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 0H048.

Sammelnummer: RD98.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 10,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 7,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,4. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 1,4 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (287-)

306 (-345) μm . **Samenanlagen, Breite:** (149-) 156 (-161) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (3,1-) 3,3 (-3,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** entlang des ganzen

Fruchtfaches. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (172-) 218

(-241) μm . **Funikulus, Breite:** (57-) 68 (-69) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (2,5-) 3,3 (-4,2).

Mikropyle, Länge: (46-) 64 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 53 (-57) μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (0,8-) 1,2 (-1,5). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (146-) 157 (-177) μm . **Nucellus, Breite:** (91-) 100 (-108) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,5-) 1,6 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 4.

Plazentazellen, Länge: (28-) 35 (-40) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 7 (-8) μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: (3,3-) 5,6 (-7,0).

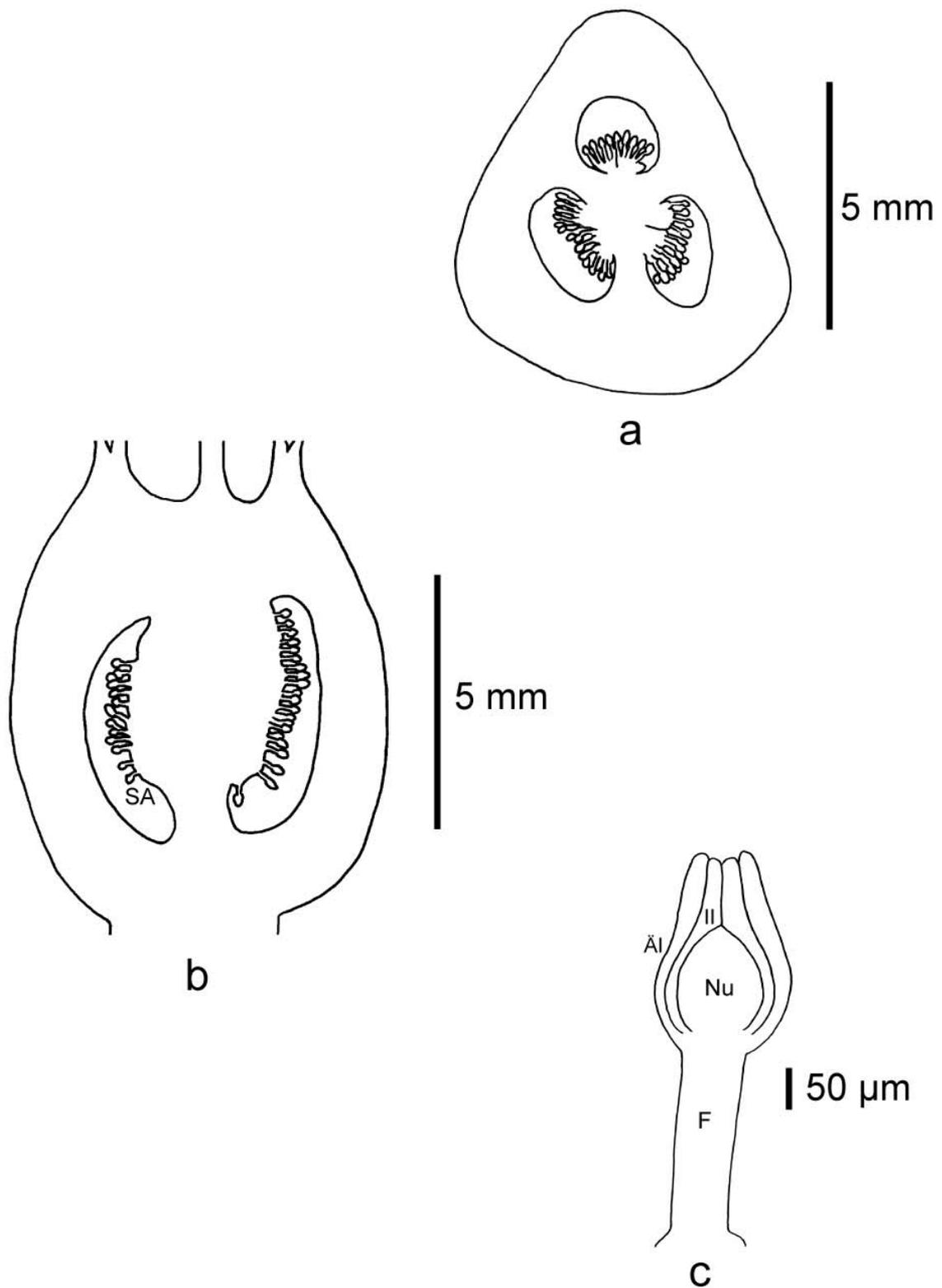


Abb. 87: *Androlepis skinneri*. a) Querschnitt (Präparat RD98/A). b) Längsschnitt (Präparat RD98/B)
 SA = Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RD98/B) ÄI = äußere Integument, II = innere Integument, Nu =
 Nucellus, F: Funikulus.

***Araeococcus* BRONGN.**

Ann. Sci. Nat. Bot., ser. 2, 15: 370. 1841.

Typus-Art: *Araeococcus micranthus* BRONGN.

Ann. Sci. Nat. Bot., ser. 2, 15: 370. 1841.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Araeococcus flagellifolius* HARMS**

*Notizbl. Bot. Gart. Berlin-Dahlem*10: 784. 1929.

Untergattung: *Pseudaraeococcus*.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: B141/89.

Sammelnummer: RDW5.

Petalpapillen: vorhanden. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,3. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.
Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 1,3 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 4-9. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (126-) 149 (-172) μm . **Samenanlagen, Breite:** (184-) 189 (-195) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,4-) 2,4 (-2,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (241-) 248 (-253) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (115-) 122 (-126) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,9-) 2,0 (-2,2). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** (57-) 64 (-69) μm . **Funikulus, Breite:** (80-) 85 (-92) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,7-) 0,7 (-0,9). **Mikropyle, Länge:** (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (80-) 85 (-92) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,6-) 0,7 (-0,9). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (211-) 218 (-222) μm . **Nucellus, Breite:** (171-) 178 (-182) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** 1,2. **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** (40-) 43 (-46) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 8 (-8) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (4,7-) 5,4 (-7,0).

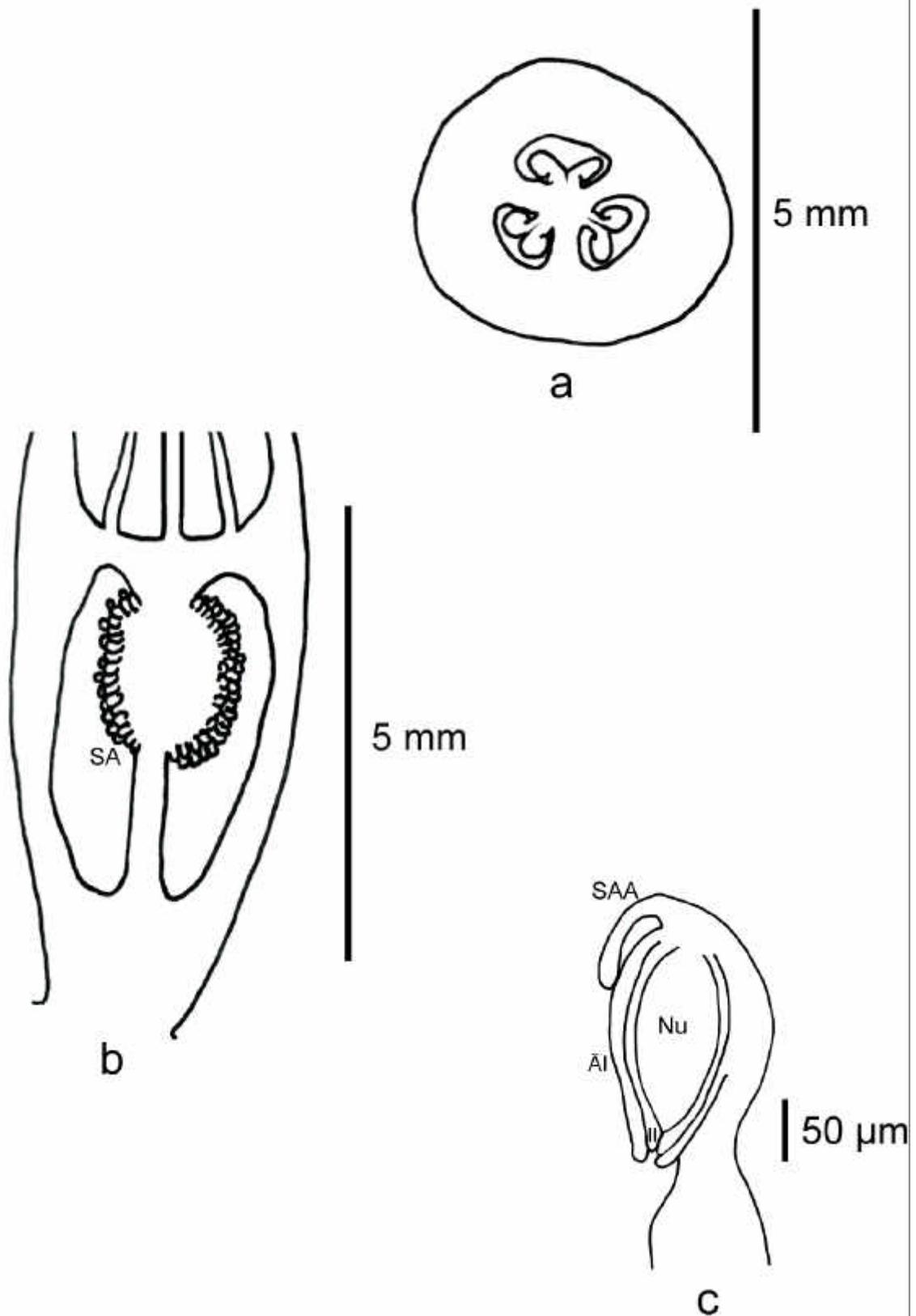


Abb. 88: *Araecoccus flagellifolius*. a) Querschnitt (Präparat W5/A). b) Längsschnitt (Präparat W5/B). SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat W5/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Araecoccus goeldianus* L. B. SM.**

Smithsonian Misc. Collect. 126(1): 20, 140, Abb. 52. 1955.

Untergattung: *Araecoccus*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Amapá.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 98GR00686.

Sammelnummer: RD76.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 3,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 0,7. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 0,4 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (230-) 248 (-276) μm . **Samenanlagen, Breite:** (172-) 186 (-195) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,1-) 2,2 (-2,3). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (115-) 122 (-126) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (92-) 97 (-103) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,1-) 1,3 (-1,4). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 51 (-57) μm . **Funikulus, Breite:** 69 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,7-) 0,7 (-0,8). **Mikropyle, Länge:** (57-) 64 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 57 (-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,1 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (182-) 190 (-199) μm . **Nucellus, Breite:** (108-) 113 (-114) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,6-) 1,7 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 0. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 33 (-34) μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (5,0-) 5,7 (-6,0).

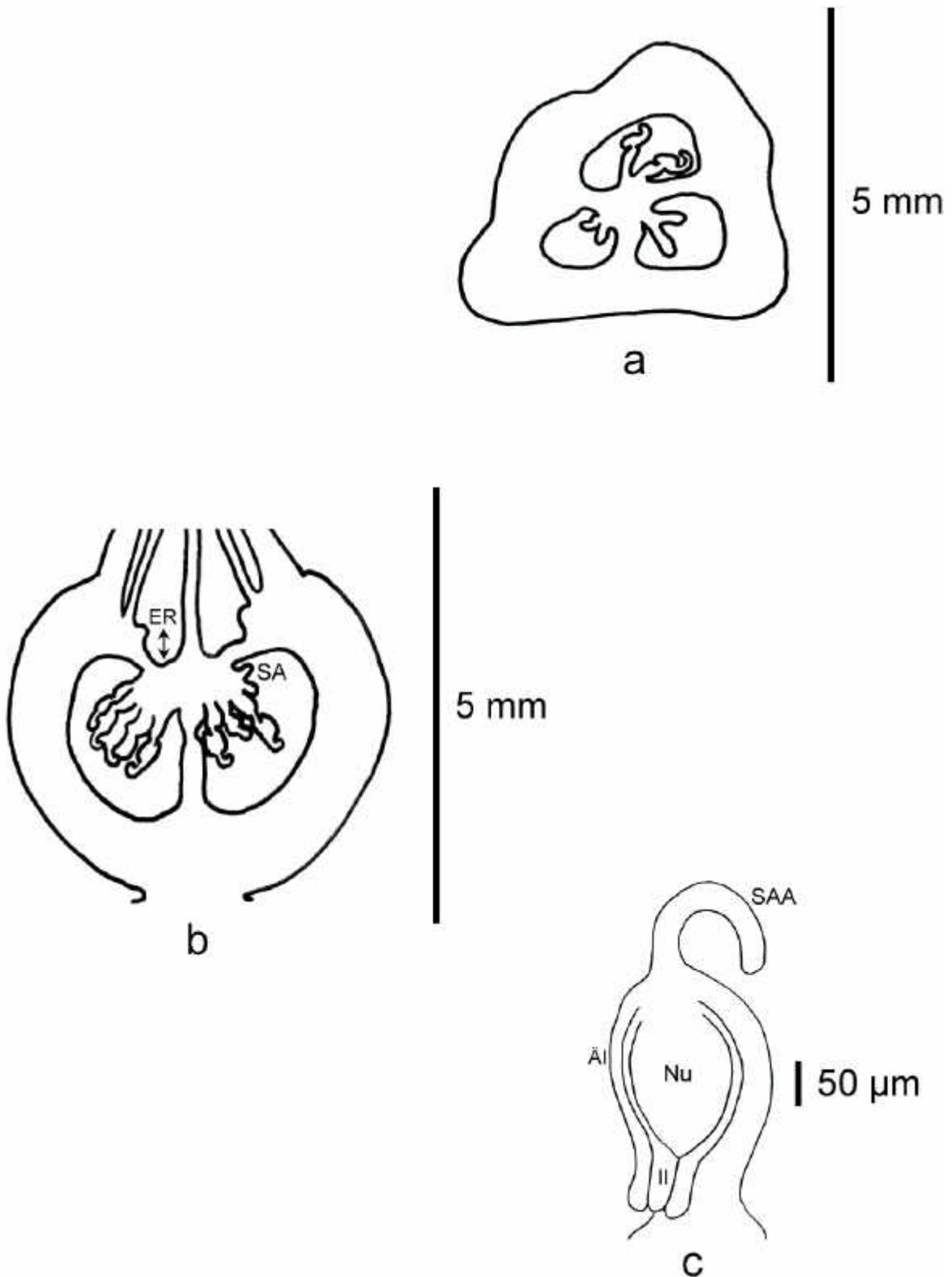


Abb. 89: *Araecoccus goeldianus*. a) Querschnitt (Präparat RD76/A). b) Längsschnitt (Präparat RD76/B)
 ER: epigyne Röhre. SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD76/B). SAA =
 Samenanlagenhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Araeococcus parviflorus* (MART. ex SCHULT. f.) LINDM.**

Svensk. Akad. Handl. 248: 12. 1891.

Basionym: *Billbergia parviflora* MART. ex SCHULT. f.

Syst. Veg. 7(2): 1270. 1830.

Untergattung: *Araeococcus*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130605.

Sammelnummer: RD47.

Petalpapillen: vorhanden. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 3,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: leicht gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:**

Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 0,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 4-9. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (219-) 239 (-264) μm . **Samenanlagen, Breite:** (55-) 60 (-64) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (2,5-) 2,6 (-2,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend.

Samenanlagen, Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal.

Samenanlagen, Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (23-) 43 (-57) μm .

Funikulus, Breite: (14-) 15 (-17) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,6-) 2,8 (-3,9).

Mikropyle, Länge: (20-) 27 (-31) μm . **Mikropyle, Breite:** (20-) 27 (-34) μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (0,7-) 1,0 (-1,4). **Äußeres Integument, Dicke:** 6 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 3 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2.

Nucellus, Länge: (81-) 86 (-90) μm . **Nucellus, Breite:** (58-) 59 (-61) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,4-) 1,4 (-1,5). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.

Plazentazellen, Länge: (14-) 18 (-20) μm . **Plazentazellen, Breite:** (9-) 10 (-12) μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: (1,5-) 1,8 (-2,3).

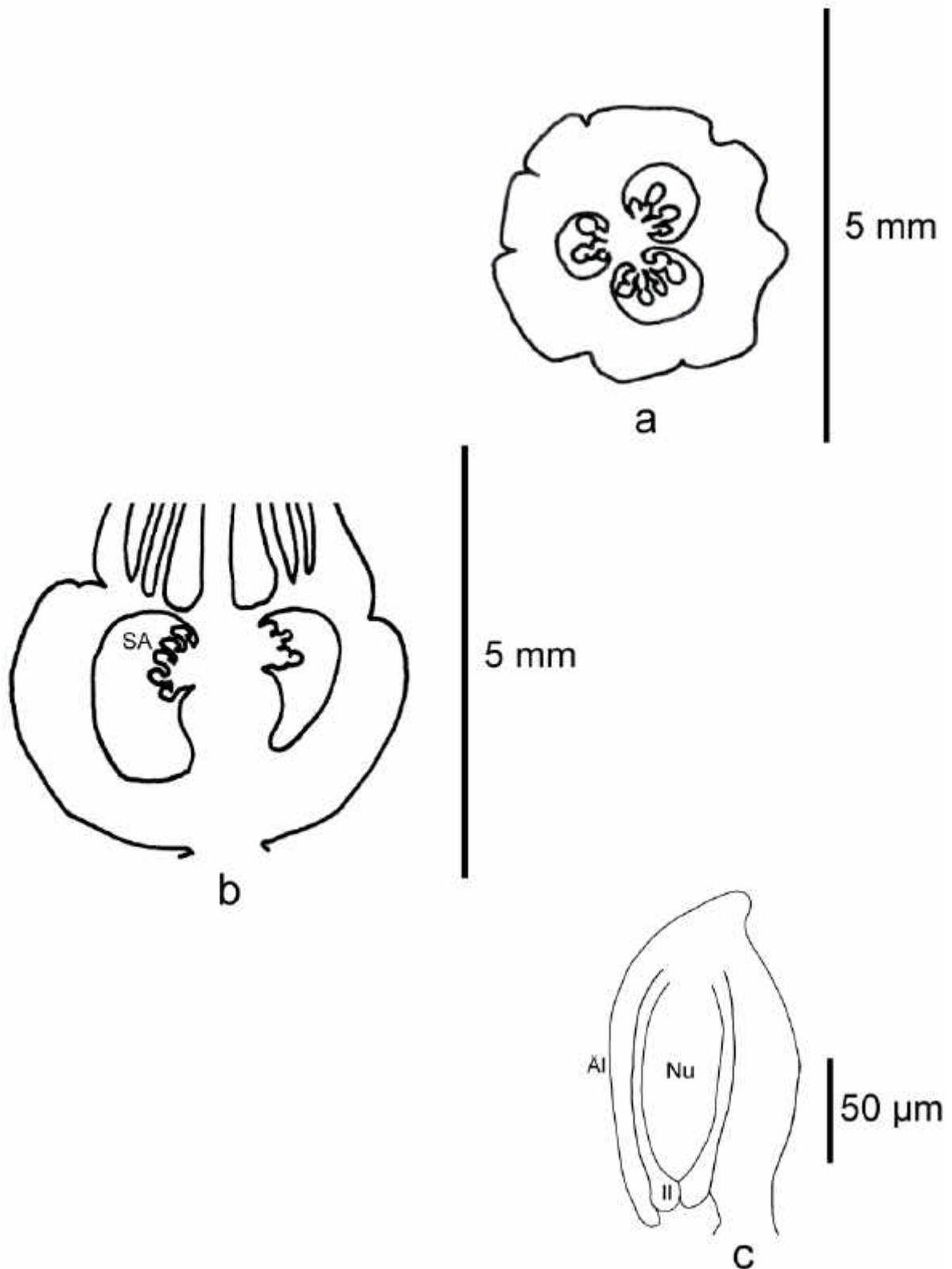


Abb. 90: *Araeococcus parviflorus*. a) Querschnitt (Präparat RD47/A). b) Längsschnitt (Präparat RD47/B). SA = Samenanlagen, SN = Septalnectarien. c) Samenanlage (Präparat RD47/B)
 ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Araecoccus pectinatus* L. B. SM.**

Contr. Gray Herb. 95: 41, Taf. 11, Abb. 6.

Untergattung: *Araecoccus*.

Verbreitung: Costa Rica.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: SEL82-531.

Sammelnummer: W6.

Petalpapillen: vorhanden. **Epigyne Röhre:** 0,03 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 3,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,0. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 0,05 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 4-9. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (230-)

237 (-241) μm . **Samenanlagen, Breite:** (161-) 170 (-184) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (3,1-) 3,3 (-3,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (276-) 283 (-287) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (92-) 94

(-103) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (2,8-) 3,0 (-3,1). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** 46 μm .

Funikulus, Breite: 57 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 0,8. **Mikropyle, Länge:** (51-) 55

(-57) μm . **Mikropyle, Breite:** (51-) 54 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,0

(-1,1). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2.

Inneres Integument, Dicke: (5-) 7 (-8) μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2.

Nucellus, Länge: (211-) 217 (-222) μm . **Nucellus, Breite:** (148-) 178 (-217) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,0-) 1,2 (-1,4). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.

Plazentazellen, Länge: (46-) 54 (-57) μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: (4,0-) 4,7 (-5,0).

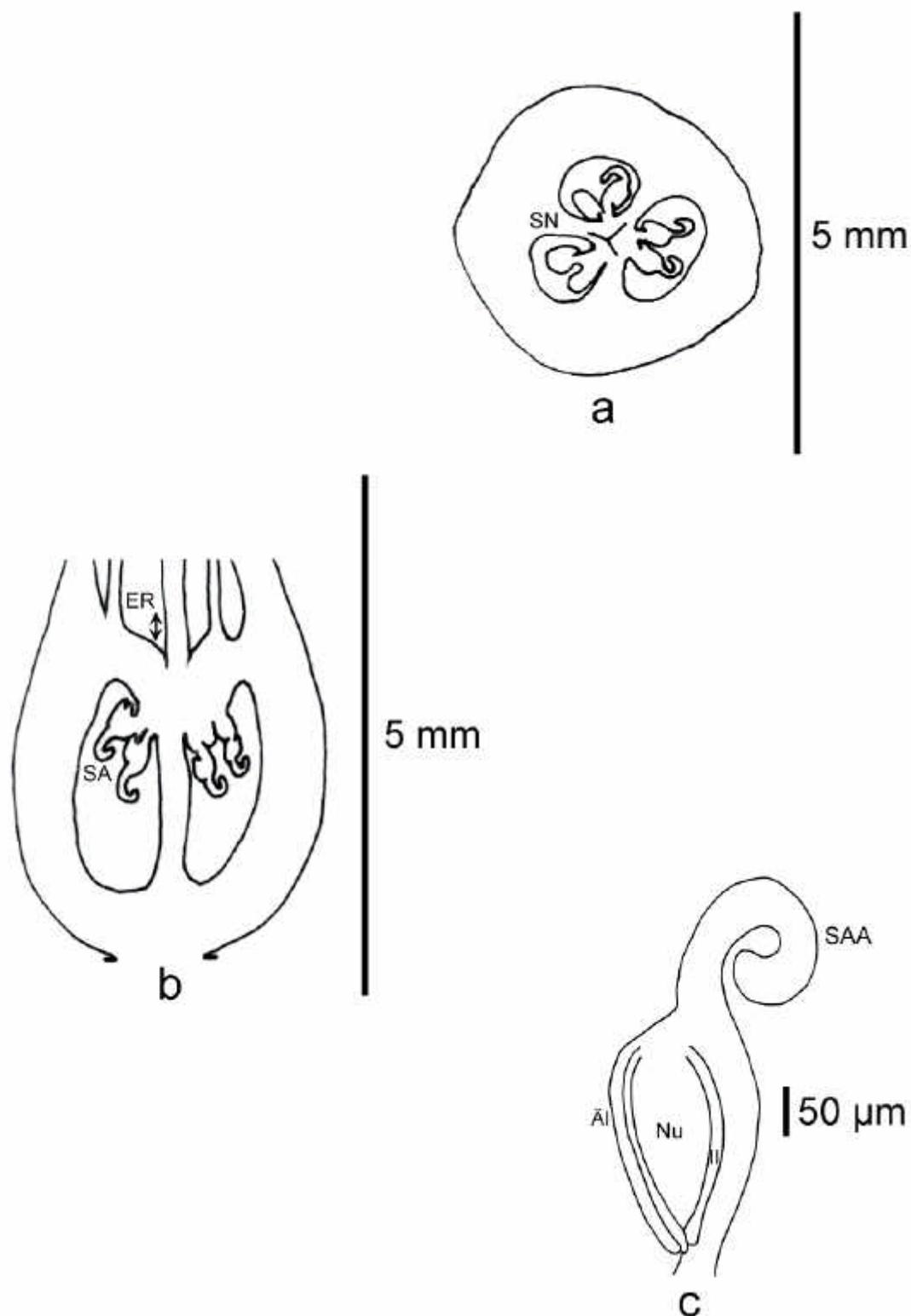


Abb. 91: *Araecoccus pectinatus*. a) Querschnitt (Präparat W6/A). SN = Septalnektarien, b) Längsschnitt (Präparat W6/B). ER: epigyne Röhre. SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat W6/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Billbergia* THUNB.**

Pl. Bras. 3: 30. 1821.

Typus-Art: *Billbergia speciosa* THUNB.

Pl. Bras. 3: 30. 1821.

= *Billbergia elegans* MART. ex SCHULT. f.

Syst. Veg. 7(2): 1265. 1830.

(Typus-Art untersucht).

***Billbergia chlorantha* L. B. SM.**

Contr. Gray Herb. 154: 32, Taf. 3, Abb. 3-6. 1945.

Untergattung: *Billbergia*.

Verbreitung: Brasilien, Estado Espirito Santo.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 90-10435-0

Sammelnummer: RD102.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 17,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 3,4. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite ? 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** tief.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 5,5 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (425-) 446 (-471) µm.

Samenanlagen, Breite: (218-) 232 (-253) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,3-) 2,4

(-2,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (57-)

62 (-69) µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (138-) 143 (-149) µm. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: 0,4. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral. **Samenanlagen,**

Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (57-) 62 (-69) µm. **Funikulus, Breite:** (138-)

143 (-149) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** 0,4. **Mikropyle, Länge:** (91-) 95 (-102) µm.

Mikropyle, Breite: (57-) 60 (-68) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6 (-1,6). **Äußeres**

Integument, Dicke: 17 µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 11 µm. **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (182-) 198

(-205) µm. **Nucellus, Breite:** (148-) 169 (-171) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,1-) 1,2 (-1,2).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (22-) 25 (-28) µm.

Plazentazellen, Breite: (11-) 14 (-17) µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8 (-2,0).

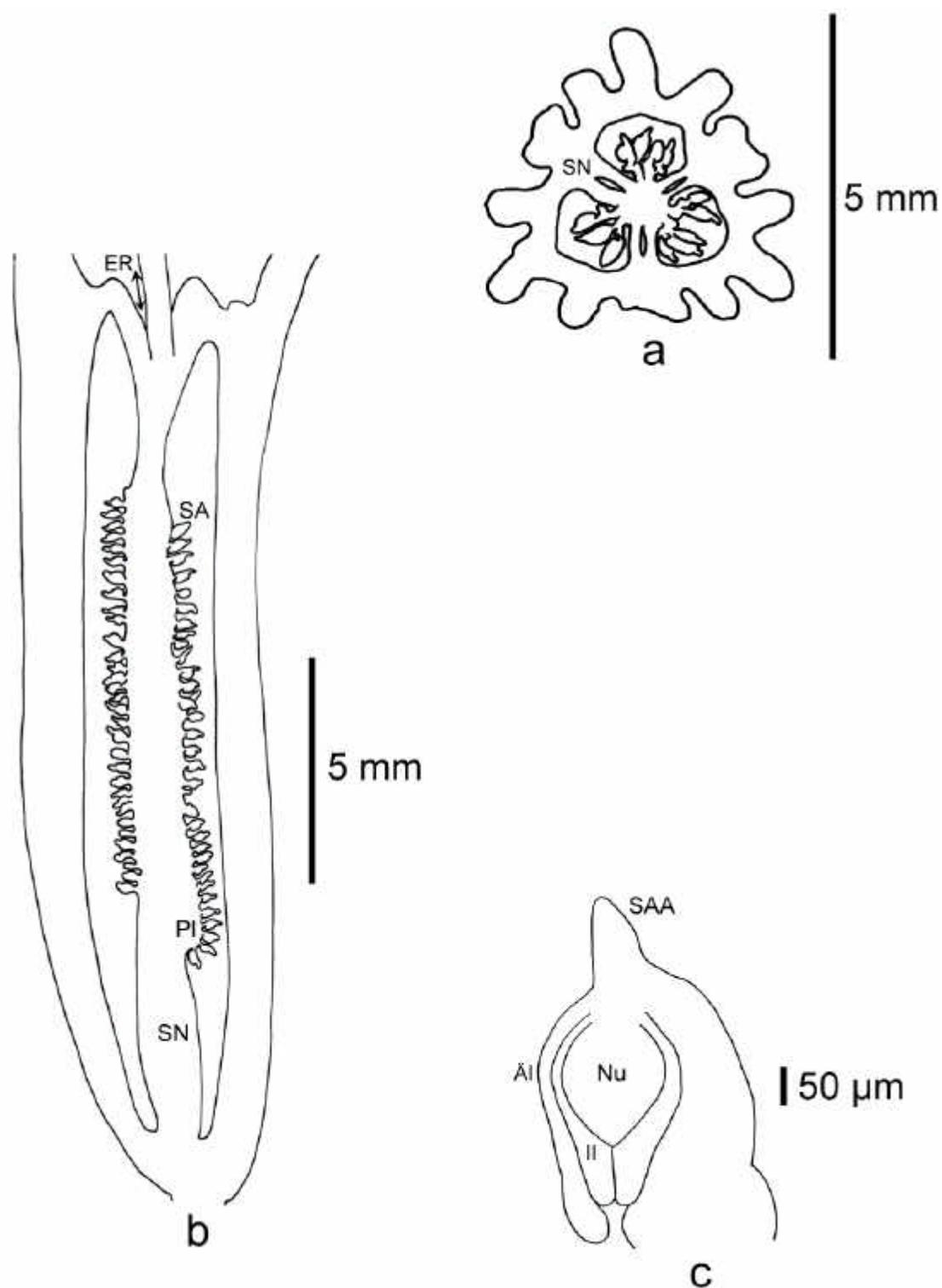


Abb. 92: *Billbergia chlorantha*. a) Querschnitt (Präparat W6/A). SN = Septalnektarien, b) Längsschnitt (Präparat W6/B). ER: epigyne Röhre. SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat W6/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Billbergia elegans* MARTIUS ex SCHULT. f.**

Syst. Veg. 7(2): 1265. 1830.

Verbreitung: Brasilien und Peru.

Untergattung: *Billbergia*.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130424 (R: 20952).

Sammelnummer: RD93.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,4. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 1,1 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (345-) 356 (-368) µm. **Samenanlagen, Breite:** (184-) 205 (-230) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,9-) 2,0 (-2,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (57-) 60 (-69) µm. **Funikulus, Breite:** (46-) 57 (-80) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 1,0 (-1,2). **Mikropyle, Länge:** (69-) 71 (-80) µm. **Mikropyle, Breite:** (-46) 53 (-57) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,2-) 1,3 (-1,5). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 µm. **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (228-) 244 (-256) µm. **Nucellus, Breite:** (125-) 133 (-142) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,8-) 1,8 (-1,9). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 31 (-34) µm. **Plazentazellen, Breite:** 11 µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,5-) 2,7 (-3,0).

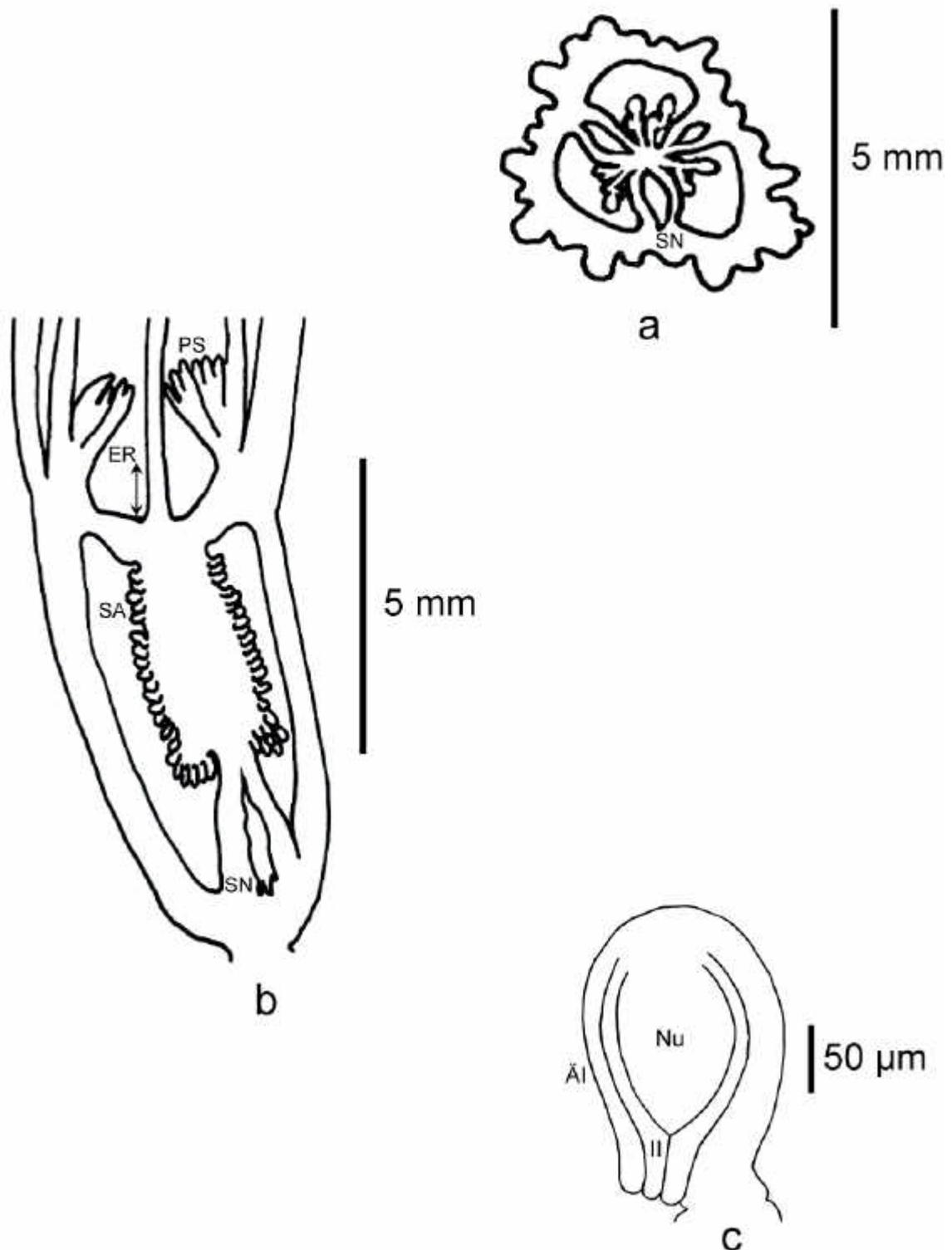


Abb. 93: *Billbergia elegans*. a) Querschnitt (Präparat 93/A). SN = Septalnektarien, b) Längsschnitt (Präparat 93/B) PS: Petalenanhängsel, ER: epigyne Röhre. SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat 93/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

Billbergia euphemiae* E. MORR. var. *euphemiae

Belgique Hort. 22: 11, Taf. 1. 1872.

Untergattung: *Billbergia*.

Verbreitung: Brasilien, Est. Pernambuco.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104296.

Sammelnummer: RD105.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 10,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,5. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig, Trichomfortsätze mit Länge:Breite ? 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach.
Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 3,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.
Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (252-) 265 (-277) μm .
Samenanlagen, Breite: (218-) 224 (-228) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** 1,7.
Samenanlagen, Anhängselform: gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (59-) 67 (-74) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (35-) 42 (-44) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,3-) 1,6 (-1,9). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral.
Samenanlagen, Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (49-) 52 (-59) μm .
Funikulus, Breite: (59-) 66 (-74) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,7-) 0,8 (-0,9).
Mikropyle, Länge: (69-) 80 (-94) μm . **Mikropyle, Breite:** (49-) 52 (-59) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5 (-1,7). **Äußeres Integument, Dicke:** 20 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 15 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (183-) 187 (-193) μm . **Nucellus, Breite:** (99-) 103 (-109) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8 (-1,9). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.
Plazentazellen, Länge: (15-) 18 (-20) μm . **Plazentazellen, Breite:** 10 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,5-) 1,8 (-2,0).

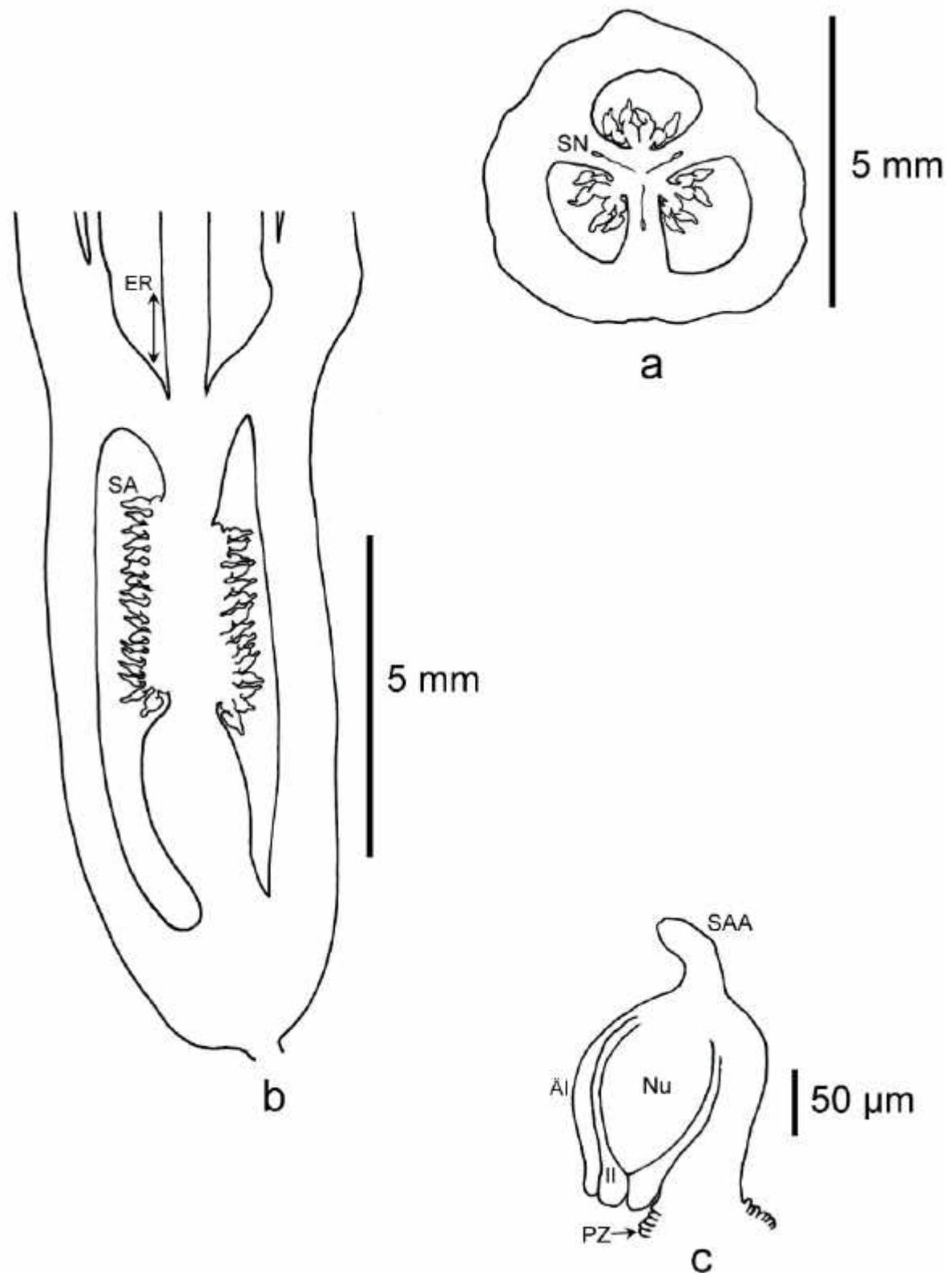


Abb. 94: *Billbergia euphemiae*. a) Querschnitt (Präparat 105/A). SN = Septalnektarien, b) Längsschnitt (Präparat 105/B). ER: epigyne Röhre. SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat 105/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus, PZ = Plazentazellen.

***Billbergia horrida* var. *tigrina* HORT. ex BAKER**

Handb. Bromel. 73. 1889.

Untergattung: *Billbergia*.

Verbreitung: Brasilien, Estados São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: B528/96.

Sammelnummer: W8.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 12,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 3. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig, Trichomfortsätze mit Länge:Breite ? 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rechteckig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.
Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 1,4 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.
Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (207-) 212 (-230) μm .
Samenanlagen, Breite: (207-) 230 (-253) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8 (-1,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (126-) 131 (-138) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (69-) 71 (-80) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,7-) 1,8 (-2,0). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral.
Samenanlagen, Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (69-) 78 (-92) μm .
Funikulus, Breite: (92-) 101 (-115) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,7-) 0,7 (-0,8).
Mikropyle, Länge: (126-) 136 (-138) μm . **Mikropyle, Breite:** (80-) 90 (-92) μm .
Mikropyle, Länge/Breite: (1,5-) 1,5 (-1,6). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (205-) 207 (-211) μm . **Nucellus, Breite:** (142-) 145 (-148) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** 1,4. **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.
Plazentazellen, Länge: 23 μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 4,0.

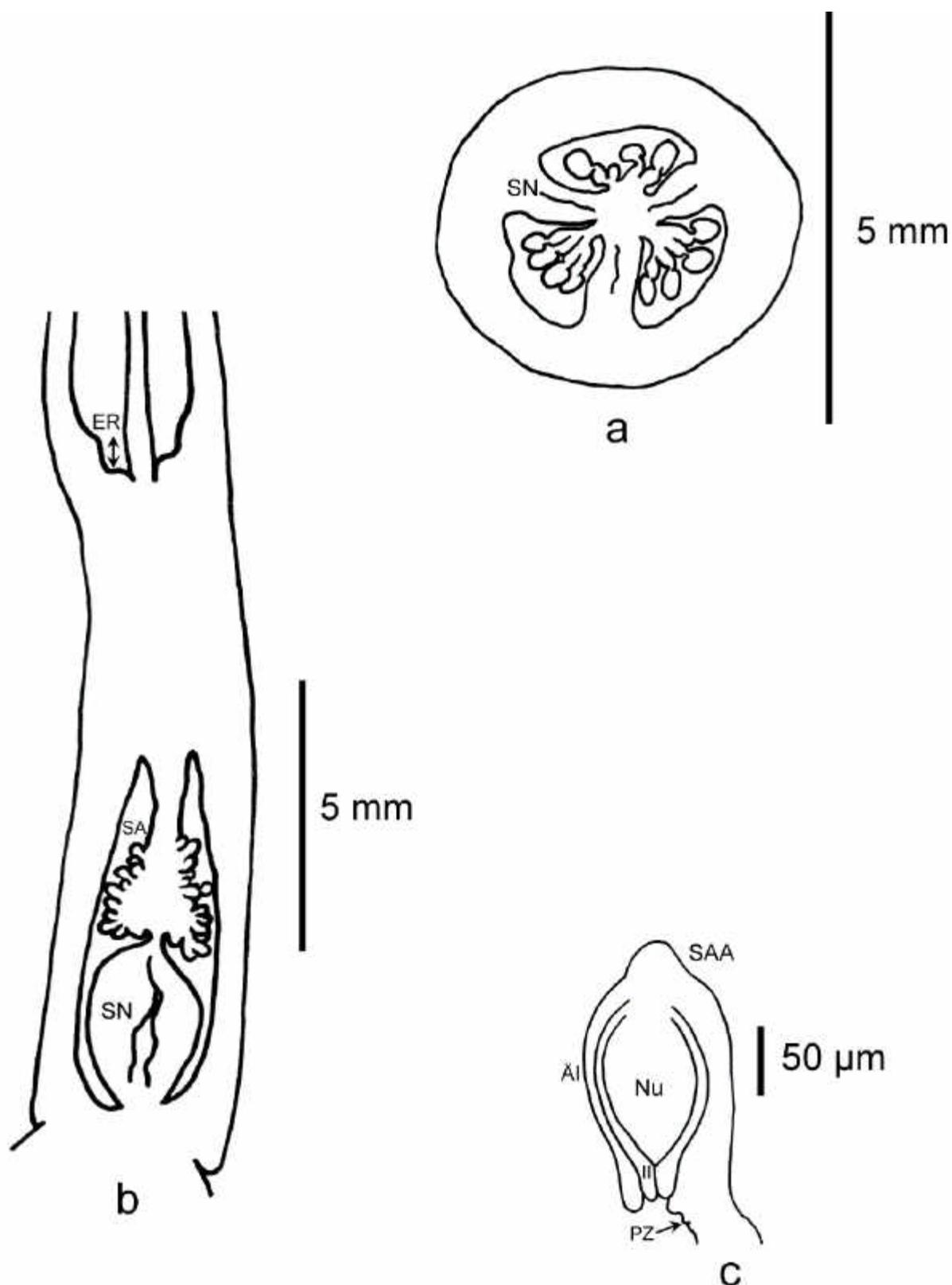


Abb. 95: *Billbergia horrida* var. *tigrina*. a) Querschnitt (Präparat W8/A). SN = Septalnektarien, b) Längsschnitt (Präparat W8/B). ER: epigyne Röhre. SA = Samenanlangen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat W8/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus, PZ = Plazentazellen.

***Billbergia macrocalyx* HOOK.**

Bot. Mag. 85: Taf. 5114. 1859.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD48.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 19,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 4,75. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 5,3 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (379-) 407 (-425) μm . **Samenanlagen, Breite:** (184-) 193 (-207) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,6-) 2,9 (-3,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (103-) 107 (-115) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 34 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (3,0-) 3,1 (-3,3). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (57-) 60 (-69) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 53 (-57) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,0-) 1,1 (-1,2). **Mikropyle, Länge:** (57-) 62 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 51 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** 1,2. **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (251-) 256 (-262) μm . **Nucellus, Breite:** (114-) 120 (-125) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,0-) 2,1 (-2,2). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** (45-) 47 (-51) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 7 (-8) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (5,3-) 6,8 (-9,0).

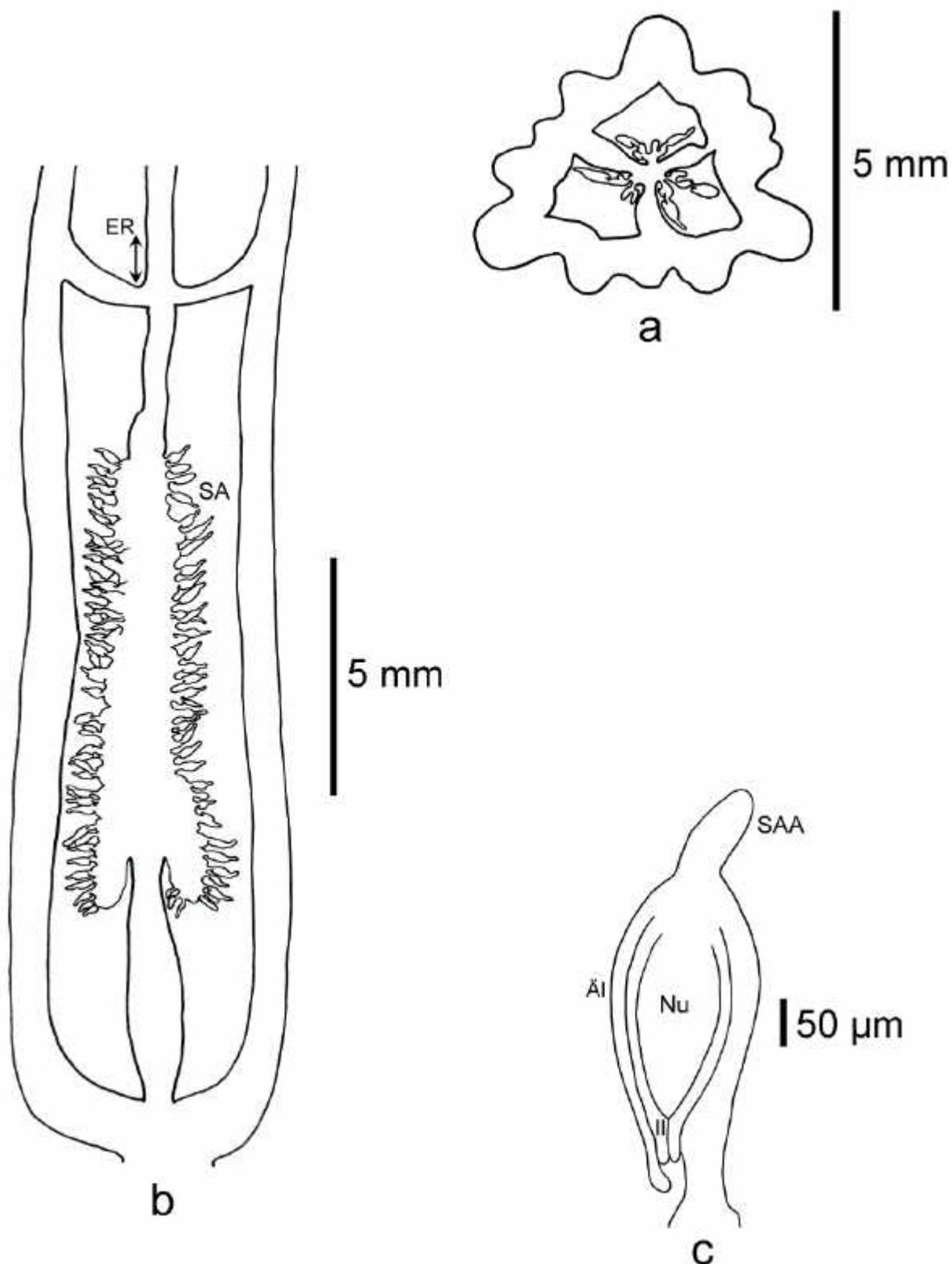


Abb. 96: *Billbergia macrocalyx*. a) Querschnitt (Präparat RD48/A). b) Längsschnitt (Präparat RD48/B) ER: epigyne Röhre. SA = Samenanlangen, SN = Septalnectarien. c) Samenanlage (Präparat RD48/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus, PZ = Plazentazellen.

***Billbergia pyramidalis* var. *concolor* L. B. SM.**

Bull. Bromeliad Soc. 4: 6. 1954.

Untergattung: *Billbergia*.

Verbreitung: Brasilien, Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130413.

Sammelnummer: RD60.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 12,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 3,0. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig, Trichomfortsätze mit Länge:Breite ? 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 4,4 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (239-) 251 (-262) µm. **Samenanlagen, Breite:** (182-) 192 (-199) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8 (-1,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (46-) 50 (-57) µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (46-) 48 (-51) µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,0-) 1,1 (-1,1). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (40-) 47 (-57) µm. **Funikulus, Breite:** (28-) 34 (-46) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (1,1-) 1,4 (-1,7). **Mikropyle, Länge:** (52-) 64 (-72) µm. **Mikropyle, Breite:** (43-) 53 (-58) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,1-) 1,2 (-1,3). **Äußeres Integument, Dicke:** (14-) 17 (-20) µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 3. **Inneres Integument, Dicke:** (12-) 14 (-14) µm. **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (174-) 182 (-188) µm. **Nucellus, Breite:** (145-) 162 (-177) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (0,9-) 1,1 (-1,3). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** (17-) 19 (-20) µm. **Plazentazellen, Breite:** (14-) 16 (-17) µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,1-) 1,1 (-1,2).

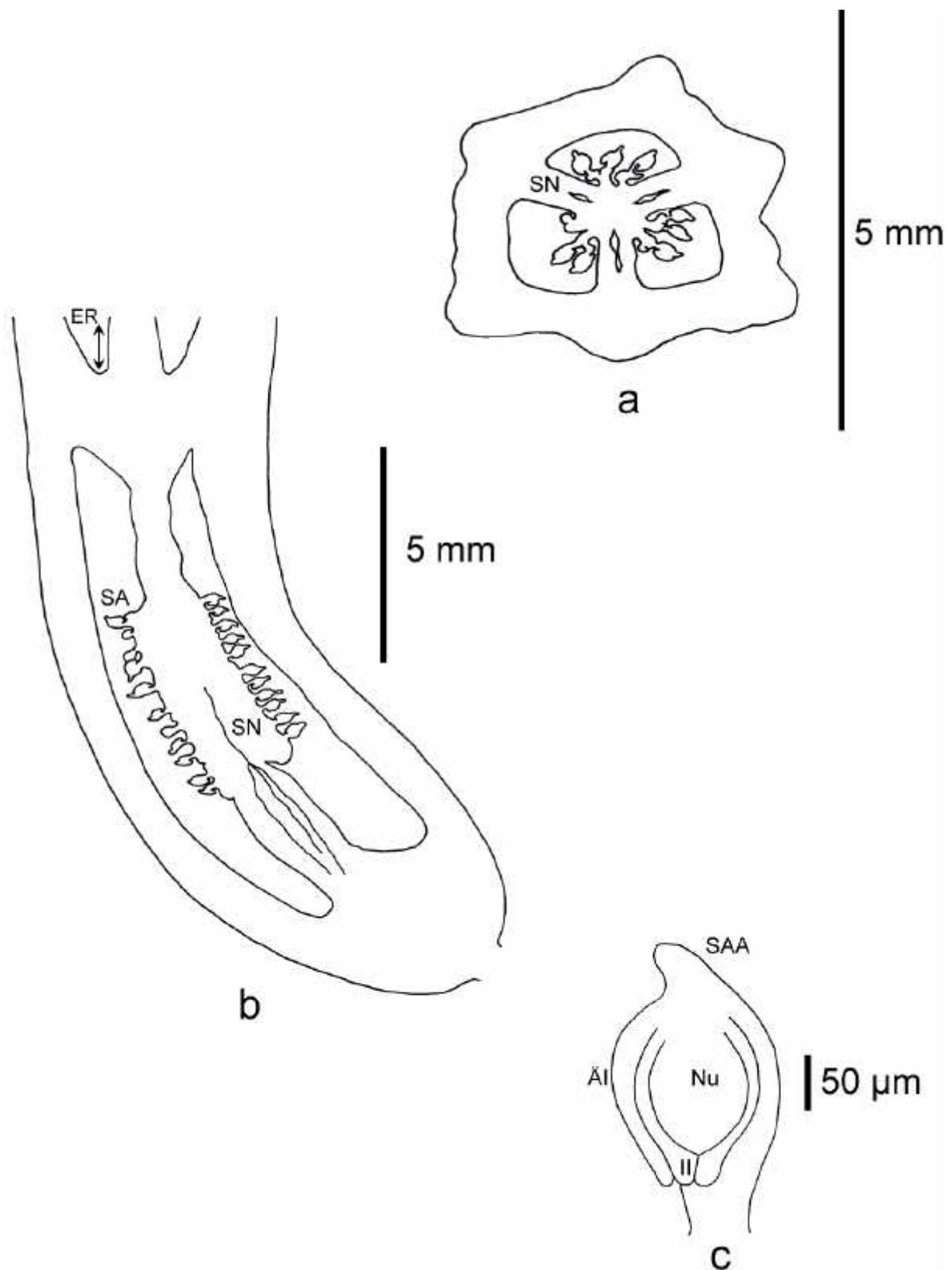


Abb. 97: *Billbergia pyramidalis* var. *concolor*. a) Querschnitt (Präparat RD60/A) SN = Septalnectarien. b) Längsschnitt (Präparat RD60/B). ER: epigyne Röhre. SA = Samenanlangen, SN = Septalnectarien. c) Samenanlage (Präparat RD60/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Billbergia saundersii* W. BULL**

Card. Chron. 1:78. 1874.

Untergattung: *Billbergia*.

Verbreitung: Brasilien, Estados São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD56.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 19,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 3,8. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: rechteckig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 1,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (310-) 322

(-345) μm . **Samenanlagen, Breite:** (230-) 246 (-264) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:**

(1,8-) 1,9 (-2,0). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (57-) 67 (-69) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 57 μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: (1,0-) 1,2 (-1,2). **Samenanlagen, Lage im**

Fruchtfach: zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (80-)

85 (-92) μm . **Funikulus, Breite:** (103-) 108 (-115) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,7-) 0,8

(-0,9). **Mikropyle, Länge:** (57-) 62 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 62 (-69) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: 1. **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (199-) 203 (-205) μm . **Nucellus, Breite:** (142-) 145 (-148) μm .

Nucellus, Länge/Breite: 1,4. **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.

Plazentazellen, Länge: 34 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: 3.

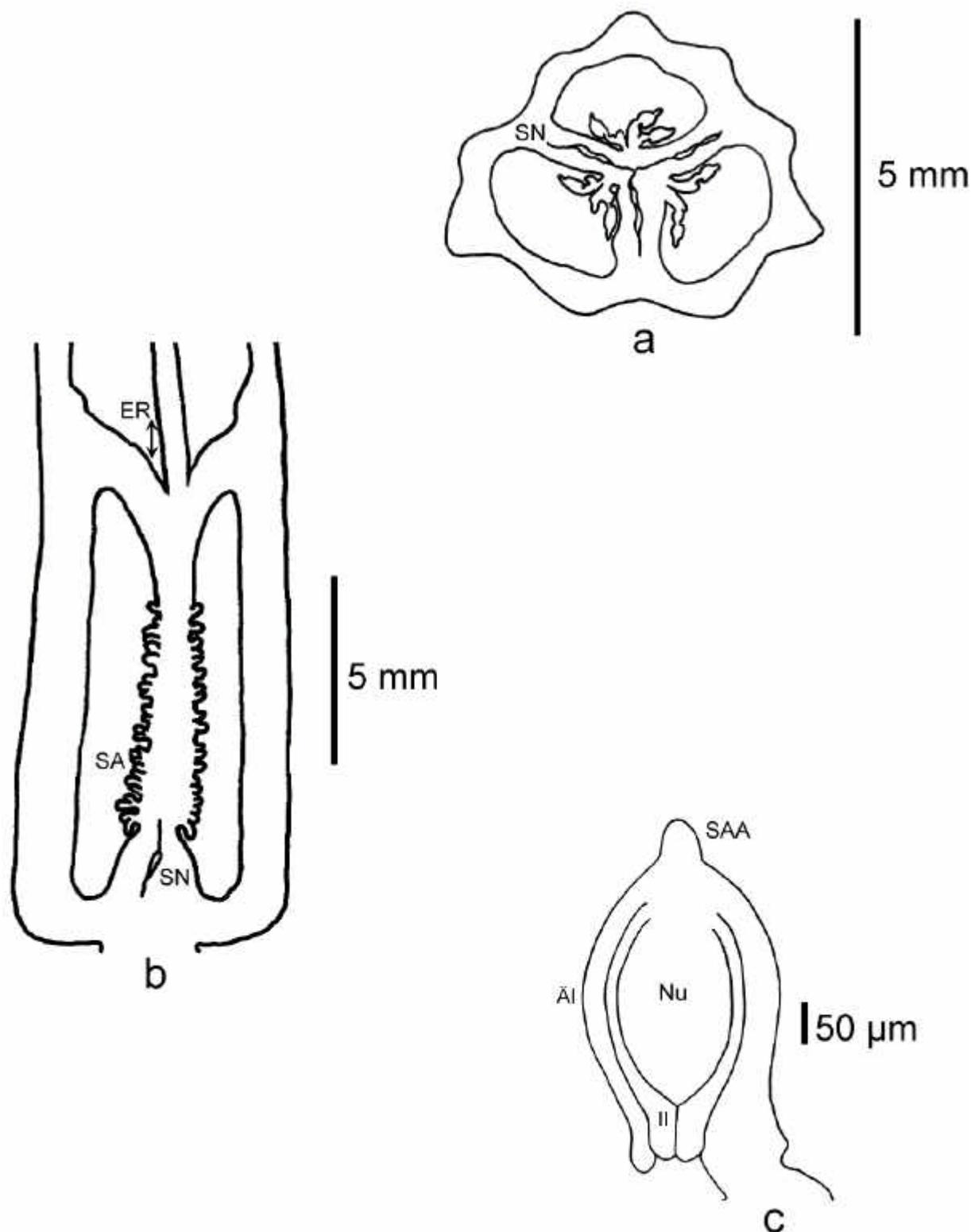


Abb. 98: *Billbergia saundersii*. a) Längsschnitt (Präparat RD56/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlagen, SN = Septalnectarien. b) Querschnitt (Präparat RD56/B). SN = Septalnectarien. c) Samenanlage (Präparat RD56/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Billbergia viridiflora* H. L. WENDL.**

Allg. Gartenzeitung 22: 154. 1854.

Untergattung: *Billbergia*.

Verbreitung: Brasilien.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 92-10494-0-B.

Sammelnummer: RD71.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,3 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 9,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 7,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,3. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 4,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (230-) 258

(-299) μm . **Samenanlagen, Breite:** (207-) 216 (-230) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:**

(3,0-) 3,2 (-3,4). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:**

(356-) 381 (-402) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (92-) 110 (-115) μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: (3,2-) 3,4 (-3,8). **Samenanlagen, Lage im**

Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (46-)

53 (-57) μm . **Funikulus, Breite:** 92 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,5-) 0,6 (-0,6).

Mikropyle, Länge: (92-) 101 (-126) μm . **Mikropyle, Breite:** (69-) 85 (-103) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: (1,0-) 1,2 (-1,3). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (222-) 239 (-256) μm . **Nucellus, Breite:** (160-) 182

(-199) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,3 (-1,4). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** 40 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: 3,5.

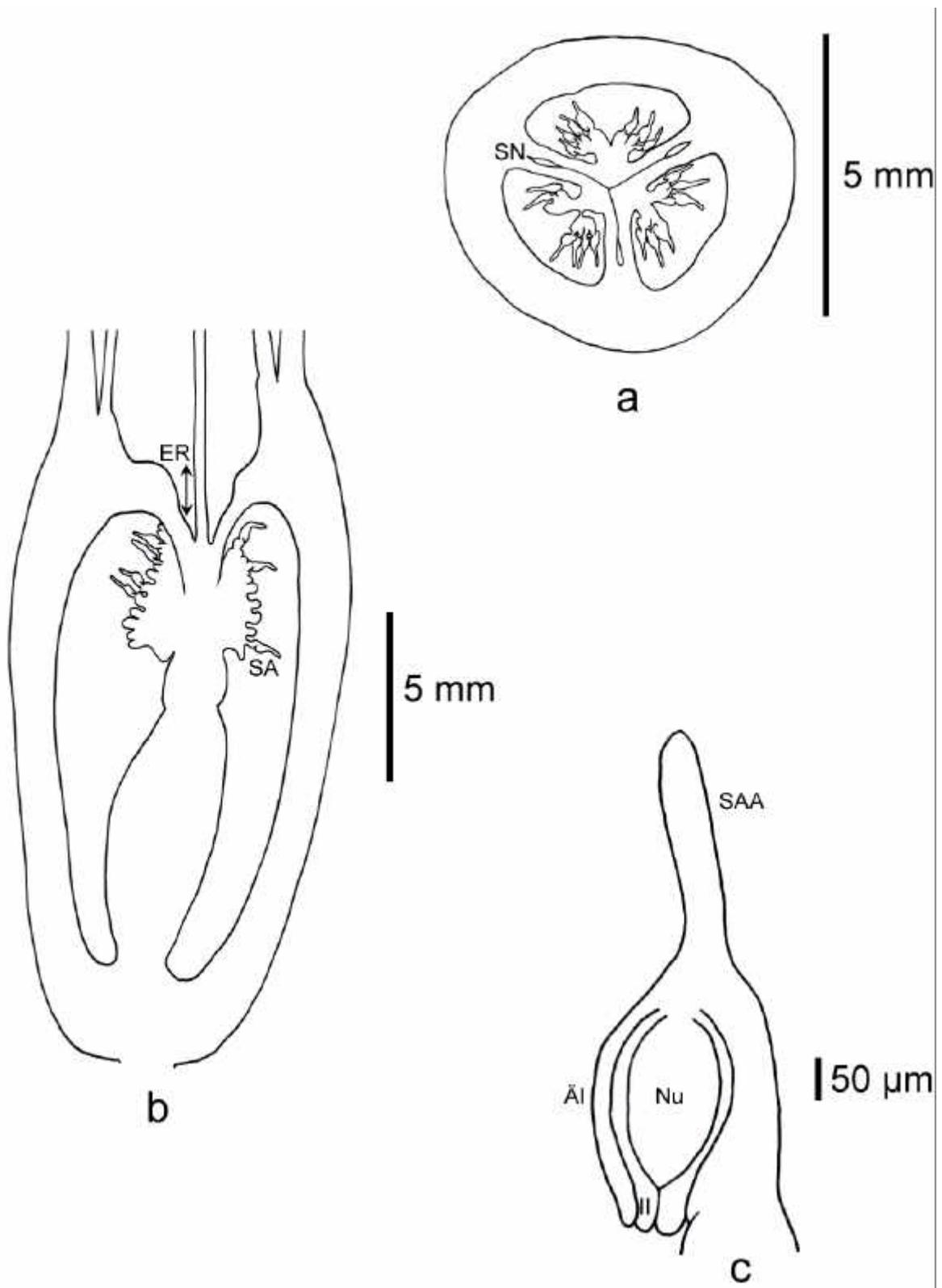


Abb. 99: *Billbergia viridiflora*. a) Längsschnitt (Präparat RD71/A). ER = epigyne Röhre. b) Querschnitt (Präparat RD71/B). SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD71/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

Bromelia L.

Sp. Pl. 1: 285. 1753.

Typus-Art: *Bromelia pinguin* L.

Sp. Pl. 1: 285. 1753.

(Typus-Art untersucht).

***Bromelia balansae* MEZ**

Fl. Bras. 3(3): 191. 1891.

Verbreitung: von Brasilien bis in den Norden Argentiniens.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103162.

Sammelnummer: RD50.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 12,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,4. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** viereckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.
Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 3,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.
Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (396-) 409 (-430) µm.
Samenanlagen, Gesamtlänge: (426-) 440 (-455) µm. **Samenanlagen, Breite:** (247-) 250 (-257) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,7-) 1,7 (-1,8). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** SA entlang des ganzen Fruchtfaches. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (25-) 31 (-40) µm. **Funikulus, Breite:** (89-) 94 (-99) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (0,3-) 0,3 (-0,4). **Mikropyle, Länge:** (40-) 46 (-54) µm. **Mikropyle, Breite:** (25-) 29 (-35) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,4-) 1,6 (-2,2). **Äußeres Integument, Dicke:** (10-) 11 (-15) µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 3. **Inneres Integument, Dicke:** (10-) 14 (-15) µm. **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (183-) 192 (-198) µm. **Nucellus, Breite:** (99-) 108 (-114) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,6-) 1,7 (-2,0). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 0. **Plazentazellen, Länge:** (56-) 59 (-62) µm. **Plazentazellen, Breite:** (8-) 9 (-10) µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (5,8-) 6,7 (-7,5).

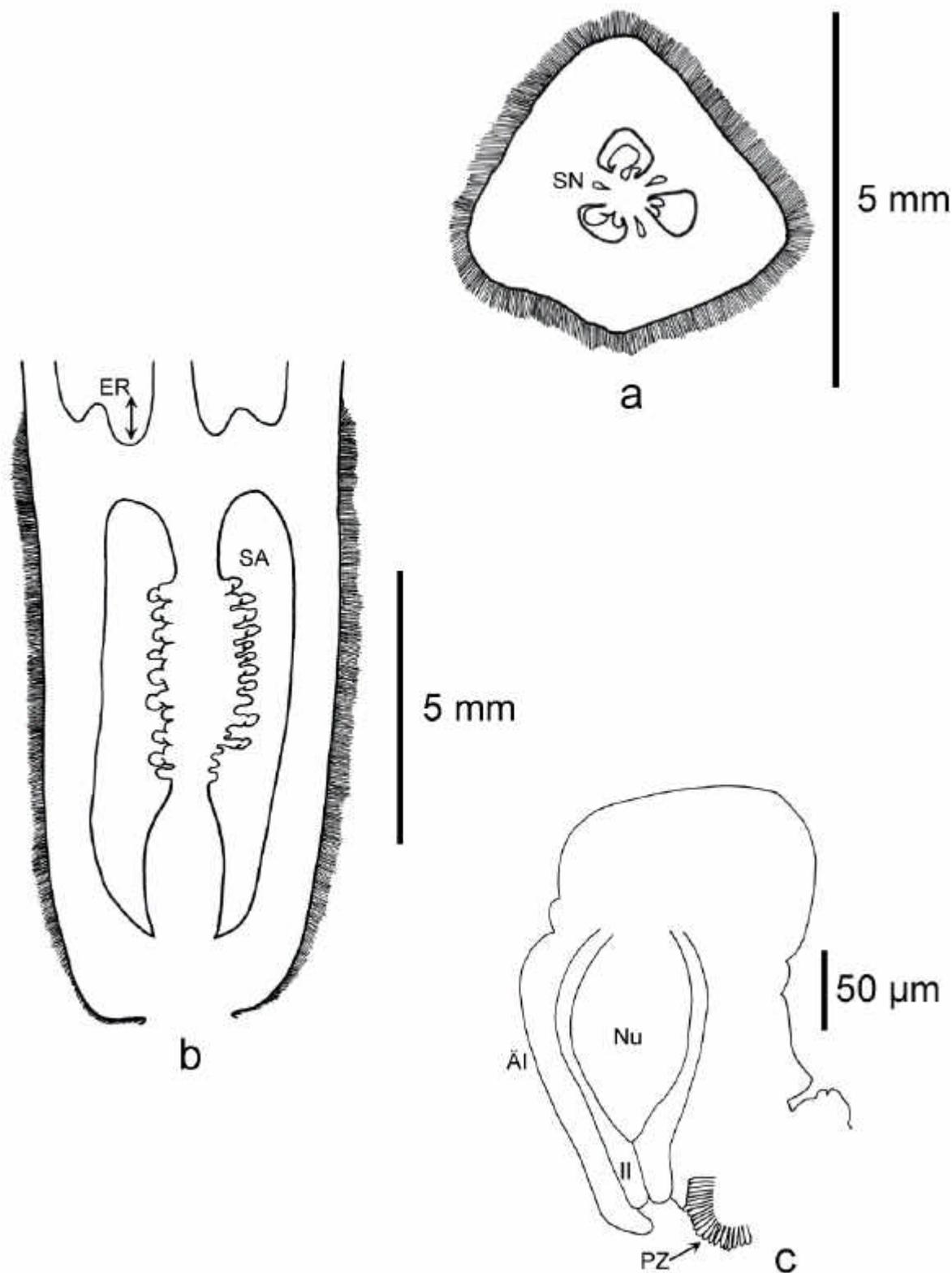


Abb. 100: *Bromelia balansae*. a) Längsschnitt (Präparat RD50/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD50/B). SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD50/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus, PZ = Plazentazellen.

***Bromelia nidus-puellae* (ANDRÉ) MEZ**

Monogr. Phan. 9: 22. 1896.

Basionym: *Karatas nidus-puellae* ANDRÉ.

Enum. Bromel. 3. 1888.

Verbreitung: Kolumbien.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: B162/92.

Sammelnummer: W9.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 40 mm.

Fruchtknoten, Breite: 15 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,6. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: viereckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 5,7 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (386-) 394 (-400) µm.

Samenanlagen, Breite: (411-) 415 (-421) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** 1,1.

Samenanlagen, Anhängselform: fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm.

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:. SA entlang des ganzen Fruchtfaches. **Samenanlagen,**

Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (49-) 52 (-59) µm. **Funikulus, Breite:** (134-)

139 (-143) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (0,3-) 0,3 (-0,4). **Mikropyle, Länge:** 148 µm.

Mikropyle, Breite: 148 µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** 1. **Äußeres Integument, Dicke:**

20 µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 3. **Inneres Integument, Dicke:** 15 µm.

Inneres Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (247-) 250 (-252) µm. **Nucellus,**

Breite: (247-) 250 (-252) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** 1. **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 0. **Plazentazellen, Länge:** 20 µm. **Plazentazellen, Breite:** 15 µm.

Plazentazellen, Länge/Breite: 1,3.

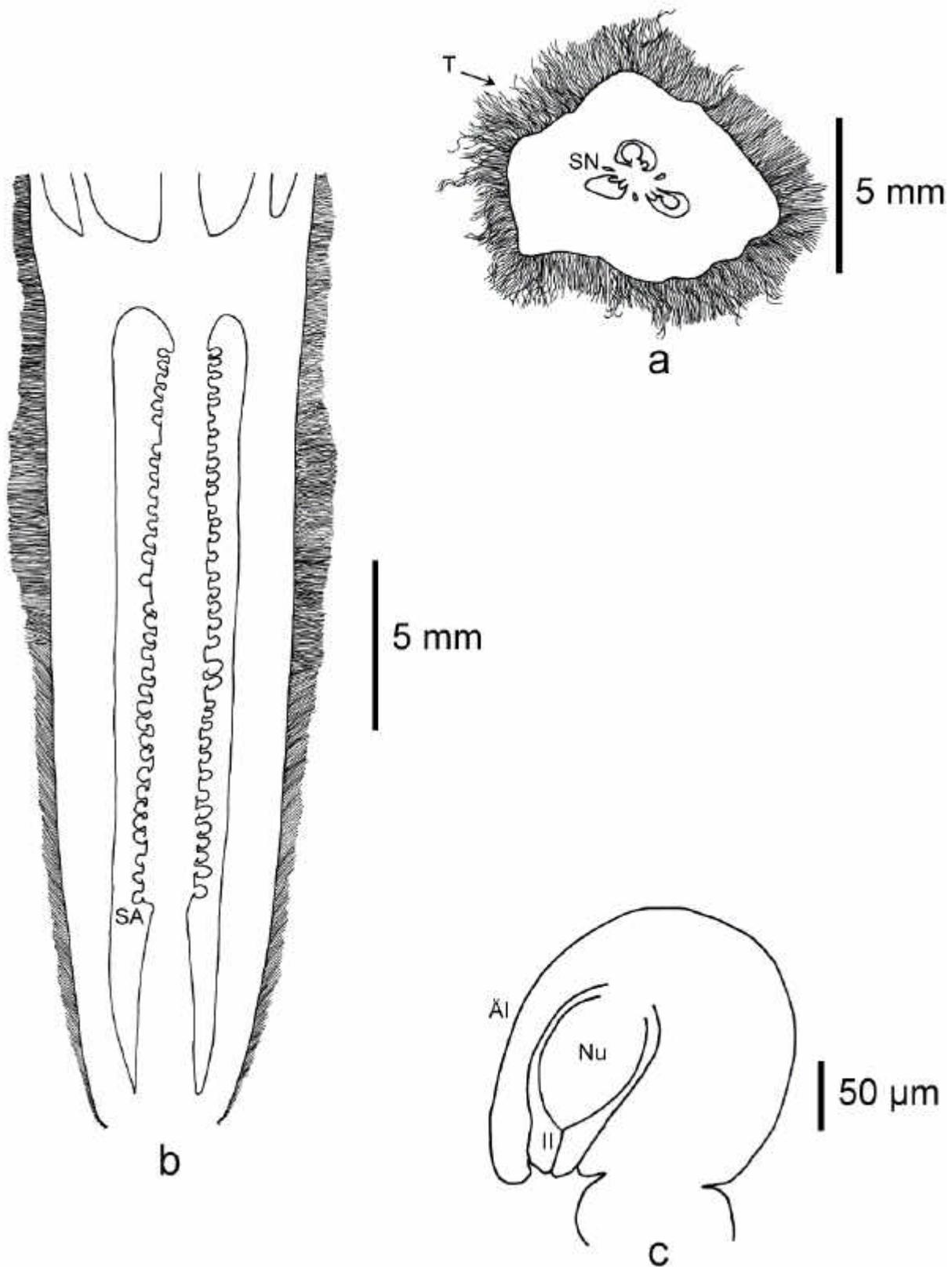


Abb. 101: *Bromelia nidus - puellae*. a) Längsschnitt (Präparat W9/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat W9/B). SN = Septalnektarien, T = Trichome. c) Samenanlage (Präparat W9/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Bromelia pinguin* L.**

Sp. Pl. 285. 1753.

Verbreitung: Brasilien, Estados São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 199-1993-190893-4-00.

Sammelnummer: RD88.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 13,5 mm.
Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,2. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** viereckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.
Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 0,7 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.
Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (175-) 258 (-350) µm.
Samenanlagen, Breite: (356-) 382 (-400) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (0,9-) 1,0 (-1,1). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm.
Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.
Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: entlang des ganzen Fruchtfaches. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (100-) 143 (-193) µm. **Funikulus, Breite:** (87-) 106 (-125) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (1,0-) 1,3 (-1,5). **Mikropyle, Länge:** (114-) 119 (-125) µm. **Mikropyle, Breite:** (62-) 79 (-99) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,1-) 1,5 (-2,0). **Äußeres Integument, Dicke:** (55-) 57 (-59) µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 3. **Inneres Integument, Dicke:** (20-) 22 (-25) µm. **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (150-) 156 (-163) µm. **Nucellus, Breite:** (100-) 108 (-116) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4 (-1,6). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 0. **Plazentazellen, Länge:** (33-) 35 (-36) µm. **Plazentazellen, Breite:** (6-) 7 (-8) µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (4,5-) 4,9 (-5,7).

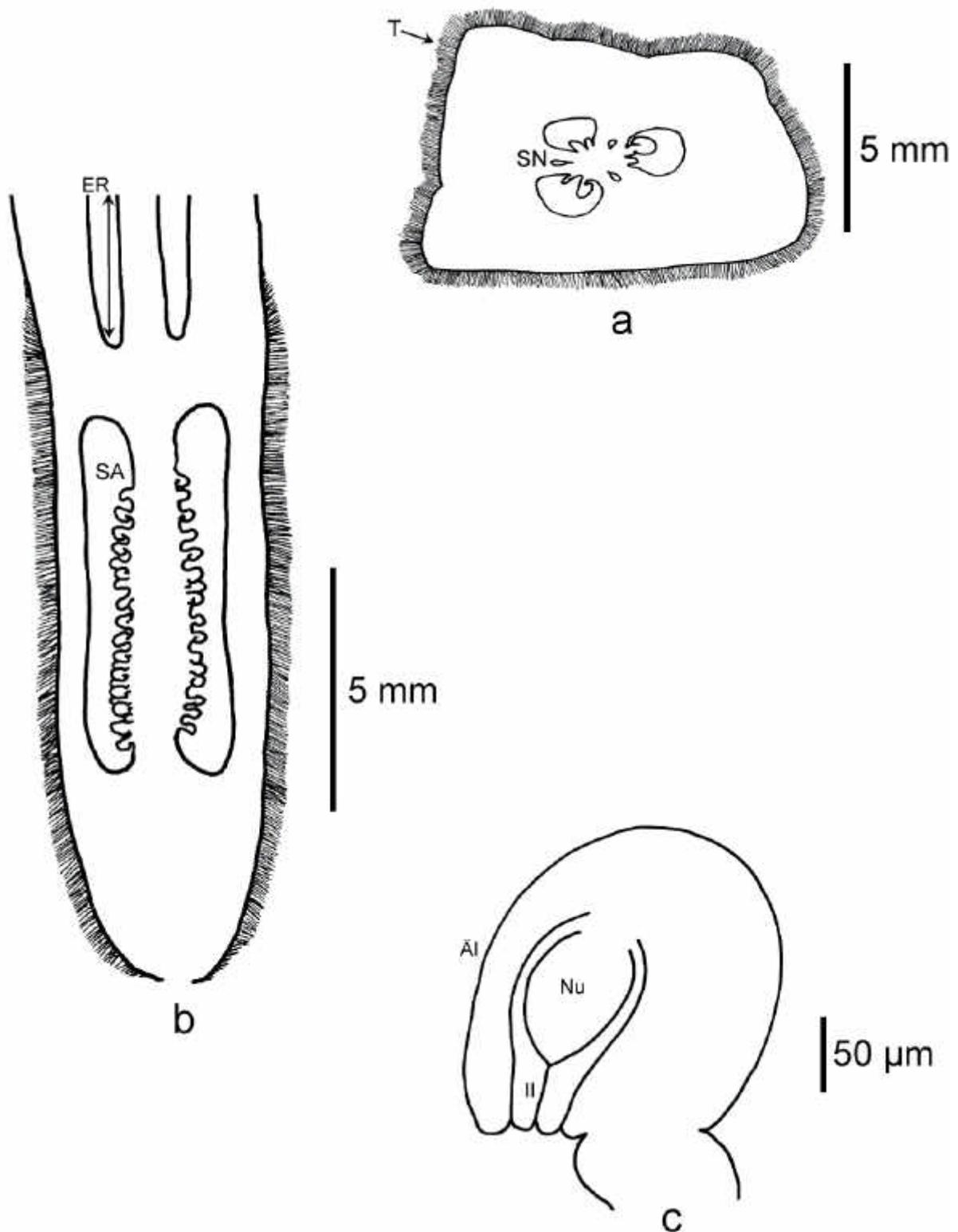


Abb. 102: *Bromelia pinguin*. a) Längsschnitt (Präparat RD88/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD88/B). SN = Septalnektarien, T = Trichome. c) Samenanlage (Präparat RD51/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Bromelia serra* GRISEB.**

Abh. Königl. Ges. Wiss. Göttingen 24: 328. 1879.

Verbreitung: Südbrasilien bis Argentinien.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD97.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 21,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 8,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,6. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: viereckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 3,0 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (414-) 444 (-483) μm .

Samenanlagen, Breite: (322-) 370 (-414) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,1-) 1,3

(-1,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: entlang des ganzen Fruchtfaches. **Samenanlagen,**

Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (23-) 30 (-34) μm . **Funikulus, Breite:** (69-)

71 (-80) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,3-) 0,4 (-0,5). **Mikropyle, Länge:** (125-) 138

(-142) μm . **Mikropyle, Breite:** (68-) 80 (-85) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,7-) 1,7

(-1,8). **Äußeres Integument, Dicke:** 28 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 3.

Inneres Integument, Dicke: 17 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus,**

Länge: (182-) 190 (-199) μm . **Nucellus, Breite:** (148-) 156 (-165) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: 1,2. **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 0. **Plazentazellen, Länge:**

57 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 5.

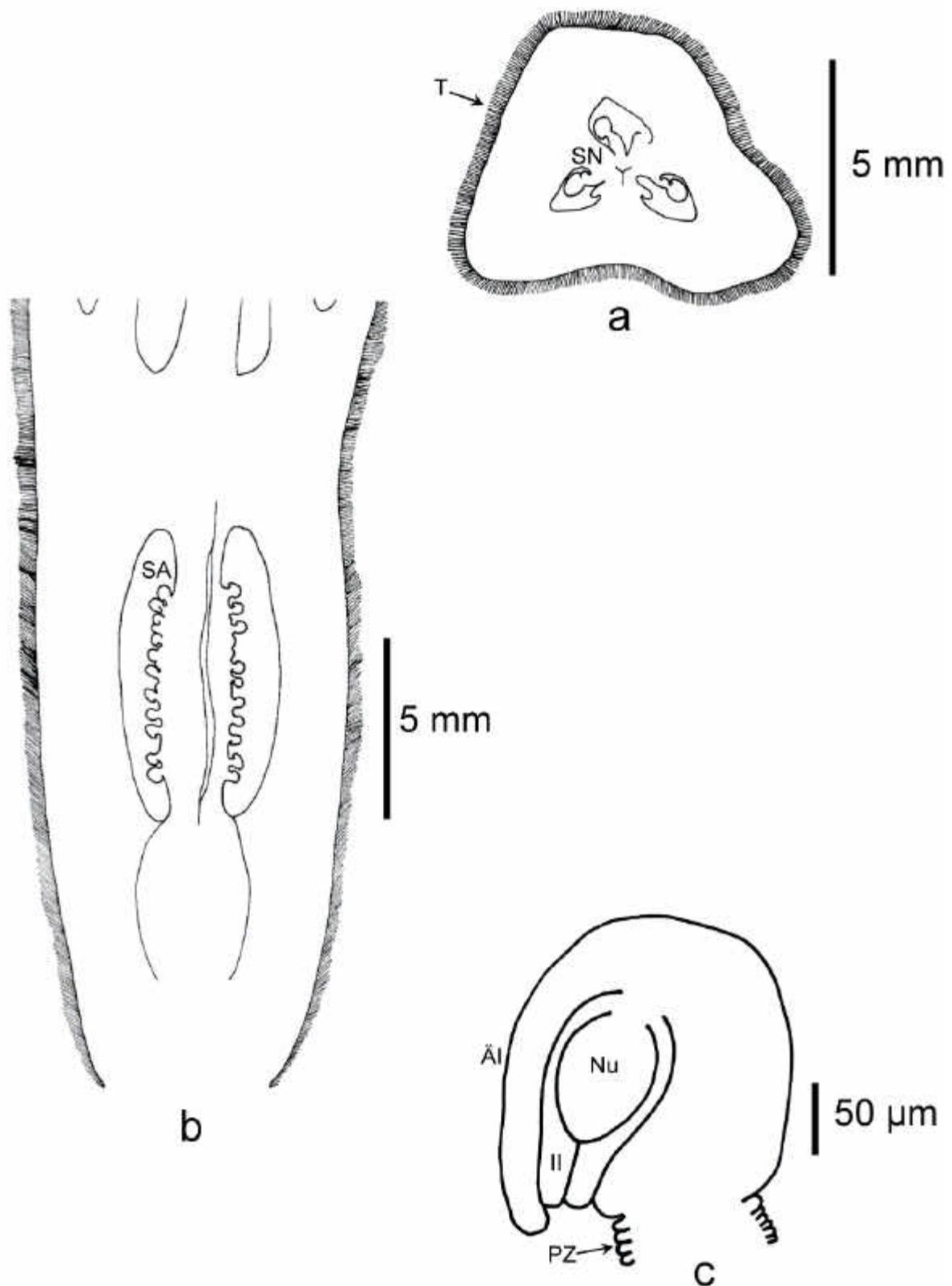


Abb. 103: *Bromelia serra*. a) Längsschnitt (Präparat RD97/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD97/B). SN = Septalnectarien, T = Trichome. c) Samenanlage (Präparat RD97/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus, PZ = Plazentazellen.

***Canistrum* E. MORR.**

Belgique Hort. 23: 257. 1873.

Typus-Art: *Canistrum aurantiacum* E. MORR.

Belgique Hort. 23: 257. Taf. 15. 1873.

(Typus-Art untersucht).

***Canistrum aurantiacum* E. MORR.**

Belgique Hort. 23: 257. Taf. 15. 1873.

Verbreitung: Brasilien, Estado Pernambuco.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104298.

Sammelnummer: RD62.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 12,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,4. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.
Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 6,3 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (207-) 225 (-241) μm . **Samenanlagen, Breite:** (172-) 179 (-184) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (3,4-) 3,4 (-3,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (322-) 331 (-345) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (69-) 76 (-80) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (4,0-) 4,4 (-4,7). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** 57 μm . **Funikulus, Breite:** 57 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 1. **Mikropyle, Länge:** 69 μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 62 (-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,1 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (165-) 170 (-176) μm . **Nucellus, Breite:** (120-) 126 (-131) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,3 (-1,5). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 31 (-34) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 9 (-11) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,5-) 3,3 (-6,0).

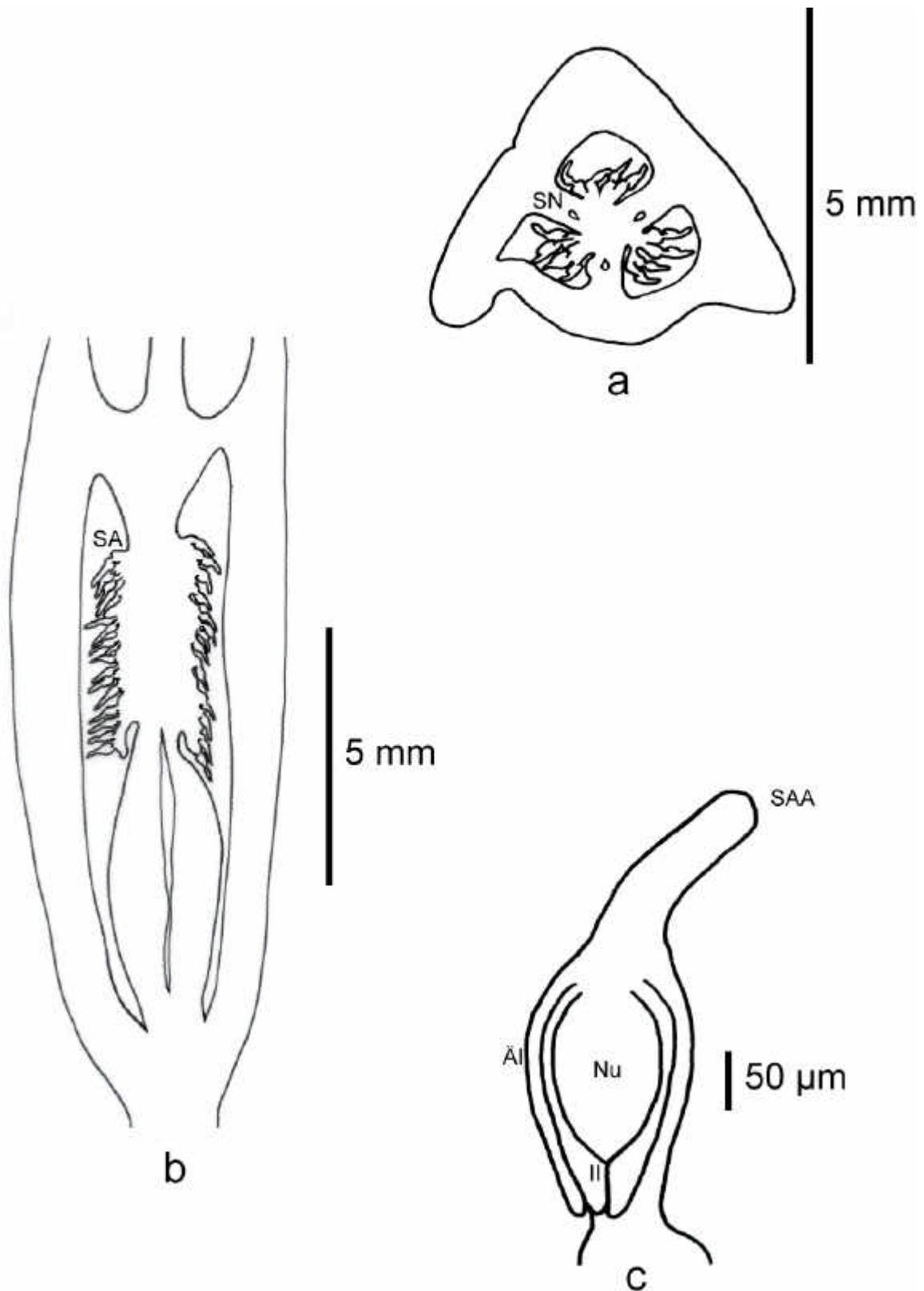


Abb. 104: *Canistrum aurantiacum*. a) Längsschnitt (Präparat RD62/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD62/B). SN = Septalnectarien. c) Samenanlage (Präparat RD62/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Canistropsis* (MEZ) LEME**

Canistropsis: *Bromel. Atlantic For.* 20. 1998.

Typus-Art: *Canistropsis microps* (E. MORR. ex MEZ) LEME.

Canistropsis: *Bromel. Atlantic For.* 20. 1998.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Canistropsis billbergioides* (SCHULT. f.) LEME**

Canistropsis: *Bromel. Atlantic For.* 45. 1998.

Basionym: *Hohenbergia billbergioides* SCHULT. f.

Syst. Veg. 7(2): 1253. 1830.

Verbreitung: Brasilien, Estado Sao Paulo, Halbinsel Guaruya.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 102817.

Sammelnummer: RD20.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,33. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite ? 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** umgekehrt eiförmig.

Fruchtknoten, Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt.

Fruchtknoten, Flügel: fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten,**

Rinntiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,8 mm.

Samenanlagen pro Fruchtfach: 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:**

gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (149-) 170 (-184) μm .

Samenanlagen, Breite: (103-) 110 (-126) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,0-) 2,2

(-2,4). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: (69-) 76 (-80) μm . **Funikulus, Breite:** (57-) 64 (-69) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: 1,2. **Mikropyle, Länge:** (46-) 51 (-57) μm . **Mikropyle, Breite:** (34-) 39

(-46) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,3 (-1,7). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm .

Äußeres Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** (8-) 10 (-11) μm .

Inneres Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (80-) 88 (-91) μm . **Nucellus,**

Breite: (46-) 52 (-57) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,4-) 1,6 (-2,0). **Zahl der Furchen auf**

jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (17-) 19 (-23) μm . **Plazentazellen, Breite:**

(8-) 10 (-11) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,5-) 1,8 (-2,7).

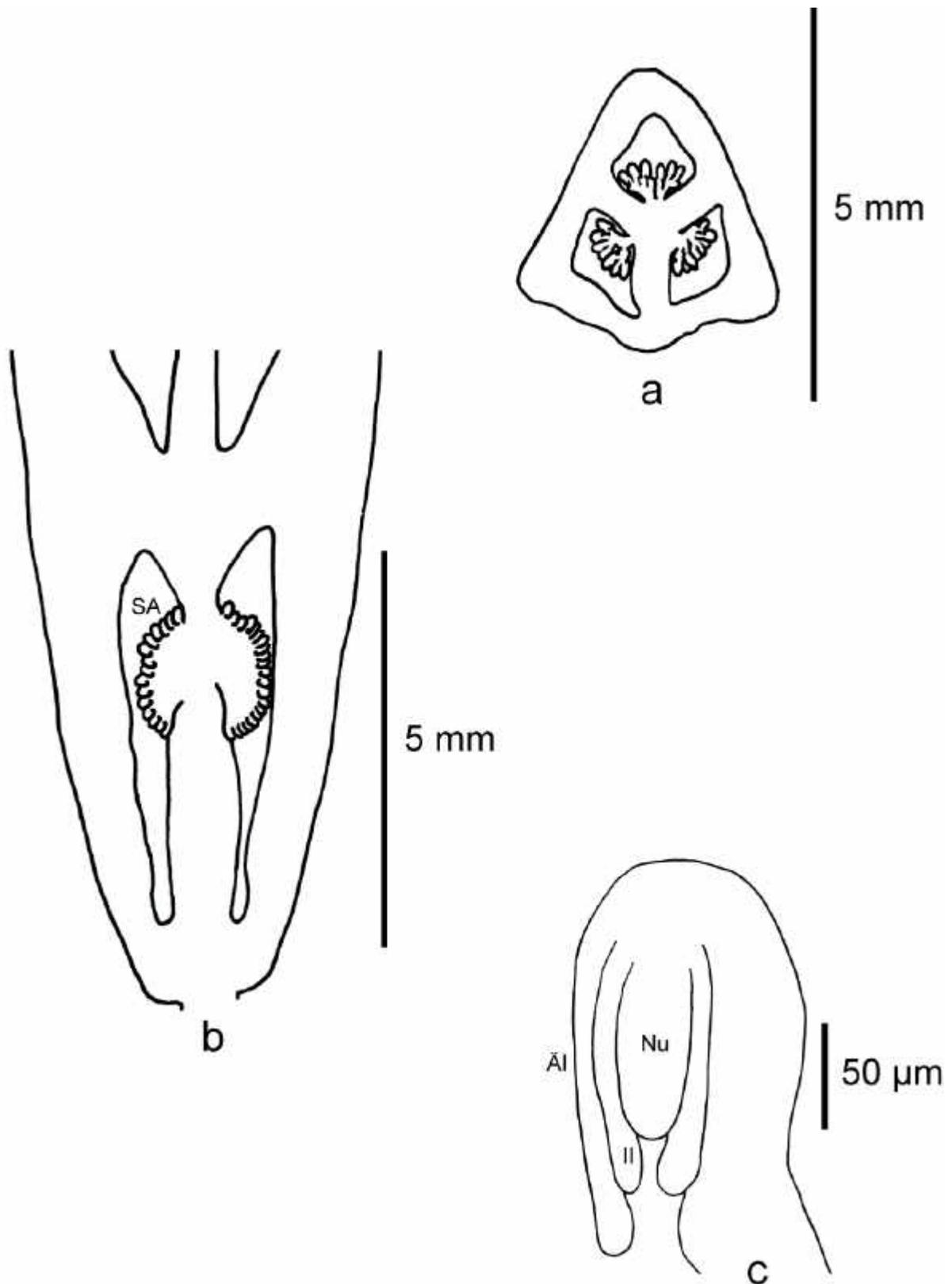


Abb. 105: *Canistropsis billbergioides*. a) Längsschnitt (Präparat RD20/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD20/B). c) Samenanlage (Präparat RD20/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Cryptanthus* OTTO & A. DIETR.**

Allg. Gartenzeitung 4: 297. 1836.

Typus-Art: *Cryptanthus bromelioides* OTTO & A. DIETR.

Allg. Gartenzeitung 4: 297. 1836.

(Typus-Art untersucht).

***Cryptanthus bromelioides* OTTO & A. DIETR.**

Allg. Gartenzeitung 4: 297. 1836.

Verbreitung: Brasilien, Estados São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: Leme2229W.

Sammelnummer: W12.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 9,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,8. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: rechteckig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Fruchtfachrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 7,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 4-9. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im**

Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (787-) 800

(-825) μm . **Samenanlagen, Breite:** (562-) 570 (-587) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:**

(1,5-) 1,6 (-1,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal.

Samenanlagen, Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (87-) 90 (-100) μm .

Funikulus, Breite: 175 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,5-) 0,5 (-0,6). **Mikropyle, Länge:**

(175-) 177 (-187) μm . **Mikropyle, Breite:** (75-) 77 (-87) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:**

(2,1-) 2,3 (-2,3). **Äußeres Integument, Dicke:** 37 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:**

2. **Inneres Integument, Dicke:** 25 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus,**

Länge: (437-) 442 (-450) μm . **Nucellus, Breite:** (250-) 285 (-300) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,5-) 1,5 (-1,8). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 0.

Plazentazellen, Länge: 30 μm . **Plazentazellen, Breite:** 20 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: 1,5.

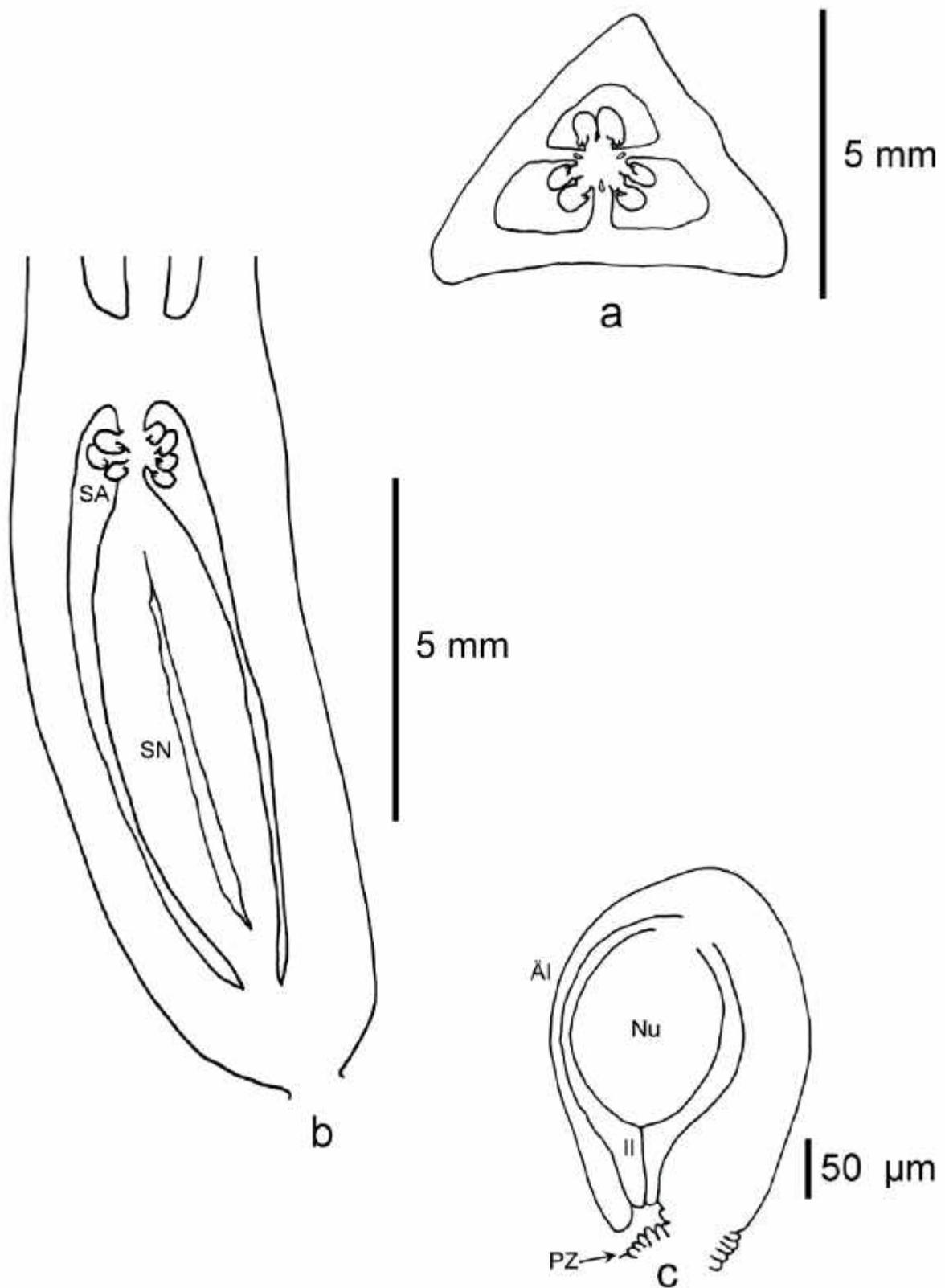


Abb. 106: *Cryptanthus bromelioides*. a) Längsschnitt (Präparat W12/A). SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien b) Querschnitt (Präparat W12/B). c) Samenanlage (Präparat W12/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus, PZ = Plazentazellen.

***Deinacanthon* MEZ**

Monogr. Phan. 9: 12. 1896.

Typus-Art: *Deinacanthon urbanianum* (MEZ) MEZ

Monogr. Phan. 9: 13. 1896.

(Typus-Art untersucht).

***Deinacanthon urbanianum* (MEZ) MEZ**

Monogr. Phan. 9: 13. 1896.

Basionym: *Rhodostachys urbaniana* MEZ

Fl. Bras. 3(3): 182, Taf. 51. 1891.

Verbreitung: Bolivien, Paraguay, Argentinien.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 105010. (R:31035).

Sammelnummer: RD25.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 12,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 8,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,5. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig. Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 16,0 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (1023-) 1046 (-1058) µm.

Samenanlagen, Breite: (-897) 918 (-931) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** 1,1.

Samenanlagen, Anhängselform: fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm.

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: entlang des ganzen Fruchtfaches. **Samenanlagen,**

Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** 0 µm. **Funikulus, Breite:** 0 µm. **Funikulus,**

Länge/Breite: -. **Mikropyle, Länge:** (115-) 122 (-126) µm. **Mikropyle, Breite:** (80-) 87

(-92) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,2-) 1,4 (-1,6). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 µm.

Äußeres Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 µm. **Inneres**

Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (239-) 244 (-245) µm. **Nucellus, Breite:**

(171-) 175 (-177) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** 1,4. **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 0. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 32 (-34) µm. **Plazentazellen, Breite:** (11-)

15 (-17) µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,0-) 2,1 (-2,5).

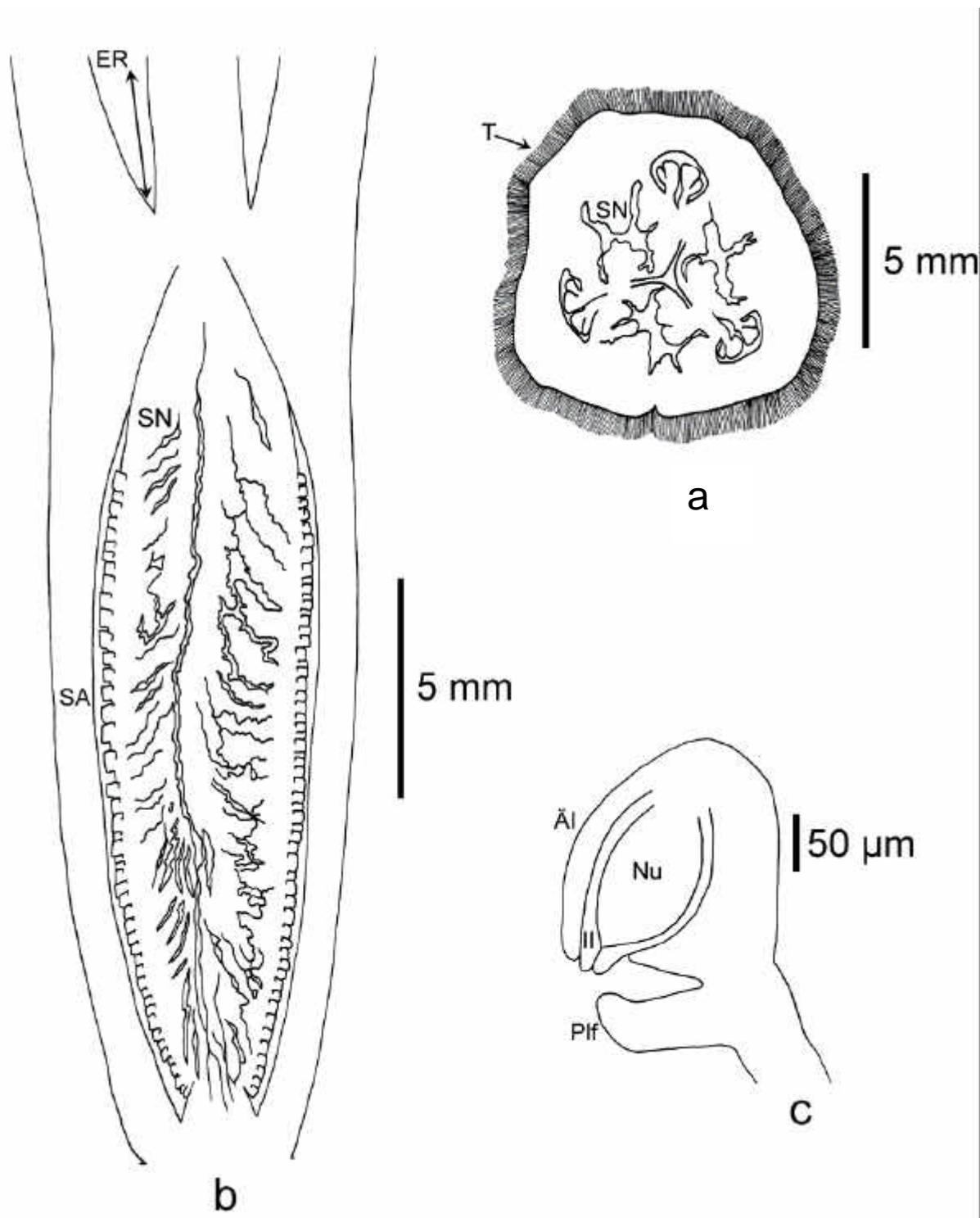


Abb. 107: *Deinacanthon urbanianum*. a) Längsschnitt (Präparat RD25/10). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, SN = Septalnektarien. b) Querschnitt (Präparat RD25/14). SN = Septalnektarien, T = Trichome. c) Samenanlage (Präparat RD25/15) ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Edmundoa* LEME**

Canistrum: Bromel. Atl. For. 46. 1997.

Typus-Art: *Edmundoa ambigua* (WAND. & LEME) LEME.

Canistrum: Bromel. Atl. For. 46. 1997.

(Typus-Art untersucht).

***Edmundoa ambigua* (WAND. & LEME) LEME**

Canistrum: Bromel. Atl. For. 46. 1997.

Verbreitung: Brasilien, Estado Santa Catarina.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: Leme2935. A:B97B428-1.

Sammelnummer: W14.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,7. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit
Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** umgekehrt eiförmig.

Fruchtknoten, Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt.

Fruchtknoten, Flügel: fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten,**

Rinntiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 4,6 mm.

Samenanlagen pro Fruchtfach: 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:**

gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (345-) 391 (-414) µm.

Samenanlagen, Breite: (126-) 131 (-138) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (3,1-) 3,4

(-3,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm.

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop.

Funikulus, Länge: (46-) 55 (-69) µm. **Funikulus, Breite:** (57-) 62 (-69) µm. **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,7-) 0,8 (-1,0). **Mikropyle, Länge:** (46-) 51 (-57) µm. **Mikropyle, Breite:**

(59-) 62 (-67) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,7-) 0,8 (-1,0). **Äußeres Integument, Dicke:**

11 µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 6 µm. **Inneres**

Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (239-) 258 (-267) µm. **Nucellus, Breite:**

(137-) 149 (-154) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** 1,7. **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 3. **Plazentazellen, Länge:** 28 µm. **Plazentazellen, Breite:** 11 µm.

Plazentazellen, Länge/Breite: 2,5.

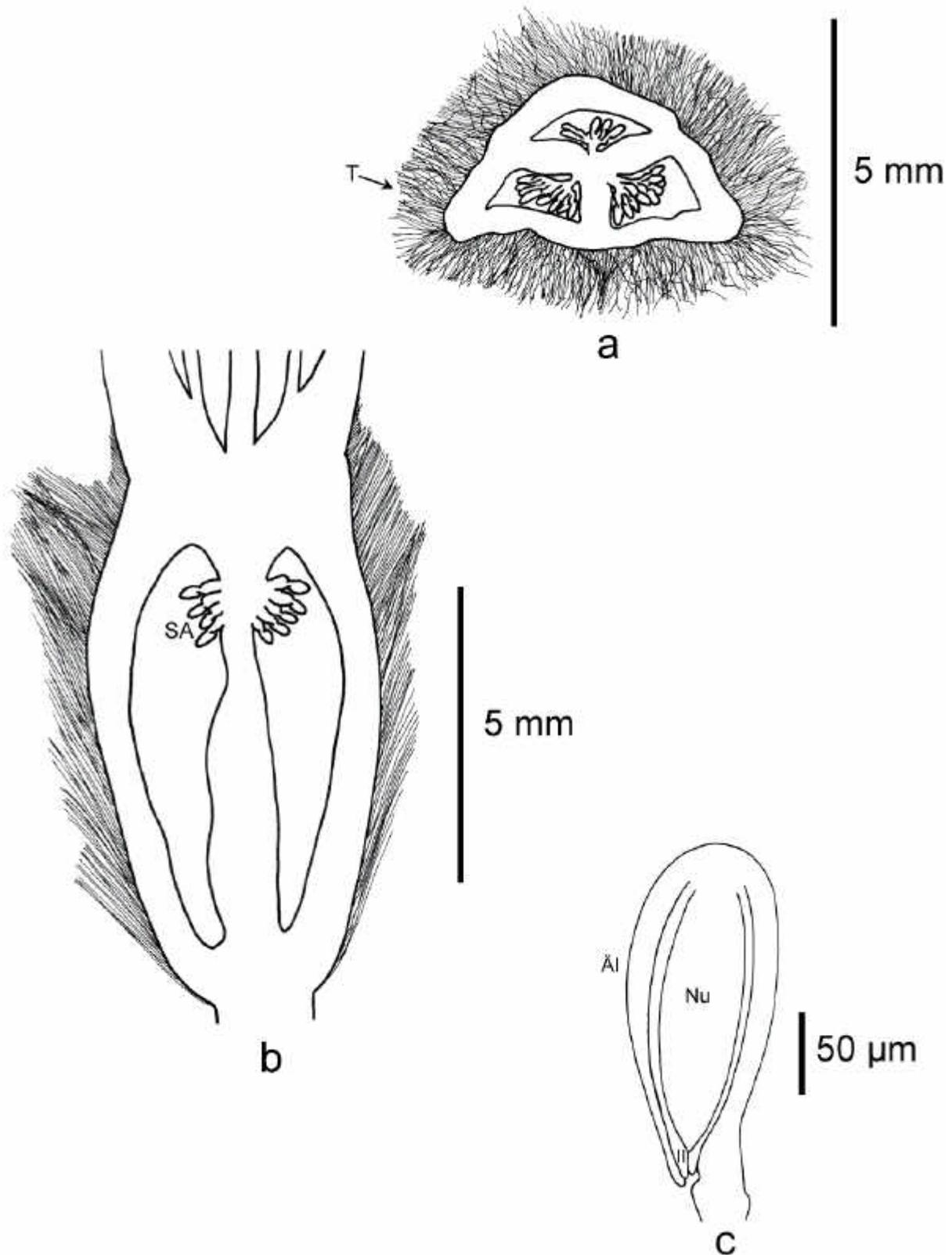


Abb. 108: *Edmundoa ambigua*. a) Längsschnitt (Präparat W14/A). T = Trichome . b) Querschnitt (Präparat RDW14/B). SA = Samenanlagen. c) Samenanlage (Präparat W14/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

Edmundoa lindenii* (REGEL) LEME var. *lindenii

Canistrum: *Bromel. Atl. For.* 46. 1997.

Verbreitung: Brasilien, Estado Santa Catarina.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104102.

Sammelnummer: RD78.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 3,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,4. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig.
Fruchtknoten, Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.
Septalnektarien, Höhe: 3,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (376-) 379 (-396) μm . **Samenanlagen, Breite:** (272-) 281 (-292) μm .
Samenanlagen, Länge/Breite: (1,3-) 1,4 (-1,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm .
Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (20-) 25 (-30) μm . **Funikulus, Breite:** (64-) 71 (-74) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,3-) 0,3 (-0,4). **Mikropyle, Länge:** (74-) 77 (-84) μm . **Mikropyle, Breite:** (59-) 68 (-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,1-) 1,1 (-1,3). **Äußeres Integument, Dicke:** 20 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 15 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (198-) 201 (-208) μm . **Nucellus, Breite:** (99-) 104 (-109) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,8-) 1,9 (-2,0). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 3.
Plazentazellen, Länge: (20-) 27 (-40) μm . **Plazentazellen, Breite:** (10-) 12 (-15) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,3-) 2,2 (-3,0).

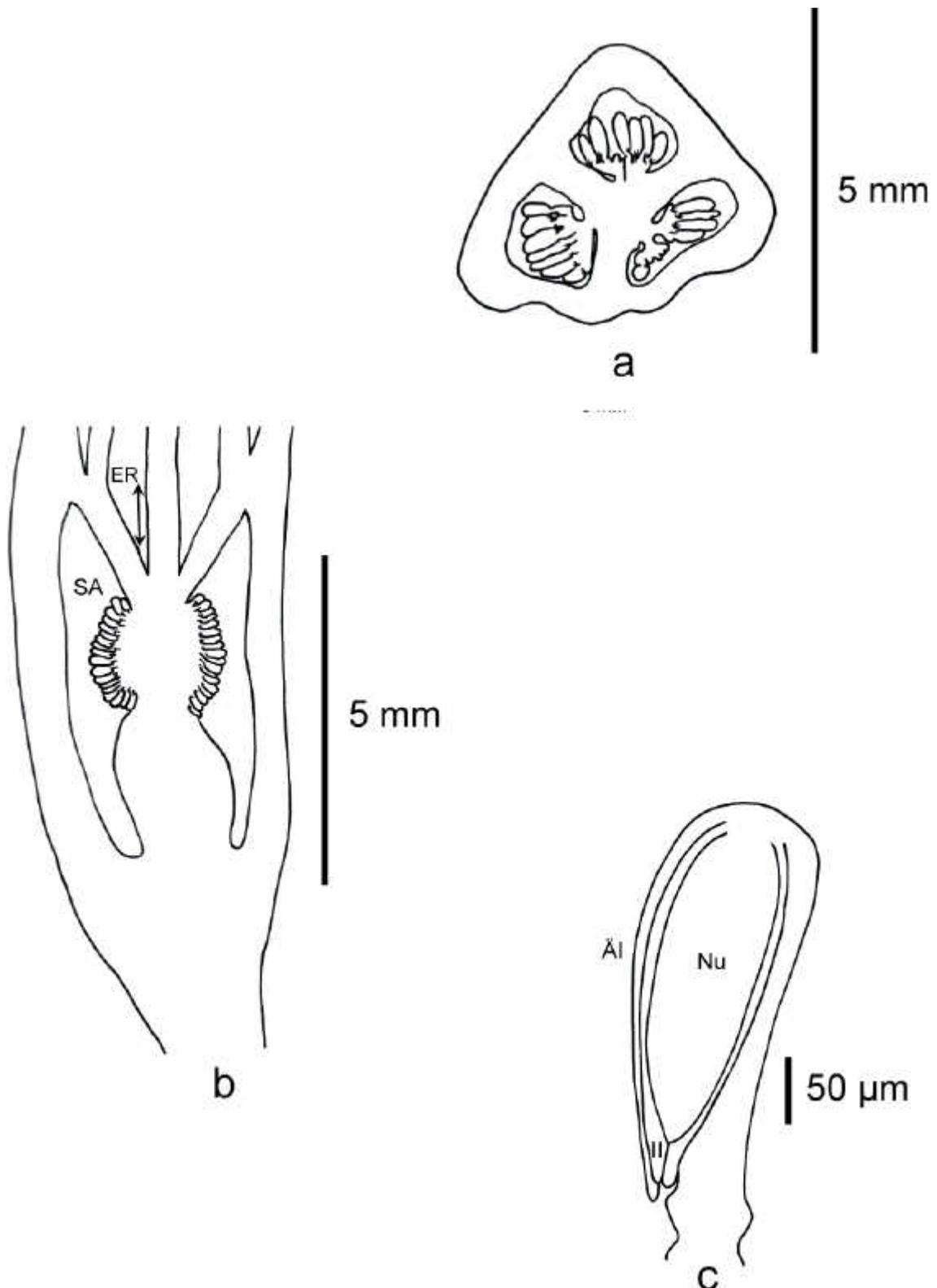


Abb. 109: *Edmundoa lindenii* var. *lindenii*. a) Längsschnitt (Präparat RD78/A). b) Querschnitt (Präparat RD78/B). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. c) Samenanlage (Präparat RD78/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Fascicularia* MEZ**

Fl. Bras. 3(3): 627. 1894.

Typus-Art: *Fascicularia bicolor* (RUIZ & PAV.) MEZ.

Monogr. Phan. 9: 9. 1896.

(Typus-Art nicht untersucht).

Fascicularia bicolor* (RUIZ & PAV.) MEZ subsp. *bicolor

Monogr. Phan. 9: 9. 1896.

Basionym: *Bromelia bicolor* RUIZ & PAV.

Fl. Peruv. 3: 33. 1802.

Verbreitung: Chilenische Küstenregion.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130079.

Sammelnummer: RD66.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 22,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 8,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,7. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 8,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (379-)

407 (-437) µm. **Samenanlagen, Gesamtlänge:** (471-) 490 (-506) µm. **Samenanlagen,**

Breite: (241-) 255 (-264) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,9-) 1,9 (-2,0).

Samenanlagen, Anhängselform: fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm.

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:. SA entlang des ganzen Fruchtfaches. **Samenanlagen,**

Orientierung: waagrecht. **Funikulus, Länge:** (69-) 83 (-92) µm. **Funikulus, Breite:** 92 µm.

Funikulus, Länge/Breite: (0,7-) 0,9 (-1,0). **Mikropyle, Länge:** 126 µm. **Mikropyle, Breite:**

(46-) 53 (-57) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (2,2-) 2,4 (-2,7). **Äußeres Integument, Dicke:**

17 µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 µm.

Inneres Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (250-) 256 (-262) µm. **Nucellus,**

Breite: (160-) 169 (-177) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,5 (-1,6). **Zahl der Furchen**

auf jeder Plazentahälfte: 0. **Plazentazellen, Länge:** 23 µm. **Plazentazellen, Breite:** 11 µm.

Plazentazellen, Länge/Breite: 2.

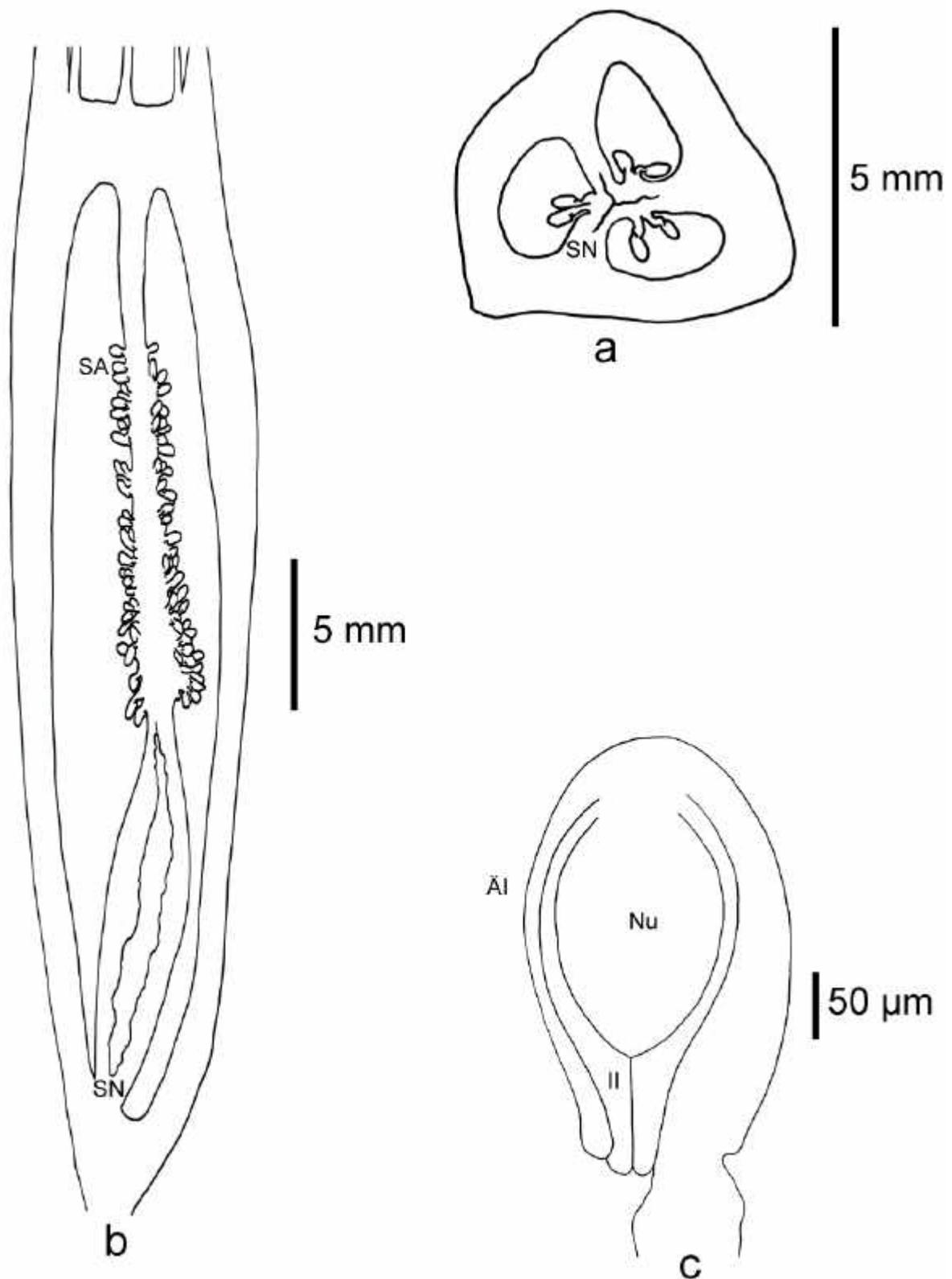


Abb. 110: *Fascicularia bicolor* subsp. *bicolor*. a) Längsschnitt (Präparat RD66/a). SN = Septalnektarien. b) Querschnitt (Präparat RD66/B). SA = Samenanlagen. c) Samenanlage (Präparat RD66/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Fernseea* BAKER**

Handb. Bromel. 19. 1889.

Typus-Art: *Fernseea itatiaiae* (WAWRA) BAKER.

Handb. Bromel. 20. 1889.

(Typus-Art untersucht).

***Fernseea itatiaiae* (WAWRA) BAKER**

Handb. Bromel. 20. 1889.

Basionym: *Bromelia itatiaiae* WAWRA.

Oesterr. Bot. Z. 30: 114. 1880.

Verbreitung: Brasilien, Estado Minas Gerais.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 102174.

Sammelnummer: RD63.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,2 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,3. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig. Trichomfortsätze mit Länge:Breite ? 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rechteckig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** gerinnt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** vorhanden, Septal- und Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** Flach und Tief. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 3,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (276-) 285 (-299) µm. **Samenanlagen, Breite:** (207-) 212 (-218) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,5-) 1,5 (-1,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (34-) 39 (-46) µm. **Funikulus, Breite:** (34-) 39 (-46) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** 1. **Mikropyle, Länge:** (34-) 37 (-46) µm. **Mikropyle, Breite:** (34-) 39 (-46) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,7-) 0,9 (-1,0). **Äußeres Integument, Dicke:** (17-) 18 (-23) µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** (11-) 12 (-17) µm. **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (160-) 165 (-171) µm. **Nucellus, Breite:** (131-) 137 (-142) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** 1,2. **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 0. **Plazentazellen, Länge:** (17-) 20 (-23) µm. **Plazentazellen, Breite:** (6-) 9 (-11) µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,5-) 2,2 (-4,0).

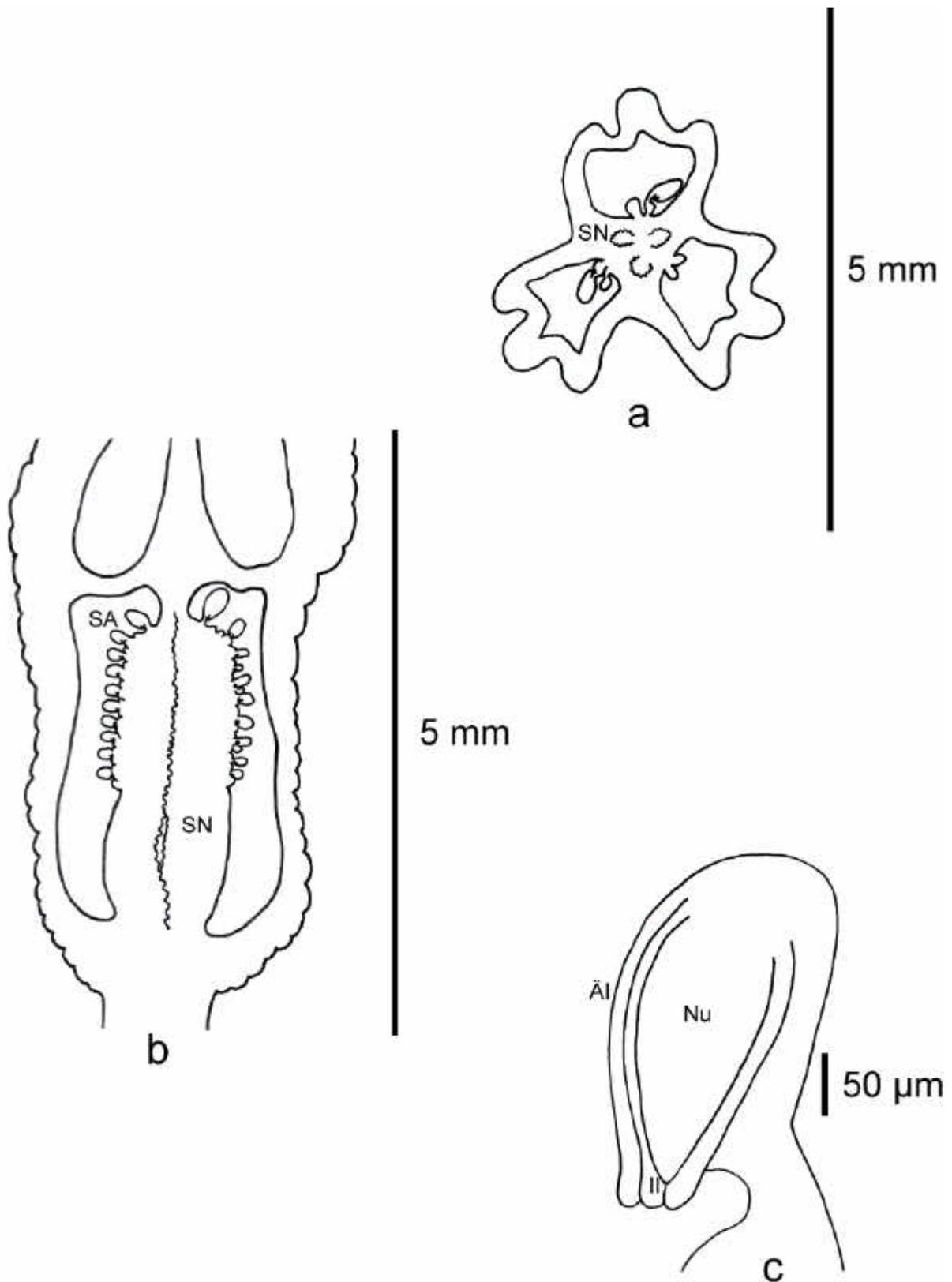


Abb. 111: *Fernseea itatiaiae*. a) Längsschnitt (Präparat RD63/A). SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien. b) Querschnitt (Präparat RD63/B). SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD63/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Greigia* REGEL**

Gartenflora 14: 137. Taf. 474. 1865.

Typus-Art: *Greigia sphacelata* (RUIZ & PAV.) REGEL.

Gartenflora 14: 137. Taf. 474. 1865.

(Typus-Art untersucht).

***Greigia sphacelata* (RUIZ & PAV.) REGEL**

Gartenflora 14: 137, Taf. 474. 1865.

Basionym: *Bromelia sphacelata* RUIZ & PAV.

Fl. Peruv. 3: 32. 1802.

Verbreitung: Venezuela bis Chile, Andenregion.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103526.

Sammelnummer: RD105a.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 23,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 7,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 3,3. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 6,3 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (759-) 791

(-839) μm . **Samenanlagen, Breite:** (529-) 566 (-609) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:**

(1,3-) 1,5 (-1,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** entlang des ganzen

Fruchtfaches. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (46-) 57

(-69) μm . **Funikulus, Breite:** 115 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,5-) 0,6 (-0,7).

Mikropyle, Länge: (161-) 184 (-207) μm . **Mikropyle, Breite:** (230-) 244 (-264) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: (0,6-) 0,8 (-0,9). **Äußeres Integument, Dicke:** 34 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 23 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (414-) 442 (-460) μm . **Nucellus, Breite:** (368-) 405

(-448) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,0-) 1,1 (-1,2). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 0. **Plazentazellen, Länge:** 11 μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: 2.

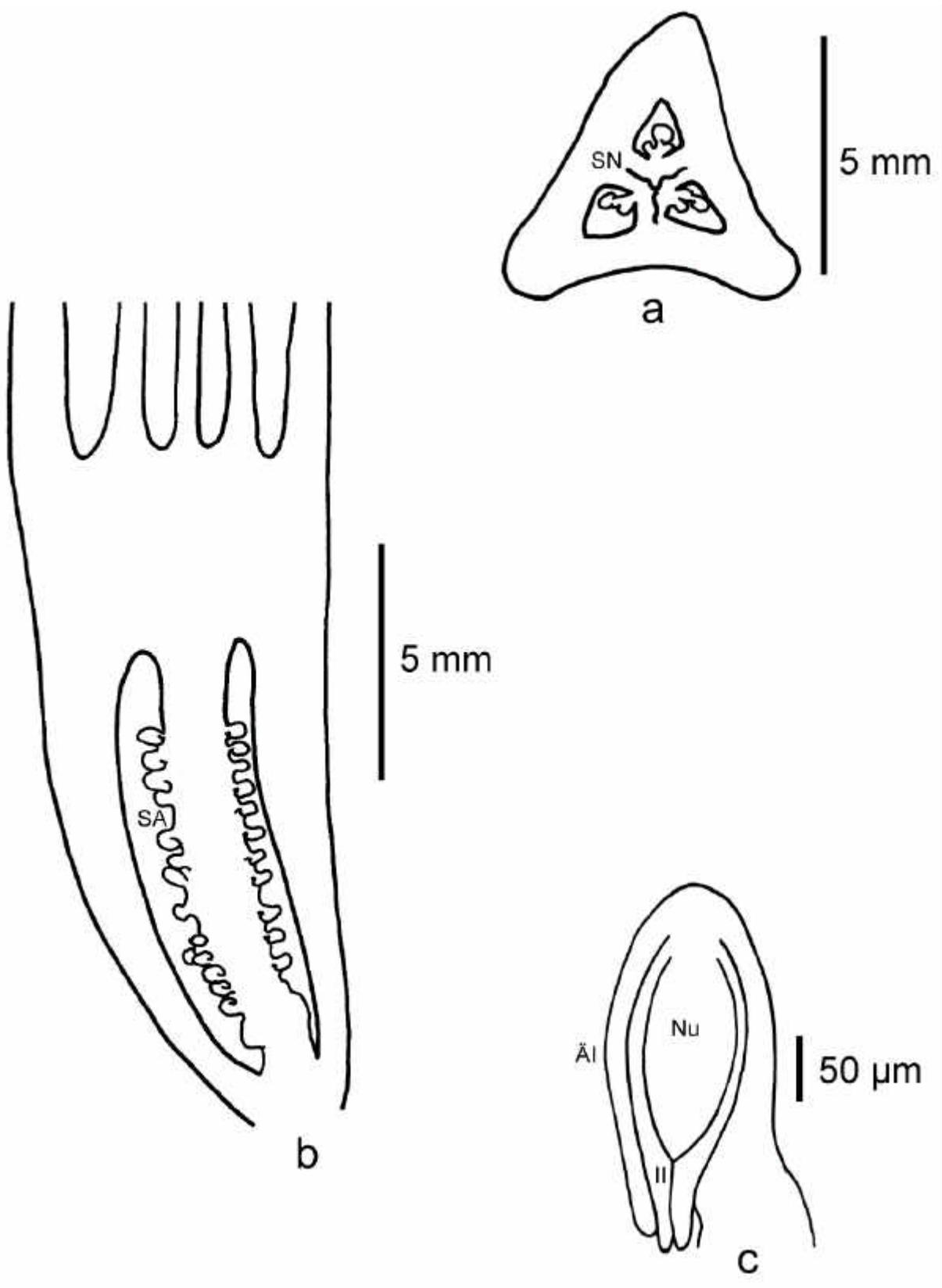


Abb. 112: *Greigia sphacelata*. a) Längsschnitt (Präparat RD105a/A). SN = Septalnectarien b) Querschnitt (Präparat RD105a/B). SA = Samenanlagen c) Samenanlage (Präparat RD105/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Hohenbergia* SCHULTES f.**

Syst. Veg. 7(2): 1251. 1830.

Typus Art: *Hohenbergia stellata* SCHULTES f.

Syst. Veg. 7(2): 1251. 1830.

(Typus-Art untersucht).

***Hohenbergia correia-araujoi* E. PEREIRA & MOUNTINHO**

Bradea 3: 88-9, 93, 98. 1980.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103811.

Sammelnummer: RD100.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** Sternförmige Trichome mit langen Fortsätzen. Trichomfortsätze mit Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig.

Fruchtknoten, Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:**

Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 1,7 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (207-) 235 (-264) μm . **Samenanlagen, Breite:** (161-) 170 (-184) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (3,2-) 3,4 (-3,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade.

Samenanlagen, Anhängsellänge: (276-) 294 (-322) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (92-) 99 (-115) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (2,4-) 3,0 (-3,2).

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop.

Funikulus, Länge: (34-) 51 (-57) μm . **Funikulus, Breite:** (115-) 129 (-138) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,3-) 0,4 (-0,5). **Mikropyle, Länge:** (57-) 71 (-80) μm . **Mikropyle, Breite:**

(69-) 83 (-92) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,8-) 0,8 (-0,9). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm .

Inneres Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (160-) 172 (-182) μm . **Nucellus,**

Breite: (131-) 148 (-165) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,0-) 1,2 (-1,2). **Zahl der Furchen**

auf jeder Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (57-) 59 (-63) μm . **Plazentazellen,**

Breite: (11-) 14 (-17) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (3,7-) 4,0 (-5,0).

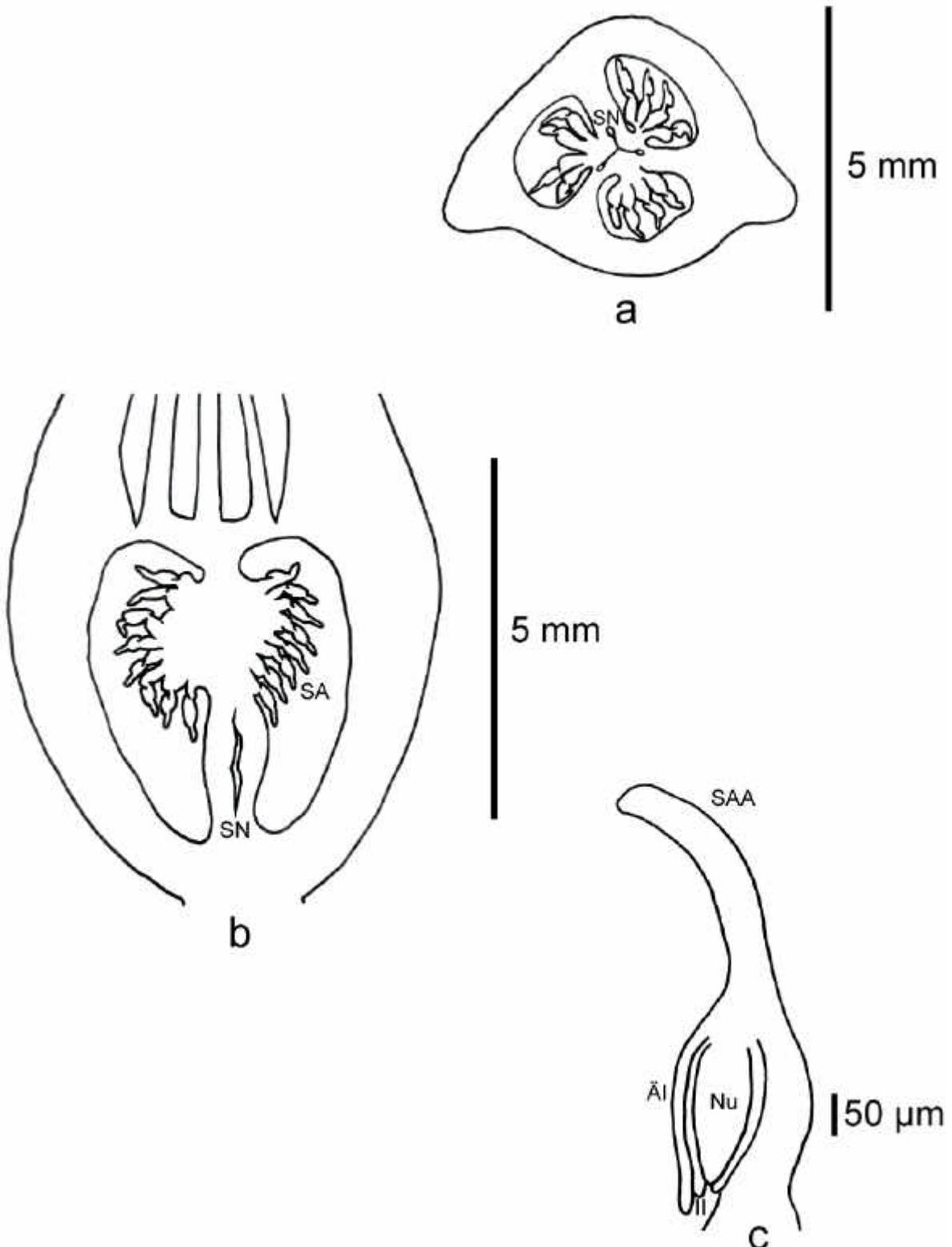


Abb. 113: *Hohenbergia correia-araujoi*. a) Längsschnitt (Präparat RD100/A). SN = Septalnektarien. b) Querschnitt (Präparat RD100/B). SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD100/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus, SAA = Samenanlagenanhängsel.

***Hohenbergia distans* (GRISEB.) BAKER**

Refug. Bot. 4: Taf. 284. 1871.

Basionym: *Aechmea distans* GRISEB.

Fl. Brit. W. I. 592. 1864.

Verbreitung: Jamaika.

Lebensammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 102378.

Sammelnummer: RD18.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,0. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** Sternförmige Trichome.

Trichomfortsätze mit Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:**

umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (218-) 232

(-241) μm . **Samenanlagen, Gesamtlänge:** (299-) 310 (-322) μm . **Samenanlagen, Breite:**

(115-) 124 (-138) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,2-) 2,5 (-2,8). **Samenanlagen,**

Anhängselform: fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (69-) 78

(-80) μm . **Funikulus, Breite:** 57 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,2-) 1,4 (-1,4). **Mikropyle,**

Länge: 69 μm . **Mikropyle, Breite:** 46 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** 1,5. **Äußeres**

Integument, Dicke: 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (148-) 152

(-154) μm . **Nucellus, Breite:** (63-) 67 (-68) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,2-) 2,2 (-2,4).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (57-) 64 (-68) μm .

Plazentazellen, Breite: 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (5,0-) 5,6 (-6,0).

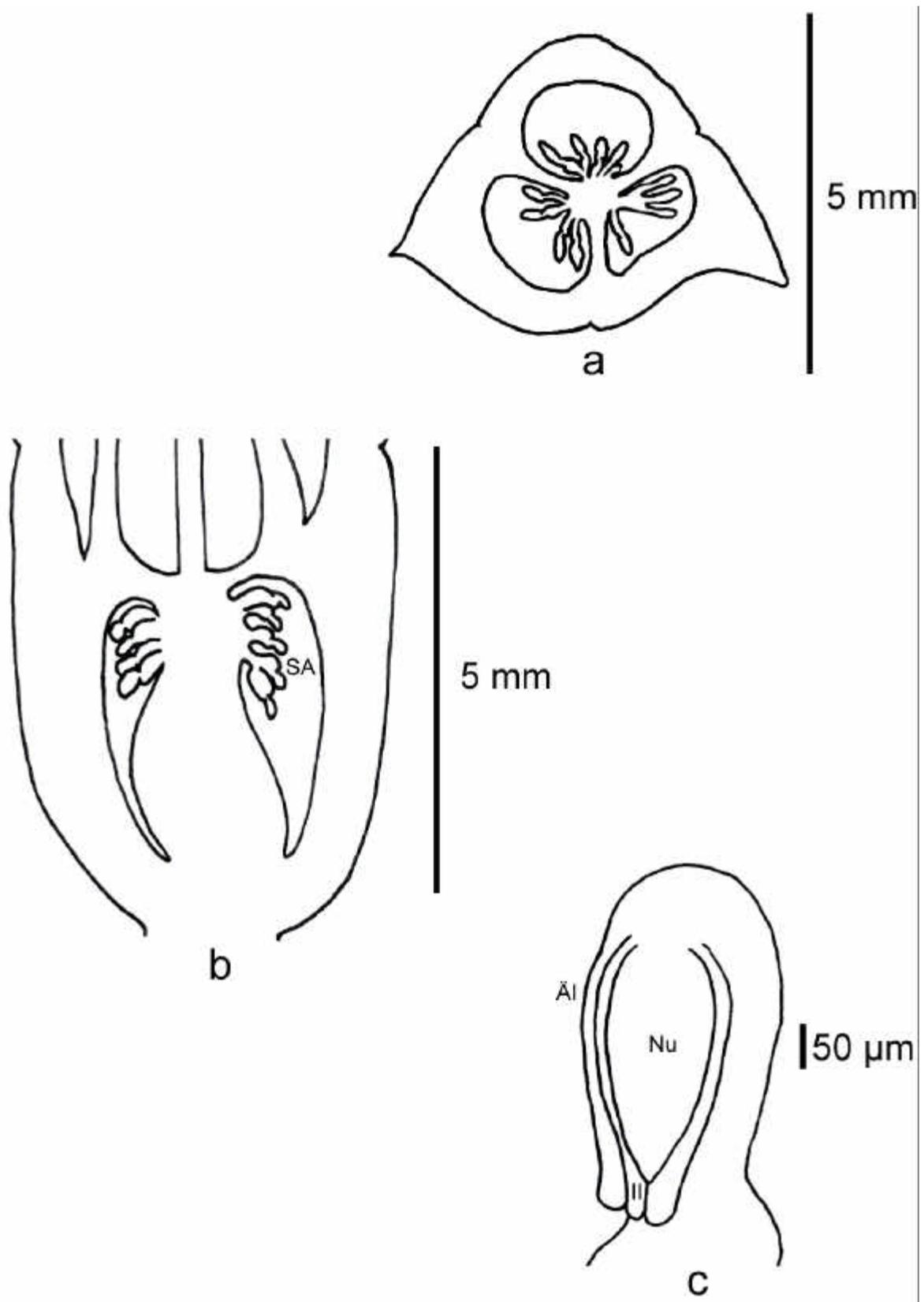


Abb. 114: *Hohenbergia distans*. a) Längsschnitt (Präparat RD18/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD18/B). c) Samenanlage (Präparat RD18/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus

***Hohenbergia humilis* L. B. SM. & READ**

Phytologia 33(7): 437, Taf. 2, Abb. C, D. 1976.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130423.

Sammelnummer: RD19.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 0,8. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** Sternförmige Trichome.

Trichomfortsätze mit Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:**

umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 0,6 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 2. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im**

Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (241-) 255

(-264) μm . **Samenanlagen, Breite:** (161-) 166 (-172) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:**

(1,6-) 1,7 (-1,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen,**

Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** 23 μm . **Funikulus, Breite:** 46 μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: 0,5. **Mikropyle, Länge:** (57-) 62 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 62

(-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** 1. **Äußeres Integument, Dicke:** 23 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 17 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (125-) 131 (-137) μm . **Nucellus, Breite:** (80-) 82

(-85) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (63-) 68 (-74) μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: (5,5-) 6,0 (-6,5).

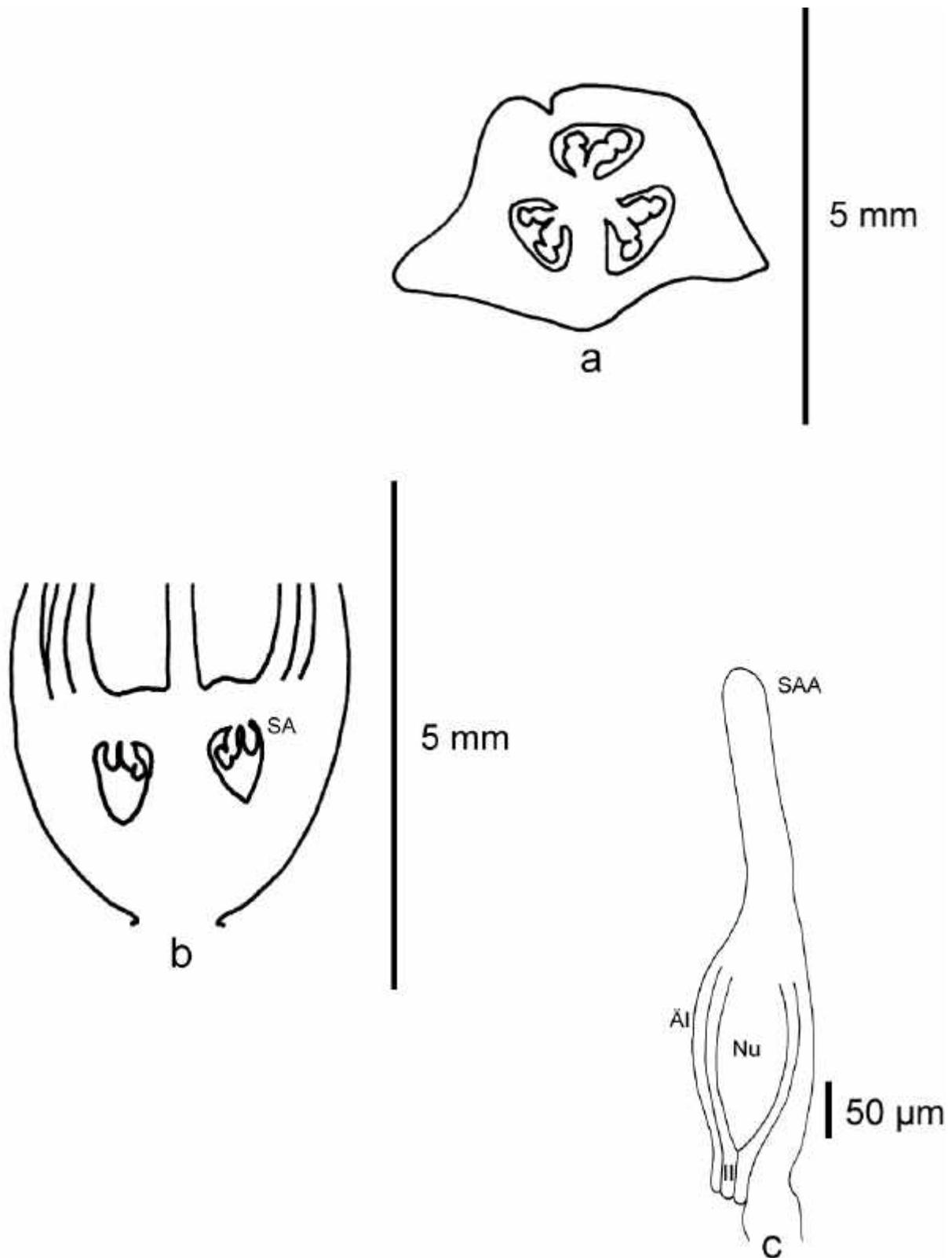


Abb. 115: *Hohenbergia humilis*. a) Längsschnitt (Präparat RD19/A). SA = Samenanlagen . b) Querschnitt (Präparat RD19/B). c): Samenanlage (Präparat RD19/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Hohenbergia rosea* L. B. SM. & READ**

Phytologia 33(7): 435, Taf. 2, Abb. A, B. 1976.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130401.

Sammelnummer: RD68.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,0. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** Sternförmig, Trichomfortsätze mit
Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** umgekehrt eiförmig.

Fruchtknoten, Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt.

Fruchtknoten, Flügel: vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen. **Fruchtknoten,**

Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,0 mm.

Samenanlagen pro Fruchtfach: 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:**

locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (287-) 306 (-322) μm .

Samenanlagen, Breite: (195-) 212 (-230) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,8-) 1,8

(-1,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (46-) 57
(-69) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (46-) 57 (-69) μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: 1. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen,**

Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (23-) 28 (-34) μm . **Funikulus, Breite:** (69-) 74

(-80) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,3-) 0,4 (-0,4). **Mikropyle, Länge:** (92-) 101

(-115) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 55 (-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8

(-2,8). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2.

Inneres Integument, Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus,**

Länge: (331-) 338 (-347) μm . **Nucellus, Breite:** (154-) 162 (-171) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (2,0-) 2,1 (-2,1). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.

Plazentazellen, Länge: 57 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: 5.

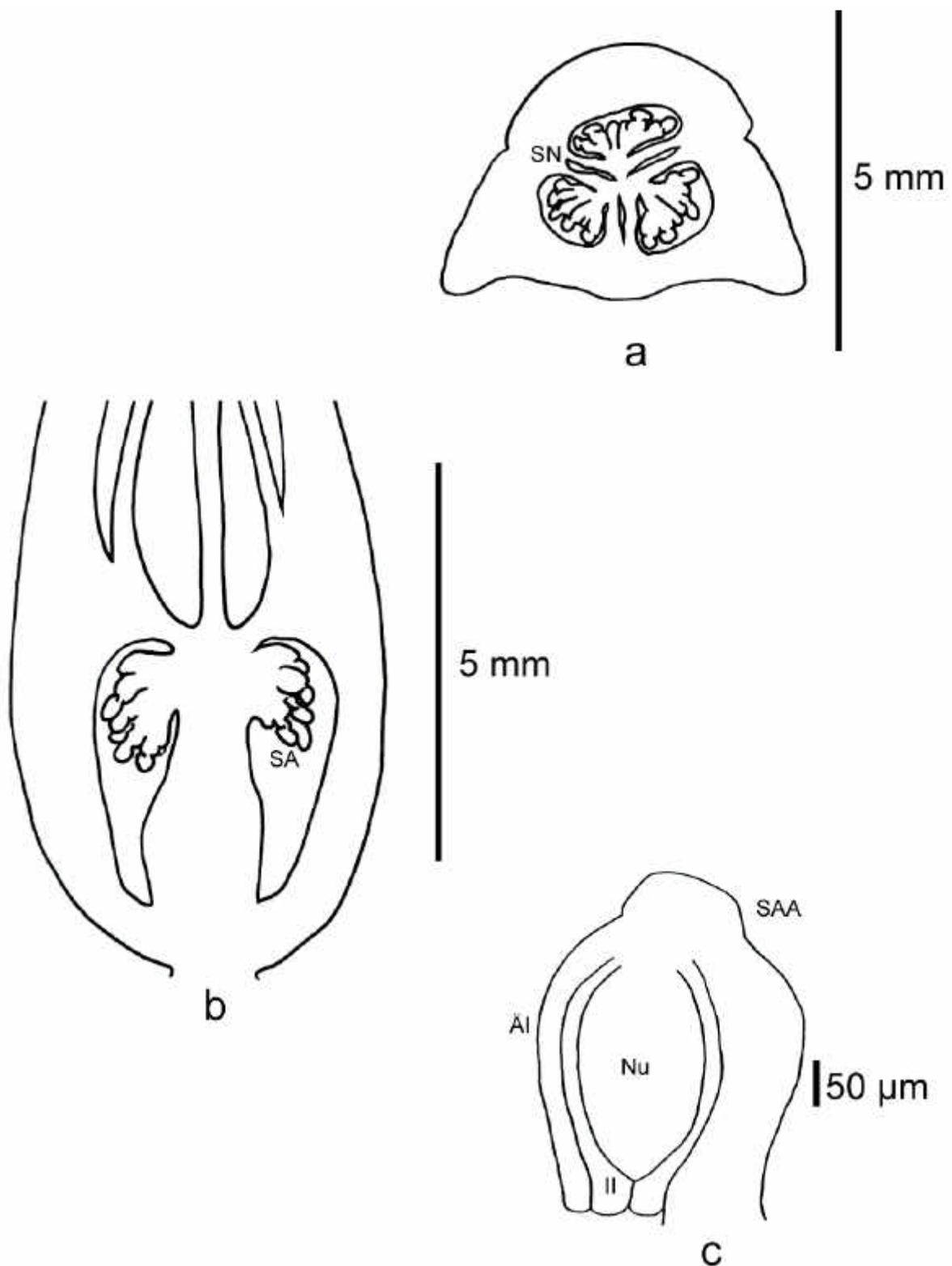


Abb. 116: *Hohenbergia rosea*. a) Längsschnitt (Präparat RD65/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD65/B). SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD65/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Hohenbergia leopoldo-horstii* E. GROSS, RAUH & LEME**

J. Bromeliad Soc. 41(2): 66. 1991.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130307 (R: 70116).

Sammelnummer: RD68.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 0,8. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** Sternförmige Trichome.

Trichomfortsätze mit Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:**

umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 1,8 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (253-

274 (-299) μm . **Samenanlagen, Gesamtlänge:** (299-) 322 (-345) μm . **Samenanlagen,**

Breite: (218-) 228 (-230) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4 (-1,5).

Samenanlagen, Anhängselform: fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop.

Funikulus, Länge: (46-) 48 (-57) μm . **Funikulus, Breite:** (92-) 106 (-115) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,4-) 0,5 (-0,6). **Mikropyle, Länge:** 57 μm . **Mikropyle, Breite:** 46 μm .

Mikropyle, Länge/Breite: 1,25. **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (171-) 174 (-182) μm . **Nucellus, Breite:** (131-) 136 (-137) μm .

Nucellus, Länge/Breite: (1,2-) 1,3 (-1,3). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1.

Plazentazellen, Länge: 34 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: 3.

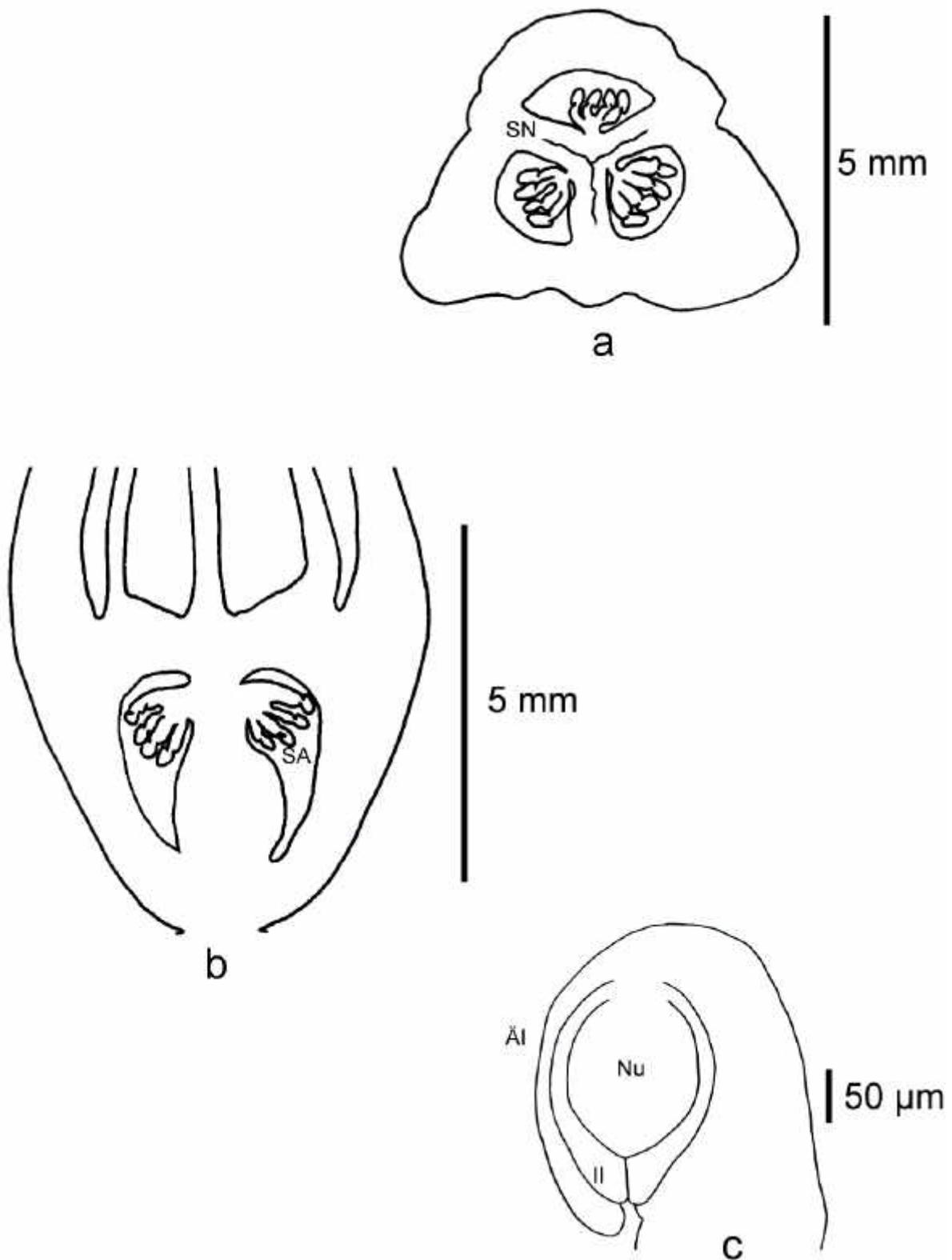


Abb. 117: *Hohenbergia leopoldo-horstii*. a) Längsschnitt (Präparat RD68/A). SN = Septalnectarien. b) Querschnitt (Präparat RD68/B). SA = Samenanlagen. c) Samenanlage (Präparat RD68/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Hohenbergia stellata* SCHULT. f.**

Syst. Veg. 7(2): 1251. 1830.

Verbreitung: Jamaika, Venezuela, Guyana, Brasilien.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD58.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 0,8. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig.

Fruchtknoten, Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:**

Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 2,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (379-) 396 (-414) μm . **Samenanlagen, Breite:** (207-) 214 (-218) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (3,2-) 3,3 (-3,4). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade.

Samenanlagen, Anhängsellänge: (218-) 223 (-230) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:**

(57-) 67 (-69) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge-breite:** (3,2-) 3,3 (-4,0). **Samenanlagen,**

Lage im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:**

(69-) 83 (-92) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 57 (-69) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,3-)

1,4 (-1,7). **Mikropyle, Länge:** (57-) 62 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 62 (-69) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: (0,8-) 1,0 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (199-) 234 (-285) μm . **Nucellus, Breite:** (114-) 117

(-120) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,7-) 2,0 (-2,4). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** 23 μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: 4.

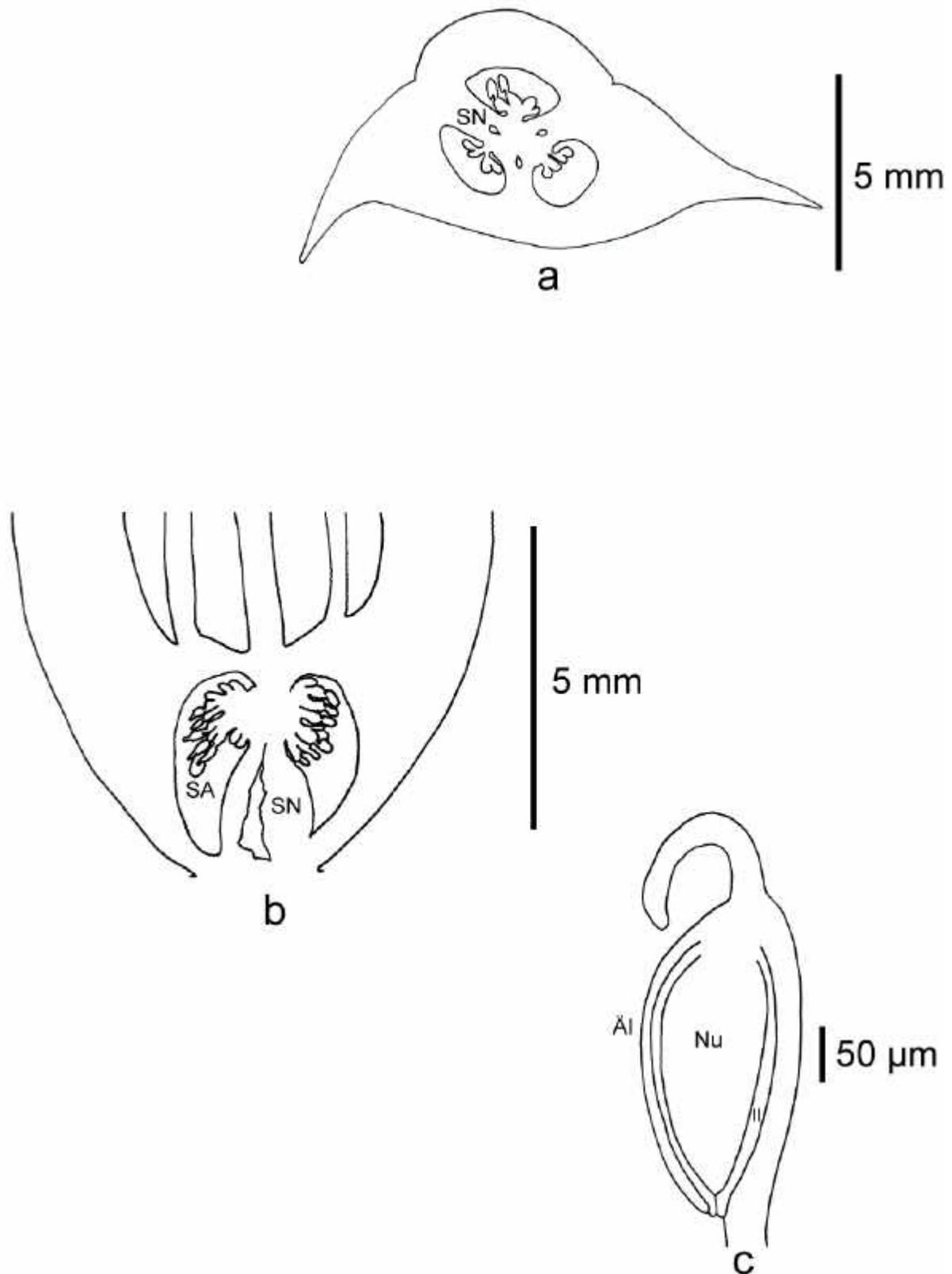


Abb. 118: *Hohenbergia stellata*. a) Längsschnitt (Präparat RD81/A). SN = Septalnectarien. b) Querschnitt (Präparat RD58/B). SA = Samenanlagen, SN = Septalnectarien. c) Samenanlage (Präparat RD58/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Lymania* READ**

J. Bromeliad Soc. 34: 199-201, 212-6. 1984.

Typus-Art: *Lymania alvimii* (L. B. SM. & READ) READ.

J. Bromeliad Soc. 34: 199. 1984.

(Typus-Art untersucht).

***Lymania alvimii* (L. B. SM. & READ) READ**

J. Bromeliad Soc. 34: 199. 1984.

Basionym: *Araeococcus alvimii* L. B. SM. & READ

Phytologia 38: 139-40. 1970.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103784.

Sammelnummer: RD80.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,4 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 2,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,6. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: kanalliert. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septal- und

Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 1,6 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (425-) 441 (-455) μm . **Samenanlagen, Breite:** (212-) 220 (-237) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (3,9-) 4,2 (-4,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade.

Samenanlagen, Anhängsellänge: (450-) 455 (-465) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:**

(35-) 38 (-40) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge /-breite:** (11,4-) 12,1 (-13,0).

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop.

Funikulus, Länge: (25-) 31 (-40) μm . **Funikulus, Breite:** (49-) 51 (-54) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: (0,4-) 0,6 (-0,8). **Mikropyle, Länge:** (79-) 83 (-86) μm . **Mikropyle, Breite:**

(35-) 41 (-44) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,9-) 2,0 (-2,4). **Äußeres Integument, Dicke:**

(10-) 11 (-15) μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** (5-)

8 (-10) μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (153-) 160 (-168) μm .

Nucellus, Breite: (94-) 110 (-124) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4 (-1,7). **Zahl der**

Furchen auf jeder Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (34-) 35 (-40) μm .

Plazentazellen, Breite: 5 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (7,0-) 7,4 (-8,0).

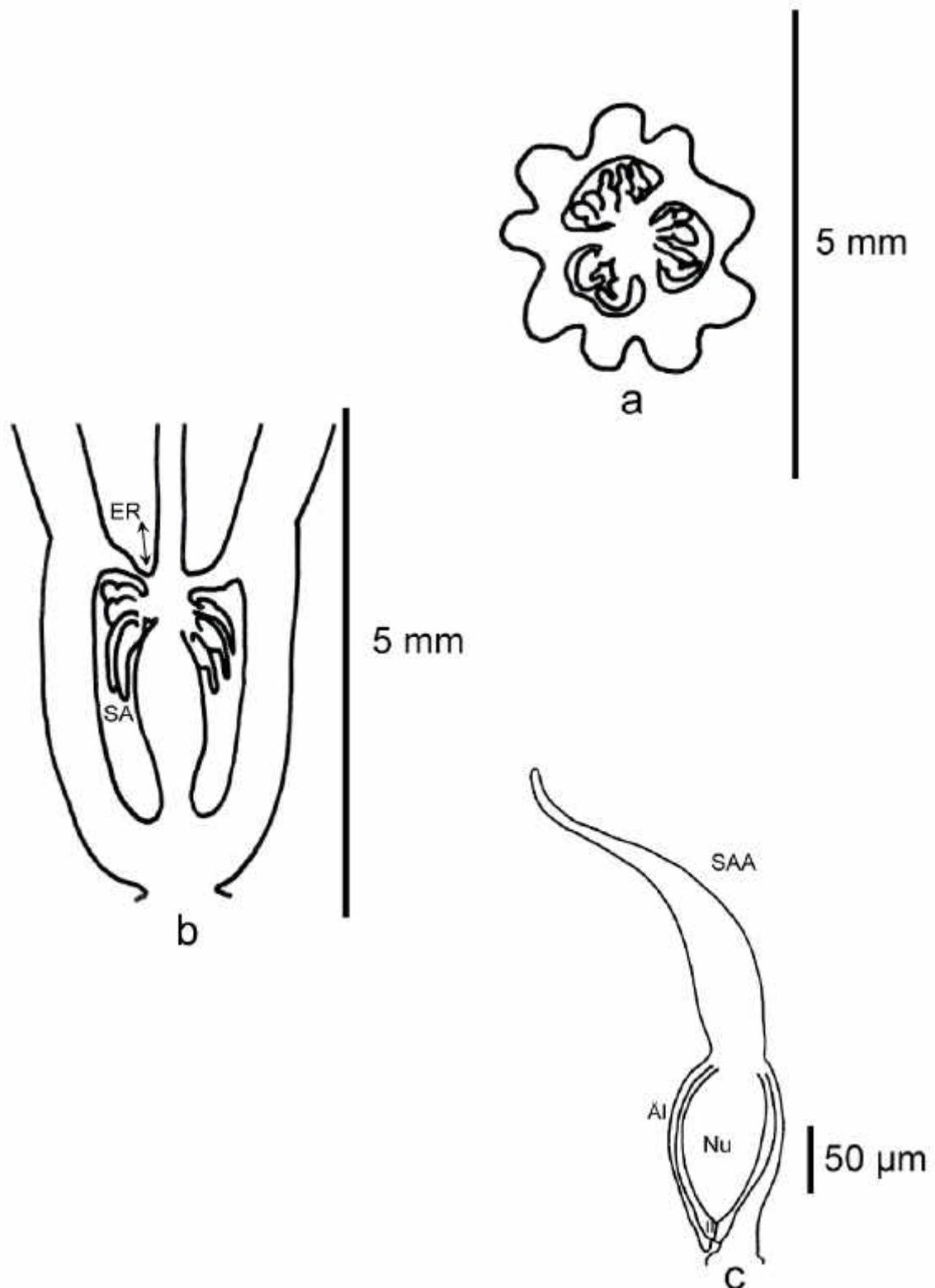


Abb. 119: *Lymania alvimii*. c) Längsschnitt (Präparat RD80/A). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. c) Querschnitt (Präparat RD80/B). c) Samenanlage (Präparat RD80/C). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, Nu = Nucellus

***Lymania globosa* LEME**

Bradea 4: 395 (396), Abb. 403. 1987.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103738.

Sammelnummer: RD81.

Petalpapillen: vorhanden, stumpf. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,0 mm. **Fruchtknoten, Breite:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,3. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit Länge:Breite ? 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rechteckig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** radiär. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septal- und Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** tief. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (230-) 248 (-264) μm . **Samenanlagen, Breite:** (149-) 168 (-184) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,8-) 3,0 (-3,3). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (161-) 168 (-172) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 69 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (2,3-) 2,4 (-2,5). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (92-) 94 (-103) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 51 (-57) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,6-) 1,9 (-2,0). **Mikropyle, Länge:** 46 μm . **Mikropyle, Breite:** 57 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** 0,8. **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (114-) 115 (-119) μm . **Nucellus, Breite:** (68-) 71 (-80) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,4-) 1,7 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2. **Plazentazellen, Länge:** 17 μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 3.

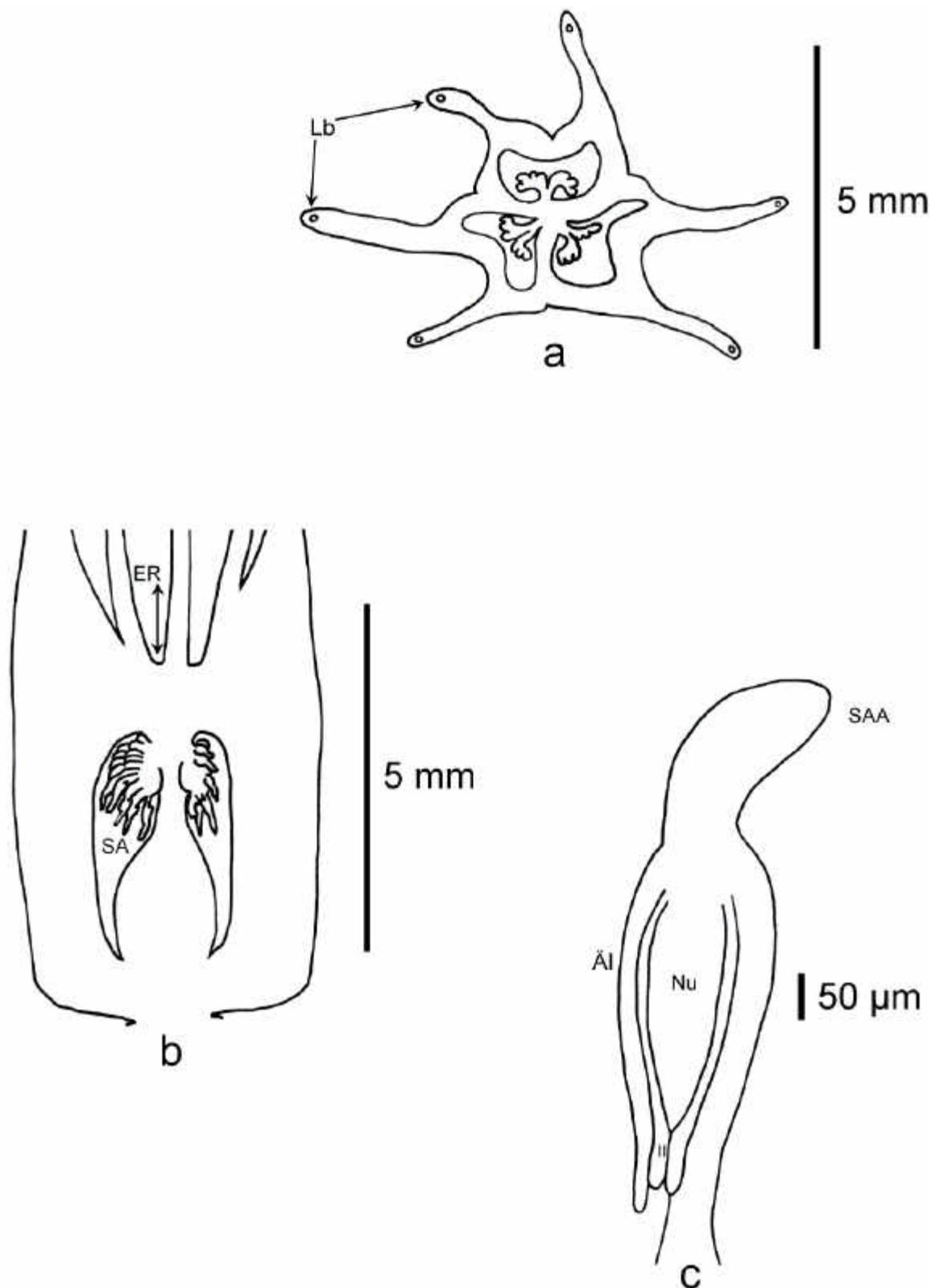


Abb. 120: *Lymania globosa*. a) Längsschnitt (Präparat RD81/A). ER = epigyne Röhre, SA = Samenanlangen. b) Querschnitt (Präparat RD81/B). LB = Leitbündel. c) Samenanlage (Präparat RD81/C). SAA = Samenanlagenanhängsel, ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Lymania smithii* READ**

J. Bromeliad Soc. 34 (5): 213. 1984.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104865.

Sammelnummer: RD79.

Petalpapillen: vorhanden, stumpf. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Breite:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,0. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit Länge:Breite ? 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** rechteckig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** radiär. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septal- und Fruchtfachrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** tief. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 1,3 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (195-) 207 (-218) μm . **Samenanlagen, Breite:** (138-) 145 (-149) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,6-) 1,7 (-1,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (34-) 37 (-46) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 55 (-57) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,6-) 0,7 (-0,8). **Mikropyle, Länge:** 46 μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 53 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,8-) 0,9 (-1,0). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (137-) 140 (-142) μm . **Nucellus, Breite:** (91-) 94 (-97) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5 (-1,6). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2. **Plazentazellen, Länge:** 17 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 1,5.

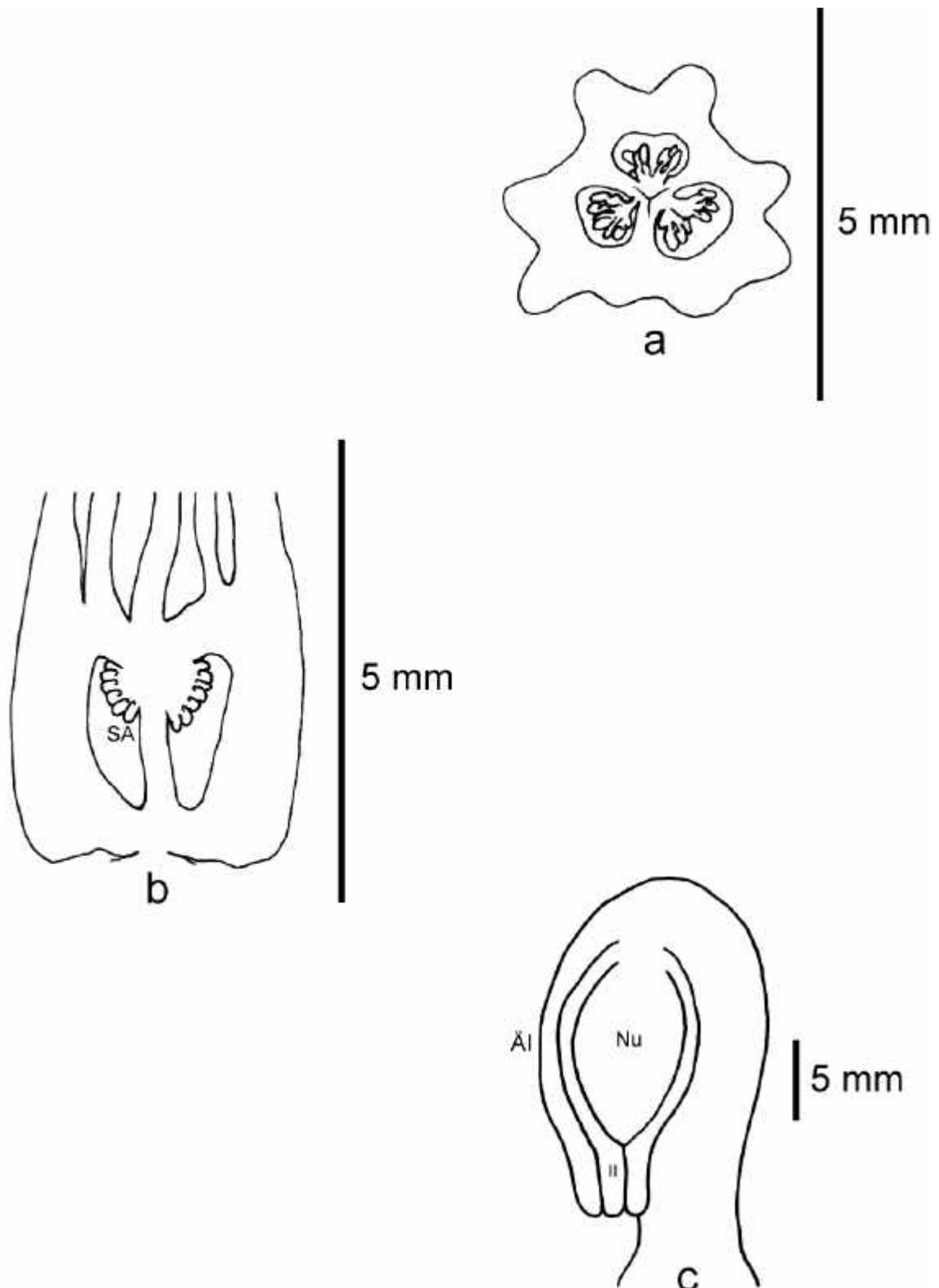


Abb. 121: *Lymania smithii*. a) Längsschnitt (Präparat RD79/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD79/B). c) Samenanlage (Präparat RD79/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

Neoglaziovia MEZ

Fl. Bras. 3(3): 426. 1894.

Typus-Art: *Neoglaziovia variegata* (ARRUDA) MEZ.

Fl. Bras. 3(3): 427, Taf. 80, Abb. 1. 1894.

(Typus-Art untersucht).

Neoglaziovia variegata (ARRUDA) MEZ

Fl. Bras. 3(3): 427, Taf. 80, Abb. 1. 1894.

Basionym: *Bromelia variegata* ARRUDA.

Diss. Pl. Brazil 7. 1810.

Verbreitung: Brasilien, Estados São Paulo bis Rio Grande do Sul.

Lebensammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: WT4072.

Sammelnummer: W15.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 7,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,0. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,3 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 4-9. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im**

Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (345-) 368

(-379) μm . **Samenanlagen, Breite:** (345-) 350 (-356) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:**

(1,1-) 1,2 (-1,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen,**

Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (34-) 41 (-46) μm . **Funikulus, Breite:** (207-)

212 (-218) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 0,2. **Mikropyle, Länge:** (80-) 85 (-92) μm .

Mikropyle, Breite: (80-) 87 (-92) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,9-) 1,0 (-1,0). **Äußeres**

Integument, Dicke: 28 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 3. **Inneres Integument,**

Dicke: 17 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (199-) 205

(-211) μm . **Nucellus, Breite:** (103-) 109 (-114) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,8-) 1,9 (-1,9).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 1. **Plazentazellen, Länge:** (74-) 77 (-80) μm .

Plazentazellen, Breite: 17 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (4,3-) 4,5 (-4,7).

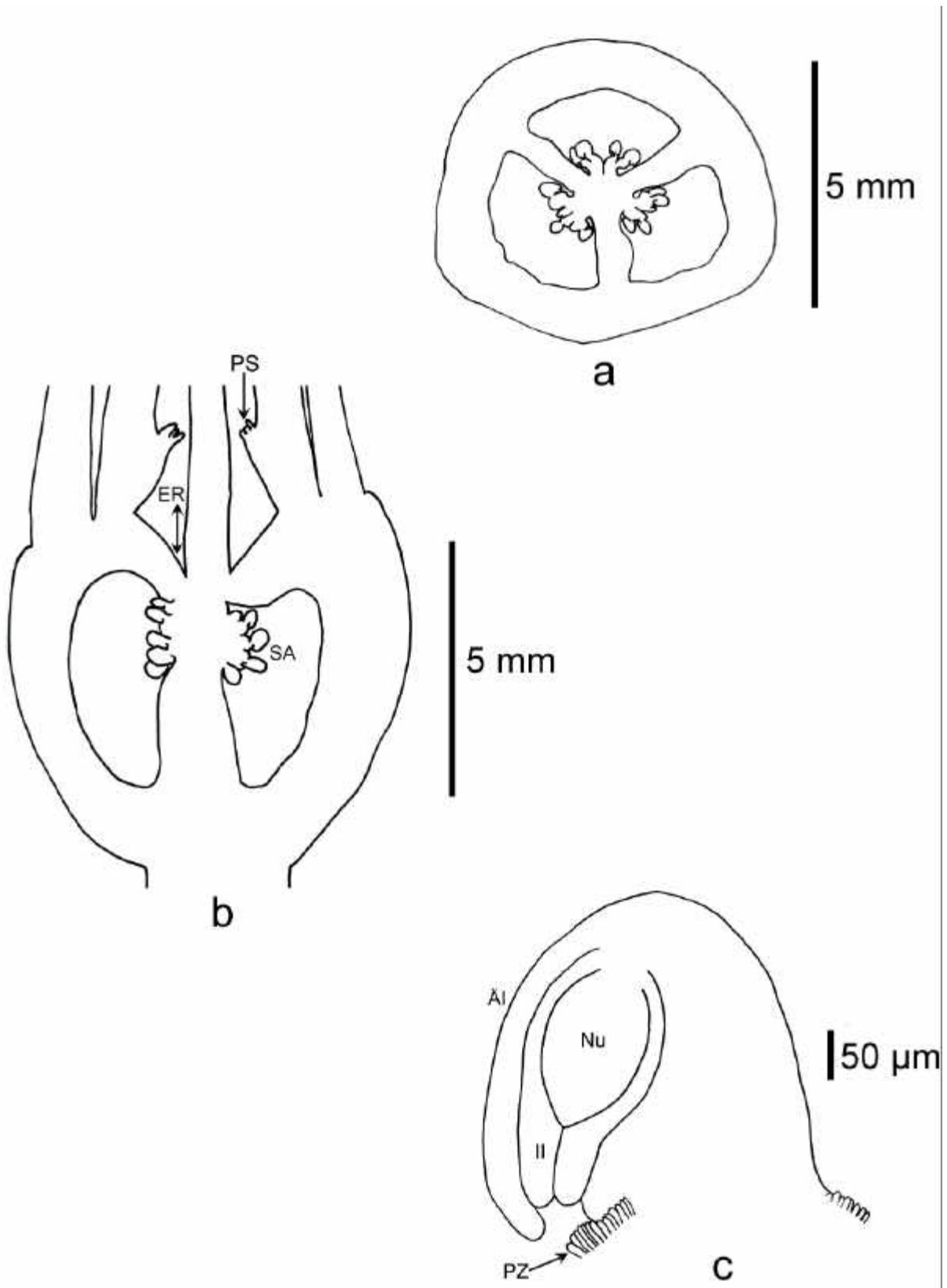


Abb. 122: *Neoglaziovia variegata*. a) Längsschnitt (Präparat W15/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, PS = Petalenschuppe. b) Querschnitt (Präparat W15/B). c) Samenanlage (Präparat W15/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus, PZ = Plazentazellen.

***Neoregelia* L. B. SM.**

Contr. Gray Herb. 104: 78. 1934.

Typus-Art: *Billbergia meendorffii* REGEL

Bot. Zeitung (Berlin) 15: 713. 1857.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Neoregelia chlorosticta* (BAKER) L. B. SM.**

Phytologia 10(6): 486. 1964.

Basionym: *Karatas chlorosticta* BAKER

Handb. Bromel. 7. 1889.

Verbreitung: Venezuela, Brasilien.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD72.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,7. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 4,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (345-)

361 (-379) μm . **Samenanlagen, Breite:** (161-) 179 (-195) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (2,3-) 2,4 (-2,6). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral. **Samenanlagen,**

Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (69-) 71 (-80) μm . **Funikulus, Breite:** (92-) 94

(-103) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 0,8. **Mikropyle, Länge:** (57-) 74 (-80) μm .

Mikropyle, Breite: (34-) 51 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5 (-1,7). **Äußeres**

Integument, Dicke: 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (205-) 214

(-222) μm . **Nucellus, Breite:** (102-) 108 (-114) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,9-) 2,0 (-2,0).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** 28 μm .

Plazentazellen, Breite: 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 2,5.

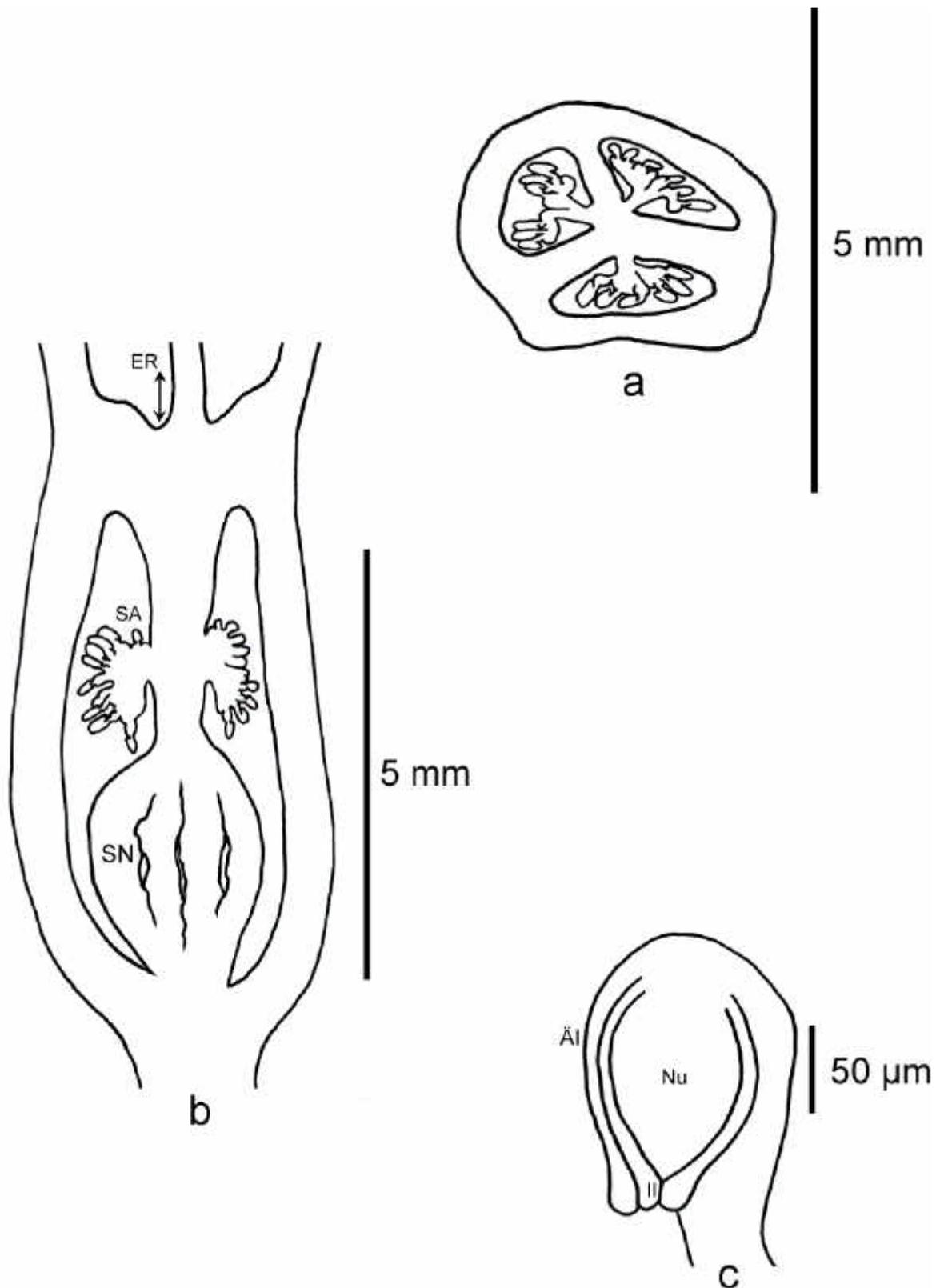


Abb. 123: *Neoregelia chlorosticta*. a) Längsschnitt (Präparat RD72/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, SN = Septalnektarien. b) Querschnitt (Präparat RD72/B). c) Samenanlage (Präparat RD72/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Neoregelia coriacea* (ANTOINE) L. B. SM.**

Smithsonian Misc. Collect. 126(1): 27. 1955.

Basionym: *Karatas coriacea* ANTOINE.

Phyto-Iconogr. 51: Taf. 30, Abb. 1. 1884.

Verbreitung: Brasilien.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 9816972.

Sammelnummer: RD23.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 10,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,5. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 6,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (333-)

352 (-368) μm . **Samenanlagen, Gesamtlänge:** (368-) 389 (-402) μm . **Samenanlagen,**

Breite: (138-) 145 (-149) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,6-) 2,7 (-2,8).

Samenanlagen, Anhängselform: fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: (34-) 37 (-46) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 48 (-57) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: 0,8. **Mikropyle, Länge:** (57-) 62 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (34-) 39

(-46) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,3-) 1,6 (-2,0). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm .

Äußeres Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 6 μm . **Inneres**

Integument, Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (194-) 199 (-205) μm . **Nucellus, Breite:**

(80-) 84 (-91) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,3-) 2,4 (-2,5). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 31 (-34) μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: (2,5-) 2,7 (-3,0).

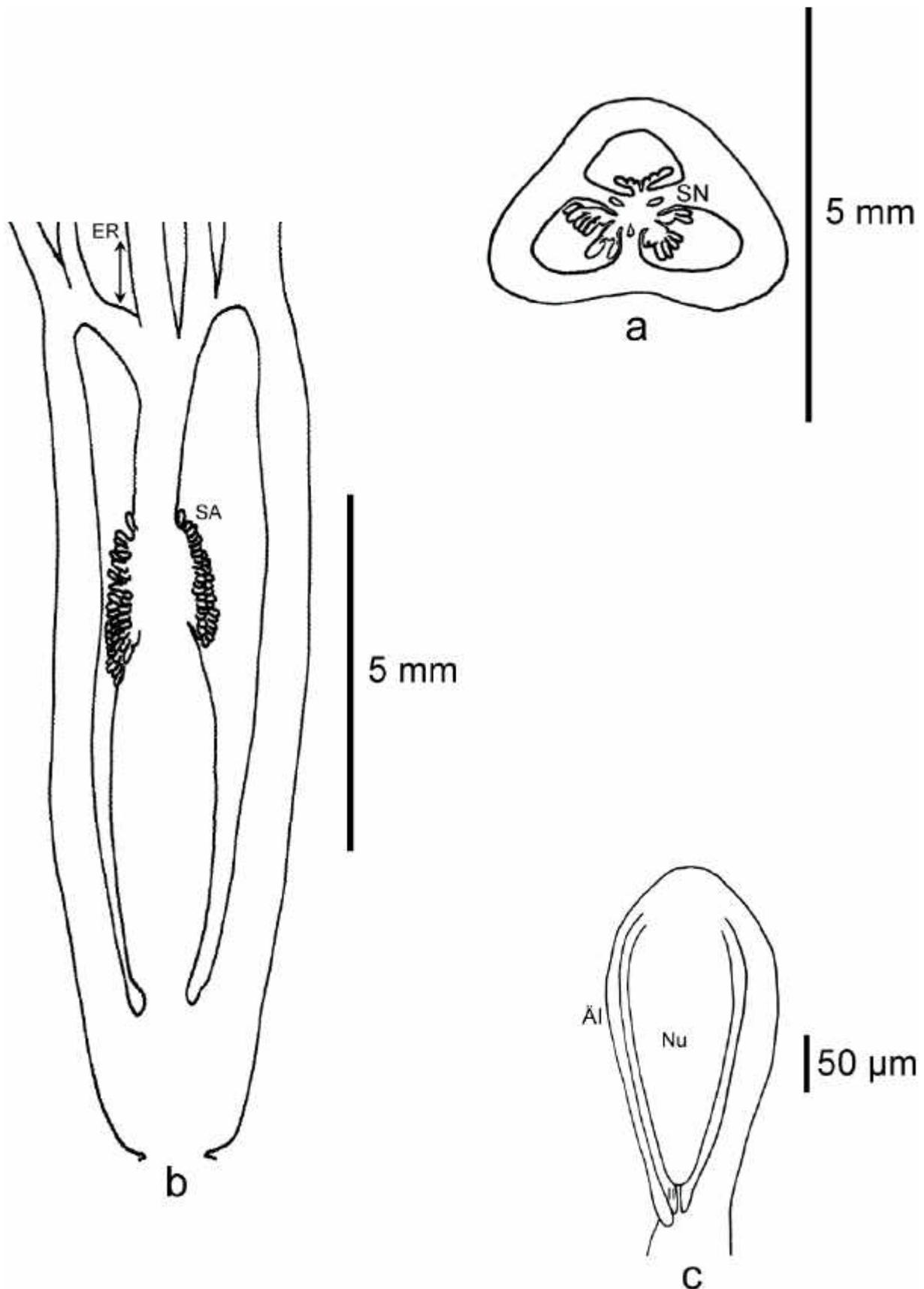


Abb. 124: *Neoregelia coriacea*. a) Längsschnitt (Präparat RD23/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. b) Querschnitt (Präparat RD23/B). SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD23/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Neoregelia marmorata* (BAKER) L. B. SM.**

Contr. Gray Herb. 124: 10. 1939.

Basionym: *Karatas marmorata* BAKER.

Handb. Bromel. 11. 1889.

Verbreitung: Panama bis Brasilien.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 98.169730.

Sammelnummer: RD38.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,7. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 5,6 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (368-)

416 (-437) μm . **Samenanlagen, Breite:** (184-) 189 (-195) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (2,4-) 2,6 (-2,8). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral. **Samenanlagen,**

Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (69-) 78 (-92) μm . **Funikulus, Breite:** 46 μm .

Funikulus, Länge/Breite: (1,5-) 1,7 (-2,0). **Mikropyle, Länge:** (103-) 110 (-126) μm .

Mikropyle, Breite: (46-) 51 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,8-) 2,2 (-2,7). **Äußeres**

Integument, Dicke: 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (222-) 226

(-228) μm . **Nucellus, Breite:** (97-) 104 (-108) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,1-) 2,2 (-2,4).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (11-) 16 (-17) μm .

Plazentazellen, Breite: 6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,0-) 2,8 (-3,0).

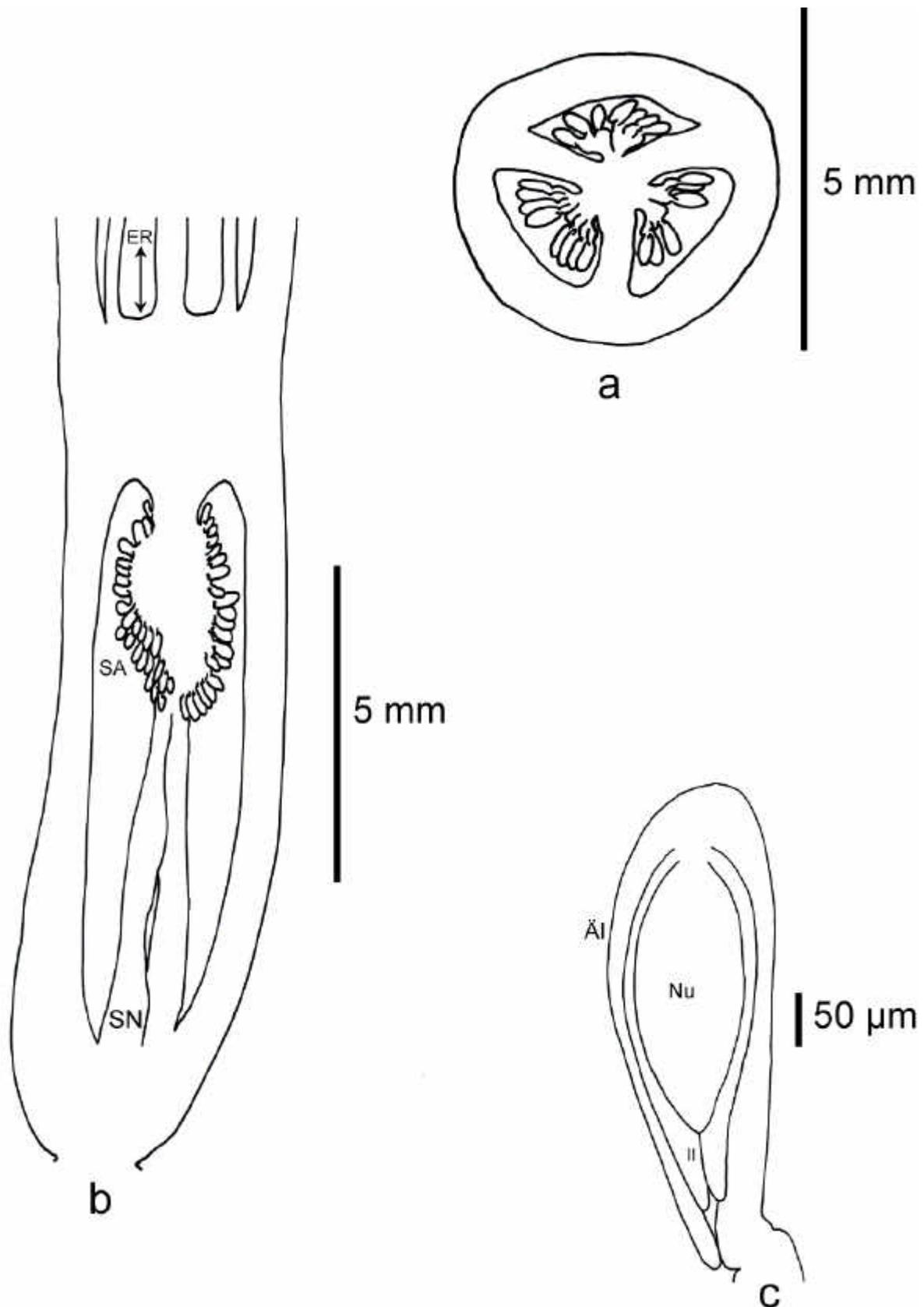


Abb. 125: *Neoregelia marmorata*. a) Längsschnitt (Präparat RD38/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, SN = Septalnektarien. b) Querschnitt (Präparat RD38/B). c) Samenanlage (Präparat RD38/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Neoregelia pineliana* (LEM.) L. B. SM.**

Contr. Gray Herb. 114: 5. 1936.

Basionym: *Nidularium pinelianum* LEM.

Ill. hort. 7: 71. 1860.

Verbreitung: Brasilien, Estado São Paulo.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 98-16965-3.

Sammelnummer: RD83.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 11,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 7,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,6. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 5,7 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (425-)

451 (-483) μm . **Samenanlagen, Breite:** (149-) 159 (-172) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (2,8-) 3,2 (-3,3). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral. **Samenanlagen,**

Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 53 (-57) μm . **Funikulus, Breite:** (46-) 51

(-57) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,0-) 1,1 (-1,3). **Mikropyle, Länge:** (57-) 64 (-69) μm .

Mikropyle, Breite: 46 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4 (-1,5). **Äußeres**

Integument, Dicke: 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (205-) 215

(-222) μm . **Nucellus, Breite:** (85-) 95 (-102) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,2-) 2,3 (-2,4).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 4. **Plazentazellen, Länge:** (22-) 25 (-28) μm .

Plazentazellen, Breite: (11-) 12 (-14) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,6-) 2,1 (-2,5).

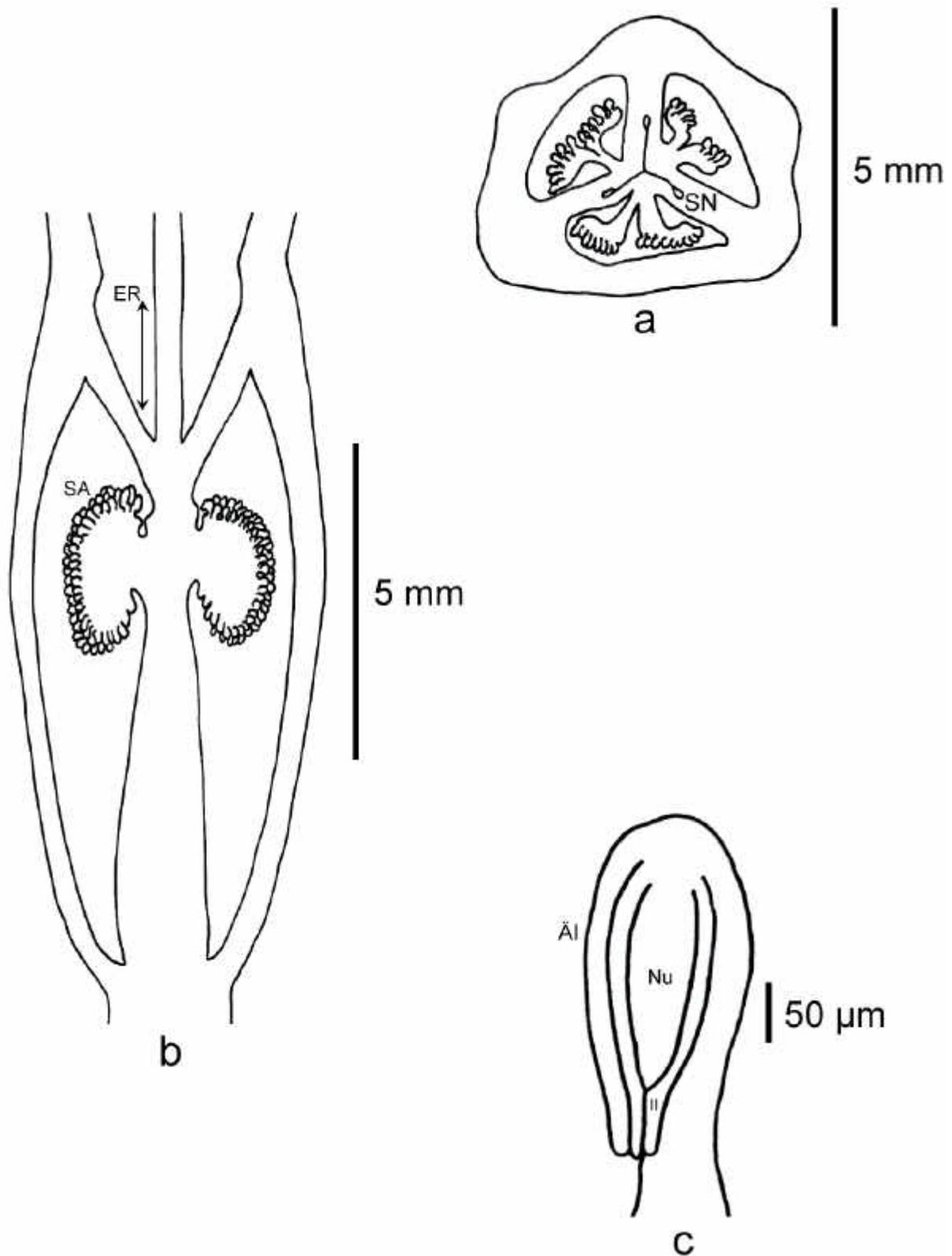


Abb. 126: *Neoregelia pineliana*. a) Längsschnitt (Präparat RD83/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. b) Querschnitt (Präparat RD83/B). c) Samenanlage (Präparat RD83/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Neoregelia* sp.**

Verbreitung: Peru, Estado San Ramon, Puerto Bermudas.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130162 (R: 69468).

Sammelnummer: RD67.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 12,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,4. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 4,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (247-)

262 (-272) μm . **Samenanlagen, Gesamtlänge:** (346-) 356 (-366) μm . **Samenanlagen,**

Breite: (725-) 745 (-762) μm . **Samenanlagen, Länge/-breite:** 0,5. **Samenanlagen,**

Anhängselform: fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: zentral. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** (89-)

94 (-99) μm . **Funikulus, Breite:** (138-) 145 (-148) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,6-) 0,6

(-0,7). **Mikropyle, Länge:** (79-) 84 (-89) μm . **Mikropyle, Breite:** 74 μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,1-) 1,1 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** 30 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 15 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (223-) 230 (-238) μm . **Nucellus, Breite:** (143-) 149 (-153) μm .

Nucellus, Länge/Breite: (1,5-) 1,5 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2.

Plazentazellen, Länge: (24-) 26 (-28) μm . **Plazentazellen, Breite:** (14-) 15 (-16) μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: (1,5-) 1,8 (-2,0).

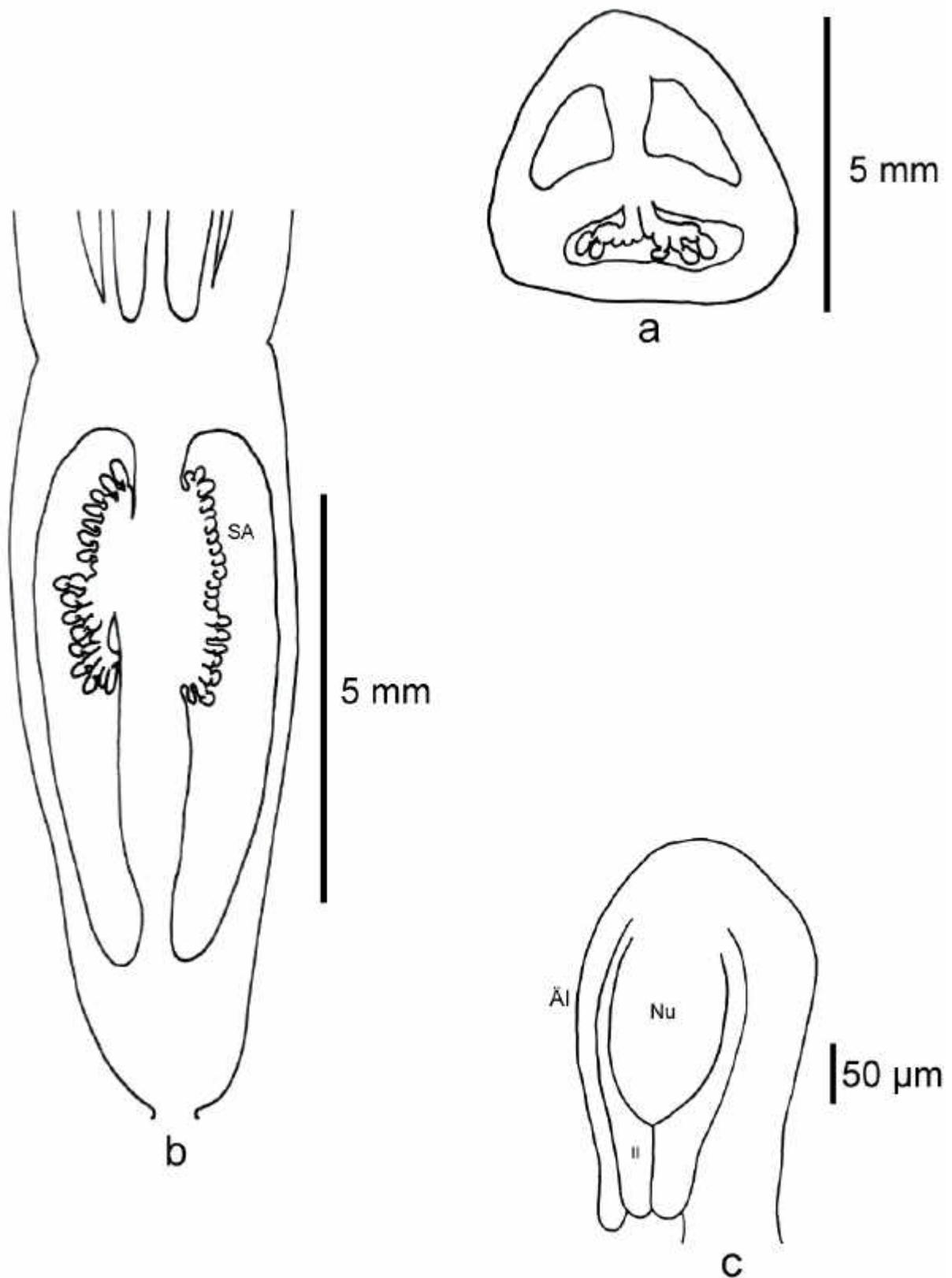


Abb. 127: *Neoregelia* sp. c) Längsschnitt (Präparat RD67/A). SA = Samenanlagen. c) Querschnitt (Präparat RD67/B). c) Samenanlage (Präparat RD67/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Nidularium* LEM.**

Jard. Fleur. 4: 60. Taf. 411.1854.

Typus-Art: *Nidularium fulgens* LEM.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Nidularium billbergioides* var. *citrinum* (BURCH ex BAKER) REITZ**

Sellowia 14: 106. 1962.

Basionym: *Tillandsia citrina* BURCH ex BAKER

J. Bot. 17: 235. 1879.

Verbreitung: Brasilien.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: PG73.

Sammelnummer: RD87.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 6,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite ? 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,6 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (207-) 225 (-241) μm .

Samenanlagen, Breite: (115-) 122 (-126) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,0-) 2,2

(-2,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: (34-) 41 (-46) μm . **Funikulus, Breite:** (34-) 41 (-46) μm . **Funikulus,**

Länge/Breite: 1. **Mikropyle, Länge:** (23-) 30 (-34) μm . **Mikropyle, Breite:** (23-) 30

(-34) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** 1. **Äußeres Integument, Dicke:** 6 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 6 μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (131-) 139 (-148) μm . **Nucellus, Breite:** (63-) 71

(-80) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,6-) 2,0 (-2,3). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 3. **Plazentazellen, Länge:** (17-) 20 (-23) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 6

(-7) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,3-) 3,4 (-4,0).

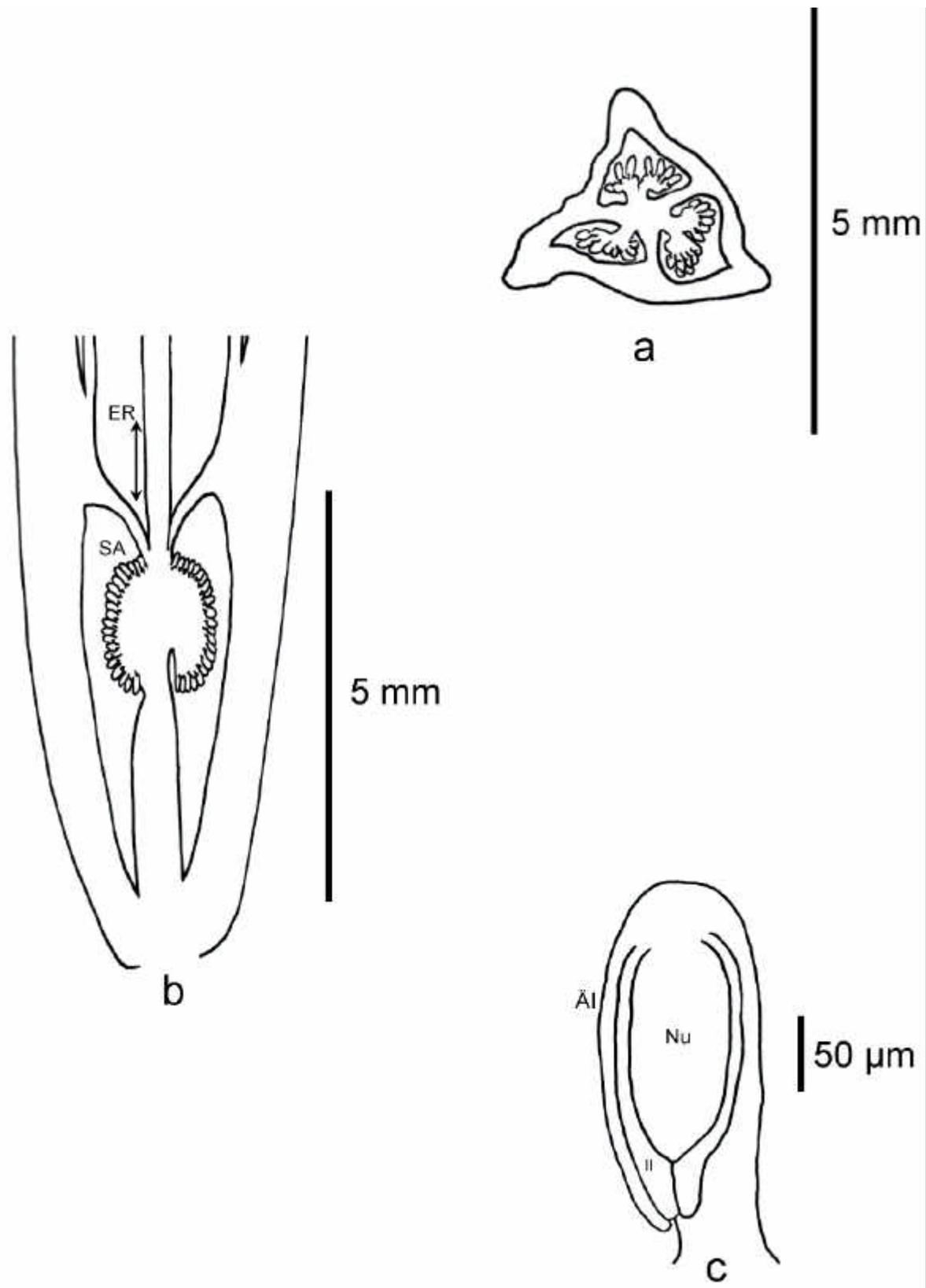


Abb. 128: *Nidularium billbergioides* var. *citrinum*. a) Längsschnitt (Präparat RD51/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre b) Querschnitt (Präparat RD51/4). c) Samenanlage (Präparat RD51/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Nidularium innocentii* var. *lineatum* (MEZ) L. B. SM.**

Smithsonian Misc. Collect. 126(1): 32. 1955.

Basionym: *Nidularium lineatum* MEZ.

Repert. Spec. Nov. Regni Veg. 12: 412. 1913.

Verbreitung: Brasilien.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130404.

Sammelnummer: RD69.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 9,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,1. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 3,7 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (333-)

347 (-356) μm . **Samenanlagen, Breite:** (138-) 145 (-149) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (2,7-) 2,9 (-2,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral. **Samenanlagen,**

Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (57-) 69 (-80) μm . **Funikulus, Breite:** (80-) 85

(-92) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,7-) 0,8 (-0,9). **Mikropyle, Länge:** (57-) 64 (-69) μm .

Mikropyle, Breite: (57-) 62 (-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,0 (-1,2). **Äußeres**

Integument, Dicke: 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument,**

Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (199-) 219

(-234) μm . **Nucellus, Breite:** (102-) 109 (-114) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,8-) 2,0 (-2,1).

Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte: 3. **Plazentazellen, Länge:** 17 μm .

Plazentazellen, Breite: 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 1,5.

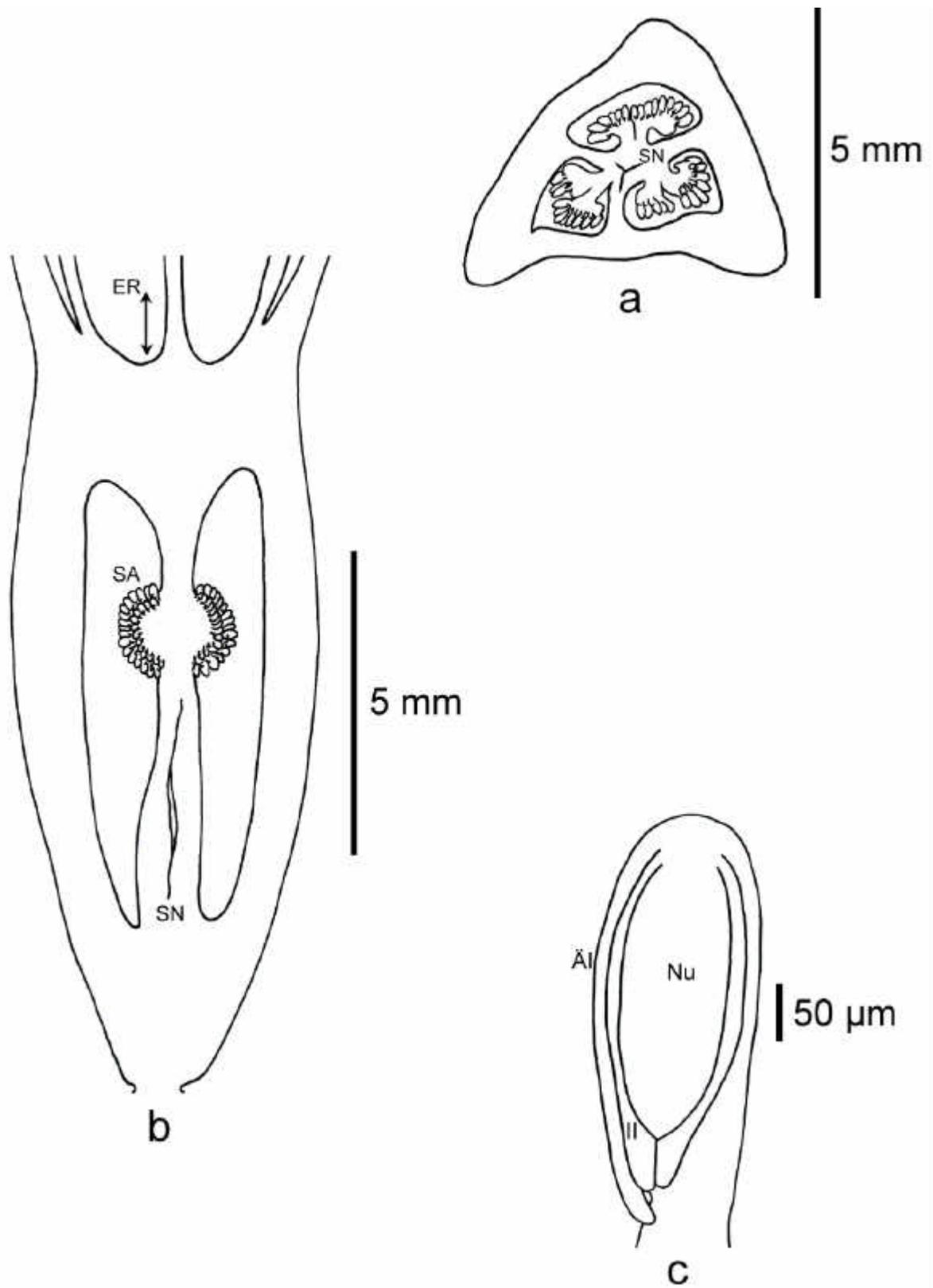


Abb. 129: *Nidularium innocentii* var. *lineatum*. a) Längsschnitt (Präparat RD69/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, SN = Septalnektarien. b) Querschnitt (Präparat RD69/B). c) Samenanlage (Präparat RD69/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Nidularium regelioides* ULE**

Ber. Deutsch. Bot. Ges. 16: 3551, Taf. 22, Abb. 9. 1898.

Verbreitung: Brasilien, Estado Espiritu Santo bis São Paulo.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130411 (R: T24.12).

Sammelnummer: RD33.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,7. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 1,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (103-)

133 (-149) μm . **Samenanlagen, Breite:** (103-) 110 (-115) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (1,5-) 1,6 (-1,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal.

Samenanlagen, Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 48 (-57) μm . **Funikulus,**

Breite: (34-) 37 (-46) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,0-) 1,3 (-1,7). **Mikropyle, Länge:**

(34-) 39 (-46) μm . **Mikropyle, Breite:** 34 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,1 (-1,3).

Äußeres Integument, Dicke: (11-) 14 (-17) μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2.

Inneres Integument, Dicke: (8-) 10 (-11) μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2.

Nucellus, Länge: (85-) 96 (-102) μm . **Nucellus, Breite:** (57-) 63 (-78) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,5-) 1,5 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 3.

Plazentazellen, Länge: (11-) 16 (-17) μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: (2,0-) 2,8 (-3,0).

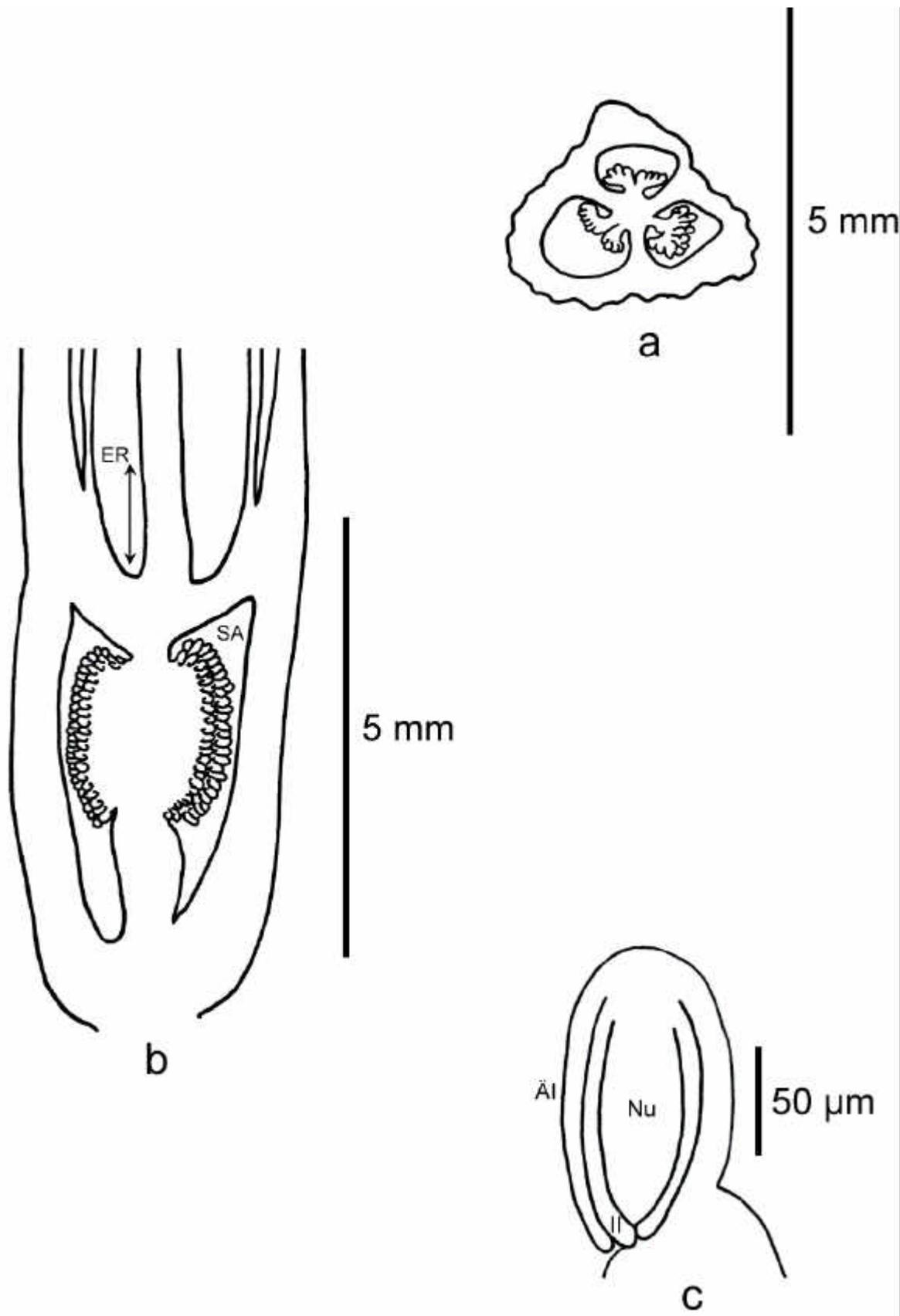


Abb. 130: *Nidularium regelioides*. a) Längsschnitt (Präparat RD33/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. b) Querschnitt (Präparat RD33/B). c) Samenanlage (Präparat RD33/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Nidularium rutilans* E. MORR.**

Belgique Hort. 35: 81. 1885.

Verbreitung: Brasilien.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 99-18627-0.

Sammelnummer: RD70.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,7. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,3 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (161-)

184 (-195) μm . **Samenanlagen, Breite:** (92-) 117 (-126) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:**

(1,8-) 2,0 (-2,3). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal.

Samenanlagen, Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (34-) 44 (-46) μm . **Funikulus,**

Breite: (46-) 48 (-57) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 0,9 (-1,0). **Mikropyle, Länge:**

(46-) 53 (-57) μm . **Mikropyle, Breite:** 46 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,1 (-1,3).

Äußeres Integument, Dicke: 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres**

Integument, Dicke: 6 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (97-)

109 (-114) μm . **Nucellus, Breite:** (63-) 71 (-80) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6

(-1,8). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 3. **Plazentazellen, Länge:** (17-) 20

(-28) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 9 (-11) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,5-) 2,7

(-5,0).

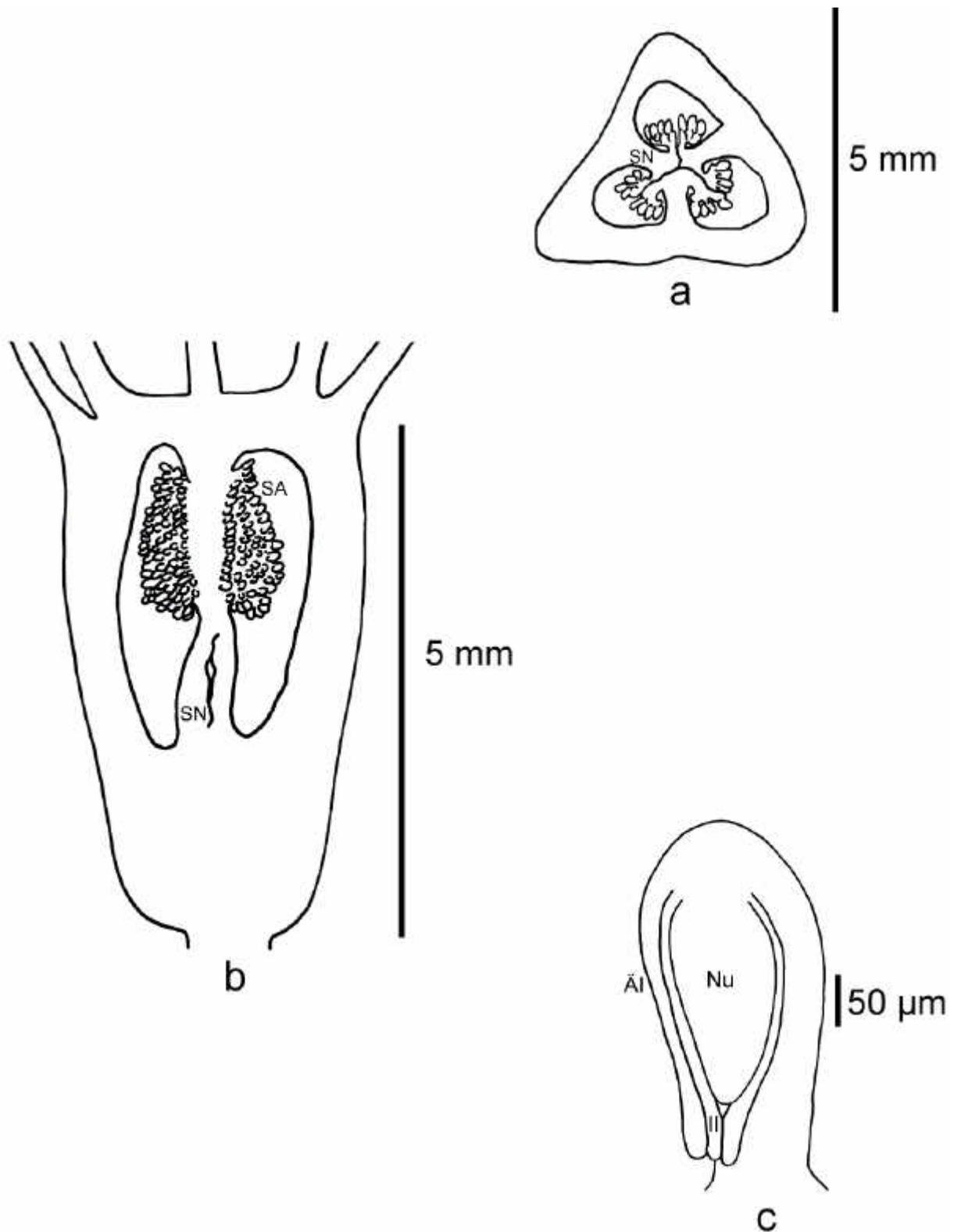


Abb. 131: *Nidularium rutilans*. c) Längsschnitt (Präparat RD70/A). SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien
 c) Querschnitt (Präparat RD70/B). c) Samenanlage (Präparat RD70/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres
 Integument, Nu = Nucellus.

***Ochagavia* PHIL.**

Anales Univ. Chile 13: 168. 1856.

Typus-Art: *Ochagavia elegans* PHIL.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Ochagavia carnea* WITTM. (BEER) L. B. SM. & LOOSER**

Revista Univ. 18(8): 1078, 1080. 1934.

Basionym: *Bromelia carnea* BEER

Fam. Bromel. 31. 1896

Verbreitung: Zentral Chile.

Lebensammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: ohne Nummer.

Sammelnummer: RD54.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 30,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 5,0. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.
Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 3,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (253-) 281 (-310) μm . **Samenanlagen, Breite:** (195-) 216 (-241) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,5-) 1,7 (-2,1). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** SA entlang des ganzen Fruchtfaches. **Samenanlagen, Orientierung:** waagrecht. **Funikulus, Länge:** (69-) 97 (-115) μm . **Funikulus, Breite:** (80-) 90 (-115) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,9-) 1,1 (-1,4). **Mikropyle, Länge:** (138-) 154 (-172) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (2,0-) 2,6 (-3,0). **Äußeres Integument, Dicke:** 23 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 17 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (142-) 145 (-171) μm . **Nucellus, Breite:** (97-) 109 (-114) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4 (-1,5). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** (11-) 12 (-17) μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,0-) 2,2 (-3,0).

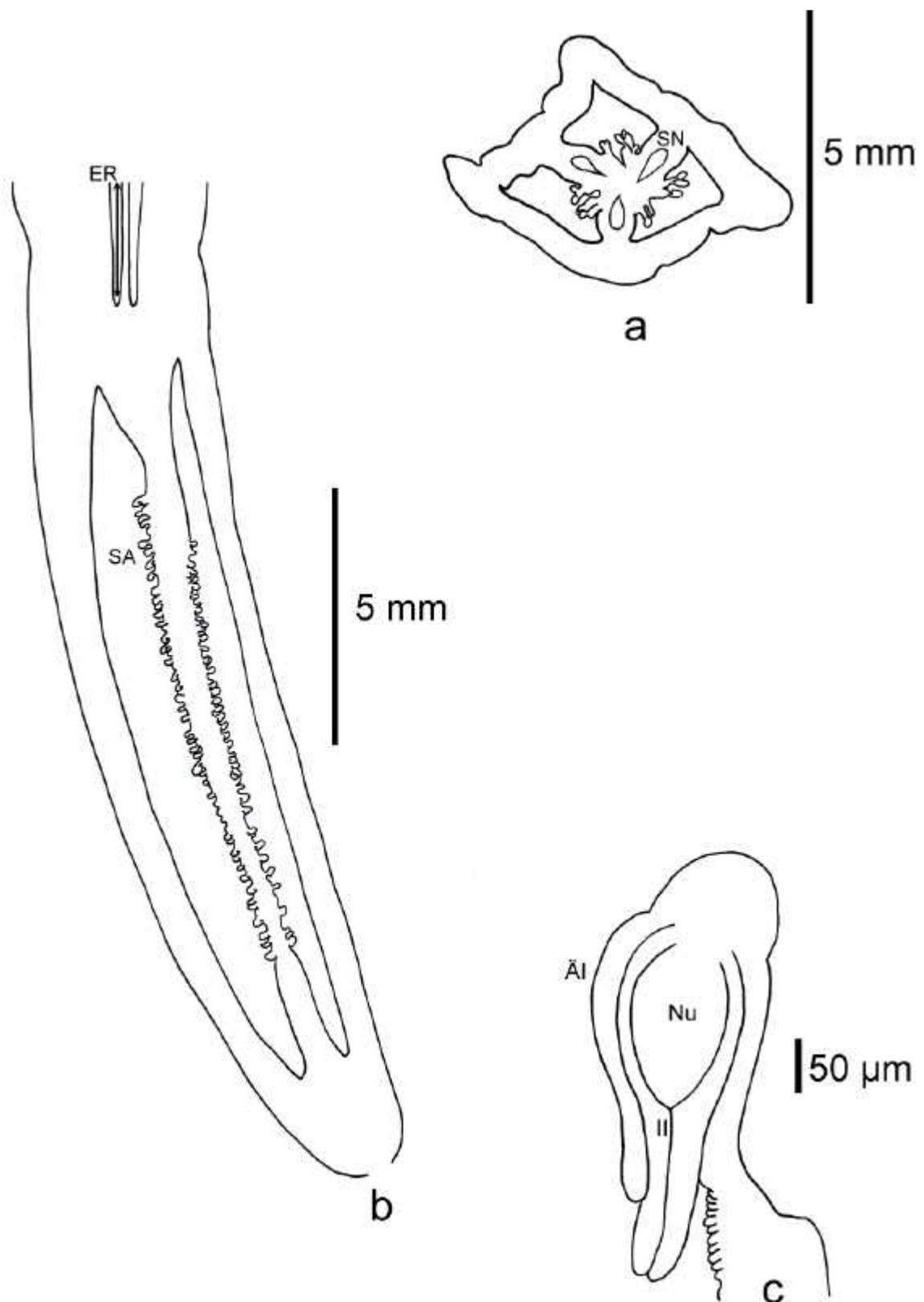


Abb. 132: *Ochagavia carnea*. a) Längsschnitt (Präparat RD54/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. b) Querschnitt (Präparat RD54/B). c) Samenanlage (Präparat RD54/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Orthophytum* BEER**

Flora 37: 347. 1854.

Typus-Art: *Orthophytum glabrum* (MEZ) MEZ.

Monogr. Phan. 9: 117. 1896.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Orthophytum albopictum* PHILCOX**

Kew Mag. 2: 354. 1985.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 130233.

Sammelnummer: RD82.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,25. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 3,0 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (287-)

306 (-356) μm . **Samenanlagen, Breite:** (207-) 221 (-253) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (1,5-) 1,7 (-1,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal.

Samenanlagen, Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (69-) 78 (-80) μm . **Funikulus,**

Breite: (103-) 106 (-115) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,7-) 0,7 (-0,8). **Mikropyle,**

Länge: (57-) 69 (-80) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 69 (-80) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:**

(0,8-) 1,0 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** (17-) 18 (-23) μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 3. **Inneres Integument, Dicke:** (11-) 12 (-17) μm . **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (171-) 180 (-182) μm . **Nucellus, Breite:** (120-) 123

(-125) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5 (-1,5). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 31 (-40) μm . **Plazentazellen, Breite:** 17 μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: (1,7-) 1,8 (-2,3).

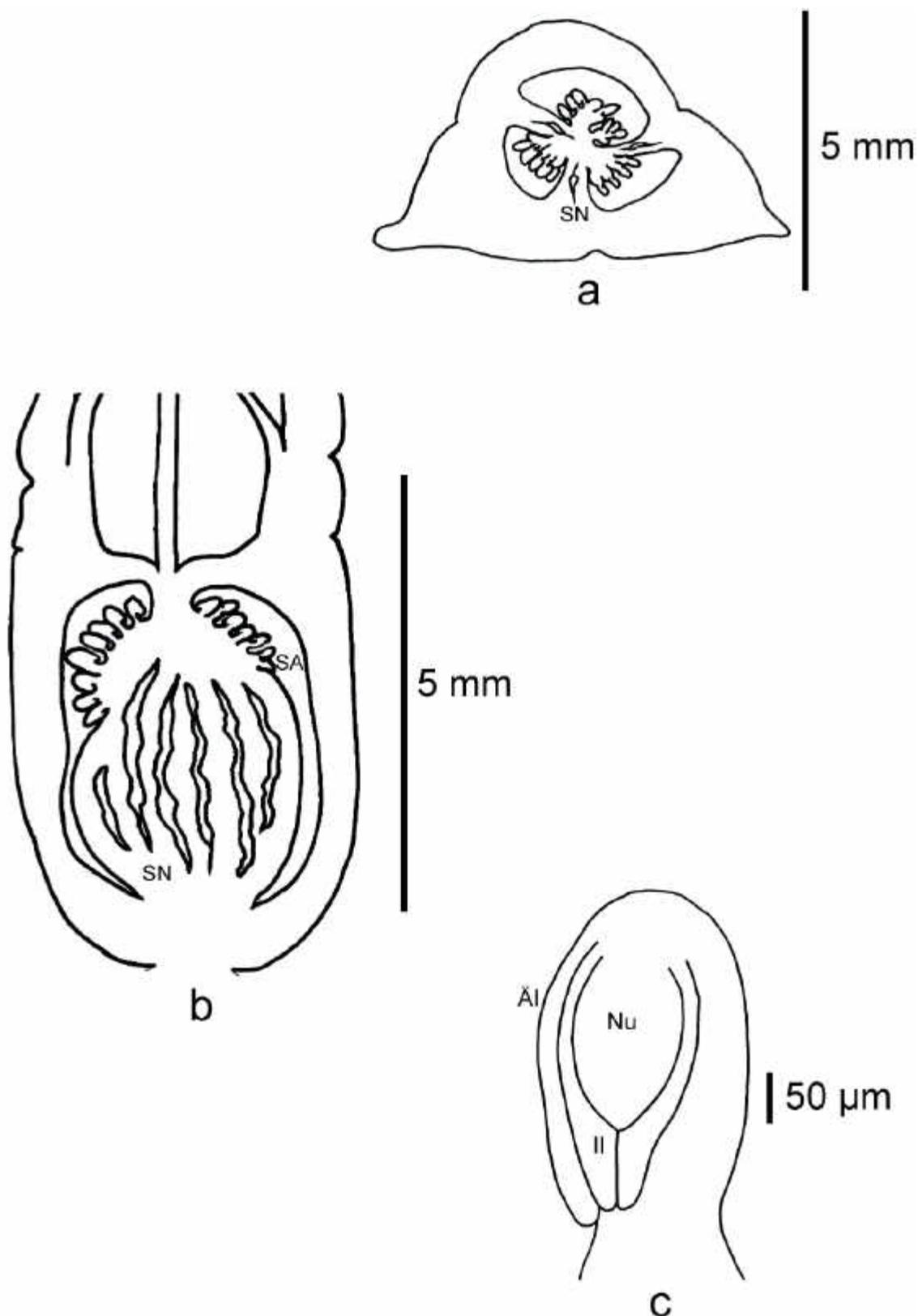


Abb. 133: *Orthophytum albopictum*. a) Längsschnitt (Präparat RD82/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, SN = Septalnektarien. b) Querschnitt (Präparat RD82/B). SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD82/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Orthophytum alvimii* W. WEBER**

Feddes Repert. 97(3-4): 126-128. 1986.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebensammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: SEL 87-386.

Sammelnummer: W16.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 4,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 0,8. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 1,7 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (345-) 354 (-368) µm.

Samenanlagen, Breite: (218-) 244 (-276) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,6-) 1,8

(-2,0). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm.

Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.

Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.

Funikulus, Länge: 92 µm. **Funikulus, Breite:** 92 µm. **Funikulus, Länge/Breite:** 1.

Mikropyle, Länge: (69-) 76 (-80) µm. **Mikropyle, Breite:** (57-) 60 (-69) µm. **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,2-) 1,3 (-1,4). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 µm. **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 3. **Inneres Integument, Dicke:** 11 µm. **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (250-) 253 (-256) µm. **Nucellus, Breite:** (171-) 173 (-176) µm.

Nucellus, Länge/Breite: (1,4-) 1,5 (-1,5). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2.

Plazentazellen, Länge: (22-) 28 (-34) µm. **Plazentazellen, Breite:** 11 µm. **Plazentazellen,**

Länge/Breite: (2,0-) 2,5 (-3,0).

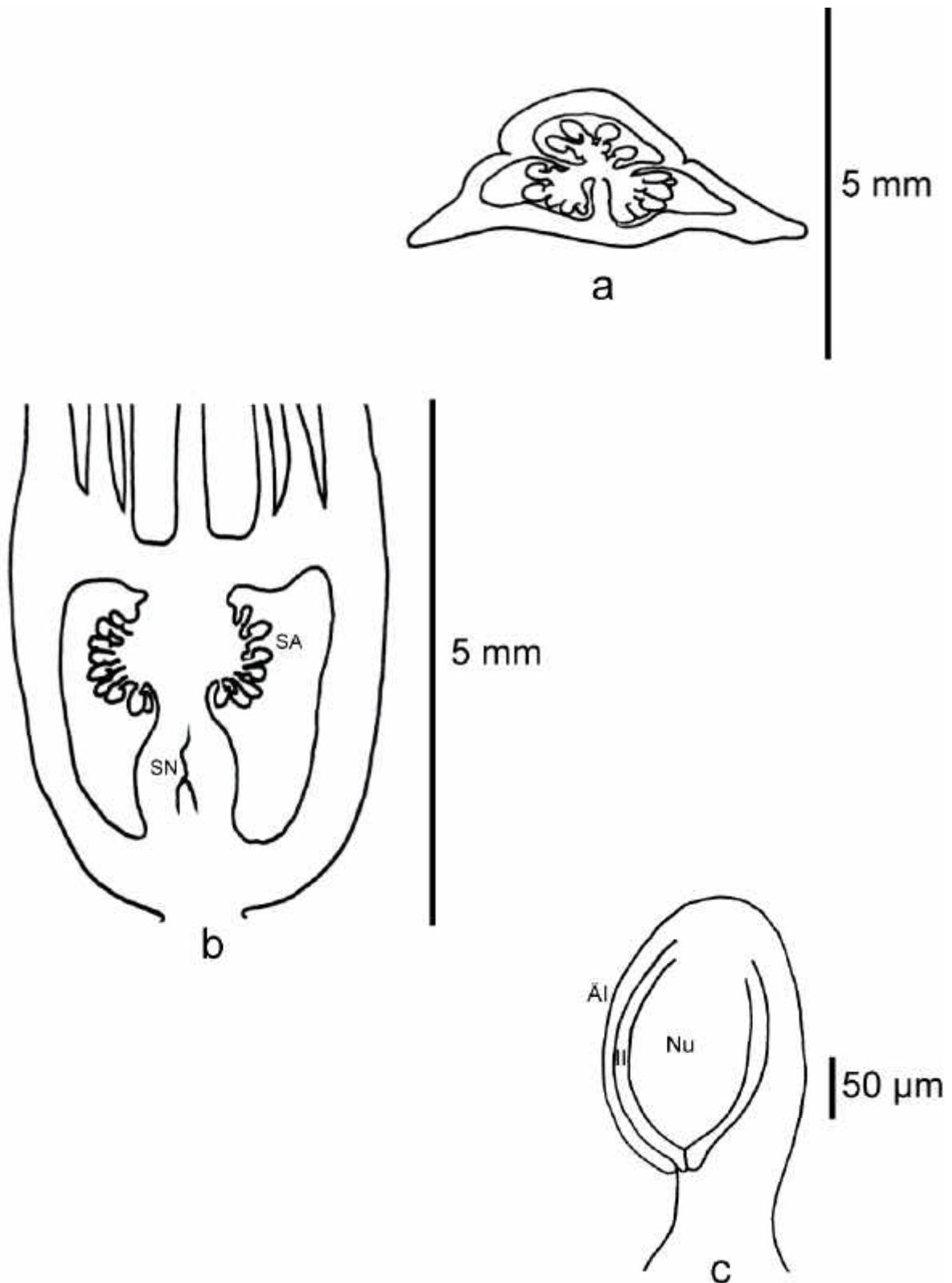


Abb. 134: *Orthophytum alvimii*. a) Längsschnitt (Präparat W16/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, SN = Septalnectarien. b) Querschnitt (Präparat W16/B). c) Samenanlage (Präparat W16/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Orthophytum foliosum* L. B. SM.**

Arq. Bot. Estado São Paulo 1: 58, Taf. 74. 1941.

Verbreitung: Brasilien, Estado Espirito Santo.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: B97B200-1.

Sammelnummer: W17.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** vorhanden. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (299-) 324 (-333) μm . **Samenanlagen, Breite:** (218-) 232 (-241) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,4-) 1,6 (-1,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** (34-) 39 (-46) μm . **Funikulus, Breite:** (57-) 62 (-69) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,6-) 0,6 (-0,7). **Mikropyle, Länge:** (34-) 60 (-80) μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 62 (-67) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,8-) 1,0 (-1,2). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 3. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (239-) 258 (-268) μm . **Nucellus, Breite:** (137-) 148 (-154) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,7-) 1,8 (-1,8). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 31 (-34) μm . **Plazentazellen, Breite:** (17-) 22 (-23) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (1,3-) 1,5 (-1,7).

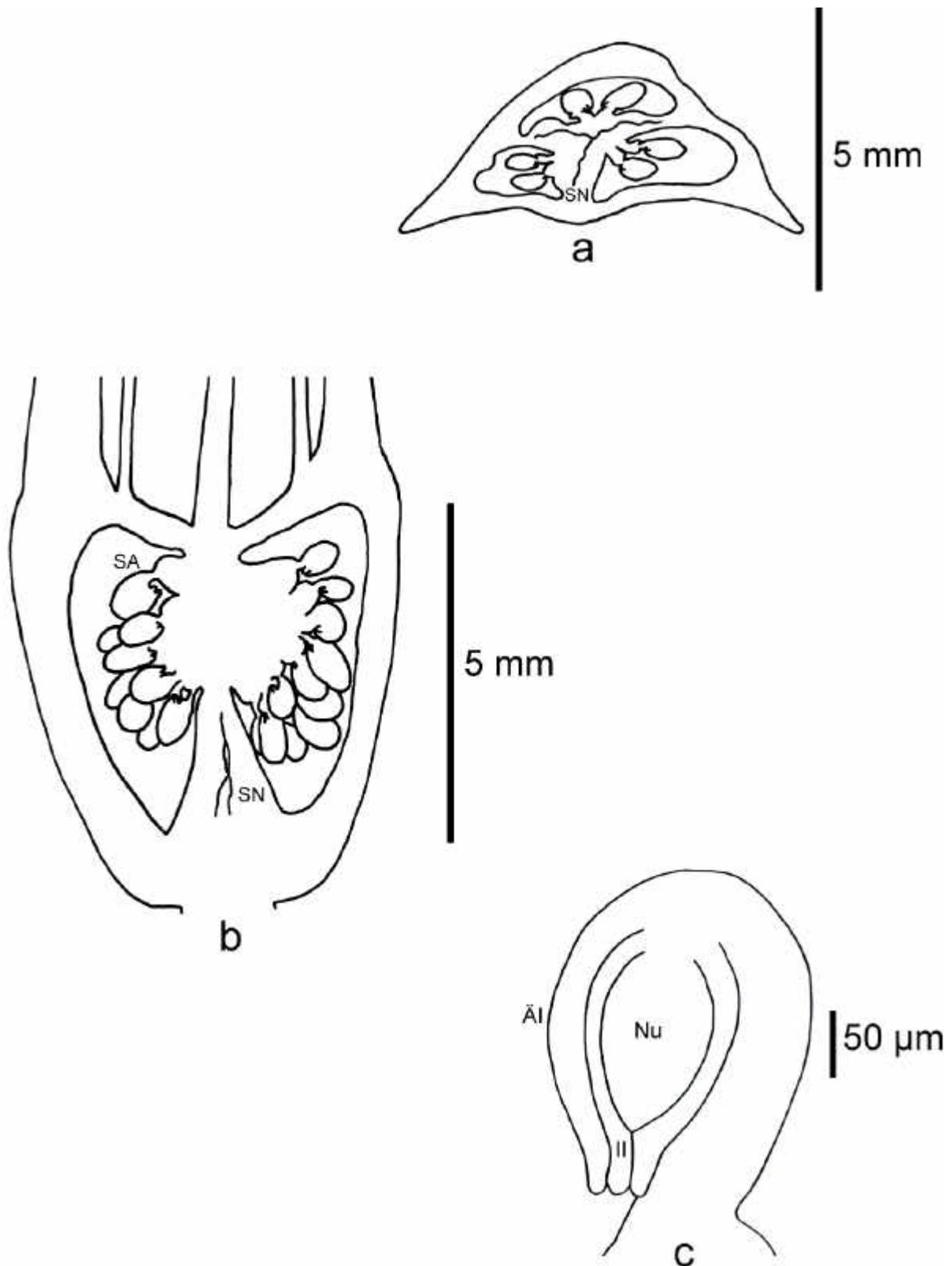


Abb. 135: *Orthophytum foliosum*. a) Längsschnitt (Präparat W17/A). SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat W17/B). SA = Samenanlagen, SN = Septalnektarien. c) Querschnitt (Präparat W17/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Portea* BRONGN. ex K. KOCH**

Index Sem. (Berlin) 1856: 7. 1857.

Typus-Art: *Portea kermesina* BRONGN. ex K. KOCH.

Index Sem. (Berlin) 1856: 7. 1857.

(Typus-Art untersucht).

***Portea kermesina* BROGN. ex K. KOCH**

Index Sem. (Berlin) 1856: 7. 1857.

Verbreitung: Brasilien, Estado Bahia.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 99-109.

Sammelnummer: RD22.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 12,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 3,0. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 30-40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (207-)

230 (-276) μm . **Samenanlagen, Breite:** (172-) 187 (-207) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (2,6-) 2,8 (-3,3). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (253-) 267 (-276) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (92-) 101

(-115) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (2,4-) 2,6 (-2,9). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (34-)

39 (-46) μm . **Funikulus, Breite:** (57-) 58 (-69) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,5-) 0,6

(-0,7). **Mikropyle, Länge:** (57-) 62 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 62 (-69) μm .

Mikropyle, Länge/Breite: 1. **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (205-) 221 (-228) μm . **Nucellus, Breite:** (142-) 153 (-160) μm .

Nucellus, Länge/Breite: (1,4-) 1,4 (-1,5). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2.

Plazentazellen, Länge: (46-) 50 (-57) μm . **Plazentazellen, Breite:** 17 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: (2,7-) 2,9 (-3,3).

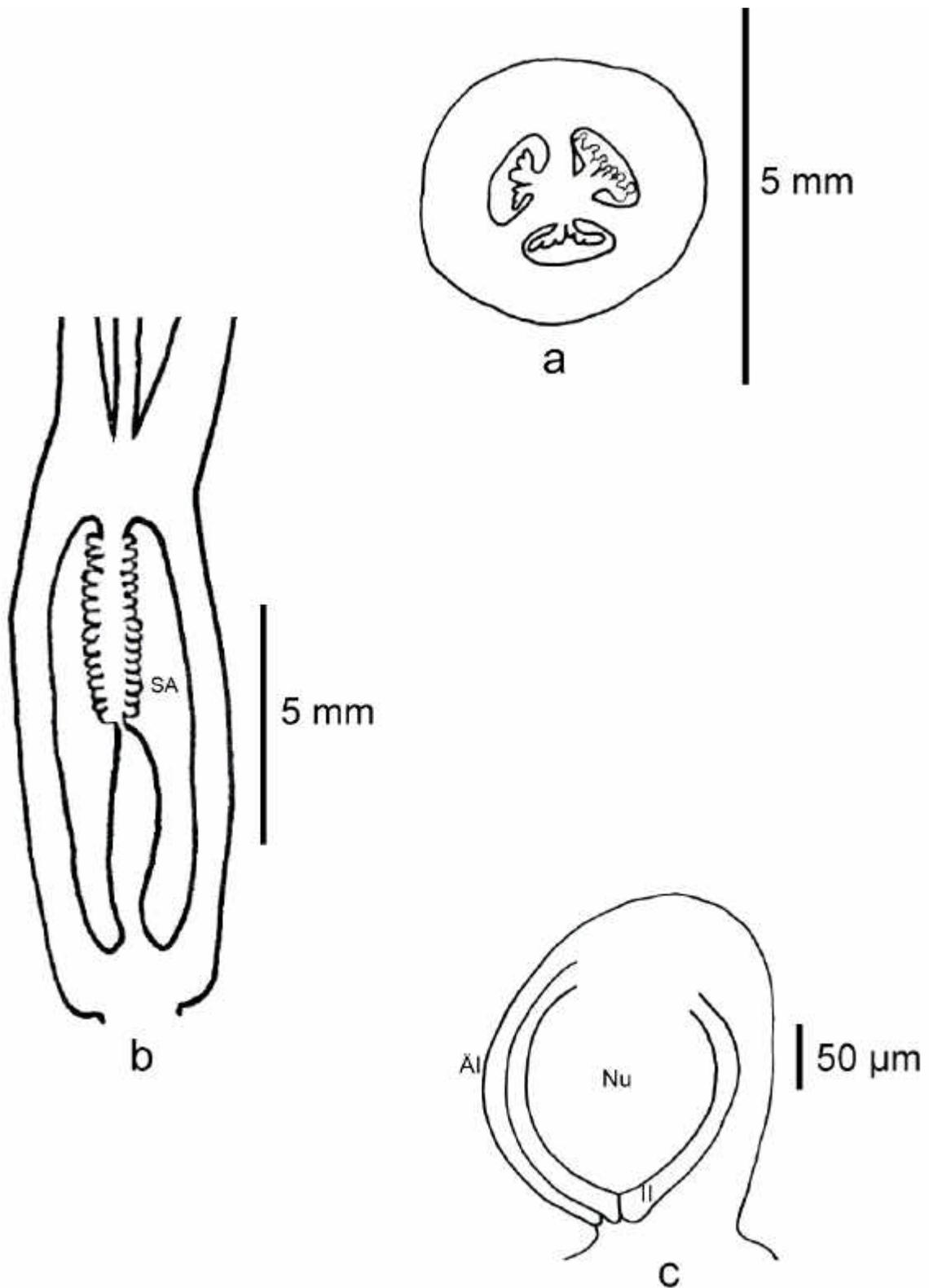


Abb. 136: *Portea kermesina*. a) Längsschnitt (Präparat RD22/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD22/B). c) Samenanlage (Präparat RD22/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Portea leptantha* HARMS**

Notizbl. Bot. Gart. Berlin-Dahlem 10: 786. 1929.

Verbreitung: Brasilien, Estado Pernambuco.

Lebenssammlung: FRPG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 99-110.

Sammelnummer: RD37.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,5 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 5,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,25. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: elliptisch. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 16-30. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (184-)

191 (-207) μm . **Samenanlagen, Breite:** (161-) 170 (-172) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (2,0-) 2,0 (-2,1). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: (115-) 122 (-138) μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (69-) 76

(-92) μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** (1,5-) 1,6 (-1,7). **Samenanlagen, Lage**

im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:**

34 μm . **Funikulus, Breite:** 46 μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 0,8. **Mikropyle, Länge:** (46-)

48 (-57) μm . **Mikropyle, Breite:** 69 μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,7-) 0,7 (-0,8).

Äußeres Integument, Dicke: 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres**

Integument, Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (28-)

34 (-40) μm . **Nucellus, Breite:** 11 μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,5-) 3,0 (-3,5). **Zahl der**

Furchen auf jeder Plazentahälfte: 2. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 34 (-40) μm .

Plazentazellen, Breite: 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,5-) 3,0 (-3,5).

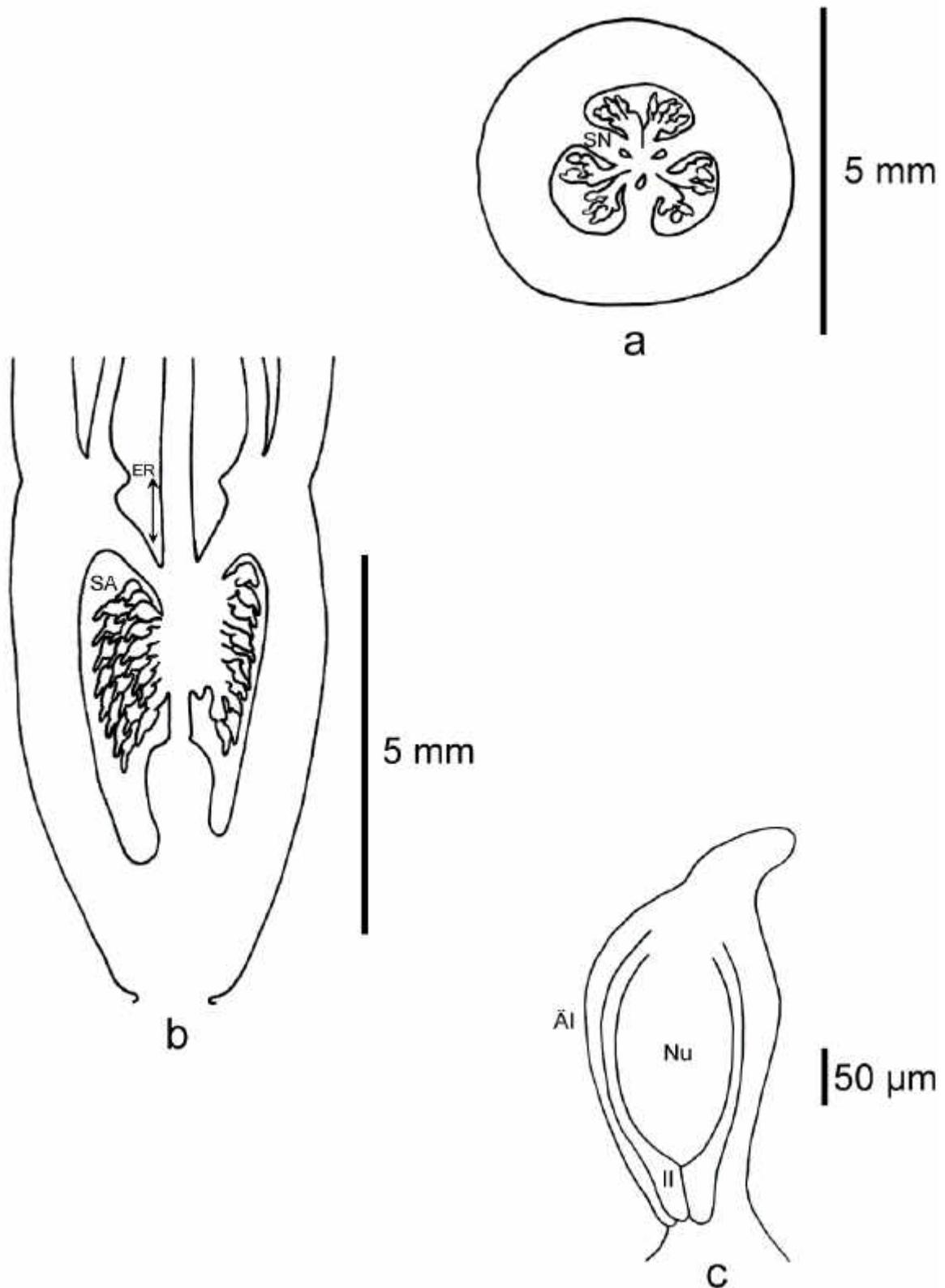


Abb. 137: *Portea leptantha*. a) Längsschnitt (Präparat RD37/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre c) Querschnitt (Präparat RD37/B). c) Samenanlage (Präparat RD37/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Pseudananas* HASSLER ex HARMS**

Nat. Pflanzenfam. (ed. 2) 15a: 153. 1930.

Typus-Art: *Pseudananas macrodontes* (E. MORR.) HARMS.

Nat. Pflanzenfam. (ed. 2) 15a: 153. 1930.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Pseudananas sagenarius* (ARRUDA) CAMARGO**

Revista Agric. (Piracicaba) 14(7,8): 4. 1939.

Basionym: *Bromelia sagenaria* ARRUDA.

Diss. Pl. Brazil 13. 1810.

Verbreitung: Ecuador, Bolivien, Brasilien, Paraguay, Argentinien.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: WT60622.

Sammelnummer: W18.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** nicht ermittelbar.
Fruchtknoten, Breite: nicht ermittelbar. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** nicht ermittelbar.
Fruchtknoten, apikale Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig.
Fruchtknoten, Form im Längsschnitt: nicht ermittelbar. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** nicht ermittelbar. **Fruchtknoten, Wände:** nicht ermittelbar. **Fruchtknoten, Flügel:** nicht ermittelbar. **Fruchtknoten, Rinnen:** nicht ermittelbar. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** -. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 4,0 mm.
Samenanlagen pro Fruchtfach: 4-9. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (460-) 490 (-517) µm.
Samenanlagen, Breite: (437-) 462 (-483) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,2-) 1,3 (-1,3). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 µm.
Samenanlagen, Anhängselbreite: 0 µm. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -.
Samenanlagen, Lage im Fruchtfach: subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop.
Funikulus, Länge: (80-) 87 (-103) µm. **Funikulus, Breite:** (230-) 237 (-253) µm.
Funikulus, Länge/Breite: 0,4. **Mikropyle, Länge:** (103-) 120 (-126) µm. **Mikropyle, Breite:** (46-) 62 (-69) µm. **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,8-) 1,9 (-2,3). **Äußeres Integument, Dicke:** 17µm. **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 µm. **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (142-) 149 (-165) µm. **Nucellus, Breite:** (103-) 119 (-131) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,2-) 1,2 (-1,3). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** 46 µm. **Plazentazellen, Breite:** 17 µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** 2,7.

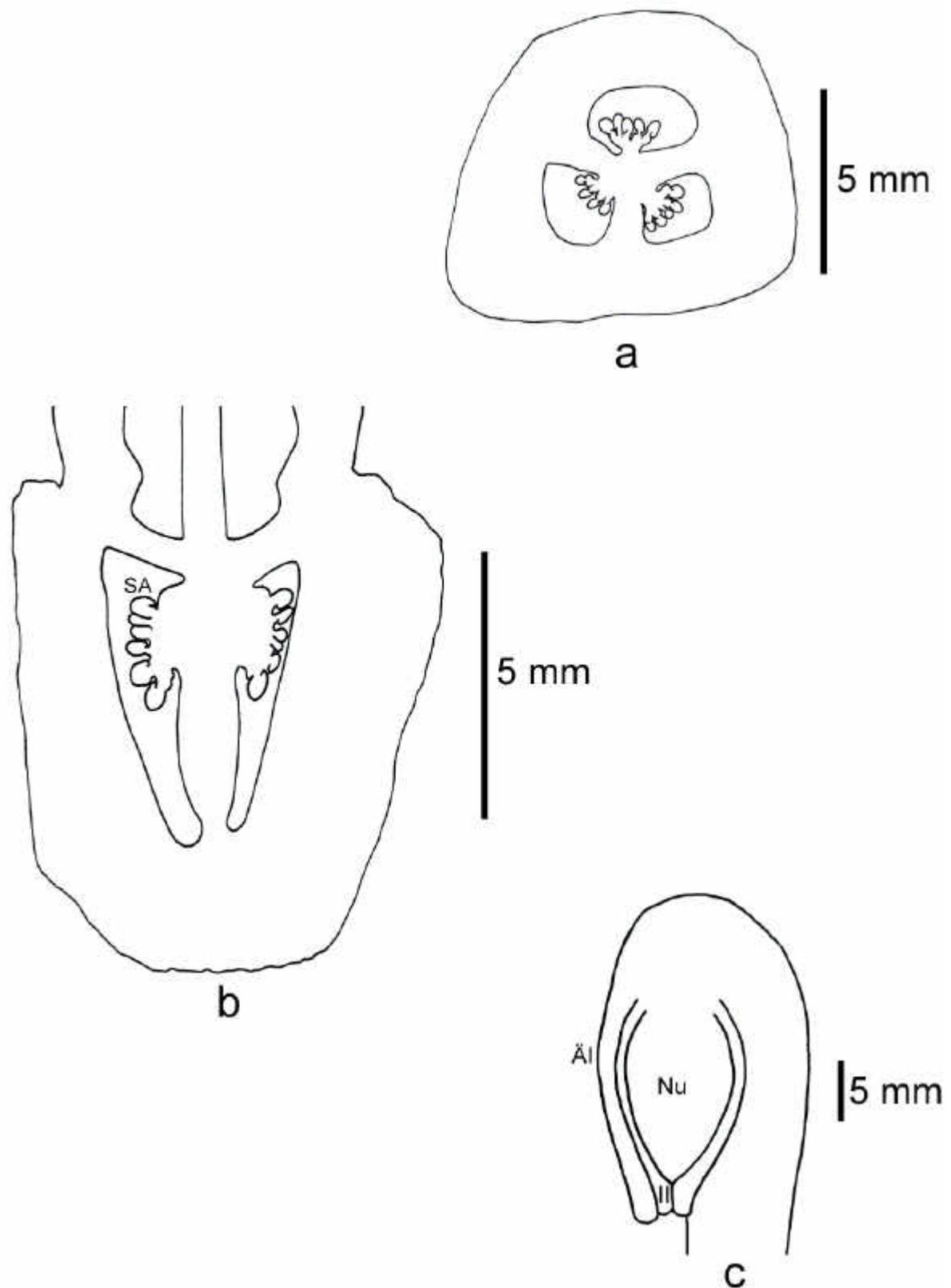


Abb. 138: *Pseudananas sagenarius*. a) Längsschnitt (Präparat W18/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat W18/B). c) Samenanlage (Präparat W18/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Quesnelia* GAUD.**

Voy. *Bonite*, Bot. Taf. 54. 1842.

Typus-Art: *Quesnelia rufa* GAUD.

Voy. *Bonite*, Bot. Taf. 54. 1842.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Quesnelia lateralis* WAWRA**

Oesterr. Bot. Z. 30: 149. 1880.

Verbreitung: Brasilien, Estado Rio de Janeiro.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104046.

Sammelnummer: RD17.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 2,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.
Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,6. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig.
Fruchtknoten, Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.
Septalnektarien, Höhe: 2,1 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (391-) 402 (-414) μm . **Samenanlagen, Breite:** (195-) 216 (-230) μm .
Samenanlagen, Länge/Breite: (2,0-) 2,2 (-2,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend.
Samenanlagen, Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm .
Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** (57-) 64 (-69) μm .
Funikulus, Breite: (69-) 76 (-80) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 0,8 (-0,9).
Mikropyle, Länge: (69-) 78 (-92) μm . **Mikropyle, Breite:** (57-) 68 (-69) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,2 (-1,6). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** (8-) 10 (-11) μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (296-) 304 (-308) μm . **Nucellus, Breite:** (148-) 163 (-171) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,8-) 1,9 (-2,0). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** (28-) 32 (-32) μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 9 (-11) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (3,0-) 3,5 (-5,0).

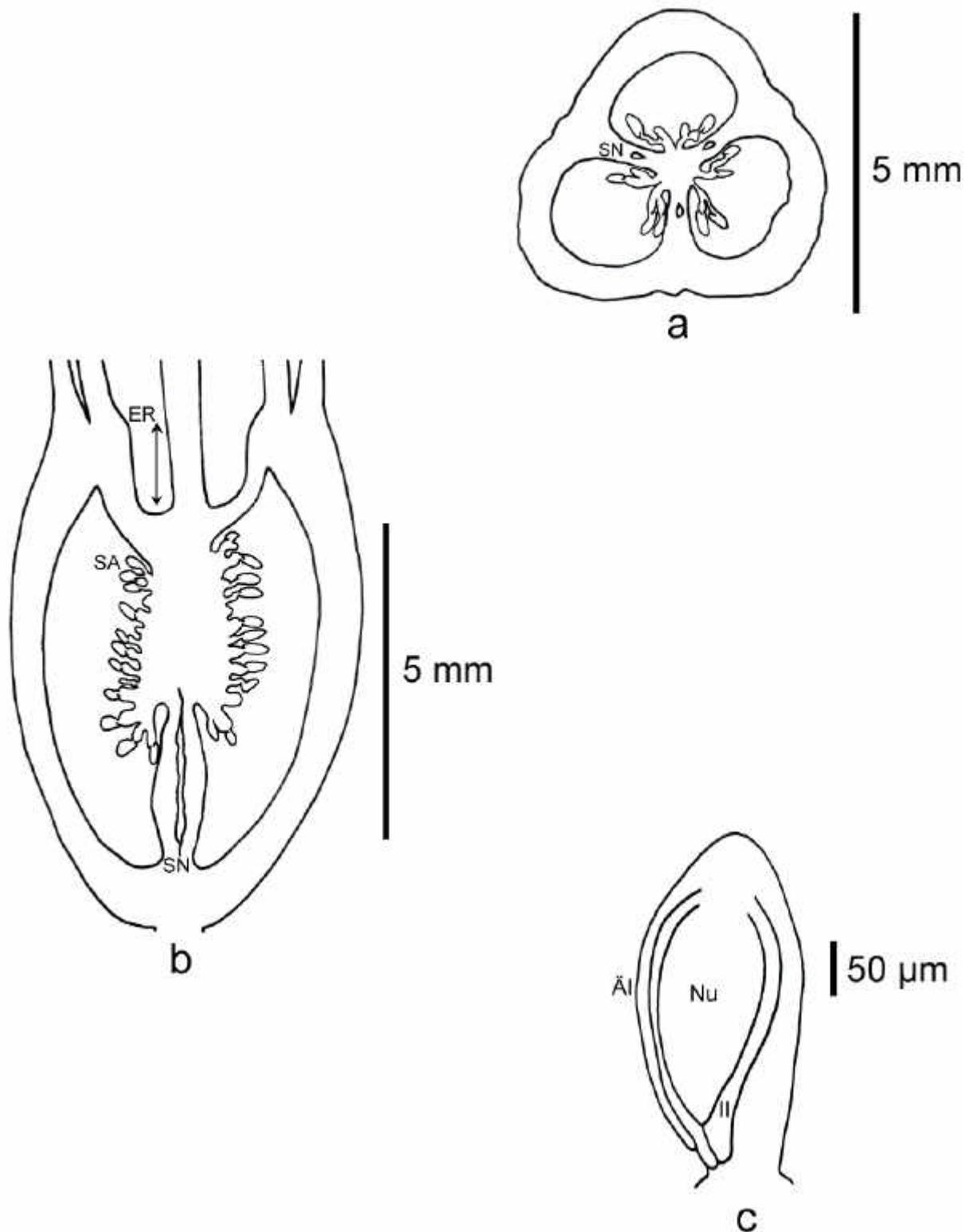


Abb. 139: *Quesnelia lateralis*. a) Längsschnitt (Präparat RD17/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. b) Querschnitt (Präparat RD17/B). SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD17/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Quesnelia liboniana* (DE JONGHE) MEZ**

Bot. Arch. 1: 66. 1922.

Basionym: *Billbergia liboniana* DE JONGHE.

J. Hort. Prat. Belgique 9: 1, Taf. 1. 1851.

Verbreitung: Brasilien, Estados Bahia und Rio de Janeiro.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103156.

Sammelnummer: RD29.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 8,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 4,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,0. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig.

Fruchtknoten, Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:**

Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 1,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (299-) 308 (-310) μm . **Samenanlagen, Breite:** (207-) 214 (-218) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (1,7-) 1,8 (-1,9). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend.

Samenanlagen, Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:**

subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** (80-) 85 (-92) μm .

Funikulus, Breite: (92-) 97 (-103) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** 0,9. **Mikropyle, Länge:**

69 μm . **Mikropyle, Breite:** (46-) 51 (-57) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,2-) 1,4 (-1,5).

Äußeres Integument, Dicke: 17 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres**

Integument, Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (199-)

203 (-217) μm . **Nucellus, Breite:** (154-) 158 (-165) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,2-) 1,3

(-1,4). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 1. **Plazentazellen, Länge:** 28 μm .

Plazentazellen, Breite: 17 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 1,7.

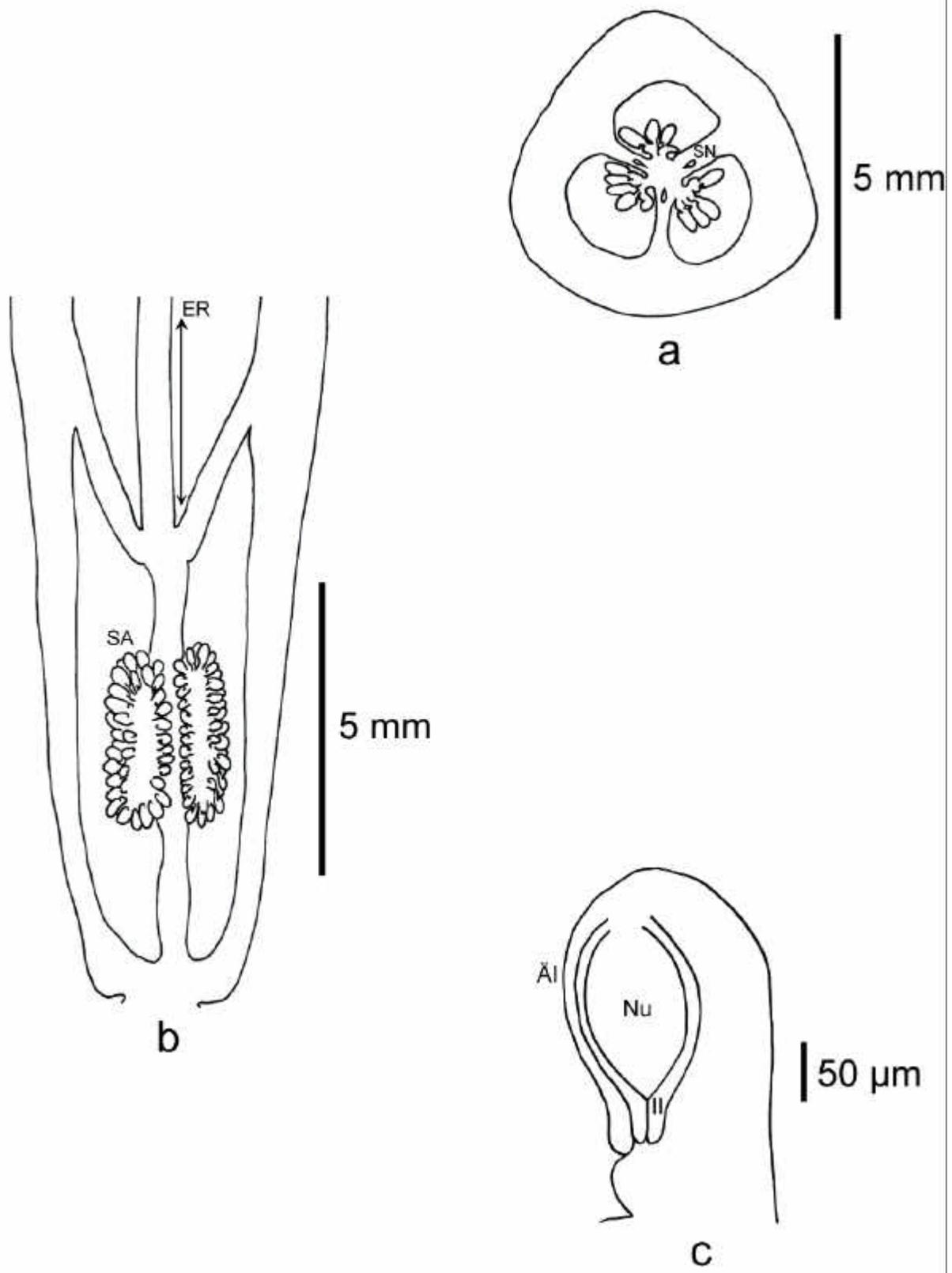


Abb. 140: *Quesnelia liboniana*. a) Längsschnitt (Präparat RD29/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. b) Querschnitt (Präparat RD29/B). c) Samenanlage (Präparat RD29/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Quesnelia seideliana* L. B. SM. & REITZ**

Phytologia 8(9): 506, Taf. 3, Abb. 12-14. 1963.

Verbreitung: Brasilien, Estado Rio de Janeiro.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103061 (R: 39432).

Sammelnummer: RD107.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 7,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 6,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,2. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: umgekehrt eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig.

Fruchtknoten, Wände: leicht gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten,**

Rinnen: Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: 2,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und**

Funikulus: (296-) 305 (-319) μm . **Samenanlagen, Breite:** (276-) 294 (-310) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (1,1-) 1,1 (-1,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend.

Samenanlagen, Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm .

Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:**

subapikal. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** 23 μm . **Funikulus,**

Breite: (46-) 48 (-51) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,4-) 0,5 (-0,5). **Mikropyle, Länge:**

(28-) 36 (-46) μm . **Mikropyle, Breite:** (34-) 39 (-46) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,7-)

0,9 (-1,0). **Äußeres Integument, Dicke:** 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2.

Inneres Integument, Dicke: 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus,**

Länge: (217-) 223 (-228) μm . **Nucellus, Breite:** (91-) 93 (-97) μm . **Nucellus, Länge/Breite:**

(2,4-) 2,4 (-2,5). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2. **Plazentazellen, Länge:**

34 μm . **Plazentazellen, Breite:** (6-) 7 (-8) μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (4,0-) 5,0

(-6,0).

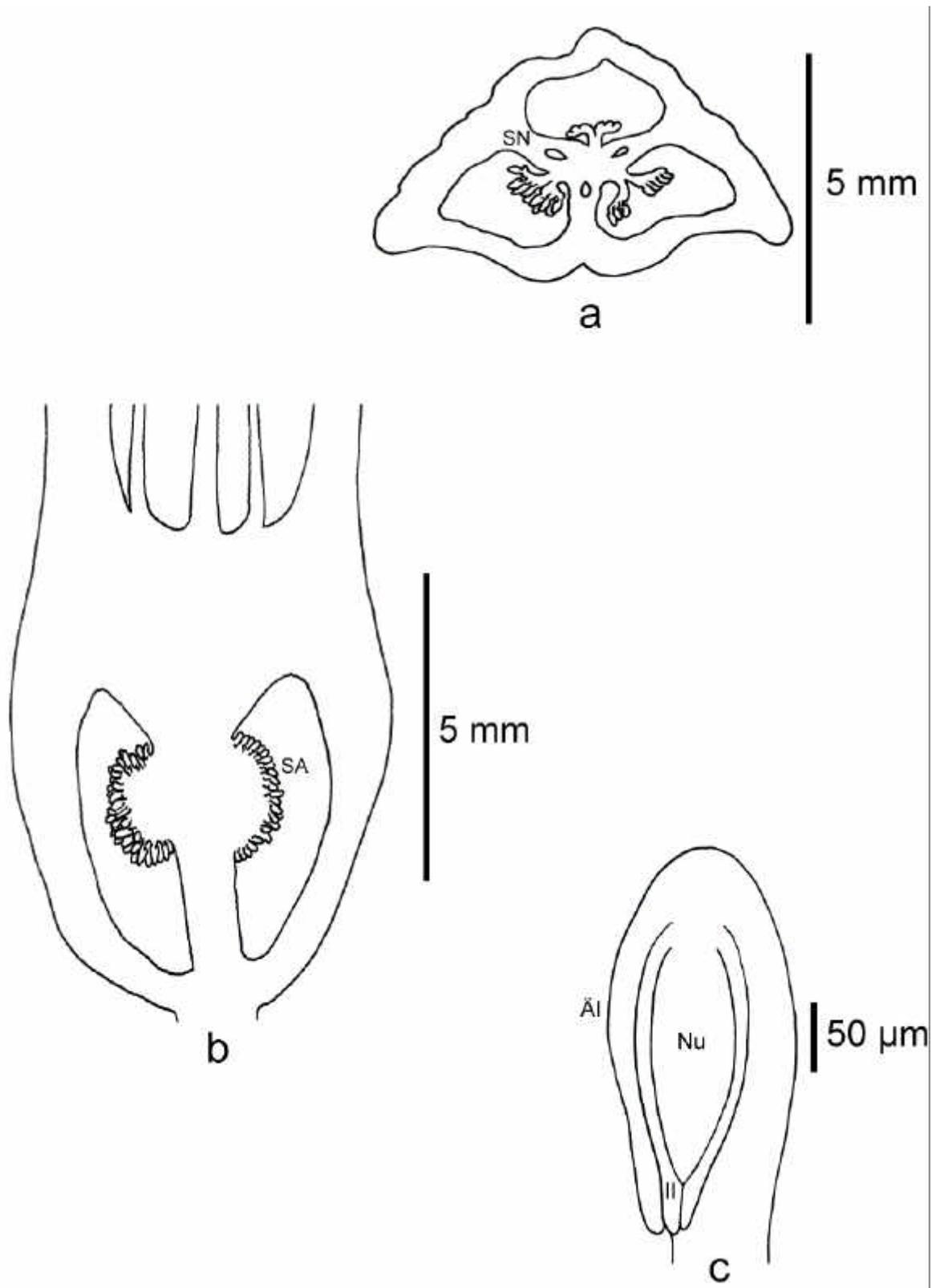


Abb. 141: *Quesnelia seideliana*. a) Längsschnitt (Präparat RD107/A). SA = Samenanlagen. b) Querschnitt (Präparat RD107/B). SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD107/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

Ronnbergia E. MORR. & ANDRÉ

Ill. Hort. 21: 120. Taf. 177. 1874.

Typus-Art: *Ronnbergia morreniana* LINDEN & ANDRÉ.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Ronnbergia explodens* L. B. SM.**

Phytologia 21: 92, Taf. 3, Abb. 6-7. 1971.

Verbreitung: Peru.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 102325 (R:48649) .

Sammelnummer: RD53.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 9,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 7,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,4. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,2 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (114-) 158

(-194) μm . **Samenanlagen, Breite:** (129-) 138 (-143) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:**

(2,1-) 2,4 (-2,7). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen,**

Orientierung: apotrop. **Funikulus, Länge:** (150-) 172 (-187) μm . **Funikulus, Breite:** (112-)

120 (-125) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,3-) 1,4 (-1,5). **Mikropyle, Länge:** (100-) 142

(-162) μm . **Mikropyle, Breite:** (100-) 107 (-112) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,0-) 1,3

(-1,5). **Äußeres Integument, Dicke:** 10 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2.

Inneres Integument, Dicke: 5 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus,**

Länge: (470-) 475 (-525) μm . **Nucellus, Breite:** (250-) 259 (-275) μm . **Nucellus,**

Länge/Breite: (1,6-) 1,8 (-2,1). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 3.

Plazentazellen, Länge: (36-) 39 (-44) μm . **Plazentazellen, Breite:** 6 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: (6,0-) 6,7 (-7,3).

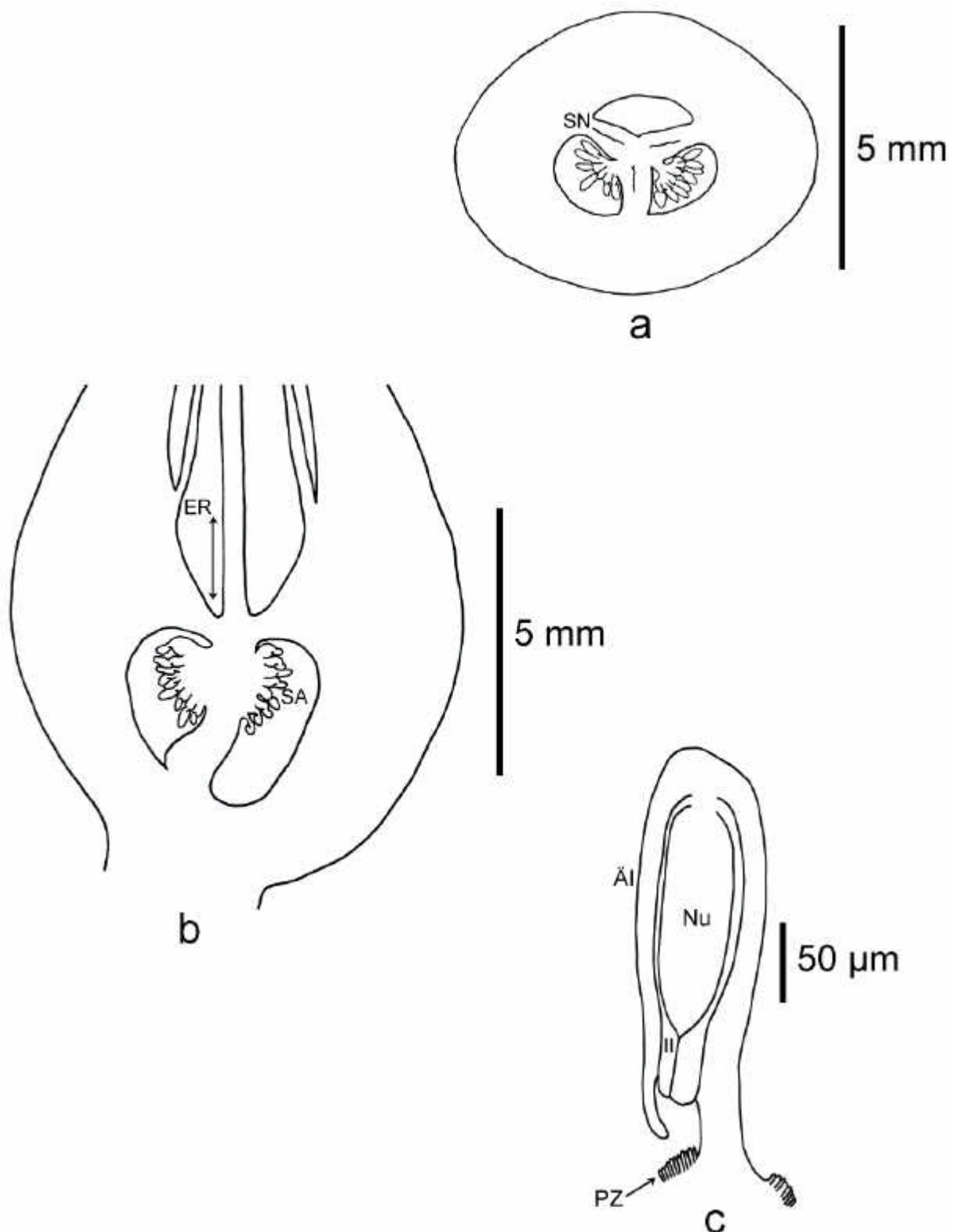


Abb. 142: *Ronnbergia explodens*. a) Längsschnitt (Präparat RD53/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. b) Querschnitt (Präparat RD53/B). SN = Septalnectarien. c) Samenanlage (Präparat RD53/B). AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus, PZ = Plazentazellen.

***Ronnbergia petersii* L. B. SM.**

J. Bromeliad Soc. 13: 46. 1973.

Verbreitung: Panama.

Lebenssammlung: UW.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: B97834-1.

Sammelnummer: W20.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 9,5 mm.
Fruchtknoten, Breite: 4,5 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,1. **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** schildförmig. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** eiförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend.
Fruchtknoten, Rinnentiefe: fehlend. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 3,4 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** 10-15. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** locker. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (402-) 412 (-414) μm . **Samenanlagen, Breite:** (207-) 218 (-230) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (2,0-) 2,1 (-2,3). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** apikal. **Samenanlagen, Orientierung:** apotrop. **Funikulus, Länge:** (46-) 53 (-57) μm . **Funikulus, Breite:** (69-) 83 (-92) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,6-) 0,6 (-0,7). **Mikropyle, Länge:** (57-) 60 (-69) μm . **Mikropyle, Breite:** (92-) 99 (-103) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (0,6-) 0,6 (-0,7). **Äußeres Integument, Dicke:** (17-) 20 (-23) μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** (11-) 15 (-17) μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (251-) 262 (-285) μm . **Nucellus, Breite:** (103-) 112 (-125) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (2,0-) 2,3 (-2,8). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 3. **Plazentazellen, Länge:** (68-) 73 (-74) μm . **Plazentazellen, Breite:** 17 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** (4,0-) 4,3 (-4,3).

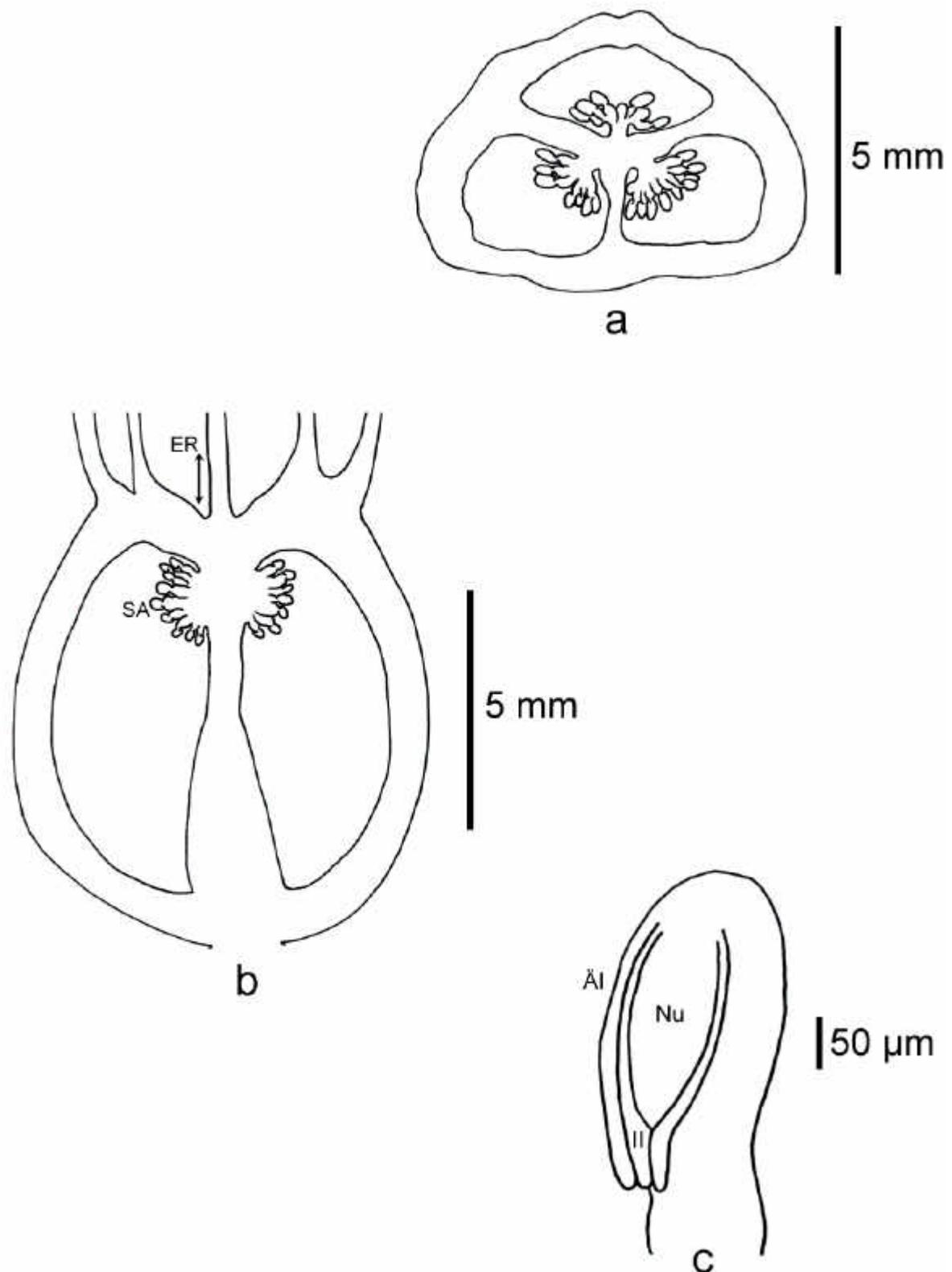


Abb. 143: *Ronnbergia petersii*. c) Längsschnitt (Präparat W20/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. c) Querschnitt (Präparat W20/B). c) Samenanlage (Präparat W20/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Ursulaea* READ & BAENSCH**

J. Bromeliad Soc. 44(5): 206-210. Abb. 4-6. 1994.

Typus-Art: *Ursulaea macvaughii* (L.B. SM.) READ & BAENSCH

J. Bromeliad Soc. 44(5): 207. 1994.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Ursulaea tuitensis* (MAGAÑA & E. J. LOTT) READ & BAENSCH**

J. Bromeliad Soc. 44(5): 209. 1994.

Basionym: *Aechmea tuitensis* MAGAÑA & E. J. LOTT.

Phytologia 59: 221-223. 1986.

Verbreitung: Mexiko.

Lebenssammlung: FRP.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 99-107.

Sammelnummer: RD77.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 1,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 12,5 mm.

Fruchtknoten, Breite: 8,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,6. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** sternförmig, Trichomfortsätze mit

Länge:Breite > 10:1. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** elliptisch. **Fruchtknoten,**

Form im Querschnitt: rundlich. **Fruchtknoten, Wände:** glatt. **Fruchtknoten, Flügel:**

fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** fehlend.

Fruchtknoten, Warzen: fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** 2,7 mm. **Samenanlagen pro**

Fruchtfach: > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach:** gedrängt.

Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus: (124-) 145 (-158) µm.

Samenanlagen, Breite: (198-) 204 (-208) µm. **Samenanlagen, Länge/Breite:** (1,4-) 1,5

(-1,5). **Samenanlagen, Anhängselform:** gebogen. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** (49-)

52 (-59) µm. **Samenanlagen, Anhängselbreite:** (25-) 27 (-30) µm. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: (1,7-) 2,0 (-2,4). **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** zentral.

Samenanlagen, Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (99-) 102 (-114) µm.

Funikulus, Breite: (99-) 107 (-124) µm. **Funikulus, Länge/Breite:** (0,9-) 1,0 (-1,0).

Mikropyle, Länge: (40-) 47 (-54) µm. **Mikropyle, Breite:** (25-) 27 (-30) µm. **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,3-) 1,8 (-2,2). **Äußeres Integument, Dicke:** (25-) 30 (-40) µm. **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 15 µm. **Inneres Integument,**

Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (198-) 205 (-213) µm. **Nucellus, Breite:** (124-) 130

(-140) µm. **Nucellus, Länge/Breite:** (1,5-) 1,6 (-1,7). **Zahl der Furchen auf jeder**

Plazentahälfte: 1, 2. **Plazentazellen, Länge:** (25-) 31 (-40) µm. **Plazentazellen, Breite:**

10 µm. **Plazentazellen, Länge/Breite:** (2,5-) 3,1 (-4,0).

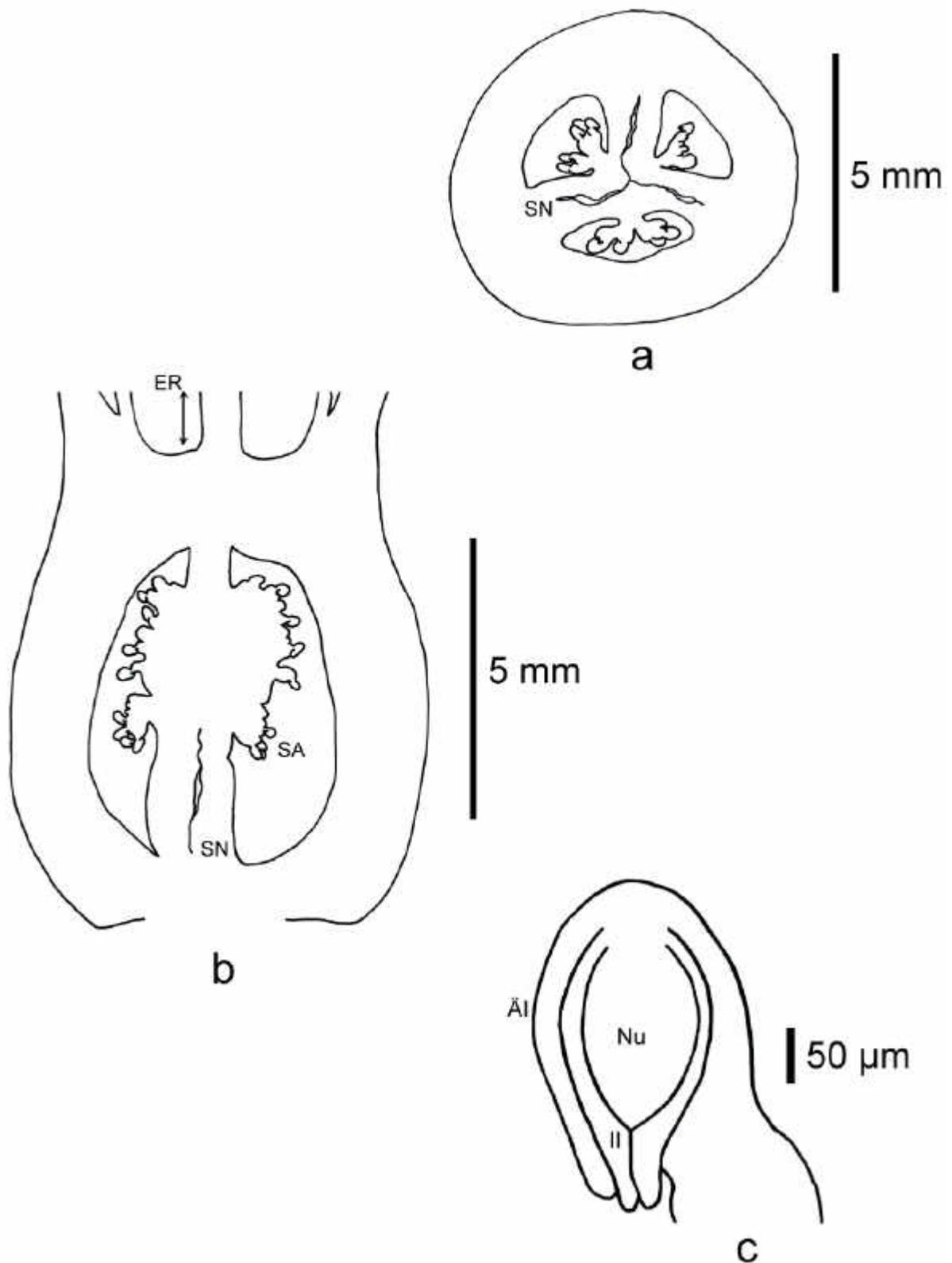


Abb. 144: *Ursulaea tuitensis*. a) Querschnitt (Präparat RD77/4). SN = Septalnektarien. b) Längsschnitt (Präparat RD77/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre, SN = Septalnektarien. c) Samenanlage (Präparat RD77/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

***Wittrockia* LINDM.**

Kongl. Svenska Vetenskapsakad. Handl. 24(8): 15, 20. 1891.

Typus-Art: *Wittrockia superba* LINDM.

Kongl. Svenska Vetenskapsakad. Handl. 24(8): 20. Taf. 2. 1891.

(Typus-Art nicht untersucht).

***Wittrockia smithii* REITZ**

Anais Bot. Herb. "Barbosa Rodrigues" 4: 19, Taf. 5. 1952.

Verbreitung: Brasilien, Estados Paraná und Santa Catarina.

Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 104090.

Sammelnummer: RD89.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 3,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** 13,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 5,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 2,6. **Fruchtknoten, apikale**

Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten, Form im**

Längsschnitt: rechteckig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig. **Fruchtknoten,**

Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen.

Fruchtknoten, Rinnentiefe: flach. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien,**

Höhe: 2,5 mm. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** > 40. **Samenanlagen, Verteilungsdichte**

im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (356-)

386 (-414) μm . **Samenanlagen, Breite:** (172-) 191 (-207) μm . **Samenanlagen,**

Länge/Breite: (2,3-) 2,7 (-3,2). **Samenanlagen, Anhängselform:** fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängsellänge: 0 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 0 μm . **Samenanlagen,**

Anhängsellänge/-breite: -. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** subapikal.

Samenanlagen, Orientierung: heterotrop. **Funikulus, Länge:** (92-) 120 (-138) μm .

Funikulus, Breite: (80-) 92 (-103) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (1,0-) 1,3 (-1,7).

Mikropyle, Länge: (80-) 91 (-103) μm . **Mikropyle, Breite:** 57 μm . **Mikropyle,**

Länge/Breite: (1,4-) 1,6 (-1,8). **Äußeres Integument, Dicke:** 17 μm . **Äußeres Integument,**

Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 11 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:**

2. **Nucellus, Länge:** (285-) 293 (-313) μm . **Nucellus, Breite:** (148-) 158 (-171) μm .

Nucellus, Länge/Breite: (1,7-) 1,9 (-2,0). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 4.

Plazentazellen, Länge: (46-) 49 (-51) μm . **Plazentazellen, Breite:** (11-) 25 (-45) μm .

Plazentazellen, Länge/Breite: (1,0-) 3,1 (-4,5).

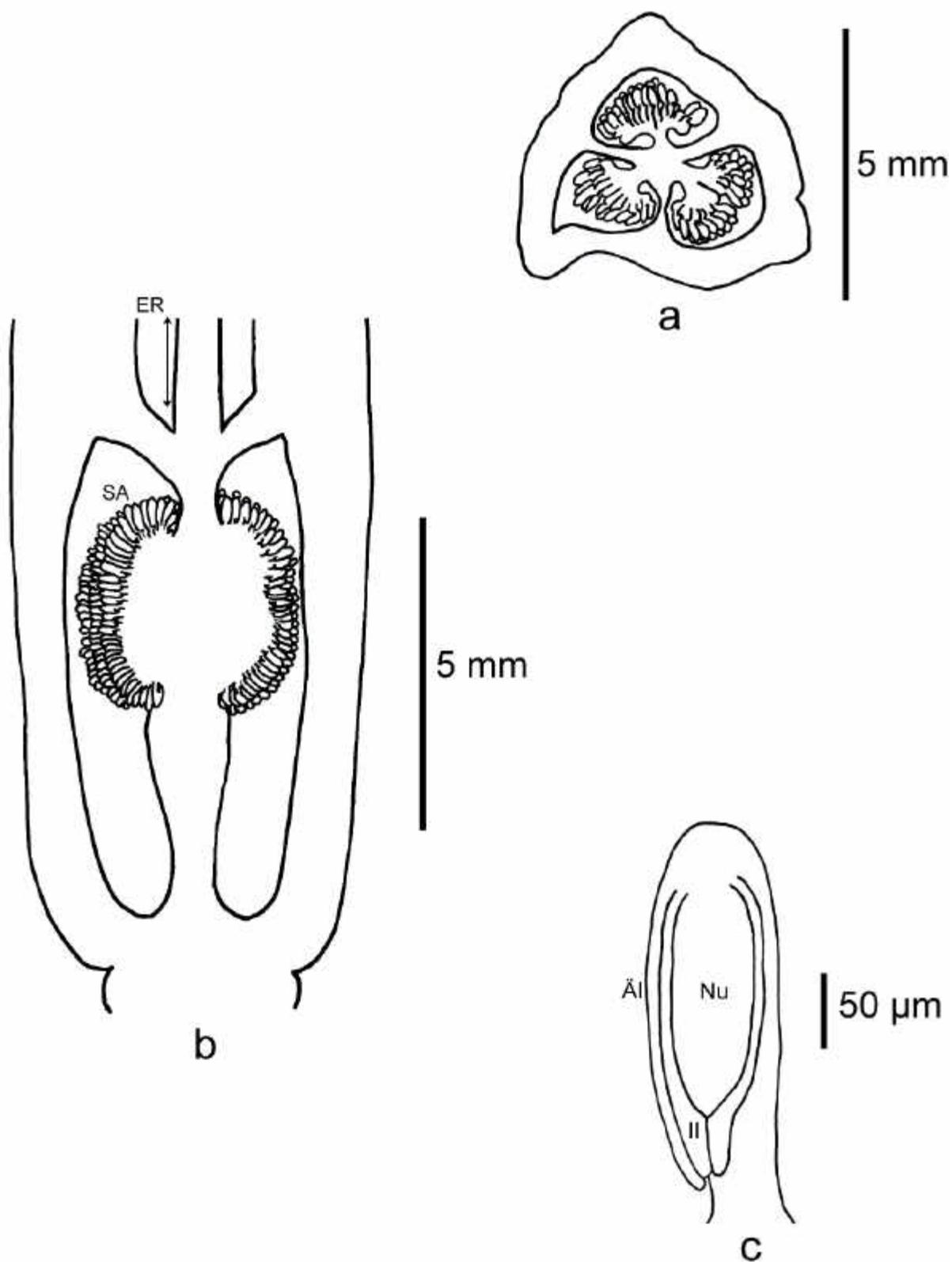


Abb. 145: *Wittrockia smithii*. a) Längsschnitt (Präparat RD89/A). SA = Samenanlagen, ER = epigyne Röhre. b) Querschnitt (Präparat RD89/B). c) Samenanlage (Präparat RD89/B). ÄI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

4. Diskussion

4.1 Funktionale Deutung der beobachteten Strukturen

4.1.1 Petalen

4.1.1.1 Orientierung am ersten Anthesetag

Nach hinten zurückgeschlagene bis gerollte Petalen treten als Synapomorphie nur bei den Arten der Gattung *Billbergia* auf. Dieses Merkmal wurden bereits von SMITH & DOWNS (1979) als Gattungsabgrenzung für *Billbergia* und wurden zwei Untergattungen unterschieden: *Billbergia*, mit zur Anthese wenig gerollten oder nur zurückgeschlagenen Petalen und *Helicodea* mit zur Anthese uhrfederartig gerollten Petalen. Für die vorliegende Untersuchung war nur Material der Untergattung *Billbergia* verfügbar. Ausgebreitete Petalen sind dagegen bei mehreren Gattungen zu finden, wobei auch innerhalb ein und derselben Gattung Vertreter mit ausgebreiteten und gerade nach vorn ausgerichteten Petalen vorkommen (beispielsweise bei *Acanthostachys* und *Ochagavia*). Die gerade nach vorn gerichteten oder leicht einwärts gewölbten stellen den am weitesten verbreiteten Merkmalszustand sowohl bei den Bromelioideae als auch bei den untersuchten Vertretern der Pitcairnioideae dar.

4.1.1.2 Farben

Die Petalen der Bromelioideae können entweder einfarbig sein oder von der Grundfarbe abweichend gefärbte Spitzen aufweisen. Für die systematische Analyse wurden daher die Grundfarbe (= Färbung der unteren 2/3 der Petalen) und die Färbung der Petalenspitze als unabhängige Merkmale behandelt.

Die leicht beobachtbare Farbe der Petalen wurde in der Vergangenheit als Merkmal für die Unterscheidung von Varietäten, Arten und Gattungen verwendet (z.B. SMITH & DOWNS 1979). Zweifarbige Petalen sind bei den Bromelioideae weitaus seltener als einfarbige. Wertvoll ist dieses Merkmal z.B. bei der Unterscheidung von *Deinacanthon urbanianum* von den Arten der sehr ähnlichen Gattung *Bromelia*. Selbst unter den Arten der meist zweifarbigen Gattung *Billbergia* finden sich andererseits mit *B. viridiflora* und *B. pyramidalis* zwei Taxa mit einfarbigen Blüten. Wegen des hohen Homoplasiegrades ist die Blütenfarbe als Merkmal höherer systematischer Einheiten nicht geeignet. Eine selektierende Wirkung der Blütenfarbe auf bestimmte Bestäubergruppen ist vielfach belegt. Für das hier untersuchte, sehr breite Artenspektrum an Bromelioideae liegen aus der Literatur nur sehr unterschiedlich genaue Angaben vor, so dass eine eingehendere Analyse der Beziehung zwischen Bestäubern

und Details der Blütenfärbung (wie z.B. die Wirkung der zweifarbigen Blüten bei *Billbergia* und *Bromelia*) noch eingehendere blütenökologische Feldstudien erfordert bevor die Rolle der Bestäuber im Detail interpretiert werden kann.

4.1.1.3 Anhängsel

Das Petalenanhängsel wurde vor allem von SMITH & DOWNS (1979) sowie BROWN & TERRY (1992) als taxonomisch relevantes Merkmal beachtet, neuere Arbeiten zeigen aber, dass es nicht zur Abgrenzung größerer systematischer Einheiten (oberhalb des Gattungsniveaus) geeignet ist (SCHULTE 2007). Vielmehr zeigt es eine hohe Variabilität sowohl im Auftreten als auch in der Ausprägung und ist offenbar mehrmals im Laufe der Evolution entstanden. Grundsätzlich wird für die Petalenanhängsel eine Funktion bei der Begrenzung der Nektarevaporation angenommen (BROWN & TERRY 1992). Um diese Hypothese für die hier untersuchten Arten zu prüfen und etwaige Auswirkungen der unterschiedlichen Formen der Petalenanhängsel (Petalenschuppe) auf die Nektarevaporation sind für die Zukunft experimentelle Ansätze zu verfolgen, die durch eingehendere Mikroklimamessungen an den natürlichen Standorten der Pflanzen ergänzt werden sollten. Damit wird allerdings nicht die taxonomische Relevanz dieses Merkmals auf Gattungs- und Artebene entkräftet. Vielmehr betont selbst LEME (1997), dass seine Kritik auf die Verwendung der Petalenanhängsel als alleiniges Merkmal zur Gattungsabgrenzung zielt, nicht aber den Wert der Petalenanhängsel in Kombination mit anderen Merkmalen negiert. Kritisch muss dann allerdings seine Akzeptanz des Petalenanhängsels als alleiniges Kriterium zur Unterscheidung von Arten betrachtet werden. Molekulare Untersuchungen auf Populations- und Artebene fehlen noch völlig, bei denen die Grenzen der innerartlichen Variabilität dieses Merkmals zu untersuchen wären. Es zeigen sich auch nach Berücksichtigung der neueren molekularen Phylogenien klare Übereinstimmungen zwischen der Präsenz bzw. Form von Petalenanhängseln und der Umgrenzung bestimmter Gattungen. Anhand des verfügbaren Materials konnten für die meisten Gattungen jeweils spezifische Ausbildungen der Petalenanhängsel beobachtet werden (Ergebnisse, Tab. 7).

4.1.1.4 Papillen

Grundsätzlich ermöglichen Papillen, dass unabhängig von der Richtung des einfallenden Lichtes die Farben an den Petalen stets optimal sichtbar bleiben (ENDRESS 1998).

Verschiedene Studien haben gezeigt, dass die Mikrostrukturen von Epidermiszellen und deren Anhangsgebilde zur Klärung systematischer Fragen herangezogen werden können und, soweit

bisher untersucht, auch taxonomisch verwertbar sind (STACE 1965, HEYWOOD 1971, NEWTON 1972, SCHILL, BARTHLOTT, EHLER & RAUH 1973). EHLER (1975) hat an *Stapelia*-Arten (Asclepiadaceae) beobachtet, dass vor allem die Feinstrukturen der Petalenoberflächen sehr vielgestaltig und in der Regel gattungsspezifisch sind, die Variabilität innerhalb einer Art aber gering ist. Für die Bromelioideae lässt sich diese Regel nur eingeschränkt anwenden, da selbst innerhalb einer Gattung (*Lymania*) Papillen vorkommen bzw. fehlen können, und bei den beiden Arten von *Acanthostachys* zwei verschiedenen Papillentypen auftreten. Sowohl bei *Lymania* als auch bei *Acanthostachys* handelt es sich allerdings um Gattungen, die in mehreren weiteren Merkmalen uneinheitlich sind und deren Monophylie auch auf molekularer Ebene noch nicht abschließend beurteilt werden konnte. Die unterschiedliche Ausprägung der Papillen stellt ein weiteres Argument gegen die Annahme einer Monophylie dieser Taxa dar.

Bei allen untersuchten Vertretern der Gattung *Orthophytum* wurden einheitlich geformte Papillen auf den Petalen beobachtet, allerdings waren hier nur drei von 24 Arten für die Untersuchung verfügbar. Weitere Untersuchungen an den Arten dieser Gattung sind daher erforderlich bevor weitergehende Verallgemeinerungen über den diagnostischen Wert der Papillen für die Gattung *Orthophytum* möglich sind.

4.1.2 Trichome

Die Trichome auf den Blättern der Bromeliaceae wurden bereits für zahlreiche Taxa untersucht (z.B. SCHIMPER 1888, MEZ 1896, BILLINGS 1904, TIETZE 1906, KEILINE 1915, STAUDERMANN 1924, WETZEL 1924, TOMLINSON, 1969, GARDNER 1986, MONDRAGÓN et al. 1999). Bisher wurden jedoch solche Untersuchungen nur selten an den Blüten der Bromelien durchgeführt (WADE & BROWN, 2005). Bei den untersuchten Vertretern der Bromelioideae wurde festgestellt, dass verschiedene Trichomtypen vorkommen, die innerhalb der verschiedenen Gattungen meistens jeweils einheitlich ausgeprägt sind. Ausnahmen stellen insbesondere die ohnehin als polyphyletisch angesehene Sammelgattung *Aechmea*, aber auch die wahrscheinlich monophyletischen Gattungen *Billbergia*, *Nidularium* und *Portea* dar. Es wurde gezeigt, dass die Trichome der Bromeliaceae, neben der primären Funktion der Wasseraufnahme noch eine weitere Bedeutung haben können, indem sie in ihrer Gesamtheit als Transpirationsschutz fungieren und die Wasserdampfabgabe in trockenen Perioden herabsetzen (RAUH 1981). Sie sollen nach BAUMERT (1909) sogar als Lichtschutzfilter wirken (RAUH 1981). Bei anderen Pflanzengruppen wurde die Funktion der Trichome im Bereich der Blüten untersucht (ENDRESS 1998). Es wurde herausgefunden, dass die an der

Fruchtknotenwand beobachteten Trichome den Samenanlagen einen zusätzlichen Schutz, insbesondere gegen Sonnenstrahlen und Kälte bieten könnten (MILLER 1986).

Trichome mit langen Fortsätzen, die der Fruchtknotenoberfläche ein wolliges Aussehen verleihen, wurden bei der Gattung *Bromelia* sowie *Aechmea kertesziae* (subg. *Ortgiesia*) festgestellt. Alle untersuchten Vertreter mit langen Fortsätzen wachsen an terrestrischen oder epiphytischen, aber stets sonnigen Standorten. Die silbernen, wolligen Haare könnten hier als zusätzlicher Schutz gegen UV-Strahlung und übermäßige Transpiration dienen. Auch kurze Trichomfortsätze finden sich bei vielen Arten sonniger Standorte. Schirmförmige Trichome ohne Fortsätze sind dagegen sowohl bei Schatten als auch bei Licht liebenden Arten vertreten. Die Dichte der Behaarung zeigt eine ähnliche Beziehung zum Standort der Pflanzen, wie es im Falle der Länge der Trichomfortsätze beobachtet wurde. Dichte Behaarung geht einher mit einer Bindung an sonnige Standorte, während eine zerstreute Behaarung bei Pflanzen unterschiedlichster Standorte auftritt. Das andere Extrem im Vergleich zu den dicht behaarten Pflanzen wird durch Vertreter der Gattungen *Neoregelia* und *Nidularium* – hier mit nur einer Ausnahme bei *N. billbergioides* – repräsentiert. Ihre Fruchtknoten sind vollkommen kahl. Eine Behaarung im Sinne eines UV- und Transpirationsschutzes wäre hier auch nicht wirksam, weil die Fruchtknoten im Zentrum der Phytotelmata meist unter Wasser bleiben, und sich nur die Petalen über der Wasserspiegel der Phytotelmata erheben.

4.1.3 Fruchtknoten

4.1.3.1 Lage

Die drei Unterfamilien der Bromeliaceen zeichnen sich hinsichtlich ihres Blütenbaues durch eine unterschiedliche Fruchtknotensstellung aus. Bei den meisten Vertretern der Unterfamilie Bromelioideae (mit Ausnahme von *Acanthostachys strobilacea*) ist der Fruchtknoten unterständig. BENZING (1980) argumentiert, dass die zusätzlichen Gewebe an der Fruchtknotenwand als Schutz für die Samenanlagen gegen mutmaßliche Prädatoren oder klimatische Extreme dient. Durch die für Bromelioideae einzigartige Lage des Fruchtknotens wird einmal mehr die Sonderstellung von *A. strobilacea* innerhalb der Unterfamilie unterstrichen.

4.1.3.2 Größe

Am Fruchtknoten wurden mehrere Merkmale untersucht. Ein Teil davon waren morphometrische Merkmale (Länge und Breite). Am längsten und breitesten waren die Fruchtknoten von *Bromelia nidus-puellae* und *Ochagavia carnea*. Beide Arten werden von

Vögeln bestäubt. Generell haben ornithophile Blüten i.d.R. eine hohe Nektarproduktion (LEINS 2000). Bei den Bromelioideae wird Nektar ausschließlich in Septalnektarien gebildet, deren Größe eine Rolle für die Menge des Nektars spielen kann. Funktional wirksam für den Zusammenhang zwischen Ornithophilie und der Größe des Fruchtknotens wäre hier damit primär der Platzbedarf für das Nektar sekretierende Gewebe. Ob die beiden genannten Bromelien tatsächlich über höhere Nektarproduktionsraten als verwandte Arten mit kleineren Fruchtknoten verfügen, muss allerdings noch durch Messungen der Nektarmengen überprüft werden.

Die kleinsten Blüten und mit einer Länge von 3-4 mm auch die kürzesten Fruchtknoten wurden an den Vertretern der Gattung *Araeococcus* gemessen. Alle Vertreter dieser Gattung werden durch Bienen bestäubt und die sonst bei Bromelioideae auftretenden Septalnektarien fehlen vollständig (SIQUEIRA FILHO et al. 2001). Arten deren Blüten durch Insekten (außer Schmetterlingen) bestäubt werden, benötigen je nach Bestäuberart u.U. sehr wenig oder gar keinen Nektar, um ihre Bestäuber anzulocken. Als alternative Belohnung für die Bestäuber können z.B. Öle oder aber, im Falle der Bromelien, Pollen dienen, der entsprechend zahlreich an den Staubbeuteln präsentiert wird. Untersuchungen über die Pollenmenge bei *Araeococcus* liegen noch nicht vor, eine Ölansammlung ist von Bromelioideae aber nicht bekannt und es ist daher zu erwarten, dass der Nektar bei *Araeococcus* durch eine andere für die Bienen nutzbare Belohnungsform wie z.B. dem Pollen ersetzt wird.

4.1.3.3 Umriss des Querschnitts

Die Form des Fruchtknotens in Querschnitt wird durch die Lage der Blüte in der Infloreszenz beeinflusst. Das Vorkommen rundlicher Fruchtknoten in beiden Außengruppentaxa legt die Interpretation dieses Merkmalzustandes als ursprünglich nahe. Als abgeleitete Formen gelten dagegen drei- und viereckige Fruchtknoten. Bei allen untersuchten Arten mit deutlich pedicellaten Blüten sind die Infloreszenzen entweder Trauben oder Rispen. In derartigen Infloreszenzen erfolgt kein mechanischer Druck auf die Fruchtknoten während der Ontogenese, was die Ausbildung runder Querschnitte begünstigt. Diese plesiomorphe Merkmalsausprägung innerhalb der Bromelioideae ist bei den meisten Arten zu beobachten. Blüten mit viereckigen Fruchtknoten sind bei Bromelien selten. Diese Ausprägung ist für alle untersuchten Arten der Gattung *Bromelia* charakteristisch und differenziert gegen die nah verwandte *Deinacanthon urbanianum* mit dreieckigem Fruchtknotenquerschnitt. Viereckige Fruchtknoten wurden sonst nur bei *Aechmea kertesziae* (subg. *Orgiesia*) beobachtet. Sie

entstehen oft in vergleichsweise dichten Infloreszenzen, wobei diese immer noch lockerer sind, als bei den Bromelien mit dreieckigen oder gar geflügelten Fruchtknoten.. Dreieckige Fruchtknoten sind häufig bei Bromelien mit ährenförmigen oder dicht köpfchenförmigen Infloreszenzen. Bei den Ähren erfolgt auf die Einzelblüten ein mechanischer Druck auf der Seite der Infloreszenzsachse sowie von den Brakteen, bei den köpfchenförmigen Infloreszenzen zusätzlich von den benachbarten Blüten.

4.1.3.4 Umriss des Längsschnitts

Die Längsschnittform der Fruchtknoten bei Bromelioideae ist ein Merkmal, das bisher wenig Beachtung fand. Synapomorphien einzelner Gattungen oder Untergattungen der Bromelioideae fehlen, jeweils einheitliche Ausprägungen dieses Merkmals finden sich aber bei den Gattungen *Edmundoa*, *Hohenbergia*, *Quesnelia* sowie der zur *Aechmea* gehörenden Untergattung *Ortgiesia*.

4.1.3.5 Flügel

Eine extreme Variante der dreieckigen Fruchtknoten sind Formen mit zwei zugespitzten oder zipfelartigen Verlängerungen (Flügel). Bei den hier untersuchten Vertretern mit diesem Merkmalszustand handelt es sich um Pflanzen, die in trockenen und sonnigen Habitaten wachsen. Die Fruchtknoten werden hier durch besonders kräftig entwickelte Brakteen gegen äußere Einflüsse wie starke UV-Einstrahlung oder Herbivoren geschützt. Geflügelt-dreieckige Fruchtknoten treten sowohl bei *Acanthostachys strobilacea* als auch bei den Gattungen *Hohenbergia* und *Orthophytum* auf.

4.1.3.6 Rinnen

Die Oberfläche der Fruchtknoten ist bei zahlreichen Arten glatt. Bei einigen Taxa wurden rundliche Fruchtknoten mit auffallenden leistenförmigen Strukturen beobachtet, die dem Fruchtknoten eine rinnenartige Oberfläche verleihen. Die Leisten zeichnen sich durch kräftige Kollenchyme aus. Derartige Fruchtknoten wurden bei allen untersuchten Vertretern der Gattungen *Billbergia* gefunden. Ferner wurden diese Strukturen bei allen Vertretern der Gattung *Lymania* beobachtet und scheinen auch hier von diagnostischem Wert zu sein.

4.1.3.7 Warzen

Warzige Fruchtknotenoberflächen wurden ausschließlich bei *Aechmea racinae* und *A. warasii* aus der Untergattung *Lamprococcus* gefunden. Es bleibt nach Untersuchung weiterer

Vertreter dieser Untergattung zu prüfen, ob die warzige Fruchtknotenoberfläche als Synapomorphie der *Lamprococcus*-Arten gewertet werden kann.

4.1.3.8 Epigyne Röhre

MEZ (1846) vermutete, dass die epigyne Röhre als Nektarbehälter dienen könnte.

Röhrenförmige Korollen deuten nach LEINS (2000) darauf hin, dass die Pflanze durch langrüsselige Schmetterlinge oder Vögel (insbesondere Kolibris) bestäubt wird. Diese Gruppen werden für die Gattungen *Ochagavia*, *Fascicularia* und *Fernseea* als Bestäuber genannt (BENZING 2000). Die lange Ausprägung der epigyner Röhre kann hier ein Bestandteil des Merkmalssyndroms der Ornitho- bzw. Psychophilie sein.

Die epigyne Röhre zeigt sich allerdings bei vielen anderen Bromelioideae je nach Gattung sehr variabel. Bei den Gattungen *Cryptanthus*, *Hohenbergia*, und *Orthophytum* ist diese Struktur grundsätzlich nicht vorhanden. Bei einer ganzen Reihe anderer Gattungen finden sich sowohl Arten mit als auch solche ohne epigynen Röhre (*Acanthostachys*, *Bromelia*, *Edmundoa*, *Lymania*, *Nidularium*, *Portea*). Ein Vergleich mit Literaturangaben über die bekannten Bestäuber von Arten einiger ausgewählter Gattungen zeigt, dass ein Zusammenhang zwischen dem Vorkommen der epigyner Röhre und der Bindung an bestimmte Bestäubergruppen besteht (Tab. 12). Bei den meisten der anderen Gattungen waren für jeweils einen Teil der hier untersuchten Arten keine hinreichenden Angaben über die Bestäuber verfügbar.

Tab. 12: Zusammenhänge zwischen dem Vorkommen einer epigyner Röhre und der Bindung an verschiedene Bestäubergruppen in ausgewählten Gattungen der Bromelioideae.

Gattung	Anzahl der Arten mit epigynen Röhre	Bestäubergruppe(n) bei den Arten mit epigynen Röhre	Anzahl der Arten ohne epigyne Röhre	Bestäubergruppe(n) bei den Arten ohne epigynen Röhre
<i>Acanthostachys</i>	1	Kolibris	1	Bienen, Tagfalter
<i>Bromelia</i>	2	Kolibris	2	Tagfalter
<i>Cryptanthus</i>	0	-	1	Nachtfalter
<i>Edmundoa</i>	1	Kolibris	1	Bienen, Wespen, Tagfalter
<i>Hohenbergia</i>	0	-	6	Bienen, Wespen, Tagfalter
<i>Lymania</i>	2	Tagfalter	1	Bienen, Tagfalter
<i>Nidularium</i>	3	Kolibris	1	Bienen, Wespen, Tagfalter
<i>Orthophytum</i>	0	-	3	Bienen, Wespen, Tagfalter
<i>Portea</i>	1	Kolibris	1	Bienen, Wespen, Tagfalter

Die in dargestellte Verteilung deutet darauf hin, dass Kolibris unter den Bromelioideae auch innerhalb ein und derselben Gattung eindeutig die Vertreter mit einer epigyner Röhre bevorzugen. Andere Bestäubergruppen sind weniger spezifisch und besuchen sowohl Arten der Bromelioideae, die eine

epigyne Röhre ausbilden als auch solche ohne diese Struktur. Die Beobachtung einer epigyne Röhre kann damit ein Indiz darauf geben, ob Kolibris für die Bestäubung der Blüten von Bromelioideae-Arten, für die noch keine Geländebobachtungen vorliegen, in Frage kommen, nicht aber ob andere Bestäubergruppen ausgeschlossen werden kann (siehe z.B. *Lymania*). Ebenso wie die Anpassung an bestimmte Bestäubergruppen ist die Entwicklung der epigyner Röhre offenbar mehrfach konvergent entwickelt worden und zeigt sich bei den hier untersuchten Taxa als ungeeignet, um oberhalb der Gattungsebene zur Diagnose höherer systematischer Einheiten beizutragen. Auf niedrigerer systematischer Ebene (Arten, nur teilweise auch auf Gattungsebene) ist dagegen mit einer größeren taxonomischen Relevanz dieses Merkmals zu rechnen. Unter den hier behandelten Gattungen erweist sich die epigyne Röhre als typisch z.B. für *Ochagavia*, *Fascicularia*, *Billbergia*, *Fernseea*, *Nidularium* und *Quesnelia*.

4.1.3.9 Septalnektarien

Nektarien sind Nektardrüsen, die in den Blüten der Angiospermen an unterschiedlichen Stellen auftreten können. Im histologischen Bild fallen sie in der Regel durch die geringere Größe und den Plasmareichtum (und die dadurch bedingte stärkere Anfärbbarkeit) ihrer Zellen auf. (LEINS et al. 2000). SPRENGEL (1793) war der erste, der beobachtet hatte, dass der Fruchtknoten vieler monokotyler Pflanzen an den Stellen Nektar ausscheidet, die den inneren Filamenten gegenüberliegen. BRONGNIART (1854) entdeckte die von ihm benannten „organes sécréteurs“ bei sieben verschiedenen Familien, darunter auch den Bromeliaceen. BÖHME (1988) fertigte eine ausführliche Studie über die systematische Verwertbarkeit der Septalnektarien von Bromeliaceen an, mit dem Ergebnis, dass hinsichtlich der von ihr untersuchten Einzelmerkmale die Septalnektarien von systematisch-phylogenetischer Bedeutung sind. Bei allen untersuchten Vertretern der Bromelioideae wurden Septalnektarien gefunden. Die Gattung *Lymania* weist relativ kleine Nektarien auf genauso wie *Aechmea distichantha* (subg. *Platyaechmea*). Diese Beobachtungen stehen in Zusammenhang mit der geringen Länge der Blüten dieser Taxa. Nur bei der Gattung *Araeococcus* wurden extrem kleine Nektarien mit im Durchschnitt nur 50 µm Höhe beobachtet, das ist nach BÖHME (1988) ein sogenanntes „rudimentäres Nektarium“. Die Gattung *Araeococcus* hat kleine, unscheinbare Blüten, in denen die Antheren im Verhältnis zur Blüte sehr groß sind. In diesem Fall ist es wahrscheinlich, dass sich die Blüten im Laufe der Evolution sekundär von Nektarblumen zu Pollenblumen entwickelt haben (BÖHME 1988).

4.1.4 Samenanlagen

4.1.4.1 Anzahl pro Fruchtfach

Die Anzahl der Samenanlagen pro Fruchtfach fand bisher nur wenig Beachtung in der taxonomischen Bearbeitung der Bromelioideae. Eine Ausnahme bildet die Revision der Gattung *Acanthostachys* von RAUH & BARTHOLOTT (1982). Hier wird hervorgehoben das beide *Acanthostachys*-Arten als einzige Vertreter der Bromelioideae über nur zwei Samenanlagen pro Fruchtfach verfügen. Diese Befund konnte für alle untersuchten Bromelioideae bestätigt werden. Wie im folgenden Kapitel noch zu zeigen sein wird, steht diesem einen verbindenden Merkmal jedoch auch im Bereich der Fruchtknoten eine Vielzahl an Merkmalen gegenüber, die eine konvergente Entstehung der reduzierten Samenanlagenanzahl und eine polyphyletische Gattung *Acanthostachys* wahrscheinlich machen.

4.1.4.2 Verteilungsdichte

Die Samenanlagen im Fruchtfach stehen bei einigen Bromelioideae so eng beisammen, dass sie sich gegenseitig an den Seiten berühren. Bei anderen Arten sind die Samenanlagen dagegen so locker über das Fruchtfach verteilt, dass sich klar erkennbare Zwischenräume ergeben. Diese Unterschiede wurde früher unter dem Begriff der „Dichte der Plazentation“ als diagnostisches Merkmal auf Artebene verwendet (SMITH & DOWNS 1979), nicht aber zur Abgrenzung von Gattungen. Mit der im Kapitel „Material und Methoden“ vorgenommenen Unterscheidung von nur zwei klar definierbaren Merkmalszuständen lassen sich jedoch die Gattung *Acanthostachys*, die untersuchten Vertreter der Gattung *Edmundoa* sowie die Arten *Aechmea blumenavii* (subg. *Ortgiesia*), beide Varietäten von *Aechmea tillandsioides* (subg. *Platyaechmea*), *Araeococcus pectinatus*, *Greigia sphacelata* und *Ochagavia carnea* von den übrigen Bromelioideae unterscheiden. Zumindest für die Gattungen *Acanthostachys*, wahrscheinlich aber auch für *Edmundoa*, lässt sich daher die Dichte der Plazentation als diagnostisches Merkmal zur Unterscheidung von anderen Gattungen nutzen. Nur die genannten Taxa verfügen über eine „lockere“ Plazentation, d.h., die Samenanlagen berühren sich nicht untereinander. Ein direkter funktionaler Zusammenhang z.B. mit der Größe der späteren Samen ist nicht bei allen Bromelioideae mit lockerer Plazentation erkennbar. So zeichnen sich die *Acanthostachys*-Arten zwar tatsächlich durch verhältnismäßig große Samen aus, ähnliche Dimensionen erreichen aber auch z.B. die Vertreter der Gattung *Bromelia*, die zum Zeitpunkt der Anthese eine dichte Plazentation erkennen lassen.

4.1.4.3 Orientierung

Die systematische Bedeutung der Orientierung der Samenanlagen wurde bereits bei verschiedenen Familien der Gefäßpflanzen in der Vergangenheit diskutiert (ENDRESS 1998) aber bisher nicht für die Bromelioideae verwendet. Erstmals wurden bei dem untersuchten Material fast durchgehend gattungsspezifische Typen der Samenanlagenorientierung festgestellt. Ausnahmen wurden nur bei der Gattung *Araeococcus* sowie bei jeweils einzelnen Vertretern der *Aechmea*- Untergattungen *Aechmea*, *Ortgiesia*, *Lamprococcus* und *Pothuava* festgestellt (Ergebnisse, Tab. 10).

4.1.4.4 Lage der obersten Samenanlage im Fruchtfach

Die Lage der Samenanlagen im Fruchtfach wurde auch in der Vergangenheit bereits als diagnostisches Merkmal sowohl auf Gattungs- als auch auf Artebene verwendet (SMITH & DOWNS 1979; READ 1984; ZIZKA et al. 1999; ZIZKA et al. 2002), wobei eine rein qualitative Unterscheidung der Merkmalszustände „apikal“, „subapikal“ und „zentral“ für die Lage der Samenanlagen verwendet wurde. Für die Gliederung der Bromelioideae oberhalb der Gattungsebene erweist sich dieses Merkmal allerdings als ungeeignet. Die Neudefinition des Merkmals über den Abstand der obersten Samenanlage zum Dach des Fruchtfaches führt auf dieser Ebene zu keiner Veränderung, es bleibt aber zu prüfen, ob über eine quantitative Analyse mit der verfeinerten Merkmalsdefinition möglicherweise noch weitere Unterschiede auf der Art- und Gattungsebene erschlossen werden können.

4.1.4.5 Bedeckung der Fruchtknotenachse

Während in der Vergangenheit die Lage der Samenanlagen nur rein qualitativ beschrieben wurde, wird hier erstmals als weiteres unabhängiges Merkmal die Ausdehnung des von Samenanlagen bedeckten Anteils der Fruchtknotenachse quantifiziert und auf ihre Eignung als eigenständiges diagnostisches Merkmal geprüft.

Innerhalb der untersuchten Bromeliaceen zeigte sich, dass anders als die Lage der obersten Samenanlage im Fruchtfach die Ausdehnung des von Samenanlagen bedeckten Teils der Fruchtknotenachse über Gattungsgrenzen hinweg sowohl bei den basal stehenden Linien der Bromelioideae als auch bei den untersuchten Vertretern der Pitcairnioideae einheitlich ausgebildet ist. Hier sind stets mehr als 70% der Fruchtknotenachse von Samenanlagen bedeckt, während bei den abgeleiteten „Core-Bromelioideae“ im Sinne von SCHULTE et al. (2005) weitaus geringere Bedeckungsgrade vorherrschen. Innerhalb der Core-Bromelioideae verfügen lediglich *Androlepis skinneri*, *Aechmea aquilega* (subg. *Aechmea*), und *Aechmea*

smithiorum (subg. *Platyaechmea*) über ähnlich hohe Bedeckungsgrade wie die Arten der basalen Linien. Ob es sich bei der Merkmalsausprägung dieser Taxa innerhalb der *Core-Bromelioideae* um Plesiomorphien oder um sekundäre Konvergenzen handelt, bleibt noch zu klären. Die Ausdehnung der von Samenanlagen bedeckten Teile der Fruchtknotenachse stellt eines der wenigen neuen Merkmale am Fruchtknoten dar, deren Ausprägungsformen über Gattungsgrenzen hinweg größere evolutive Zusammenhänge erkennen lassen.

4.1.4.6 Größe

Die Größe der Samenanlagen fand bisher nur wenig Beachtung als taxonomisch relevante Struktur. Beschreibende Angaben finden sich lediglich in Revisionen der *Aechmea* subg. *Pothuava* (WENDT, 1997) sowie des *Aechmea multiflora*-Komplexes (FERREIRA-CANELA et al. 2003). Hierbei wurde die Länge der Samenanlagen inklusive der sehr variablen Anhängsel ermittelt und nur relativ grob zwischen zwei Größenklassen unterschieden („< 1 mm“, bzw. „> 1 mm“). Bei genauerer Betrachtung ergibt sich aber, dass die Länge der Samenanlagenanhängsel keine direkte Beziehung zur Größe der Samenanlagen (ohne Anhängsel gemessen) besitzt und beide Größen daher besser als unabhängige Merkmale beschrieben werden sollten. Während die Länge der Anhängsel eine extrem weite Streuung aufweist (Variationskoeffizient = 2,21), liegen die Größen der Samenanlagen (ohne Anhängsel gemessen) wesentlich enger beieinander (Variationskoeffizient = 0,44). Für die Größe der Samenanlage ohne Anhängsel wurde zwischen zwei Größenklassen differenziert: < 0,5 mm und = 0,5 mm.

Abgesehen von *Aechmea chantinii* sind von den untersuchten Taxa die sechs Arten mit den größten Samenanlagen alles Vertreter basal stehender Gruppen innerhalb der *Bromelioideae*. Möglicherweise handelt es sich bei den großen Samenanlagen um einen relativ ursprünglichen Merkmalszustand. Es sei darauf hingewiesen, dass zwischen der Größe der Samenanlagen und der Größe der reifen Samen kein direkter Zusammenhang besteht. Beispielsweise haben sowohl *Acanthostachys strobilacea* als auch *A. pitcairnioides* mit die größten Samen aller *Bromelioideae* (BENZING 2000, GROß 1988). Ihre Samenanlagen sind dagegen von sehr unterschiedlicher Größe, und die relativ kleinen Samenanlagen von *A. strobilacea* werden in ihrer Länge von zahlreichen Arten übertroffen, deren reife Samen um ein Vielfaches kleiner sind. Die Länge der Samenanlagen ist ein von der Größe der reifen Samen unabhängiges Merkmal, das gehäuft bei Vertretern der basal stehenden Linien der *Bromelioideae* zu finden ist.

Die Breite der Samenanlagen fand bisher noch keine Beachtung als taxonomisch relevantes Merkmal. Diese Sicht wird durch die eigenen Untersuchungen weitgehend bestätigt, keine der untersuchten Gattungen kann durch die Breite der Samenanlagen gegen verwandte Taxa abgegrenzt werden. Allerdings finden sich die breitesten Samenanlagen wiederum gehäuft bei basal stehenden Vertretern der Bromelioideae wenn auch mehr Ausnahmen beobachtet wurden, als es bei der Länge der Samenanlagen der Fall war.

4.1.4.7 Länge der Anhängsel

Außergewöhnlich lange Samenanlagenanhängsel sind charakteristisch für die Vertreter der Gattung *Acanthostachys* sowie für *Aechmea bromeliifolia*, *A. cariocae*, *A. tillandsioides* var. *tillandsioides* und *A. triangularis*. Für die reifen Samen von *Aechmea bromeliifolia* zeigt BENZING (2000), dass hier ein ebenso langes Anhängsel wie an der Samenanlage vorhanden ist. Nach eigenen Beobachtungen ist ein ähnliches Anhängsel sowohl an den reifen Samen von *Acanthostachys strobilacea* und *A. pitcairnioides* (Abb. 146) als auch bei jenen von *Aechmea triangularis* und *A. bromeliifolia* vorhanden.

Stets sind diese Anhängsel im frischen Zustand von sehr klebriger Konsistenz. Bereits BENZING (2000) spekulierte daher über eine entsprechende Funktion der Samenanhänge als Hilfe bei der Verbreitung über tierische Vektoren und der Etablierung des Samens an Oberflächen. Es verwundet daher nicht, dass dieser Merkmalszustand offenbar mehrfach konvergent bei epiphytischen Bromelien entstanden ist.

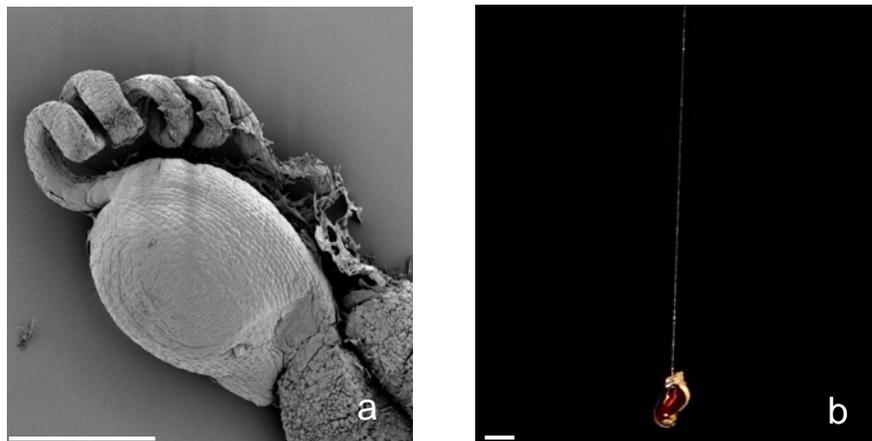


Abb. 146: Samenanlage (a) und Samen (b) von *Acanthostachys pitcairnioides* mit extrem verlängertem Anhängsel (Maßstabsbalken in a: 300 μ m, in b: 5 mm). Das Photo des Samens wurde freundlicherweise von Dr. P. Sack, Botanischer Garten Heidelberg zur Verfügung gestellt.

4.1.4.8 Breite der Anhängsel

Die Breite der Samenanlagenanhängsel steht in direkter Beziehung zur Länge der Samenanlagenanhängsel ($r=0,67$; $p < 0,001$). Sehr breite Samenanlagenanhängsel finden sich

allerdings wieder bei *Aechmea bromeliifolia* und *A. cariocae*. Bei diesen beiden Arten sind sowohl Länge als auch Breite der Samenanlagenanhängsel offenbar konvergent in Anpassung an die Besiedlung epiphytischer Lebensräume maximiert worden. Das resultierende sehr große Volumen des klebrigen Anhängsels am reifen Samen könnte die Zeitdauer verlängern über welche die klebrige Konsistenz erhalten bleibt, da ein größeres Flüssigkeitsvolumen bei relativ kleiner Oberfläche die Austrocknung des Anhängsels verzögert und so die Anheftungschancen erhöht. Experimentelle Arbeiten über die Klebfähigkeit verschieden gestalteter Anhängsel und ihres Einflusses auf die Etablierungseffizienz der Samen stehen noch aus.

4.1.4.9 Anhängselform

Das Vorkommen von Anhängseln an den Samenanlagen wurde auch in der Vergangenheit bereits zur Charakterisierung einzelner Gattungen verwendet (SMITH & DOWNS 1979). Ein Zusammenhang zwischen dem Vorhandensein eines Samenanlagenanhängsels und dem Auftreten von Anhangsorganen der reifen Samen wurde bereits von GROß (1988) postuliert und ließ sich durch die eigenen Untersuchungen bestätigen. Die Form der Anhängsel bei den Samenanlagen wurde bislang dagegen meist nicht näher differenziert. Es erwies sich, dass aber auch die Form der Samenanhängsel bereits zum Zeitpunkt der Anthese an den Samenanlagen vorgezeichnet ist. Die hier verwendete Unterscheidung von geraden, gebogenen, und mehrfach gewundenen Anhängseln der Samenanlagen ermöglicht erstmals die Formulierung eines möglicherweise gattungsspezifischen Merkmalszustandes für die untersuchten Vertreter von *Aechmea* subg. *Macrochordion* (gebogen). Weil für die Untersuchung an der Untergattung *Macrochordion* nur zwei von 22 Arten zur Verfügung standen, müssen hier aber dringend weitere Studien erfolgen, um den diagnostischen Wert der gebogenen Samenanlagenanhängsel für diese Untergattung besser einschätzen zu können.

4.1.4.10 Funikulus

Die Länge des Funikulus blieb bei systematischen Untersuchungen der Bromelioideae bislang gänzlich unbeachtet. Tatsächlich findet sich keine taxonomisch nutzbare Verteilung der Messwerte zur Funikulusslänge bei den untersuchten Taxa. Bemerkenswert ist allerdings das komplette Fehlen eines Funikulus bei *Deinacanthon urbanianum* (im Sinne einer Leitbündel enthaltenden Verbindungsstruktur zwischen Plazenta und Samenanlage). Wie hier eine effiziente Versorgung der Samenanlage ermöglicht wird, bedarf weiterer Untersuchungen.

Auch die Breite des Funikulus wird hier erstmalig auf ihre taxonomische Relevanz untersucht, erwies sich aber als nicht geeignet zur Unterscheidung einzelner Artengruppen oder Gattungen.

4.1.4.11 Mikropyle

Die Form und Funktion der Mikropyle als Durchgang für den Pollenschlauch wurden von ENDRESS (1998) für verschiedenen Repräsentanten der Familien Musaceae, Iridaceae, Liliaceae, Anacardiaceae, Myrsinaceae, Lentibulariaceae verglichen. Die Mikropyle spielt bei den Tillandsioideae und Pitcairnioideae außer für den Befruchtungsvorgang auch noch im reifen Samen als Flugapparat eine wichtige Rolle (GROß 1988). In der Unterfamilie der Bromelioideae fehlen zwar aus der Mikropyle hervorgehende Flugapparate (Haarschopf), auch hier können aber am reifen Samen zusätzlich zu den bekannten chalazalen Anhängseln auch vergrößerte mikropylare Anhängsel dem Samen ein bicaudates Aussehen verleihen (GROß 1988). Systematische Untersuchungen über den taxonomischen Wert von Länge und Breite der Mikropyle bei Bromelioideae fehlten allerdings noch völlig.

Lange Mikropylen (? 105 µm) wurden bei *Acanthostachys pitcairnioides*, sowie allen untersuchten Vertretern der Gattungen *Bromelia*, *Deinacanthon*, *Greigia*, *Fascicularia* und *Ochagavia* beobachtet. Damit findet sich auch für die Länge der Mikropyle eine auffällige Häufung großer Messwerte bei Vertretern basal stehender Bromelioideae, nicht aber bei den untersuchten Vertretern der Pitcairnioideae. Auch die aus den molekularen Analysen von HORRES et al. (2000) sowie SCHULTE et al. (2005) hervorgehende enge Verwandtschaft der Gattungen *Fascicularia*, *Greigia* und *Ochagavia* wird durch das gemeinsame Merkmal relativ langer Mikropylen gestützt. Dennoch finden sich auch für dieses Merkmal Ausnahmen, z.B. treten in der hoch variablen Gruppe der Gattung *Aechmea* s.l., aber auch bei einzelnen Vertretern der Gattung *Billbergia*, *Neoregelia* und *Pseudananas* ausnahmsweise lange Mikropylen auf.

4.1.4.12 Gesamtdicke der Integumente

Die Samenanlagen der Bromelioideae sind bitegmisch, d. h., besitzen ein äußeres und ein inneres Integument, die den späteren Samen als Samenschale von äußeren Einflüssen schützen sollen. Es zeigte sich, dass die Dicke des inneren und das äußeren Integumentes eng miteinander korreliert ist ($r = 0,86$; $p < 0,001$), weshalb für die systematische Analyse mit der Gesamtdicke beider Integumente gearbeitet wurde. Mit der gewählten Unterteilung von zwei Größenklassen konnte keine taxonomisch verwertbare Aussage getroffen werden.

4.1.4.13 Dicke des inneren Integumentes in Höhe der Nucellusapex (DIIN)

Während der Länge der Mikropyle offensichtlich ein gewisser Wert als taxonomisch-systematisches Merkmal zukommt, zeigt die Dicke des inneren Integumentes in Höhe der Nucellusapex keine interpretierbare Verteilung unter den untersuchten Taxa. Besonders DIIN wurden allerdings nur bei zwei Vertretern der basalen Linien der Bromelioideae (*Bromelia nidus-puellae*, *Greigia sphacelata*) gefunden. Die Beziehung zwischen der Länge des Mikropyles und die DIIN ist aber nur relativ schwach ($r= 0,67$, $p= < 0,001$), so dass beide Merkmale als unabhängig betrachtet werden können.

4.1.4.14 Nucellus

Der Nucellus als Träger taxonomisch nutzbarer Merkmale wurde insbesondere durch die Arbeit von RUDALL (1997) ins Gespräch gebracht. Die meisten der von RUDALL als bedeutsam erkannten Strukturen sind allerdings bei den untersuchten Vertretern der Bromeliaceae zwar familientypisch ausgeprägt und zur Unterscheidung von anderen Pflanzenfamilien geeignet, innerhalb der Familie erwiesen sich aber die meisten Merkmale als konstant. Im einzelnen handelt es sich dabei um crassinucellate Samenanlagen, die Präsenz einer mehrschichtigen „Nucelluskappe“ („nucellar cap“) und überwiegend annähernd gleich langer wie breiter Zellen in der „Epidermis“ des Nucellus („nucellar epidermis“), vorhandene Hypostasen und Zuleitungsbahnen bereits zum Zeitpunkt der Anthese, subdermales Perisperm und ein fehlendes Chalazosperm.

Eine relativ hohe Variabilität wurde allerdings bei der Länge, der Breite und dem Quotienten aus Länge und Breite des Nucellus festgestellt. Beide Vertreter der Gattung *Acanthostachys* zeigen auffallend lange Nucelli, ein Merkmal das aber auch von einer ganzen Reihe weiterer, den Befunden von SCHULTE et al. (2005) zu folge nicht näher miteinander verwandter Taxa geteilt wird.

Während die Länge des Nucellus nur gering mit dem Quotienten aus Nucelluslänge und –breite korreliert ist, ergibt sich eine sehr hohe Korrelation zwischen diesem Quotienten und der Nucellusbreite. Die beiden *Acanthostachys*-Arten z.B. zählen in der Länge der Nucelli zu einer kleinen Gruppe von Taxa mit sehr großen Messwerten, sowohl bei der Nucellusbreite als auch bei dem Längen/Breiten-Quotienten, unterscheiden sie sich dagegen nicht von der Mehrzahl der übrigen Bromelioideae. Grundsätzlich konnten mit den Messgrößen Nucellusbreite und dem Quotienten aus Nucellus-Breite und -länge keine gattungsspezifischen Verteilungsmuster entdeckt werden. Angesichts der sehr großen

Streuung der Messwerte ist aber eine taxonomische Nutzbarkeit dieser Merkmale auf der Artebene denkbar und sollte in Anschlussstudien geprüft werden.

4.1.5 Plazenta

4.1.5.1 Furchung

Im weitesten Sinne ist die Plazenta der Gewebeteil eines Karpells (oder der Blütenachse), der die Samenanlagen hervorbringt (LEINS et al. 2000). Bei den Bromelioideae beobachtete LEINFELLNER (1951) eine im Querschnitt U-förmige Plazenta. Diese Grundform ist charakteristisch sowohl für alle Bromelioideae als auch bei den untersuchten Vertretern der Pitcairnioideae. Eine eingehendere Untersuchung der Fruchtknotenquerschnitte brachte die Existenz unterschiedlicher Furchungstypen auf der Oberfläche der Plazenten zu Tage. Die Furchen bewirken die Entstehung eines parallel verlaufenden Leistensystems auf dem die Samenanlagen linienartig angeordnet sind. Der Vergleich der Querschnitte von 102 untersuchten Arten zeigte eine weitgehend gattungsspezifische Fixierung der Anzahl der auf der Plazenta befindlichen Furchen. Ein direkter Bezug dieses Merkmals zu äußeren Faktoren oder eine Kopplung mit anderen Strukturen des Fruchtknotens war dagegen nicht ersichtlich.

4.1.5.2 Größe der Zellen

Sowohl die Länge als auch die Breite der Plazentazellen erwies als nicht nutzbar für die Taxonomie der Bromelioideae.

4.2 Phylogenetisches Signal

4.2.1 Diagnostische Relevanz der untersuchten Merkmale im Lichte der Ergebnisse molekular-systematischer Untersuchungen

Von den hier untersuchten Merkmalen des Fruchtknotenbereichs und der Samenanlagen unterscheidet lediglich die unterständige Position der Fruchtknoten die Unterfamilie der Bromelioideae klar sowohl von den nah verwandten Pitcairnioideae und als auch von den Tillandsioideae. Der unterständige Fruchtknoten ist als Synapomorphie der Bromelioideae zu werten. *Acanthostachys strobilacea* weist als einzige Bromelioideae einen nur halb unterständigen Fruchtknoten auf. Ausgehend von der Stellung der Gattung *Acanthostachys* in der auf molekularen Daten beruhenden Phylogenie von SCHULTE et al. (2005) handelt es sich dabei aber um eine Autapomorphie dieses Taxons, das nichts mit dem ursprünglich wahrscheinlich oberständigen Fruchtknoten der Bromeliaceae zu tun hat.

4.2.1.1 Abgrenzung einer Kerngruppe gegen basale Linien der Bromelioideae

Innerhalb der Bromelioideae findet die auf der Basis molekularer Daten (SCHULTE et al. 2005) gut gestützte Unterteilung in eine paraphyletische Gruppe basaler Linien und eine monophyletischen Gruppe der „Eu-Bromelioideae“ eine auffallende Entsprechung in der Verteilung von vier charakteristischen Merkmalszuständen des Fruchtknotenbereichs. Die untersuchten Vertreter der basalen Linien besitzen alle \pm rechtwinklig von der Fruchtknotenachse abspreizende Samenanlagen, diese sind auf mehr als 70% der Fruchtknotenachse verteilt und die Mikropyle ist stets relativ lang ausgebildet ($>100 \mu\text{m}$). Anhängsel der Samenanlagen fehlen dagegen grundsätzlich. Diese Merkmale sind dafür verantwortlich, dass sich selbst bei der Parsimonieanalyse von ausschließlich im Bereich des Fruchtknotens untersuchten Strukturen die basalen Linien als scheinbar monophyletische Gruppe im *strict consensus* Baum vom Rest der Bromelioideae abgrenzen (Ergebnisse, Abb. 42). Der Vergleich mit der auf molekularen Daten beruhenden Topologie zeigt aber deutlich, dass diese Gruppierung ausschließlich auf Symplesiomorphien beruht und nicht als Beleg für ein Schwestergruppenverhältnis zu den Eu-Bromelioideae gedeutet werden darf.

Die basalen Linien der Bromelioideae und die Vertreter der Außengruppe teilen das Merkmal eines weit ausgedehnten, von Samenanlagen bedeckten Bereiches der Fruchtkörperachse. Dieser Befund lässt darauf schließen, dass es sich hier um homologe Merkmalszustände handelt, die als symplesiomorpher Zustand einer zunehmenden Reduktion des von Samenanlagen bedeckten Abschnittes der Fruchtknotenachse innerhalb der Eu-Bromelioideae gegenüber zu stellen ist. Das vereinzelte Auftreten von auf mehr als 70% mit Samenanlagen bedeckten Achsen innerhalb der Eu-Bromelioideae (*Androlepis skinneri*, *Aechmea aquilega* (subg. *Aechmea*), *Aechmea smithiorum* (subg. *Platyaechmea*) ist dagegen wahrscheinlich als Analogie zu werten, wobei es noch herauszufinden gilt, welche Umstände diese konvergente Entwicklung begünstigt haben.

Bei allen untersuchten Taxa der basalen Linien innerhalb der Bromelioideae findet sich eine einheitlich rechtwinklige Orientierung der Samenanlagen. Der selbe Merkmalszustand tritt auch bei einer ganzen Reihe von Vertretern der Eu-Bromelioideae auf, nicht aber bei den Pitcairnioideae. Entweder handelt es sich daher um ein Merkmal, das früh während der Diversifizierung der Bromelioideae evolvierte und später bei einigen Linien wieder verloren ging, oder es ist ein hochgradig konvergentes Merkmal, dessen gehäuftes Auftreten in den basalen Linien der Bromelioideae dann aber noch weiterhin einer Deutung harret.

Ein ähnliches Muster findet sich in der Verbreitung relativ langer Mikropyle. Auch hier sind die basalen Linien auffallend einheitlich durch den Besitz stets mehr als $100 \mu\text{m}$ langer

Mikropylen verbunden, es finden sich aber auch innerhalb der Eu-Bromelioideae mehrere Vertreter mit ebenso langen Mikropylen, ohne dass anhand der vorliegenden Daten eine funktionale Erklärung z.B. in Bezug auf die Standortsökologie oder die Ausprägung einer anderen Struktur des Fruchtknotens dieses Muster verständlich machen würde. Ein Lösungsansatz zur Interpretation dieser bislang nicht deutbaren Verteilungen könnten in der Zukunft gezielte Untersuchungen der Ontogenese z.B. über den Verlauf der Pollenschlauchentwicklung sowie der Samen liefern.

Ein charakteristisches Merkmal, das nur innerhalb der Eu-Bromelioideae auftritt, ist die Ausbildung eines chalazalen Samenanlagenanhängsels. Dieses entwickelt sich im Laufe der Samenontogenese meist zu einer klebrig-schleimigen Struktur, die zweifellos die Verbreitung und Etablierung von Samen der Eu-Bromelioideae an epiphytischen Standorten erheblich erleichtert. Neben den schon von SCHULTE et al. (2005) aufgeführten Innovationen könnte die Entwicklung klebriger Samenanhängsel (deren Anlagen bereits an der Samenanlage vorhanden sind) ein weiterer wichtiger Schritt ursprünglicher Vertreter der Kern-Bromelioideae bei der Erschließung epiphytischer Lebensräume gewesen sein. Allerdings finden sich auch innerhalb der Kerngruppe der Bromelioideae nicht wenige Taxa, die trotz einer epiphytischen Lebensweise kein Samenanhängsel ausbilden. Weitere molekulare Untersuchungen zur Phylogenie der Kerngruppe sind erforderlich, bevor erschlossen werden kann, ob die Anhängselbildung tatsächlich als ursprüngliche Innovation bei der Entstehung der Eu-Bromelioideae entwickelt wurde und anschließend mehrfach wieder verloren gegangen ist, oder aber mehrfach konvergent in verschiedenen Linien der Kerngruppe entstand. Ökologisch interessant bleibt die Frage, ob es Unterschiede in der Verbreitungs- und Etablierungsstrategie von Vertretern der Eu-Bromelioideae mit und ohne Samenanhängsel gibt. Hierzu müssen aussagefähige Daten in weiteren Untersuchungen noch erhoben werden. Während die Abgrenzung der paraphyletischen Gruppe der basalen Bromelioideae gegen die Eu-Bromelioideae im Sinne von SCHULTE (2007) eine Entsprechung in der Verteilung morphologischer Merkmalszustände aus dem Fruchtknotenbereich und der Samenanlagen findet, konnten keine diagnostisch relevanten Merkmale oder Merkmalskombinationen für die von SCHULTE et al. (2005) getroffene Unterscheidung einer als „*Core-Bromeliads*“ (=“Kern Bromelioideae“ in SCHULTE 2007) bezeichneten Gruppe gegen die basaleren Linien innerhalb der Eu-Bromelioideae im Sinne von SCHULTE (2007) gefunden werden.

4.2.1.2 Stellung der Gattungen *Bromelia* und *Deinacanthon*

Deinacanthon urbanium findet sich in dem phylogenetischen Baum von SCHULTE et al. (2005) in einem gemeinsamen *Clade* mit Vertretern der Gattungen *Fascicularia* und *Ochagavia* und getrennt von den untersuchten Arten der Gattung *Bromelia*. Diese Beziehung erhält allerdings nur schwachen Bootstrappsupport.

Morphologisch werden die Gattungen *Bromelia* und *Deinacanthon* u.a. anhand mehrerer bereits makroskopisch gut erkennbarer Merkmale des floralen Bereichs unterschieden (einfarbig weiße Blütenfarbe bei *Deinacanthon*, rosa mit weißer Spitze bei *Bromelia*, Fliegenbestäubung und damit einhergehend große Mengen klebrigen und übel riechenden Nektars bei *Deinacanthon* im Gegensatz zu den von Vögeln bestäubten und nur geringen Mengen nicht wahrnehmbar riechenden Nektars bei *Bromelia*) unterschieden. Sie ähneln sich aber auch in vielerlei Hinsicht und wurden z.B. von SMITH & DOWNS (1979) noch nicht als getrennte Gattungen anerkannt. Die neu untersuchten Merkmale des Fruchtknotenbereichs zeigten so weitgehende Übereinstimmungen zwischen *Deinacanthon* und *Bromelia*, dass beide weder in der Parsimonieanalyse noch im *strict consensus* Baum als ein *clade* erkennbar bleiben (wenn auch mit einem geringen *Bootstrap*-Wert). Dieses *clade* bildet zusammen mit *Fascicularia* und *Ochagavia* eine Gruppe basaler Bromelioideae. Das Resultat beruht auf der gleichermaßen viereckigen Ausbildung des Querschnittsprofils des stets dicht behaarten Fruchtknotens und der nur lückig an der Fruchtknotenachse sitzenden Samenanlagen. Damit wird eine enge Beziehung zwischen *Deinacanthon urbanianum* und den Vertretern der Gattung *Bromelia* unterstützt. Gleichwohl finden sich aber eine ganze Reihe, trennenden Merkmale zwischen *Deinacanthon urbanianum* und *Bromelia*, die eine Unterscheidung auf Gattungsniveau rechtfertigen. *Deinacanthon urbanianum* verfügt über erheblich kürzere Trichomfortsätze im Vergleich zu den haarförmig ausgezogenen Forstätzen bei allen untersuchten Arten der Gattung *Bromelia* s.str. Die Samenanlagen von *D. urbanianum* sind außerordentlich groß. Sowohl ihre Länge (>1000 µm) als auch ihre Breite (ca. 900 µm) übertreffen die Samenanlagen der *Bromelia*-Arten, die sind mit Längen von 250-400 µm und einer Breite von 320-420 µm um rund das Doppelte und sind zudem weitaus größer als jene der meisten übrigen Bromelioideae. Als einziger Vertreter der Bromelioideae fehlt bei *Deinacanthon* ein erkennbarer Funikulus und die Samenanlagen inserieren direkt auf dem Plazentagewebe.

4.2.1.3 Stellung der Gattungen *Greigia*, *Ochagavia* und *Fascicularia*

Obwohl keine klaren Synapomorphien für die anhand molekularer Merkmale (SCHULTE et al, 2005) als nah verwandt identifizierbaren Gattungen *Greigia*, *Ochagavia* und *Fascicularia* gefunden werden konnten, ergibt sich aus der Gesamtheit der am Fruchtknoten beobachtbaren Merkmale eine soweit reichende Übereinstimmung, dass *Ochagavia* und *Fascicularia* im *strict consensus* Baum der Parsimonieanalyse als basale Schwesterlinien den Vertretern der Gattung *Bromelia* und *Deinacanthon* gegenüberstehen. Gleichwohl ergibt sich auch für diese Beziehung nur ein sehr niedriger *Bootstrap*-Wert. Der Fruchtknotenbereich liefert keine Merkmale, die den aus den molekularen Stammbäumen ableitbaren engen Bezug der Gattungen *Greigia* und *Fascicularia* zueinander unterstützen.

4.2.1.4 Stellung der Arten der Gattung *Acanthostachys*

Acanthostachys pitcairnioides weicht in den bislang untersuchten genetischen Markern so stark von allen anderen Bromelioideae ab, dass zur Zeit keine Aussage über ihre phylogenetische Position ermöglicht (HORRES, mdl. Mittl.). *Acanthostachys strobilacea* wird dagegen als Vertreter der Eu-Bromelioideae gesehen, und gruppiert in einem *majority-rule consensus*-Kladogramm mehrerer plastidärer Marker als Schwestertaxon von *Crypthanthus bahianus* (SCHULTE et al. 2005). Die Parsimonieanalyse der ausschließlich Merkmale des Fruchtknotenbereichs enthaltenden Matrix führt für die Arten der Gattung *Acanthostachys* im *strict consensus*-Baum aus 1000 errechneten Bäumen einer heuristischen Suche zur Gruppierung in einem *clade*. Einen *Bootstrap-support* von über 50 erreicht der *clade* aber nicht. Diagnostische Merkmale, die nur in ihrer Gesamtheit *Acanthostachys* gegen andere Bromelioideae abgrenzen, sind die Fruchtknotenform im Querschnitt, nur zwei apikal positionierte, apotrope und mit deutlichem Abstand zueinander im Fruchtfach liegende Samenanlagen, lange Samenanlagenanhängsel, ungefurchte Plazentahälften, ähnliche Längen des Fruchtknotens, Septalnektarien und des Funikulus, die Länge und Breite der Mikropyle sowie die Länge und Breite des Nucellus. Die Reduktion der Anzahl der Samenanlagen auf zwei pro Fruchtfach wäre die einzige echte Synapomorphie der Gattung. Bereits die Ergänzung der Parsimoniematrix um fünf weitere Merkmale zur Beschreibung der Petalen (Datensatz II) führt allerdings dazu, dass der *Acanthostachys-clade* aufgelöst wird. *Acanthostachys strobilacea* gruppiert hier im *strict consensus* Baum mit den Arten der Untergattung *Macrochordion*. *Acanthostachys pitcairnioides* dagegen erscheint als Schwestertaxon zu *Cryptanthus bromelioides*. Dieses Ergebnis korrespondiert mit den Ergebnissen der molekularen Befunde insoweit, als wiederum ein Vertreter der Gattung

Cryptanthus als nächster Verwandter von *Acanthostachys pitcairnioides* ermittelt wird. Die Berücksichtigung von sechs weiteren aus der Literatur entnommenen Merkmalen (Datensatz III mit Angaben zur Pollenberfläche, zu Bestäubern, Standort, Phytothelmata, Photosynthese- und Arealtypen) steht im Einklang mit dem Ergebnis der zweiten Analyse.

4.2.1.5 Merkmale der Gattung *Araeococcus*

Die bislang untersuchten Vertreter der Gattung *Araeococcus* finden sich in molekularren Untersuchungen (Schulte et al. 2005, Schulte 2007) in einem gut gestütztem Clade. Auch im Bereich des Fruchtknotens finden sich eine Reihe von Übereinstimmungen, von denen aber nur die stark reduzierten Septalnektarien als Synapomorphien gewertet werden können. Damit einher geht eine ungewöhnlich geringe Größe der Fruchtknoten (Ausnahme: *A. flagellifolius*). Mehrere weitere Merkmale sind jeweils für einen Großteil der Gattungsvertreter charakteristisch, es gibt jedoch einzelne Arten, die davon abweichende Merkmalszustände aufweisen. Der Umriss des Fruchtknotenlängsschnittes ist meist elliptisch (Ausnahmen: *A. parviflorus* und *A. goeldianus* mit kreisförmigen Umrissen). Außerhalb des Fruchtknotens wurden bei fast allen Arten Petalen mit stumpfen Papillen festgesellt (Ausnahme: *A. goeldianus*), ein Merkmal, das sonst innerhalb der Bromelioideae nur bei Arten der Gattung *Lymania* und *Acanthostachys* beobachtet wurde. Konstante Merkmale des Fruchtknotens der *Araeococcus*-Arten sind die fehlende Behaarung, ein kreisförmiger Umriss des Fruchtknotenquerschnittes und die Position der obersten Samenanlagen direkt am oberen Ende der Fruchtknotenachse.

4.2.1.6 Merkmale der Gattung *Lymania*

DE SOUSA et al. (2007) stützten in einer kombinierten Analyse aus morphologischen Daten und Sequenzen aus drei verschiedenen plastidären DNA-Regionen (matK, psbA-trnH, trnL-trnF) die Annahme einer Monophylie der Gattung *Lymania*, allerdings mit extrem niedrigen *Bootstrap-support* Wert (52) und nicht signifikanter *posterior probability* (51) für den aus sieben Arten bestehende *Lymania-clade*.

Eine Reihe von morphologischen Merkmalen, die DE SOUSA et al. (2007) verwendeten, wurde auch in der vorliegenden Arbeit an einem weitaus breiteren Taxonsampling an Vertretern der meisten Gattungen der Bromelioideae untersucht. Es handelt sich dabei um die Farbe der Petalen, die Form der Petalenschuppen, die Orientierung der Petalen am Anthesetag, die Form der Fruchtknotens in Querschnitt, die Anzahl der Samenanlagen pro Fruchtfach und die Präsenz bzw. das Fehlen von Anhängseln an den Samenanlagen. Die Anhängselform wird bei

DE SOUSA et al. (2007) nicht weiter differenziert, erwies sich aber bei den eigenen Arbeiten auch in anderen Gattungen als brauchbares Merkmal zur Differenzierung taxonomischer Einheiten.

Die drei hier untersuchten Arten der Gattung *Lymania* bilden nach der Parsimonieanalyse einer ausschließlich dem Fruchtknoten und Samenanlagenbereich entstammenden Merkmalsmatrix auch noch im *strict consensus*-Baum einen gemeinsamen *clade*. Innerhalb dieser Gruppe steht *L. alvimii* basal zu dem Artenpaar *L. globosa* und *L. smithii*. Im *Bootstrap-consensus*-Baum bleibt nur der *clade* von *L. globosa* und *L. smithii* bestehen und erreicht einen *Bootstrap*-Wert von 67. Diese Topologie steht im Widerspruch zu den Ergebnissen von DE SOUSA et al. (2007), die in ihrer Analyse zu einem gerade umgekehrten Schwestergruppenverhältnis mit *L. alvimii* und *L. smithii* als nächst verwandten Taxa kommen. Die Gattung *Lymania* in ihrer bisherigen Umgrenzung zeichnet sich gegenüber anderen Bromelioideae nur durch die Gesamtheit der folgenden Merkmalszustände aus, eigene Synapomorphien fehlen dagegen: einen radiären Umriss des Fruchtknotenquerschnitts, zerstreut stehende Trichome auf den Fruchtknotenoberflächen, relativ kurze Trichomfortsätze mit einem Länge/Breiten-Index von weniger als 10:1 und rinnenartige Vertiefungen auf der Außenseite der Fruchtfachwände. Die Samenanlagen sind apotrop und die oberste Samenanlage inseriert direkt an der Spitze der Fruchtknotenachse. Alle *Lymania*-Arten hatten zudem ähnliche Dimensionen des Fruchtknotens, der Septalnektarien, der Samenanlagen, des Nucellus, der Mikropyle und der Länge des Funikulus. Der *Lymania-clade* bleibt bei den um weitere Merkmale ergänzten Analysen erhalten. Neu hinzukommende Merkmale, die diesen *clade* unterstützen, sind die sitzenden Blüten und die ausgebreitete Orientierung der Petalen am Anthesetag. Die Anwesenheit von Petalpapillen bei *L. globosa* und *L. smithii* und ihr Fehlen bei *L. alvimii* stützt die bereits auf der Basis der zuvor berücksichtigten Merkmale entstandenen Untergliederung des *Lymania-clades* in die Artengruppe *L. globosa* / *L. smithii* und dem basal zu diesen stehenden Taxon *L. alvimii*. Die Berücksichtigung weiterer sechs aus der Literatur entnommener Merkmale (Struktur der Pollenoberfläche, Bestäuber, Standort, Phytotelmata, Photosynsetyp, Arealtypen) führt bezogen auf die Gattung *Lymania* zu identischen Resultaten wie die vorigen Analysen.

Während die morphologischen und ökologischen Daten ähnlich wie in der Arbeit von DE SOUSA et al. (2007) eine für die Annahme einer monophyletischen Gattung *Lymania* sprechen, stehen die Analysen der verfügbaren Sequenzdaten im Widerspruch zu dieser Hypothese. Eine separate Untersuchung der dem Artikel von DE SOUSA et al. (2007) zu Grunde liegenden Sequenzen zeigte eindeutig, dass die postulierte Monophylie der Gattung

Lymania nicht durch die verwendeten molekularen Merkmale gestützt ist, sondern im Gegenteil, die derzeitige Umgrenzung der Gattung klar als polyphyletische Einheit deutlich wird (Ergebnisse, Abb. 43) Die Darstellung einer scheinbar monophyletischen Gattungsumgrenzung in der Publikation von DE SOUSA et al. (2007) beruht ausschließlich auf dem Einfluss der ausgewählten morphologischen Merkmale in der von den Autoren verwendeten kombinierten Datenmatrix. In dieser Matrix stehen nur 31 informativen Positionen aus den Sequenzdaten 56 morphologische Merkmale gegenüber und nur dieses Ungleichgewicht zugunsten der morphologischen Daten ermöglicht die Darstellung von Topologien, in denen die Gattung *Lymania* monophyletisch erscheint.

Auf der Basis der publizierten Sequenzdaten ergibt sich dagegen das folgende Bild: das Artenpaar von *Lymania azurea* und *L. brachycaulis* findet sich mit signifikanter Unterstützung in einem gemeinsamen *clade* mit *Aechmea gamosepala* und *A. gracilis*. Dieses *clade* steht wiederum in einem Schwestergruppenverhältnis zu einer aus *Ronnbergia neoregelioides*, *R. brasiliensis*, *Aechmea lingulata*, und *A. turbinocalyx* gebildeten Gruppe. Sowohl das signifikante Unterstützung erreichende Artenpaar *Lymania spiculata* und *L. alvimii*, als auch die Arten *L. corallina*, *L. globosa* und *L. smithii* sind klar von diesem *clade* getrennt. Eine Monophylie der Gattung *Lymania* ist daher aufgrund der vorhandenen Sequenzdaten nicht aufrecht zu erhalten. Die gefundenen Übereinstimmungen in der Kombination bestimmter Merkmalszustände sind als Homoplasien zu werten. Typusart der Gattung *Lymania* ist *L. alvimii*. Die Typusart bildet ein signifikant gestütztes *clade* zusammen mit *Lymania spiculata*, welches seinerseits in einer basalen Polytomie u.a. mit *Lymania globosa*, *L. smithii* und *L. corallina* steht. Möglicherweise lässt sich daher schon durch den Ausschluss von *Lymania azurea* und *L. brachycaulis* eine monophyletische Umgrenzung der Gattung erreichen. Dass diese beiden Taxa nicht zu *Lymania* gehören können, steht auf der Basis der molekularen Daten außer Frage. Ihre zukünftige Zuordnung bleibt aber noch offen, da kein lebendes Material dieser Arten für eine Untersuchung verfügbar war. Zudem fehlen auch für die Beantwortung der Frage, ob der Ausschluss dieser beiden Arten ausreichend ist, um für die Gattung *Lymania* eine monophyletische Umgrenzung zu finden noch weitere Daten, insbesondere Sequenzdaten von Regionen mit höherer Variabilität als jene der bislang untersuchten Genomregionen.

4.2.1.7 Merkmale der Artengruppe *Aechmea warasii* und *A. fulgens*

Für die in den molekularen Analysen von Schulte (2005) als Schwestertaxon zu *Aechmea warasii* (subg. *Lamprococcus*) identifizierte *A. fulgens* (subg. *Lamprococcus*) stand kein

blühendes Material zur Verfügung. *Aechmea warasii* erscheint im 50% *majority-rule*-Baum einer Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale des Fruchtknotenbereichs als Schwestertaxon zu *A. miniata* (subg. *Lamprococcus*). *Aechmea miniata* (subg. *Lamprococcus*) wurde bislang noch nicht molekular untersucht, die vorliegenden Ergebnisse der morphologischen Untersuchung machen *A. miniata* aber zu einem interessanten Kandidaten als potenziell nächst verwandte Art zu *A. warasii*.

4.2.1.8 Merkmale der Artengruppe *Aechmea gracilis* (subg. *Ortgiesia*), *A. kertesziae* (subg. *Ortgiesia*) und *A. racinae* (subg. *Lamprococcus*).

Obwohl sich diese Artengruppe in der Analyse molekularer Markergene mit hoher Unterstützung als monophyletische Gruppe abzeichnet (Abb. 42) finden sich für die untersuchten morphologischen Merkmale weder Synapomorphien noch eine diagnostisch eindeutig gegen andere Bromelioideae trennende Merkmalskombination. Allen drei Arten gemeinsam sind aber rundliche Fruchtknotenurrisse im Querschnitt, apotrope und gedrängt stehende Samenanlagen, lange epigyne Röhren, einen Längen/Breiten-Index der Fruchtknotenurrisse im Längsschnitt der von 0,9 bis 3,2 μm reicht, die Samenanlagen sind kleiner als 500 μm . Alle drei Taxa erreichen ähnliche Größenordnungen bei den Strukturen: Septalnektarien, Länge und Breite der Samenanlagen, Länge und Breite des Funikulus, Länge und Breite der Mikropyles, Dicke der Integumente sowie Länge und Form des Nucellus.

4.2.1.9 Merkmale der Artengruppe *Ursulaea tuitensis*, *Androlepis skinneri*, *Aechmea mexicana* (subg. *Podaechmea*) und *A. lueddemanniana* (subg. *Lamprococcus*)

Die aus den Sequenzanalysen (Abb. 42) abgeleitete Artengruppe von *Ursulaea tuitensis*, *Androlepis skinneri*, *Aechmea mexicana* (subg. *Podaechmea*) findet keine Entsprechung in den Ergebnissen der Parsimonieanalysen morphologischer Merkmale. Relativ unspezifische Merkmalszustände, die von allen genannten Arten geteilt werden, umfassen eine elliptisch Umrissform im Fruchtknotenlängsschnitt, das Fehlen von Fruchtknotenrinnen, eine gedrängte Anordnung der Samenanlagen auf der Fruchtknotenachse, sowie ähnliche Größenordnungen der Messwerte für die Länge der Samenanlagen, Länge und Breite des Funikulus, Länge und Breite der Mikropyle, Länge und Form des Nucellus, sowie sitzende Blüten und gerade vorwärts gerichtete Petalen am Anthesetag.

4.2.2 Diagnostische Merkmale ausgewählter weiterer Gattungen

Sequenzen molekularer Markergene standen nur für einen Teil der in dieser Arbeit morphologisch untersuchten Taxa zur Verfügung. Für einige Gattungen ist die Überlappung zwischen dem Taxonsampling bisher publizierter molekularsystematische Arbeiten und den für diese Arbeit verfügbaren Material so gering, dass noch keine ausreichende Datengrundlage zur Rekonstruktion molekularer Phylogenen der hier interessierenden Vertreter vorliegen. Im folgenden werden für solche Gattungen, die wenigstens in einem Teil der auf morphologischen Datensätzen beruhenden Parsimonieanalysen als eigene Clades identifizierbar waren, diagnostische Merkmale bzw. Merkmalskombinationen des Fruchtknoten- bzw. Samenanlagenbereiches vor dem Hintergrund publizierter morphologische Konzepte zur Gattungsabgrenzung diskutiert.

4.2.2.1 *Billbergia*

Die Arten der Gattung *Billbergia* bilden auf der Grundlage des Datensatzes mit morphologischen Merkmalen des Fruchtknotenbereiches nach einer Parsimonieanalyse mit den aus MÜLLNER et al. (2003) übernommenen Spezifikationen nur im 50% *majority-rule* Baum ein *clade*, das seinerseits in zwei *subclades* gegliedert ist. Nur diese zwei *subclades* bleiben im *strict consensus* erhalten, im *Bootstrap-consensus*-Baum kollabieren auch diese. Im Fruchtknotenbereich wird die Gattung *Billbergia* nur durch locker auf der Fruchtknotenachse verteilte und rechtwinklig von dieser abspreizende Samenanlagen vereint. Daneben sind die Dimensionen des Fruchtknotens, der Septalnektarien, der Samenanlagen, des Nucellus, und die Länge des Funikulus ähnlich (Tab.13).

Tab. 13: Variabilität quantitativer Merkmale von diagnostischer Relevanz für die Trennung der Gattungen *Billbergia*, *Edmundoa* und *Hohenbergia*.

	<i>Billbergia</i>	<i>Edmundoa</i>	<i>Hohenbergia</i>
Fruchtknotenlänge (mm)	7,0-19,0	8,0-8,5	4,0-5,0
Fruchtknotenbreite (mm)	4,0-7,0	3,5-5,0	4,0-6,0
Septalnektarienhöhe (µm)	1,1-5,5	3,2-4,6	0,6-2,5
Samenanlagenlänge (µm)	207-471	345-414	207-414
Samenanlagenbreite (µm)	182-264	126-292	115-230
Nucelluslänge (µm)	174-295	198-298	125-347
Nucellusbreite (µm)	99-199	99-154	63-165
Funikuluslänge (µm)	40-92	20-69	23-92
Funikulusbreite (µm)	28-149	57-74	46-138
Mikropylelänge (µm)	52-138	46-84	57-115
Mikropylebreite (µm)	43-103	59-169	46-92

Durch die Berücksichtigung weiterer fünf Merkmale zur Ausbildung der Petalen (Datensatz II) fallen die Vertreter der Gattung *Billbergia* auch im *strict consensus*-Baum in den selben *clade*. Neu hinzukommende Merkmale, die diesen *clade* unterstützen, sind die zweifarbigen Petalen, die sich am Anthesetag nach hinten einrollen. Trotz dieser weiteren kollabiert der *Billbergia-clade* im *Bootstrap-consensus*-Baum. Die Berücksichtigung von weiteren sechs aus der Literatur entnommenen Merkmale (Datensatz III) führt bezogen auf die Stellung der *Billbergia*-Arten zu den selben Resultaten wie die Analyse von Datensatz II.

4.2.2.2 *Edmundoa*

Die untersuchten Arten der Gattung *Edmundoa* bilden nach der Parsimonie-Analyse ausschließlich dem Fruchtknotenbereich entstammender Merkmale mit den aus MÜLLNER et al. (2003) übernommenen Spezifikationen auch im *strict consensus*-Baum ein *clade*. Im *Bootstrap-consensus*-Baum dagegen kollabiert dieses *clade*.

Merkmale, die Arten der Gattung *Edmundoa* gegen andere Bromelioideae in ihrer Gesamtheit abgrenzen, sind die behaarte Fruchtknotenwand, die umgekehrt eiförmige Form des Fruchtknotenlängsschnitts, apotrope, locker auf der Fruchtknotenachse verteilte Samenanlagen, deren oberste apikal an der Spitze der Fruchtknotenachse inseriert, dreifach gefurchte Plazentahälften sowie ähnliche Dimensionen des Fruchtknotens, der Septalnektarien, der Samenanlagen, des Nucellus, der Mikropyle und der Länge des Funikulus (siehe Tab. 13). Synapomorphien fehlen für diese Gattung.

Die Berücksichtigung weiterer fünf Merkmale zur Ausbildung der Petalen (Datensatz II) in der Parsimonieanalyse führt, bezogen auf die Stellung von *Edmundoa*, zu dem selben Resultat wie die erste Analyse.

Erst durch die Berücksichtigung von sechs weiteren aus der Literatur entnommenen Merkmale (Pollenoberfläche, Bestäuber, Standort, Phytotelmata, Photosynsetyp, Arealtypen, Datensatz III) erhält das *Edmundoa-clade* eine höhere Stabilität, die sich in einem *Bootstrap*-Wert von 67 ausdrückt.

4.2.2.3 *Hohenbergia*

Die Gattung *Hohenbergia* bildet nach der Analyse der ausschließlich dem Fruchtknoten und Samenanlagenbereich entstammenden Merkmalsmatrix einen *clade*, der selbst im *majority-rule*-Baum in sich nicht weiter gegliedert ist. Obwohl echte Synapomorphien fehlen, ist die Gattung in sich sehr homogen und unterscheidet sich von den übrigen Bromelioideae durch die Gesamtheit der folgenden Merkmale:

- stets dreieckige und zudem seitlich geflügelter Fruchtknotenurrisse im Querschnitt,
- Präsenz von Septalrinnen,
- umgekehrt eiförmige Fruchtknotenurrisse im Längsschnitt,
- apotrope, apikal an der Spitze der Fruchtknotenachse inserierte oberste Samenanlagen,
- sich gegenseitig seitlich berührende Samenanlagen,
- einfach gefurchte Plazentahälften,
- Fehlen einer epigynen Röhre,
- ähnliche Dimensionen des Fruchtknotens, der Septalnektarien, der Samenanlagen, der Mikropyle und der Länge des Funikulus (Tab. 13).

Auch die Berücksichtigung weiterer fünf Merkmale zur Ausbildung der Petalen (Datensatz II) bestätigt das Ergebnis einer bis in den *strict consensus* Baum stabilen Abgrenzbarkeit der Gattung *Hohenbergia* innerhalb der Bromelioideae. Das selbe Resultat ergibt sich unter Berücksichtigung von sechs weiteren aus der Literatur entnommenen Merkmalen (Datensatz III: mit Angaben zur Pollenoberfläche, zu Bestäubern, Standort, Phytotelmata, Photosynthese- und Arealtypen).

4.2.2.4 *Pseudananas*

Nach RAUH (1981) unterscheiden sich die Gattungen *Ananas* und *Pseudananas* vor allem dadurch, dass die Synkarpien von *Ananas* einen terminalen Laubblattschopf ausbilden, der bei *Pseudananas* fehlt. Zudem bildet nur *Pseudananas* basale Ausläufer aus. Im floralen Bereich fällt des weiteren die unterschiedliche Blütenfarbe ins Auge (weiß bei *Ananas*, gelb bei *Pseudananas*). Die Innenseite der Petalen trägt bei *Ananas* stets eine zungenförmige Schuppe, während den Petalen von *Pseudananas* diese Struktur fehlt. Auch im Bereich der Fruchtknoten ergeben sich deutliche Unterschiede: der Umriss des Fruchtknotenquerschnitts (bzw. die Lage der Leitbündel) sind rundlich bei *Ananas* und deutlich dreieckig bei *Pseudananas*. Die oberste Samenanlage steht apikal bei den *Ananas*-Arten, subapikal dagegen bei *Pseudananas*. Die Plazentahälften der *Ananas*-Arten sind nicht gefurcht, jene von *Pseudananas* tragen je eine Furche. Sowohl die Breite der Samenanlage (nicht aber die Länge) als auch die Breite des Funikulus und die Länge der Mikropyle sind deutlich größer bei *Pseudananas* im Vergleich zu den beiden *Ananas*-Arten (Tab. 14).

Tab. 14: Variabilität quantitativer Merkmale von diagnostischer Relevanz für die Trennung der Gattungen *Pseudananas* und *Ananas* (Stichprobenumfang für jede Größe, N=5)

	<i>P. sagenarius</i>	<i>A. comosus</i>	<i>A. nanus</i>
Samenanlagenbreite	(437-) 462 (-483) μm	(345-) 368 (-391) μm	(264-) 290 (-333) μm
Funikulusbreite	(230-) 237 (-253) μm	(46-) 74 (-92) μm	(103-) 115 (-138) μm
Mikropylelänge	(103-) 120 (-126) μm	(69-) 76 (-80) μm	(57-) 68 (-80) μm

5. Zusammenfassung

Mit der vorliegenden Arbeit wurde die Nutzbarkeit morphologischer und anatomischer Merkmale aus den Bereichen des Fruchtknotens und der Samenanlagen für die Systematik und Taxonomie der Bromelioideae (Bromeliaceae) untersucht.

Hierzu wurden 30 Merkmale im Bereich des Fruchtknotens und der Samenanlagen definiert und anhand anatomischer Schnittpräparate die Verteilung der Merkmalsausprägungen an 102 Arten aus 28 (von 32) Gattungen der Unterfamilie Bromelioideae sowie zwei Vertretern der Unterfamilie Pitcairnioideae als Vergleichsgruppe ermittelt. Allein 41 Taxa entstammten der größten und als polyphyletisch anzunehmenden Gattung *Aechmea* mit Vertretern aus allen sieben Untergattungen.

Die Auswertung der Merkmalsverteilung erfolgte einerseits im Hinblick auf eine funktionale Deutung beobachteter Kopplungen bestimmter Strukturen im ökologischen Kontext und zum anderen unter taxonomischen Gesichtspunkten im Hinblick auf Beantwortung der Fragen, wieweit derzeitige Gattungsumgrenzungen von den hier untersuchten Merkmalen unterstützt werden, bzw. wie weit Anregungen zur Abänderung bestehender Konzepte abgeleitet werden können, welche Beziehungen zwischen den Untergattungen von *Aechmea* und anderen Gattungen der Bromelioideae bestehen und wodurch sich basale Linien der Bromelioideae von den abgeleiteten Formen der „Eu- Bromelioideae“ im Sinne von SCHULTE (2007) unterscheiden lassen.

Um diese Fragen zu beantworten, wurden zwei unterschiedliche Ansätze kombiniert. Die Verteilung der Merkmalszustände wurde einerseits auf Topologien geplottet, die aus publizierte Phylogenien mit genetischen Merkmalen als Datenquelle beruhen. Desweiteren wurden neue Parsimonieanalysen durchgeführt

- a) auf der Grundlage einer morphologischen Datenmatrix mit den 30 selbst erhobenen Merkmalen aus dem Fruchtknoten- und Samenbereich,
- b) einer weiteren Matrix, in die fünf weitere selbst erhobene Merkmale aus dem floralen Bereich eingehen und schließlich
- c) einem Datensatz, in den zusätzlich acht aus der Literatur entnommene Angaben zur Morphologie und Ökologie der untersuchten Pflanzen eingingen.

Die aus den molekularen Analysen von SCHULTE *et al.* (2005) hervorgehende Gliederung der Unterfamilie in eine paraphyletische Gruppe von basalen Linien und der von SCHULTE (2007) als „Eu-Bromelioideae“ bezeichneten monophyletischen Gruppe abgeleiteterer Gattungen findet eine deutliche Entsprechung in Merkmalen des Fruchtknotenbereichs und der Samenanlagen. Die untersuchten Vertreter der basalen Linien besitzen alle \pm rechtwinklig von der Fruchtknotenachse abspreizende Samenanlagen, diese sind auf mehr als 70% der Fruchtknotenachse verteilt und die Mikropyle ist stets relativ lang ausgebildet ($>100 \mu\text{m}$). Eine der Kerninnovationen der Eu-Bromelioiden scheint die Entwicklung des chalazalen Samenanhängsels als Hilfsinstrument bei der Besiedlung glatter Oberflächen gewesen zu sein. Diese Struktur findet sich nur bei Eu-Bromelioideae und ist stets bereits an der Samenanlage vorgebildet. Sekundär scheint dieses chalazale Anhängsel innerhalb der Eu-Bromelioideae allerdings auch immer wieder verloren gegangen zu sein.

Die Umgrenzung der meisten Gattungen sowohl der basalen Linien als auch der Eu-Bromelioideae konnten in ihrer jetzigen Form anhand der Merkmale des Fruchtknotenbereichs und der Samenanlagen nachvollzogen werden. Eine Ausnahme hiervon stellt lediglich die hochgradig polyphyletische Gattung *Aechmea* s.l. dar. Für keine der untersuchten Gattungen konnten synapomorphe Merkmalszustände erkannt werden, vielmehr gibt es jeweils gattungsspezifische Kombinationen von Merkmalen. Die Ausprägungen der Einzelmerkmale dagegen sind stets auch in anderen Verwandtschaftsgruppen zu beobachten. Die hier untersuchten Merkmale unterstreichen das für die Bromelioideae seit langem bekannte Phänomen eines extrem hohen Homoplasiegrades in nahezu allen morphologischen Strukturen. Selbst für den Fruchtknoten lassen sich klare Abhängigkeiten der Merkmalsausprägungen von ökologischen Selektionsfaktoren erkennen. Insbesondere scheinen funktionale Notwendigkeiten im Kontext der Nektarsekretion und der Bestäubungsökologie für die Merkmalsausprägung des Fruchtknotens eine wichtige Rolle zu spielen. Die Samenanlage ist zwar zum Zeitpunkt der Anthese noch nicht direkten Selektionsdrücken ausgesetzt, ihre Merkmale sind aber nur dann zu verstehen, wenn die Funktion hier bereits angelegter Strukturen (wie z.B. der chalazalen Samenanhängsel) im Kontext mit den reifen Samen gedeutet wird.

Literatur

ANONYMUS (2007): The International Plant Names Index <http://www.ipni.org> (accessed 17 January 2007).

BENZING, D.H. (1980): The biology of the Bromeliads. Eureka CA: Mad River Press. 305 S.

BENZING, D.H. (2000): Bromeliaceae: profile of an Adaptive Radiation. Cambridge University Press, United Kingdom. 690 S.

BERNARDELLO, L. M., GALETTO, L. & JULIANI, H. R. (1990): Floral nectar, nectary structure and pollinators in some Argentinian Bromeliaceae. *Ann. Bot.* **67**: 401-412.

BILLINGS, F.H. (1904): A study of *Tillandsia usneoides*. *Bot. Gaz.* **38**: 99-121.

BÖHME, S. (1988): Bromelienstudien III. Vergleichende Untersuchungen zu Bau, Lage und systematische Verwertbarkeit der Septalnektarien von Bromeliaceen. *Trop. Subtrop. Pflanzenwelt* **62**: 86-89.

BOXLER-BALDOMÀ, C. (1999): Einflüsse von abiotischen Faktoren auf die Ultrastruktur von Chloroplasten und die Leitbündelanatomie von Fichtennadeln. Eine Freilandstudie am Standort Freudenstadt-Schöllkopf. Doktorarbeit an der Universität Karlsruhe (TH). 130 S.

BRONGNIART, A. (1854): Mémoire sur les glandes nectarifères de l'ovaire dans diverses familles de plantes monocotylédones. *Ann. Sci. Nat. Bot.* **8**: 1-212.

BROWN, G. K. & TERRY, R. (1992): Petal appendages in Bromeliaceae. *Amer. J. Bot.* **79(9)**: 1051-1071.

BRUMMIT, P. K. & POWELL, C. E. (1992): Authors of Plant Names. Whistable Litho Ltd., Wistable, Kent, Great Britain. 732 S.

BUZATO, S., SAZIMA, M. & SAZIMA, I. (2000): Hummingbird-pollinated floras at three atlantic forest sites. *Biotropica* **32(4b)**: 824-841.

CANELA, M. B. F. & SAZIMA, M. (2003): *Aechmea pectinata*: a Hummingbird-dependent Bromeliad with Inconspicuous Flowers from the rainforest in south-eastern Brazil. *Ann. Bot. (Oxford)* **92**: 731-737.

CANELA, M. B. F. & SAZIMA, M. (2005): The pollination of *Bromelia antiacantha* (Bromeliaceae) in southeastern Brazil: ornithophilous versus melittophilous features. *Plant Biol.* **7(4)**: 411-416.

CRAYN, D. M., WINTER, K. & SMITH, J. A. C. (2004): Multiple origins of crassulacean acid metabolism and the epiphytic habit in the neotropical family Bromeliaceae. *PNAS* **101(10)**: 3703-3708.

CRAYN, D. M., WINTER, K. & SMITH, J. A.C. (2004): Carbon isotope values for Bromeliaceae. <http://www.plants.ox.ac.uk/bromeliaceae>.

- DE SOUSA FURTADO, L., WENDT, T. BROWN, G., TUTHILL, D. & EVANS, T. (2007): Monophyly and phylogenetic relationship in *Lymania* (Bromeliaceae: Bromelioideae) based on morphology and chloroplast DNA sequences. *Syst. Bot.* **32(2)**: 264-260.
- ECKSTEIN, P. (2003): Repetitorium Statistik. Betriebswirtschaftliche Verlag Dr. Th. Gabler, Wiesbaden, 5. Auflage. 390 S.
- EHLER, N. & SCHILL, R. (1973): Die Pollenmorphologie der Bromeliaceae. *Pollen & Spores* **15**: 13-45.
- EHLER, N. (1975): Beitrag zur Kenntnis der Mikromorphologie der Coroll-Epidermen von Stapelieen und ihre taxonomische Verwertbarkeit *Trop. Subtrop. Pflanzenwelt* **14**:1-59
- ENDRESS, P. K. (1998): Diversity and evolutionary biology of tropical flowers. Cambridge tropical biology series, Cambridge University press, United Kingdom. 511 S.
- ERDMAN, G. & PRAGLOWSKI, J. (1974): A note on pollen morphology. Pp 28-33 in. SMITH L. B. & DOWNS R. J. (Hrsg.), Pitcairnioideae (Bromeliaceae). *Fl. Neotrop. Monogr.* **14**, Teil 1.
- FAEGRI, K. & VAN DER PIJL, L. (1979): The principles of pollination ecology. Pergamon Press: Oxford, England, 244 S.
- FARIA, G. A. P., WENDT, T. & BROWN, G. (2004): Cladistic relationship of *Aechmea* (Bromeliaceae, Bromelioideae) and allied Genera. *Ann. Missouri Bot. Gard.* **91**: 303-319.
- FERREIRA-CANELA, M. B. & SAZIMA, M. (2003): *Aechmea pectinata*: a Hummingbird-dependent Bromeliad with Inconspicuous Flowers from the Rainforest in South-eastern Brazil *Ann. Bot. (Oxford)* **92**: 731-737.
- FERREIRA-CANELA, M. B., PRADO-LOPEZ-PAZ, N. & WENDT, T. (2003): Revision of the *Aechmea multiflora* complex (Bromeliaceae). *Bot. J. Linnean Soc.* **143**: 189-196
- GARDNER, S. (1986): A new subspecies of *Tillandsia utriculata* from Mexico. *J. Bromeliad Soc.* **36**: 77-81.
- GERLACH, D. (1984): Botanische Mikrotechnik. Georg Thieme Verlag, Stuttgart, 3. Auflage.
- GROB, E. (1988): Bromelienstudien IV. Zur Morphologie der Bromeliaceen-Samen unter Berücksichtigung systematisch-taxonomischer Aspekte. *Trop. Subtrop. Pflanzenwelt.* **64**:1-215.
- HALBRITTER, H. (1992): Morphologie und systematische Bedeutung des Pollens der Bromeliaceae. *Grana* **31**: 197-212.
- HASTINGS, W.K. (1970): Monte Carlo Sampling Methods Using Markov Chains and Their Applications. *Biometrika* **57**: 97-109.

- HENDERSON, A. (2006): Traditional morphometrics in plant systematics and its role in palm systematics. *Bot. J. Linn. Soc.* **151(1)**: 103-111.
- HEYWOOD, V. H. (1971): *Taxonomie der Pflanzen*. Stuttgart. 356 S.
- HORNUNG-LEONI, C. T. & SOSA, V. (2008): Morphological phylogenetics of *Puya* subgenus *Puya* (Bromeliaceae). *Bot. J. Linn. Soc.* **156**: 93-110.
- HORRES, R., ZIZKA, G., KAHL, G. & WEISING, K. (2000): Molecular Phylogenetics of Bromeliaceae: Evidence from *trnL* (UAA) Intron Sequences of the Chloroplast Genome. *Pl. Biol. (Germany)* **2**: 306-315.
- IGERSHEIM, A. (1993): The character states of the Caribbean monotypic *Strumpfia* (Rubiaceae). *Nord. J. Bot.* **13**: 545-559.
- IGERSHEIM, A. & CICHOCKI, O. (1996): A simple method for microtome sectioning of prehistoric charcoal specimens embedded in 2-hydroxyethyl methacrylate (HEMA). *Rev. Paleobot. Palynol.* **92**: 389 – 393.
- KAEHLER, M., VARASSIN, I. G. & GOLDENBERG, R. (2005): Pollination of a bromeliad community in the high montane Atlantic rain forest in Paraná state, Brazil. *Rev. bras. Bot.* **28(2)**: 219-228.
- KAUFF, F. & LUTZONI, F. (2002): Phylogeny of the Gyalectales and Ostropales (Ascomycota, Fungi): among and within order relationships based on nuclear ribosomal RNA small and large subunits. *Mol. Phyl. Evol.* **25**: 138-156.
- KEILINE, E. (1915): Recherches anatomiques sur les feuilles des Bromeliacées. *Rev. Gen. Bot.* **27**: 77-95.
- KESSLER, M. (2002): Environmental patterns and ecological correlates of range size among bromeliad communities of Andean forest in Bolivia. *Bot. Rev.* **68(1)**: 100-127.
- KESSLER, M. & KRÖMER, T. (2000): Patterns and ecological correlates of pollination modes among bromeliad communities of Andean forest in Bolivia. *Pl. Biol. (Germany)* **2**: 659-669.
- KRÖMER, T., KESSLER, M. & HERZOG, S. (2006): Distribution and Flowering Ecology of Bromeliads along Two Climatically Contrasting Elevational Transects in the Bolivian Andes *Biotropica* **38(2)**: 183-195.
- LEINFELLNER, W. (1951): Die U-förmige Plazenta als der Plazentationstypus der Angiospermen. *Osterr. Bot. Zeit.* **98(3)**: 338-358.
- LEINS, P. & ERBAR, C. (2000): *Blüte und Frucht. Morphologie, Entwicklungsgeschichte, Phylogenie, Funktion, Ökologie*. Schweizerbart, Stuttgart. 390 S.
- LEME, E. (1997): *Canistrum: Bromeliads of the Atlantic Forest*. GMT Editores Ltda., Brazil. 264 S.

- LEME, E. (1998): *Canistropsis*: Bromeliads of the Atlantic Forest. Salamandra. GMT Editores Ltda, Brazil. 143 S.
- LEME, E. (2000): *Nidularium*: Bromeliads of the Atlantic Forest. Hamburg Donneley Editora Grafica, Rio de Janeiro.
- LINHART, Y. B., FEINSINGER, P. BEACH, J. H., BUSBY, W. H., MURRAY, K. G., POUNDS, W. Z., KINSMAN, S., GUINDON, C. A. & KOOIMAN, M. (1987): Disturbance and predictability of flowering patterns in bird-pollinated cloud forest plants. *Ecology* **68**: 1696-1710.
- LUTHER, H. E. (2004): An alphabetical list of bromeliad binomials, 9th ed.. The Bromeliad Society International, Sarasota, Florida. 113 S.
- MADDISON, W. P. & MADDISON, D.R. (1992): MacClade: Analysis of phylogeny and character evolution. Version 3. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- MADDISON, W. P. & MADDISON, D.R. (2008): Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. Version 2.5 <http://mesquiteproject.org>.
- MCNEILL, J., BARRIE, F. R., BURDET, H. M., DEMOULIN V., HAWKSWORTH, D. L., MARHOLD, K., NICOLSON, D. H., PRADO, J., SILVA, P. C., SKOG, J. E., WIERSEMA, J. H & TURLAND, N. J. (2006): International Code of Botanical Nomenclature (Vienna Code). Electronic version of the original English text. <http://ibot.sav.sk/icbn/main.htm>.
- MCCUNE, B. & GRACE, J. B. (2002): Analysis of ecological communities. MJM Press, Gledener Beach, Oregon. 302 S.
- METROPOLIS, N., ROSENBLUTH, A., ROSENBLUTH, M. , TELLER, A. & TELLER, E. (1953): Equation of State Calculations by Fast Computing Machines. *Journal of Chemical Physics* **21**: 1087-1092.
- MEZ, C. (1896): Bromeliaceae. In A. L. P. P. de Candolle & A. C. P. de Candolle (Hrsg.) Monographie Phanerogamarum **9**: 1-990 G. Masson, Paris.
- MILLER, G. A. (1986): Pubescence, floral temperature and fecundity in species of *Puya* (Bromeliaceae) in the Ecuadorian Andes. *Oecologia* **70**: 155-160.
- MÜLLNER, A., SAMUEL, R., JOHNSON, S., CHEEK, M., PENNINGTON, T. & CHASE, M. (2003): Molecular phylogenetics of Meliaceae (Sapindales) based on nuclear and plastid DNA sequences. *Amer. J. Bot.* **90**: 471-480.
- MONDRAGÓN, D. & BARREDO, F. (1999): Trichomes - an underutilized taxonomic tool. *J. Bromeliad Soc.* **49(2)**: 69-71.
- NELSON, E. C. & ZIZKA, G. (1997): *Fascicularia* (Bromeliaceae): which species are cultivated and naturalized in northwestern Europe? *The New Plantsman* **4(4)**: 232-239.
- NEWTON, L. E. (1972): Taxonomic use of cuticular surface features in the genus *Aloe* (Liliaceae). *Bot. J. Linn. Soc.* **65**: 335-339.

- POSADA, D. & CRANDALL, K.A. (1998): Modeltest: Testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics* **14**: 817-816.
- RAMÍREZ, I. (1994): Notes on *Neoregelia* subgenus *Hylaeaicum* (Bromeliaceae: Bromelioideae). *Selbyana* **15(2)**: 82-84.
- RAMÍREZ, I. (2001): Pollinators in *Cryptanthus*: a Hypotesis. *J. Bromeliad Soc.* **51(2)**: 65-70.
- RAUH, W. & BARTHLOTT, W. (1982): Bromelienstudien, 6. Mitteilung (Zur Kenntnis der Gattung *Acanthostachys* KLOTZSCH mit Beschreibung einer zweiten ökologisch bemerkenswerten Art). *Trop. Subtrop. Pflanzenwelt* **39**: 5-35.
- READ, R. W. (1984): The "Evolution" of a new Genus, *Lymania* gen. nov.. *J. Bromeliad Soc.* **24(5)**: 199-216.
- ROTH, I. (1964): Microtécnica vegetal. Imprenta de la Universidad Central de Venezuela, Caracas. 88 S.
- RUDALL, P. (1997): The nucellus and chalaza in monocotyledons: Structure and systematics. *Bot. Rev.* **63(2)**: 140-181.
- SAZIMA, M., BUZATO, S. & SAZIMA, I. (1999): Bat-pollinated Flower Assemblages and Bat Visitors at Two Atlantic Forest Sites in Brazil. *Ann. Bot. (Oxford)* **83**: 705-712.
- SAZIMA, M., BUZATO, S. & SAZIMA, I. (2000): Hummingbird pollination of *Nidularium* and related genera. In LEME, E. (2000): *Nidularium*: Bromeliads of the Atlantic Forest. Hamburg Donneley Editora Grafica, Rio de Janeiro.
- SCHILL, R., BARTHLOTT, W., EHLER, N. & RAUH, W. (1973): Rasterelektronenmikroskopische Untersuchungen an Cactaceen-Epidermen und ihre Bedeutung für die Systematik. *Trop. subtrop. Pflanzenwelt* **4**: 1-14.
- SCHIMPER, A. F. W. (1888): Die epiphytische Vegetation Amerikas. Botanische Mitteilung aus der Tropen, Heft 2, Jena: Gustav Fischer Verlag.
- SCHULTE, K., HORRES, R. & ZIZKA, G. (2005): Molekulare Phylogenie der Bromeliaceae; 7.- In JÄGER, P., KÖNIGSHOF, P. & VEIT-KÖHLER, G. (Hrsg.): Senckenberg 2004; 84 S., Senckenbergische Naturforschende Gesellschaft, Frankfurt a.M.
- SCHULTE, K. (2007): Phylogenie und Evolution der Bromelioideae (Bromeliaceae) – molekularsystematische und blattanatomische Untersuchungen. Doktorarbeit, J. W. Goethe Universität Frankfurt am Main. 330 S.
- SIQUEIRA FILHO, J. A. (1998): Biologia floral de *Hohenbergia ridleyi* (BAKER) MEZ. *Bromélia* **5**: 1-4.
- SIQUEIRA FILHO J. A. & MACHADO, I. C. S. (2001): Biología reproductiva de *Canistrum aurantiacum* E. MORREN (Bromeliaceae) em remanescente da Floresta Atlântica, Nordeste do Brasil. *Acta bot. bras.* **15(3)** : 427-443.

- SMITH, L. B. (1934): Geographical evidence of the lines of evolution in the Bromeliaceae. *Bot. Jahrb. Syst.* **66**: 446-465.
- SMITH, L. B. & DOWNS, J. R. (1974): Pitcairnioideae (Bromeliaceae). *Fl. Neotrop. Monogr.* 14, Teil 1.
- SMITH, L. B. & DOWNS, J. R. (1979): Bromelioideae (Bromeliaceae). *Fl. Neotrop. Monogr.* 14, Teil 3.
- SMITH, L. B. & TILL, W. (1998): Bromeliaceae. - In KUBITZKI, K. (ed.): The Families and Genera of Vascular Plants. "IV Flowering Plants. Monocotyledons: Alismatanae and Commelinanae" 74-99. - Berlin, Heidelberg, New York, Barcelona, Budapest, Hong Kong, London, Milan, Paris, Singapore, Tokyo: Springer. S. 74-99.
- SMITH-RAMÍREZ, C., MARTÍNEZ, P., NÚÑEZ, M., GONZÁLEZ, C. & ARMESTO, J. J. (2005): Diversity, flower visitation frequency and generalism of pollinators in temperate rain forest of Chiloé Island, Chile. *Bot. Journ. Linn. Soc.* **147**: 399- 416.
- SOUSA, G. M. & WANDERLEY, M. G. L. (1997): Morfologia polínica de espécies de *Aechmea* RUIZ & PAV. (Bromeliaceae) de Pernambuco, Brasil. *Bol. Bot. Univ. S. Paulo*, **16**: 21-30.
- SPRENGEL, C. K. (1793): Das entdeckte Geheimnis der Natur im Bau und in der Befruchtung der Blumen. Bei Friedrich Vieweg dem Aeltern. Berlin.
- STACE, C. A. (1965): Cuticular studies as an Aid to Plant Taxonomy. *Bull. Brit. Mus. (Nat. Hist.)* **4**: 1.
- STAUDERMANN, W. (1924): Die Haare der Monokotylen. Bromeliaceae. *Bot. Archiv.* **8**: 140-141.
- TIETZE, M. (1906): Physiologische Bromeliaceen- Studien III: Die Entwicklung der wasseraufnehmenden Bromeliaceen- Trichome. *Zeitschr. F. Naturw.* Halle, Bd. 78.
- TOMLINSON, P. B. (1969): Commelinales-Zingiberales. In METCALFE, C. R. (Hrsg.), *Anatomy of the monocotyledons* **3**: 193-294. Clarendon Press, Oxford.
- SOLEREDER, H. & MEYER, F. J. (1929): Bromeliaceae. Sytematische Anatomie der Monokotyledonen. IV: Farinosae. Verlag Gebrüder Borntrager. **4**: 80-129.
- SWOFFORD, D. L. (2001): PAUP*, Phylogenetic Analysis using Parsimony (and other methods). Vers. 4.0. Sinauer, Sunderland, Massachusetts.
- WADE, D. & BROWN, G. (2005): Flower ovaries in the subfamily Bromelioideae. *J. Bromeliad Soc.* **55(2)**: 64-68.
- WAGENITZ, G. (2003): Wörterbuch der Botanik. 2. Auflage. Spektrum Akademischer Verlag. Heidelberg, Berlin. 552 S.
- WANDERLEY, M.G. L. & MELHEM, T. S. (1991): Flora polínica da Reserva do Parque Estadual das Fontes do Ipiranga (São Paulo, Brasil). *Hohenea* **18**: 5-42.

WENDT, T. (1997): A review of the subgenus *Pothuava* (BAKER) BAKER of *Aechmea* RUIZ & PAV. (Bromeliaceae) in Brazil. *Bot. J. Linn. Soc.* **125**: 245-271.

WETZEL, K. (1924): Beitrag zur Anatomie der Saughaare von Bromeliaceen. *Flora* **117**: 133-143.

WIESEMÜLLER, B., ROTHE, & H., HENKE, W. (2003): Phylogenetische Systematik. Springer Verlag Berlin Heidelberg. 190 S.

ZIZKA, G., HORRES, R., NELSON, E. C., & WEISING, K. (1999): Revision of the genus *Fascicularia* MEZ (Bromeliaceae). *Bot. J. Linn. Soc.* **129**: 315-332.

ZIZKA, G., TRUMPLER, K. & ZÖLLNER, O. (2002): Revision of the genus *Ochagavia* (Bromeliaceae, Bromelioideae). *Willdenowia* **32**: 331-350.

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Bilbergia saundersii* (Aa – Ac), *Lymania alvimii* (Ba – Bc) und *Bromelia pinguin* (Ca – Cc). Dargestellt sind jeweils die Ergebnisse der Messungen des in Ethanol fixierten und in Holundermark geschnittenen Materials (Tab.: Aa, Ba, Ca), des in HEMA (Tab.: Ab, Bb, Cb) und in Paraplast (Tab.: Ac, Bc, Cc) eingebetteten Materials.

Legende zu den verwendeten Abkürzungen in Tabellen Aa bis Cc:

ER = Epigyne Röhre; FknL = Fruchtknotenlänge; FknB = Fruchtknotenbreite; SaL = Samenanlagenlänge; SaB = Samenanlagenbreite; AL = Länge des Samenanlagenanhängsels; AB = Breite des Samenanlagenanhängsels; FL = Funikuluslänge; FB = Funikulusbreite; ML = Länge der Mikropyle; DIIN = Dicke des inneren Integumentes in Höhe der Nucellusapex; ÄIB = Breite des äusseren Integumentes; IIB = Breite des inneren Integumentes; NL = Nucelluslänge; NB = Nucellusbreite; PL = Plazentazellenlänge; PB = Plazentazellenbreite; STABW = Standardabweichung; VarK = Variationskoeffizient.

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Tab. Aa: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Bilbergia saundersii*; Ergebnisse der Messungen des in Ethanol fixierten und zwischen Holundermark geschnittenen Materials.

Ethanol	Belege –																			
	Nummer (Alkohol- Präparat)	Inventar- Nummer (Kultivat)	ER (mm)	FknL (mm)	FknB (mm)	SaL (µm)	SaB (µm)	AL (µm)	AB (µm)	FL (µm)	FB (µm)	ML (µm)	DIIN (µm)	ÄIB (µm)	IIB (µm)	NL (µm)	NB (µm)	PL (µm)	PB (µm)	
	RD56	FRP o.N.	2,1	19,2	5,1	471,5	241,5	69	69	80,5	115	57,5	69	17,1	17,1	205,2	153,9	37,05	14,25	
	RD56	FRP o.N.	2,1	19,3	5	471,5	230	69	57,5	92	103,5	57,5	69	17,1	11,4	199,5	142,5	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	2,1	18,5	3,9	448,5	230	69	57,5	92	115	69	69	17,1	11,4	205,2	142,5	37,05	11,4	
	RD56	FRP o.N.	1,5	17,1	4	460	253	69	57,5	92	115	69	57,5	22,8	17,1	205,2	148,2	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	1,5	17,5	4	460	241,5	46	57,5	92	115	69	69	17,1	11,4	205,2	142,5	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	1,5	17	4,4	471,5	287,5	64,4	57,5	92	115	69	57,5	22,8	11,4	205,2	148,2	37,05	14,25	
	RD56	FRP o.N.	2	18	4,5	460	253	63,48	46	92	115	57,5	69	17,1	11,4	205,2	142,5	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	1,8	18	4,5	460	253	62,38	57,5	86,25	115	69	69	22,8	11,4	199,5	148,2	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	2	18	5	483	264,5	61,05	69	92	103,5	57,5	57,5	17,1	11,4	205,2	142,5	31,35	8,55	
	RD56	FRP o.N.	Mittelwert	1,84	18,07	4,49	465,11	250,44	63,7	58,78	90,08	112,44	63,89	65,17	19	12,67	203,93	145,67	34,83	11,72
	RD56	FRP o.N.	STABW	0,27	0,05	0,1	0,02	0,07	0,12	0,12	0,05	0,05	0,09	0,09	0,15	0,2	0,01	0,03	0,05	0,15
	RD56	FRP o.N.	VarK	0,15	<0,01	0,02	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,01	0,02	<0,01	<0,01	<0,01	0,01

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Tab. Ab: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Bilbergia saundersii*; Ergebnisse der Messungen des in HEMA eingebetteten Materials.

HEMA	Belege – Nummer (Alkohol- Präparat)	Inventar- Nummer (Kultivat)	ER	FknL	FknB	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB	
			(mm)	(mm)	(mm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)
	RD56	FRP o.N.	2	19	5	460	230	69	57,5	80,5	115	57,5	69	17,1	11,4	199,5	142,5	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	2	19	5	460	218,5	69	57,5	92	103,5	57,5	69	17,1	11,4	199,5	142,5	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	2	18,5	4	437	230	69	57,5	80,5	115	69	57,5	17,1	11,4	205,2	142,5	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	1,5	17	4	460	264,5	69	57,5	80,5	103,5	69	57,5	17,1	11,4	205,2	148,2	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	1,5	17,5	4	471,5	230	69	57,5	92	115	57,5	69	17,1	11,4	205,2	142,5	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	1,5	17	4,5	460	276	69	57,5	92	103,5	69	57,5	17,1	11,4	199,5	148,2	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	2	18	4,5	460	230	69	57,5	80,5	115	57,5	57,5	17,1	11,4	205,2	142,5	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	2	18	4,5	471,5	264,5	69	57,5	86,25	115	57,5	69	17,1	11,4	199,5	148,2	34,2	11,4	
	RD56	FRP o.N.	2	18	5	483	230	69	57,5	92	103,5	57,5	57,5	17,1	11,4	205,2	142,5	31,35	8,55	
	RD56	FRP o.N.	Mittelwert	1,83	18	4,5	462,56	241,5	69	57,5	86,25	109,89	61,33	62,61	17,1	11,4	202,67	144,4	33,88	11,08
	RD56	FRP o.N.	STABW	0,25	0,04	0,1	0,03	0,09	0	0	0,07	0,06	0,09	0,1	0	0	0,01	0,02	0,03	0,09
	RD56	FRP o.N.	VarK	0,14	0	0,02	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,01

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Tab. Ac: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Bilbergia saundersii*; Ergebnisse der Messungen des in Paraplast eingebetteten Materials.

Paraplast	Belege – Nummer (Alkohol- Präparat)	Inventar- Nummer (Kultivat)	ER	FknL	FknB	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB	
			(mm)	(mm)	(mm)	(µm)	(µm)													
	RD56	FRP o.N.	1.5	18.8	5	448.5	218.5	69	51.75	80.5	103.5	57.5	57.5	15.96	11.4	193.8	136.8	31.35	8.55	
	RD56	FRP o.N.	2	19	5	448.5	218.5	69	57.5	80.5	103.5	57.5	57.5	15.96	11.4	193.8	136.8	28.5	11.4	
	RD56	FRP o.N.	1.5	18.5	4	437	230	69	57.5	80.5	103.5	57.5	57.5	17.1	11.4	199.5	142.5	31.35	11.4	
	RD56	FRP o.N.	1.5	17	4	460	253	69	55.2	80.5	103.5	69	57.5	17.1	11.4	205.2	136.8	34.2	8.55	
	RD56	FRP o.N.	1.5	17.5	4	460	230	69	57.5	80.5	115	57.5	57.5	17.1	8.55	205.2	142.5	34.2	11.4	
	RD56	FRP o.N.	1.5	17	4	460	264.5	69	57.5	92	103.5	69	57.5	15.96	11.4	199.5	148.2	34.2	8.55	
	RD56	FRP o.N.	2	18.8	4	460	230	69	57.5	80.5	115	57.5	57.5	17.1	10.26	199.5	142.5	34.2	8.55	
	RD56	FRP o.N.	1.5	18	4.5	471.5	253	69	55.2	80.5	115	57.5	69	17.1	11.4	199.5	136.8	34.2	11.4	
	RD56	FRP o.N.	2	18.5	4	471.5	241.5	69	57.5	92	103.5	57.5	57.5	17.1	11.4	205.2	142.5	31.35	8.55	
	RD56	FRP o.N.	Mittelwert	1.67	18	4.3	457.4	237,7	69	56,4	83,1	107	60,0	58,8	16,72	11,0	200,1	140,6	32,6	9,8
	RD56	FRP o.N.	STABW	0,25	0,04	0,1	0,02	0,07	0	0,04	0,06	0,05	0,08	0,07	0,03	0,09	0,02	0,03	0,06	0,15
	RD56	FRP o.N.	VarK	0.15	<0,01	0,02	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,02

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Tab. Ba: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Lymania alvimii*; Ergebnisse der Messungen des in Ethanol fixierten und zwischen Holundermark geschnittenen Materials.

Ethanol	Belege – Nummer (Alkohol- Präparat)	Inventar- Nummer (Kultivat)	ER	FknL	FknB	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB	
			(mm)	(mm)	(mm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)
	RD80	103784 HG	3,4	3,5	2,5	816,5	184	425,5	63,25	92	69	63,25	57,5	17,1	11,4	228	125,4	38,19	11,4	
	RD80	103784 HG	3,5	3,5	2,5	862,5	184	448,5	63,25	69	80,5	69	57,5	17,1	15,96	228	125,4	37,05	10,26	
	RD80	103784 HG	3,5	3,6	2	839,5	184	437	63,25	69	69	69	63,25	15,96	11,4	216,6	114	38,76	10,26	
	RD80	103784 HG	3,5	3,6	2,4	839,5	189,75	437	57,5	63,25	69	69	57,5	17,1	15,96	222,3	114	39,9	11,4	
	RD80	103784 HG	3	3,5	2,4	816,5	201,25	425,5	63,25	80,5	80,5	69	57,5	17,1	11,4	222,3	114	37,05	11,4	
	RD80	103784 HG	3,5	3	2	839,5	207	414	51,75	69	63,25	63,25	57,5	17,1	11,4	228	125,4	37,05	10,26	
	RD80	103784 HG	3,5	3,5	2,5	805	218,5	448,5	63,25	69	80,5	69	57,5	17,1	14,25	228	114	42,75	10,26	
	RD80	103784 HG	3,5	3	2	862,5	212,75	425,5	51,75	69	69	57,5	63,25	17,1	11,4	222,3	119,7	42,75	8,55	
	RD80	103784 HG	3	3	2	828	195,5	437	63,25	80,5	69	74,75	46	17,1	15,96	228	108,3	39,9	11,4	
	RD80	103784 HG	Mittelwert	3,38	3,36	2,26	834,39	197,42	433,17	60,06	73,47	72,19	67,08	57,5	16,97	13,24	224,83	117,8	39,27	10,58
	RD80	103784 HG	STABW	0,22	0,08	0,11	0,02	0,07	0,03	0,08	0,12	0,09	0,07	0,09	0,02	0,17	0,02	0,05	0,06	0,09
	RD80	103784 HG	VarK	0,06	0,02	0,05	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,01

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Tab. Bb: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Lymania alvimii*; Ergebnisse der Messungen des in HEMA eingebetteten Materials.

HEMA	Belege – Nummer (Alkohol- Präparat)	Inventar- Nummer (Kultivat)	ER	FknL	FknB	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB	
			(mm)	(mm)	(mm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)
	RD80	103784 HG	3,4	3,5	2,5	805	172,5	402,5	57,5	80,5	57,5	57,5	46	17,1	11,4	228	119,7	34,2	11,4	
	RD80	103784 HG	3,5	3,5	2	851	184	448,5	57,5	57,5	80,5	63,25	57,5	17,1	11,4	216,6	125,4	37,05	8,55	
	RD80	103784 HG	3	3	2	828	184	414	63,25	69	63,25	69	63,25	15,96	11,4	216,6	114	38,76	10,26	
	RD80	103784 HG	3	3	2	839,5	189,75	437	51,75	63,25	69	69	46	17,1	11,4	222,3	114	39,9	11,4	
	RD80	103784 HG	3	3,5	2	816,5	201,25	425,5	63,25	80,5	80,5	57,5	57,5	17,1	11,4	222,3	114	37,05	11,4	
	RD80	103784 HG	3,5	3	2	839,5	207	414	51,75	57,5	63,25	63,25	57,5	15,96	11,4	228	119,7	34,2	10,26	
	RD80	103784 HG	3,5	3	2,5	805	172,5	402,5	57,5	69	80,5	69	46	15,96	11,4	228	114	42,75	8,55	
	RD80	103784 HG	3,5	3	2	851	212,75	414	51,75	69	63,25	57,5	63,25	15,96	11,4	222,3	119,7	39,9	5,7	
	RD80	103784 HG	3	3	2	816,5	184	437	57,5	80,5	69	74,75	46	17,1	15,96	216,6	102,6	39,9	11,4	
	RD80	103784 HG	Mittelwert	3,27	3,17	2,11	828	189,75	421,67	56,86	69,64	69,64	64,53	53,67	16,59	11,91	222,3	115,9	38,19	9,88
	RD80	103784 HG	STABW	0,25	0,08	0,1	0,02	0,08	0,04	0,08	0,13	0,13	0,1	0,14	0,04	0,13	0,02	0,05	0,07	0,2
	RD80	103784 HG	VarK	0,08	0,02	0,05	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,02

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Tab. Bc: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Lymania alvimii*; Ergebnisse der Messungen des in Paraplast eingebetteten Materials.

Paraplast	Belege – Nummer (Alkohol- Präparat)	Inventar- Nummer (Kultivat)																		
			ER (mm)	FknL (mm)	FknB (mm)	SaL (µm)	SaB (µm)	AL (µm)	AB (µm)	FL (µm)	FB (µm)	ML (µm)	DIIN (µm)	ÄIB (µm)	IIB (µm)	NL (µm)	NB (µm)	PL (µm)	PB (µm)	
	RD80	103784 HG	3,4	3,4	2,3	839,5	172,5	402,5	51,75	69	57,5	57,5	34,5	14,25	11,4	216,6	114	34,2	11,4	
	RD80	103784 HG	3,4	3,4	2	839,5	184	448,5	57,5	57,5	69	57,5	14,25	11,4	216,6	125,4	34,2	8,55		
	RD80	103784 HG	3	3	2,1	816,5	184	414	63,25	69	63,25	69	46	15,96	11,4	216,6	114	34,2	10,26	
	RD80	103784 HG	3	3	2,3	839,5	189,75	437	51,75	57,5	69	69	46	17,1	14,25	222,3	114	39,9	8,55	
	RD80	103784 HG	3	3,5	2	816,5	195,5	425,5	57,5	80,5	80,5	57,5	57,5	17,1	11,4	222,3	114	34,2	11,4	
	RD80	103784 HG	3,4	3	2	839,5	207	414	51,75	57,5	63,25	57,5	57,5	15,96	11,4	216,6	119,7	34,2	10,26	
	RD80	103784 HG	3,5	3	2,5	805	172,5	402,5	57,5	69	69	69	46	15,96	11,4	228	114	39,9	8,55	
	RD80	103784 HG	3,4	3,4	2,4	828	207	414	51,75	69	63,25	57,5	57,5	15,96	11,4	222,3	102,6	39,9	5,7	
	RD80	103784 HG	3	3,1	2,2	828	184	437	51,75	80,5	69	57,5	46	17,1	15,96	216,6	102,6	39,9	8,55	
	RD80	103784 HG	Mittelwert	3,23	3,2	2,2	828	188,47	421,67	54,94	67,72	67,08	61,33	49,83	15,96	12,22	219,77	113,37	36,73	9,25
	RD80	103784 HG	STABW	0,22	0,07	0,09	0,02	0,07	0,04	0,08	0,13	0,1	0,09	0,16	0,07	0,14	0,02	0,06	0,08	0,19
	RD80	103784 HG	VarK	0,07	0,02	0,04	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,02

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Tab. Ca: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Bromelia pinguin*; Ergebnisse der Messungen des in Ethanol fixierten und zwischen Holundermark geschnittenen Materials.

Ethanol	Belege – Nummer (Alkohol- Präparat)	Inventar- Nummer (Kultivat)	ER	FknL	FknB	SaL	SaB	AL*	AB*	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB	
			(mm)	(mm)	(mm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,3	13,5	6,5	425,5	333,5	-	-	149,5	207	109,25	69	51,3	17,1	171	108,3	39,9	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,5	13,3	6,5	431,25	379,5	-	-	143,75	218,5	92	69	51,3	14,25	159,6	114	37,05	5,7	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,5	12,3	6,5	437	379,5	-	-	143,75	201,25	92	57,5	45,6	11,4	171	125,4	39,9	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,3	12	6	419,75	356,5	-	-	126,5	172,5	115	69	51,3	17,1	159,6	114	39,9	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,2	13	7	448,5	333,5	-	-	143,75	184	103,5	80,5	51,3	15,96	171	119,7	39,9	5,7	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,1	13,4	7	448,5	379,5	-	-	149,5	184	115	74,75	51,3	17,1	165,3	114	39,9	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,5	13,5	6,5	448,5	368	-	-	149,5	172,5	115	80,5	51,3	15,96	171	114	39,9	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	0,5	14	6	437	345	-	-	149,5	172,5	103,5	80,5	51,3	17,1	165,3	108,3	39,9	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	0,4	13,5	6,5	448,5	379,5	-	-	149,5	184	126,5	80,5	48,45	17,1	171	125,4	38,76	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	Mittelwert	0,37	13,17	6,5	438,28	361,61	-	-	145,03	188,47	107,97	73,47	50,35	15,9	167,2	115,9	39,46	7,92
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	STABW	0,15	0,05	0,05	0,03	0,06	-	-	0,05	0,09	0,11	0,11	0,04	0,12	0,03	0,05	0,02	0,16
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	VarK	0,41	<0,01	0,01	<0,01	<0,01	-	-	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,02

*Meßwerte für die Anhängsellänge und – breite entfallen hier, da diese Struktur bei *Bromelia pinguin* nicht ausgebildet wird.

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Tab. Cb: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Bromelia pinguin*; Ergebnisse der Messungen des in HEMA eingebetteten Materials.

HEMA	Belege – Nummer (Alkohol- Präparat)	Inventar- Nummer (Kultivat)	ER	FknL	FknB	SaL	SaB	AL*	AB*	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB	
			(mm)	(mm)	(mm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)	(µm)
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0	13,5	6	402,5	322	-	-	120,75	207	109,25	63,25	51,3	14,25	148,2	96,9	39,9	5,7	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,5	13	6	431,25	379,5	-	-	143,75	218,5	86,25	69	51,3	14,25	159,6	114	37,05	5,7	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,5	12	6,5	437	379,5	-	-	138	201,25	92	57,5	45,6	11,4	171	125,4	36,48	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0	12	6	419,75	356,5	-	-	126,5	172,5	115	69	48,45	17,1	156,75	114	37,05	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0	13	7	448,5	333,5	-	-	143,75	184	103,5	74,75	48,45	15,96	171	119,7	39,9	5,7	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0	13	7	437	379,5	-	-	149,5	172,5	115	74,75	51,3	17,1	165,3	114	39,9	5,7	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00	0,5	13,5	6,5	448,5	345	-	-	149,5	172,5	115	80,5	51,3	15,96	171	108,3	39,9	5,7	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	0,5	14	6	437	345	-	-	149,5	172,5	92	80,5	51,3	17,1	165,3	108,3	39,9	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	0	13	6,5	442,75	373,75	-	-	149,5	161	126,5	80,5	45,6	14,25	171	125,4	38,76	8,55	
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	Mittelwert	0,22	13	6,39	433,81	357,14	-	-	141,19	184,64	106,06	72,19	49,4	15,26	164,35	114	38,76	6,97
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	STABW	0,26	0,05	0,07	0,03	0,06	-	-	0,08	0,11	0,13	0,11	0,05	0,12	0,05	0,08	0,04	0,22
	RD88	FRP.199-1993- 190893-400	VarK	1,19	<0,01	0,01	<0,01	<0,01	-	-	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,03

*Meßwerte für die Anhängsellänge und – breite entfallen hier, da diese Struktur bei *Bromelia pinguin* nicht ausgebildet wird.

Anhang 1: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums

Tab. Cc: Exemplarische Untersuchung zur Variabilität und zum Einfluss des Einbettungsmediums auf die Größe morphologischer Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, am Beispiel von *Bromelia pinguin*; Ergebnisse der Messungen des in Paraplast eingebetteten Materials.

Paraplast	Belege – Nummer (Alkohol- Präparat)	Inventar- Nummer (Kultivat)	ER (mm)	FknL (mm)	FknB (mm)	SaL (µm)	SaB (µm)	AL* (µm)	AB* (µm)	FL (µm)	FB (µm)	ML (µm)	DIIN (µm)	ÄIB (µm)	IIB (µm)	NL (µm)	NB (µm)	PL (µm)	PB (µm)
RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00		0,3	13,5	6,5	414	310,5	-	-	126,5	172,5	109,25	57,5	45,6	14,25	136,8	91,2	35,91	8,55
RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00		0,5	13	6	425,5	368	-	-	138	207	86,25	57,5	45,6	14,25	159,6	114	37,05	5,7
RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00		0,5	12,2	6,5	431,25	379,5	-	-	126,5	201,25	92	57,5	45,6	11,4	171	114	36,48	5,7
RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00		0,2	12,2	6	419,75	356,5	-	-	126,5	172,5	103,5	69	45,6	17,1	156,75	114	37,05	5,7
RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00		0	13	6,5	448,5	333,5	-	-	126,5	172,5	103,5	57,5	48,45	15,96	165,3	119,7	39,9	5,7
RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00		0	13	7	437	379,5	-	-	149,5	172,5	103,5	74,75	51,3	17,1	165,3	114	39,9	5,7
RD88	FRP.199-1993- 190893-4-00		0,5	13,5	6,5	448,5	345	-	-	149,5	172,5	92	80,5	51,3	15,96	165,3	108,3	36,48	5,7
RD88	FRP.199-1993- 190893-400		0,5	14	6	425,5	345	-	-	149,5	172,5	92	80,5	51,3	14,25	165,3	108,3	37,05	5,7
RD88	FRP.199-1993- 190893-400		0	13	6,5	437	368	-	-	149,5	161	126,5	80,5	45,6	14,25	165,3	114	38,76	5,7
RD88	FRP.199-1993- 190893-400	Mittelwert	0,28	13,04	6,39	431,89	353,94	-	-	138	178,25	100,94	68,36	47,82	14,95	161,18	110,83	37,62	6,02
RD88	FRP.199-1993- 190893-400	STABW	0,23	0,05	0,05	0,03	0,06	-	-	0,08	0,09	0,12	0,16	0,06	0,12	0,06	0,07	0,04	0,16
RD88	FRP.199-1993- 190893-400	VarK	0,84	<0,01	0,01	<0,01	<0,01	-	-	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01

*Meßwerte für die Anhängsellänge und – breite entfallen hier, da diese Struktur bei *Bromelia pinguin* nicht ausgebildet wird.

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale mit mehreren Messungen je Pflanze

(SaL = Samenanlagenlänge, SaB = Samenanlagenbreite, AL = Anhängsellänge, AB = Anhängselbreite, FL = Funikulusslänge, FB = Funikulusbreite, ML = Mikopylenlänge, DIIN = Dicke des inneren Integumentes in Höhe des Nucellus, ÄIB = Dicke des äußeren Integuments, IIB = Dicke des inneren Integumentes im mittleren Bereich der Samenanlage, NL = Nucelluslänge, NB = Nucellusbreite, PL = Plazentazellenlänge, PB = Plazentazellenbreite. Alle Meßwerte sind in Mikrometern angegeben.)

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Acanthostachys pitcairnioides</i>	552	449	5049	58	115	173	115	104	23	17	496	342	40	11
	541	437	6360	58	115	161	104	81	23	17	490	336	46	17
	541	449	6360	58	115	161	115	92	23	17	490	336	34	17
	564	437	6360	58	104	150	104	81	23	17	496	342	34	17
	552	449	5060	58	104	150	104	81	23	17	490	336	46	11
<i>Acanthostachys strobilacea</i>	345	345	748	46	58	58	46	46	11	6	285	245	17	6
	460	345	713	46	35	35	35	35	11	6	302	251	11	9
	380	357	736	58	58	58	46	35	11	6	308	251	11	11
	391	345	725	58	35	35	46	46	11	6	285	245	17	9
	368	357	748	58	35	35	35	35	11	6	296	245	11	11
<i>Aechmea allenii</i>	288	207	58	46	35	92	58	58	17	11	222	97	34	11
	311	230	58	46	35	104	58	46	17	11	228	103	34	11
	265	196	58	46	35	104	69	58	17	11	217	97	34	11
	357	207	46	35	35	104	58	46	17	11	211	103	34	11
	311	207	46	35	35	92	58	46	17	11	217	97	34	11
<i>Aechmea aquilega</i>	242	219	380	115	92	58	81	46	11	6	228	143	23	11
	242	207	460	104	104	46	92	58	11	6	239	154	29	11
	230	184	460	81	92	58	104	69	11	6	222	131	29	9
	253	184	368	81	104	58	92	58	11	6	217	148	29	9
	299	196	380	92	92	69	81	69	11	6	234	154	23	11
<i>Aechmea bambusoides</i>	357	253	0	0	46	58	35	35	11	6	268	171	68	17
	380	276	0	0	46	69	35	35	11	6	262	177	63	17
	380	276	0	0	46	69	46	46	11	6	262	177	63	17
	357	253	0	0	46	58	35	35	11	6	268	177	68	17
	368	265	0	0	46	58	35	35	11	6	262	171	68	17
<i>Aechmea blumenavii</i>	108	103	0	0	40	46	15	1	9	6	74	57	9	3
	120	114	0	0	46	57	14	1	9	6	74	51	9	1
	114	114	0	0	46	57	14	1	9	6	68	51	9	1
	114	108	0	0	40	46	11	1	9	6	80	57	9	3
	120	120	0	0	46	57	14	1	9	6	74	51	9	3
<i>Aechmea bromeliifolia</i>	253	253	978	138	46	127	46	35	17	11	239	182	40	11
	253	276	978	138	58	138	46	35	17	11	239	182	40	11
	299	288	978	138	46	138	46	35	17	11	239	182	40	11
	276	288	1001	150	46	138	46	35	17	11	228	160	34	11
	299	299	989	150	46	127	46	35	17	11	234	171	34	11
<i>Aechmea cariocae</i>	564	322	1150	161	35	46	35	46	17	11	325	200	34	6
	449	334	1323	150	46	35	46	46	17	11	336	205	34	6
	564	322	1150	161	35	35	35	35	17	11	325	200	34	6
	483	345	1323	173	35	46	46	46	17	11	348	228	29	6
	541	322	1196	173	46	46	35	35	17	11	331	217	34	6
<i>Aechmea chantinii</i>	276	219	253	58	81	81	115	58	11	6	217	143	57	11
	276	207	253	58	69	81	115	58	11	6	217	143	63	11
	276	219	253	58	69	81	104	58	11	6	211	143	57	11
	276	207	253	58	69	81	115	58	11	6	217	143	63	11
	299	207	242	46	81	81	104	58	11	6	211	137	63	11

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Aechmea distichantha</i> var. <i>distichantha</i> f. <i>distichantha</i>	345	230	0	0	58	46	46	58	11	6	205	114	57	57
	334	242	0	0	58	46	46	58	11	6	211	120	63	57
	357	230	0	0	46	46	35	58	11	6	205	114	63	11
	368	253	0	0	46	46	46	58	11	6	217	114	68	57
	345	242	0	0	46	46	35	46	11	6	211	120	57	57
<i>Aechmea emmerichiae</i>	242	173	127	58	69	69	69	46	11	6	171	57	29	6
	207	150	138	69	58	58	69	46	11	6	182	68	34	9
	219	161	138	58	58	58	69	46	11	6	171	57	34	6
	253	161	115	69	58	58	58	35	11	6	182	68	40	9
	253	173	127	69	58	58	58	35	11	6	177	63	29	11
<i>Aechmea eurycorymbus</i>	265	161	196	92	58	92	58	69	35	23	200	125	40	11
	276	173	196	92	58	92	58	69	35	23	194	120	40	11
	276	184	207	104	58	92	58	69	35	23	200	125	40	11
	253	184	207	104	81	115	69	92	35	23	200	125	40	11
	276	184	207	104	58	92	58	69	35	23	200	125	40	11
<i>Aechmea farinosa</i> var. <i>conglomerata</i>	64	208	139	74	45	79	59	50	15	10	183	119	25	20
	69	208	149	79	35	79	50	45	15	10	173	109	25	20
	59	198	149	74	40	64	59	50	15	10	183	114	25	20
	64	198	149	74	35	69	59	50	15	10	178	119	25	20
	59	198	149	74	40	74	54	50	15	10	173	109	25	20
<i>Aechmea fasciata</i>	460	161	322	46	58	46	58	46	11	6	262	120	51	6
	518	138	322	35	46	35	46	23	11	6	98	43	51	6
	541	138	311	46	46	35	46	23	11	6	257	103	51	6
	472	150	334	35	58	46	58	35	11	6	251	114	57	6
	495	161	322	35	58	46	58	35	11	6	257	108	63	6
<i>Aechmea fendleri</i>	311	150	0	0	81	104	81	69	14	9	143	74	51	6
	334	161	0	0	69	92	69	58	14	9	160	86	57	11
	345	173	0	0	69	92	69	58	14	9	148	80	57	9
	322	161	0	0	69	92	69	58	11	6	143	80	63	11
	334	150	0	0	69	104	69	58	11	6	160	86	57	9
<i>Aechmea ferruginea</i>	299	242	150	46	46	81	69	69	17	11	222	125	46	11
	345	230	138	46	35	69	58	46	11	11	234	131	57	17
	345	230	138	46	35	69	58	46	11	11	228	125	57	17
	299	230	138	46	46	81	58	46	17	11	234	131	46	11
	288	207	127	46	46	69	58	46	11	11	228	125	57	17
<i>Aechmea filicaulis</i>	322	161	403	115	58	81	58	46	17	11	131	57	34	17
	311	161	391	104	58	81	58	46	23	17	154	57	23	17
	311	184	414	104	58	81	58	46	23	17	143	63	23	17
	311	161	391	104	58	81	69	46	23	17	154	57	34	17
	334	207	391	104	58	81	58	58	17	11	154	57	34	17
<i>Aechmea gamosepala</i> var. <i>gamosepala</i>	265	150	0	0	69	81	58	69	17	11	177	103	23	11
	253	173	0	0	92	81	46	69	17	11	200	114	23	11
	253	173	0	0	92	81	46	69	17	11	200	114	23	11
	230	173	0	0	92	58	58	69	17	11	177	103	23	11
	265	150	0	0	69	81	58	69	17	11	177	103	23	11
<i>Aechmea gracilis</i>	213	153	0	0	74	89	74	50	15	10	203	99	15	15
	218	139	0	0	74	79	84	59	15	10	198	104	15	15
	178	129	0	0	89	84	79	50	15	10	198	99	15	15
	163	149	0	0	99	84	74	50	15	10	198	109	15	15
	178	149	0	0	99	89	74	50	15	10	198	104	15	15

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Aechmea kertesziae</i>	251	165	0	0	34	46	58	58	12	9	177	122	15	6
	257	177	0	0	29	46	69	58	12	9	186	116	15	6
	245	171	0	0	40	51	46	46	9	6	174	122	15	6
	254	171	0	0	29	46	46	46	12	9	177	122	15	6
	257	171	0	0	29	46	69	58	12	9	186	116	15	6
<i>Aechmea lindenii</i> var. <i>lindenii</i>	311	196	0	0	35	46	46	35	11	11	228	74	29	17
	299	207	0	0	35	46	46	35	11	11	234	80	29	17
	322	207	0	0	35	46	46	35	11	11	234	86	29	17
	311	173	0	0	35	46	46	35	11	11	228	74	29	17
	311	219	0	0	35	46	46	35	11	11	234	80	29	17
<i>Aechmea longifolia</i>	195	208	50	79	63	113	125	113	20	20	350	163	20	10
	185	198	54	79	63	125	138	100	20	20	325	175	20	10
	195	208	50	74	63	113	125	100	20	20	338	188	20	10
	175	203	59	74	63	125	138	113	20	20	338	188	20	10
	175	208	50	74	63	113	125	100	20	20	325	175	20	10
<i>Aechmea mexicana</i>	242	196	115	69	46	69	46	58	29	17	171	114	57	17
	207	184	92	46	58	92	58	69	29	17	148	97	57	17
	207	184	115	69	46	69	46	58	29	17	171	114	57	17
	242	184	92	46	69	92	69	81	29	17	143	91	57	17
	242	196	115	69	46	69	46	58	29	17	171	114	57	17
<i>Aechmea miniata</i> var. <i>discolor</i>	334	161	265	92	46	46	58	58	17	11	131	97	29	11
	426	150	265	92	58	58	58	58	17	11	125	97	29	11
	322	150	253	92	46	46	58	58	17	11	154	103	23	11
	322	161	253	81	58	58	69	58	17	11	143	103	29	11
	288	150	265	92	46	58	58	46	17	11	148	108	23	11
<i>Aechmea mulfordii</i>	276	253	173	115	35	92	69	69	17	11	251	200	34	11
	322	242	196	127	23	69	69	58	17	11	251	205	34	11
	299	242	173	115	35	81	69	58	17	11	245	200	34	11
	322	265	184	127	35	92	69	69	17	11	251	205	34	11
	299	265	196	115	35	92	69	69	17	11	245	200	34	11
<i>Aechmea nidularioides</i>	541	138	311	46	46	35	46	23	11	6	257	103	51	6
	472	150	334	35	58	46	58	35	11	6	251	114	57	6
	460	161	322	46	58	46	58	46	11	6	262	120	51	6
	518	138	322	35	46	35	46	23	11	6	245	103	51	6
	495	161	322	35	58	46	58	35	11	6	257	108	63	6
<i>Aechmea nudicaulis</i> var. <i>aurorosea</i>	257	188	0	0	46	46	51	34	15	12	168	107	73	9
	257	188	0	0	46	46	51	34	15	12	168	107	73	9
	251	194	0	0	51	57	51	34	15	12	174	113	73	9
	262	182	0	0	51	57	51	34	15	12	171	104	75	9
	251	194	0	0	57	57	57	34	15	12	171	110	75	9
<i>Aechmea paniculata</i>	311	196	0	0	58	81	69	69	17	11	177	143	17	23
	299	196	0	0	58	81	69	69	17	11	182	148	17	29
	299	196	0	0	58	81	69	69	17	11	182	148	17	23
	322	207	0	0	69	81	69	81	17	11	200	154	17	29
	322	207	0	0	69	81	69	81	17	11	200	154	17	29
<i>Aechmea pimentii-velosoi</i>	234	357	0	0	40	46	29	40	11	6	160	97	23	11
	245	322	0	0	34	46	40	40	11	6	165	103	23	11
	245	368	0	0	40	46	34	34	11	6	171	125	23	11
	245	368	0	0	40	46	34	34	11	6	171	125	23	11
	257	357	0	0	34	46	46	46	11	6	160	97	23	11

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Aechmea purpureo-rosea</i>	93	170	170	55	50	40	55	38	16	10	205	134	15	8
	120	175	172	55	48	41	63	35	16	10	203	136	23	8
	17	168	175	50	48	42	63	36	15	10	203	139	23	6
	216	175	175	50	35	42	88	35	15	10	208	144	20	8
	181	165	172	50	47	41	62	37	15	11	208	141	11	6
<i>Aechmea racinae</i>	207	138	115	58	69	46	69	35	11	6	200	131	57	6
	219	138	115	58	58	46	69	35	11	6	188	120	57	6
	219	138	115	58	58	46	58	35	11	6	182	108	57	6
	207	138	115	58	58	46	58	35	11	6	182	108	57	6
<i>Aechmea rubens</i>	161	115	115	46	69	46	69	35	11	6	200	131	57	9
	279	276	124	54	35	104	58	46	17	11	211	103	34	11
	244	253	124	54	35	104	58	46	17	11	228	103	34	11
	221	265	124	54	35	92	58	58	17	11	222	97	34	11
	208	276	114	50	35	104	69	58	17	11	217	97	34	11
<i>Aechmea servitensis</i> var. <i>exigua</i>	248	253	109	50	35	92	58	46	17	11	217	97	34	11
	178	198	144	50	25	50	35	5	10	5	223	129	30	15
	183	198	139	50	25	50	40	5	10	5	233	134	25	15
	203	203	124	45	25	50	40	5	10	5	238	124	25	17
	183	198	139	45	25	50	40	5	10	5	223	129	30	17
<i>Aechmea smithiorum</i>	198	203	124	45	30	50	40	5	10	5	228	139	30	15
	207	150	104	35	58	69	69	58	17	9	154	80	51	6
	219	150	81	35	69	58	58	46	11	11	160	80	57	9
	207	161	81	35	58	69	69	46	17	11	160	86	57	9
	196	161	92	46	69	58	58	46	11	11	148	80	63	6
<i>Aechmea</i> sp. A (nov. sp.?)	219	161	81	35	58	69	69	58	17	9	148	86	51	6
	380	276	0	0	69	81	46	58	11	6	165	103	46	6
	380	276	0	0	58	69	58	58	11	6	160	108	51	6
	391	288	0	0	69	81	46	58	11	6	171	103	57	6
	403	288	0	0	58	69	46	58	11	6	171	108	57	6
<i>Aechmea tillandsioides</i> var. <i>kienastii</i>	357	265	0	0	69	81	58	58	11	6	171	108	57	6
	183	139	79	25	30	20	45	15	10	5	134	69	25	5
	183	129	59	20	25	20	50	20	10	5	139	74	25	5
	158	149	79	25	25	20	45	15	15	10	139	74	30	5
	188	153	79	25	20	20	50	20	10	5	134	69	30	5
<i>Aechmea tillandsioides</i> var. <i>tillandsioides</i>	183	149	69	25	25	20	50	20	10	5	134	69	25	5
	196	196	414	115	104	69	74	57	17	11	171	114	17	6
	242	184	426	115	58	58	80	57	17	11	171	103	17	6
	207	196	391	115	81	69	68	57	17	11	160	108	11	3
	242	196	437	115	69	81	68	57	17	11	171	108	17	6
<i>Aechmea triangularis</i>	207	173	403	115	92	58	68	57	17	11	177	114	11	3
	380	288	1668	92	92	92	58	69	17	11	291	211	40	11
	345	265	1576	104	115	127	58	69	17	11	291	211	34	11
	368	276	1553	104	104	104	69	81	17	11	285	200	40	11
	368	276	1587	92	115	127	69	81	17	11	296	205	34	11
	391	276	1668	92	92	92	69	81	17	11	296	205	40	11

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Aechmea warasii</i>	288	230	368	58	58	40	58	46	11	6	211	125	57	11
	334	207	368	58	46	35	69	46	11	6	217	131	57	11
	288	253	357	58	58	35	58	46	11	6	205	120	57	11
	334	219	345	69	58	35	69	46	11	6	228	137	57	11
	288	230	368	58	58	40	58	46	11	6	211	125	57	11
<i>Aechmea weberbaueri</i>	288	207	69	58	69	46	97	46	11	6	194	103	80	9
	253	161	69	69	69	46	97	46	11	9	177	91	57	6
	276	207	69	58	69	46	86	46	11	6	200	103	51	6
	253	173	69	58	69	46	91	46	9	6	182	97	68	6
	253	184	69	58	46	35	80	51	9	6	171	86	63	9
<i>Aechmea weilbachii</i>	219	115	184	58	69	46	104	35	11	6	154	80	29	6
	299	115	161	58	58	46	115	46	11	6	154	80	29	6
	230	127	184	58	58	46	104	35	17	11	160	86	34	6
	299	138	138	46	58	46	115	46	11	6	160	86	29	6
	253	127	184	58	46	46	115	46	11	6	154	80	34	6
<i>Aechmea winkleri</i>	242	184	0	0	69	92	46	58	17	11	148	108	17	6
	322	207	0	0	81	104	46	58	17	11	143	114	17	6
	242	184	0	0	58	69	46	58	17	11	137	108	17	6
	265	207	0	0	81	104	58	58	17	11	143	108	17	6
	265	207	0	0	81	115	58	58	17	11	143	108	17	6
<i>Ananas comosus</i>	541	357	0	0	35	46	81	58	17	11	314	182	29	11
	472	391	0	0	69	81	69	58	17	11	302	188	29	11
	518	345	0	0	46	81	81	81	17	11	302	188	29	11
	518	391	0	0	46	92	69	58	17	11	319	205	29	11
	541	357	0	0	35	69	81	58	17	11	319	205	29	11
<i>Ananas nanus</i>	437	334	0	0	81	138	81	58	23	17	274	177	57	11
	414	276	0	0	46	104	58	35	23	17	262	171	57	11
	414	276	0	0	46	104	58	35	23	17	262	171	57	11
	391	265	0	0	58	115	58	35	23	17	257	165	57	11
	426	299	0	0	58	115	81	58	23	17	268	177	57	11
<i>Androlepis skinerii</i>	311	161	0	0	230	69	69	58	17	11	177	103	34	6
	288	150	0	0	242	69	69	46	17	11	143	91	29	9
	288	150	0	0	242	58	69	46	17	11	165	108	40	6
	299	161	0	0	207	69	46	58	17	11	160	103	40	6
	345	161	0	0	173	69	69	58	17	11	143	97	34	6
<i>Araecoccus flagellifolius</i>	150	184	253	115	58	81	58	81	17	11	222	182	46	9
	161	196	242	115	69	92	58	92	17	11	217	177	40	6
	173	196	242	127	58	81	69	81	17	11	217	177	46	9
	138	184	253	127	69	92	58	92	17	11	222	182	40	9
	127	184	253	127	69	81	58	81	17	11	211	171	46	9
<i>Araecoccus goeldianus</i>	242	196	127	92	58	69	69	69	17	11	182	108	29	6
	253	196	127	92	58	69	69	69	17	11	200	114	34	6
	242	173	115	104	46	69	58	46	17	11	188	114	34	6
	276	196	115	104	46	69	69	58	17	11	182	114	34	6
	230	173	127	92	46	69	58	46	17	11	200	114	34	6
<i>Araecoccus parviflorus</i>	230	61	0	0	46	17	29	29	6	3	81	58	15	9
	242	58	0	0	46	15	23	23	6	3	87	58	17	12
	219	64	0	0	57	15	20	29	6	3	90	61	20	12
	264	64	0	0	23	15	29	20	6	3	87	61	20	9
	242	55	0	0	46	15	32	34	6	3	84	58	17	9

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Araeococcus pectinatus</i>	242	161	276	92	46	58	57	57	11	9	222	217	46	11
	242	184	288	92	46	58	57	57	11	6	217	211	57	11
	242	184	288	104	46	58	57	51	11	6	217	154	57	11
	230	161	288	92	46	58	51	51	11	6	211	148	57	11
	230	161	276	92	46	58	51	51	11	9	217	154	51	11
<i>Billbergia chlorantha</i>	426	230	69	150	69	150	91	57	17	11	194	182	23	11
	449	230	58	138	58	138	103	68	17	11	205	171	29	17
	472	253	58	138	58	138	97	63	17	11	182	148	23	11
	449	230	58	138	58	138	91	57	17	11	205	171	23	11
	437	219	69	150	69	150	91	57	17	11	205	171	29	17
<i>Billbergia elegans</i>	368	207	0	0	58	46	69	58	17	11	245	131	34	11
	357	184	0	0	58	46	69	46	17	11	228	125	29	11
	345	196	0	0	58	46	69	46	17	11	239	131	29	11
	345	207	0	0	58	69	69	58	17	11	251	137	29	11
	368	230	0	0	69	81	81	58	17	11	257	143	34	11
<i>Billbergia euphemiae</i> var. <i>euphemiae</i>	252	218	69	40	50	69	94	59	20	15	193	109	20	10
	267	223	59	45	59	74	79	54	20	15	188	99	15	10
	262	228	74	45	54	59	84	50	20	15	183	99	20	10
	277	228	64	35	50	59	69	50	20	15	183	104	15	10
	267	223	69	45	50	69	74	50	20	15	188	104	20	10
<i>Billbergia horrida</i> var. <i>tigrina</i>	207	207	127	69	69	92	138	92	17	11	205	143	23	6
	230	230	127	69	69	92	127	81	17	11	211	148	23	6
	207	207	127	69	69	92	138	92	17	11	205	143	23	6
	207	253	138	81	92	115	138	92	17	11	211	148	23	6
	207	253	138	69	92	115	138	92	17	11	205	143	23	6
<i>Billbergia macrocalyx</i>	414	196	115	35	58	46	58	46	11	6	262	125	46	9
	426	184	104	35	58	58	58	46	11	6	257	125	51	6
	403	184	115	35	58	46	58	46	11	6	251	114	46	6
	380	207	104	35	69	58	69	58	11	6	251	114	46	6
	414	196	104	35	58	58	69	58	11	6	262	120	46	9
<i>Billbergia pyramidalis</i> var. <i>concolor</i>	251	194	51	51	40	29	67	52	15	15	183	160	17	15
	262	182	46	46	46	34	73	58	17	15	186	160	17	15
	251	188	46	46	51	46	58	52	17	15	180	168	20	17
	251	200	51	46	57	34	52	44	15	12	189	145	17	15
	239	182	57	51	40	29	73	58	20	15	174	177	20	17
<i>Billbergia saundersii</i>	311	242	69	58	81	115	58	58	17	11	200	143	34	11
	311	230	69	58	92	104	58	58	17	11	200	143	34	11
	334	265	69	58	81	115	69	69	17	11	205	148	34	11
	311	230	69	58	92	104	58	58	17	11	205	143	34	11
	345	265	58	58	81	104	69	69	17	11	205	148	34	11
<i>Billbergia viridiflora</i>	242	219	380	115	58	92	92	69	17	11	257	200	40	11
	299	219	403	115	46	92	127	104	17	11	245	188	40	11
	242	207	403	115	46	92	92	69	17	11	245	188	40	11
	230	207	357	92	58	92	92	92	17	11	222	160	40	11
	276	230	368	115	58	92	104	92	17	11	228	177	40	11
<i>Bromelia balansae</i>	396	252	0	0	40	99	54	25	15	15	193	109	56	8
	411	248	0	0	35	99	45	30	10	15	183	104	58	10
	431	248	0	0	25	89	40	25	10	10	198	114	60	8
	401	248	0	0	25	89	45	30	10	15	188	114	60	8
	406	257	0	0	30	94	50	35	10	15	198	99	62	10

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Bromelia nidus-puellae</i>	396	416	0	0	50	139	149	149	20	15	248	248	20	15
	386	411	0	0	59	144	149	149	20	15	252	252	20	15
	401	421	0	0	50	139	149	149	20	15	252	248	20	15
	391	411	0	0	54	134	149	149	20	15	252	248	20	15
	396	416	0	0	50	139	149	149	20	15	248	248	20	15
<i>Bromelia penguin</i>	287	400	0	0	163	112	118	80	56	24	160	100	36	8
	175	356	0	0	194	125	114	99	56	25	150	100	34	6
	350	400	0	0	100	88	125	63	59	20	163	116	36	8
	257	356	0	0	112	105	120	79	55	23	150	108	34	7
	224	400	0	0	145	99	120	75	59	20	158	116	33	6
<i>Bromelia serra</i>	460	345	0	0	23	69	137	80	29	17	200	165	57	11
	483	368	0	0	23	69	143	86	29	17	194	160	57	11
	426	414	0	0	35	69	125	68	29	17	182	148	57	11
	414	403	0	0	35	69	143	86	29	17	182	148	57	11
	437	322	0	0	35	81	143	86	29	17	194	160	57	11
<i>Canistropsis bilbergioides</i>	150	104	0	0	81	69	58	35	17	9	86	51	23	9
	161	104	0	0	81	69	58	35	17	9	91	46	17	9
	173	115	0	0	69	58	46	35	17	11	91	51	23	11
	184	127	0	0	81	69	46	46	17	9	80	57	17	11
	184	104	0	0	69	58	46	46	17	11	91	57	17	11
<i>Canistrum aurantiacum</i>	207	173	345	81	58	58	69	58	17	11	165	125	34	6
	242	184	322	81	58	58	69	69	17	11	171	131	34	6
	230	184	322	69	58	58	69	69	17	11	177	120	29	11
	207	173	345	81	58	58	69	58	17	11	165	125	29	11
	242	184	322	69	58	58	69	58	17	11	171	131	29	11
<i>Cryptanthus bromelioides</i>	788	563	0	0	88	175	188	88	38	25	438	300	30	20
	813	588	0	0	88	175	175	75	38	25	450	300	30	20
	825	575	0	0	100	175	175	75	38	25	450	250	30	20
	788	563	0	0	88	175	175	75	38	25	438	275	30	20
	788	563	0	0	88	175	175	75	38	25	438	300	30	20
<i>Deinacanthon urbanianum</i>	1058	920	0	0	0	0	127	81	17	11	245	177	34	17
	1035	932	0	0	0	0	115	92	17	11	239	171	29	11
	1058	920	0	0	0	0	127	92	17	11	245	177	29	11
	1058	920	0	0	0	0	127	92	17	11	245	177	34	17
	1024	897	0	0	0	0	115	81	17	11	245	177	34	17
<i>Edmundoa ambigua</i>	345	127	0	0	69	69	58	69	11	6	268	154	29	11
	403	138	0	0	58	58	58	58	11	6	257	148	29	11
	414	127	0	0	58	58	46	58	11	6	262	154	29	11
	414	127	0	0	46	69	46	69	11	6	239	137	29	11
	380	138	0	0	46	58	46	58	11	6	262	154	29	11
<i>Edmundoa lindenii</i> var. <i>lindenii</i>	361	292	0	0	25	69	79	59	20	15	198	109	25	10
	381	277	0	0	30	74	74	69	20	15	198	99	40	15
	396	287	0	0	25	74	74	69	20	15	198	109	20	10
	376	277	0	0	20	74	74	69	20	15	203	99	30	10
	381	272	0	0	25	64	84	74	20	15	208	104	20	15

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Fascicularia bicolor</i> ssp. <i>bicolor</i>	380	253	0	0	92	92	127	46	17	11	251	165	23	11
	380	253	0	0	92	92	127	58	17	11	251	165	23	11
	437	265	0	0	69	92	127	46	17	11	262	177	23	11
	437	265	0	0	69	92	127	58	17	11	262	177	23	11
	403	242	0	0	92	92	127	58	17	11	257	160	23	11
<i>Fernseea itatiaiae</i>	276	207	0	0	46	46	35	35	17	11	171	143	17	6
	288	219	0	0	46	46	35	35	17	11	160	131	17	11
	288	207	0	0	35	35	35	46	17	11	171	143	23	11
	299	219	0	0	35	35	46	46	23	17	160	131	23	6
	276	207	0	0	35	35	35	35	17	11	165	137	23	11
<i>Greigia sphacelata</i>	782	529	0	0	69	115	196	265	35	23	426	368	12	6
	759	610	0	0	46	115	173	242	35	23	472	414	12	6
	817	575	0	0	58	115	184	230	35	23	437	391	12	6
	759	575	0	0	58	115	161	253	35	23	414	403	12	6
	840	541	0	0	58	115	207	230	35	23	460	449	12	6
<i>Hohenbergia correia-araujoi</i>	265	184	276	115	58	138	81	92	17	11	177	165	63	17
	219	173	299	92	46	115	58	69	17	11	171	143	57	11
	253	161	288	92	35	115	58	69	17	11	171	143	57	11
	207	173	322	104	58	138	81	92	17	11	182	160	63	17
	230	161	288	92	58	138	81	92	17	11	160	131	57	11
<i>Hohenbergia distans</i>	242	115	0	0	81	58	69	46	11	11	154	68	68	11
	219	127	0	0	81	58	69	46	11	11	148	68	63	11
	242	115	0	0	81	58	69	46	11	11	154	68	68	11
	219	127	0	0	81	58	69	46	11	11	148	68	63	11
	242	138	0	0	69	58	69	46	11	11	154	63	57	11
<i>Hohenbergia humilis</i>	265	173	0	0	23	46	69	69	23	17	131	86	68	11
	265	173	0	0	23	46	69	69	23	17	137	80	63	11
	253	161	0	0	23	46	58	58	23	17	125	80	74	11
	253	161	0	0	23	46	58	58	23	17	125	80	74	11
	242	161	0	0	23	46	58	58	23	17	137	86	63	11
<i>Hohenbergia rosea</i>	288	196	58	58	23	69	92	46	17	11	342	165	57	11
	288	196	46	46	35	81	115	69	17	11	331	154	57	11
	322	219	58	58	23	69	92	46	17	11	342	165	57	11
	322	230	69	69	23	69	92	46	17	11	348	171	57	11
	311	219	58	58	35	81	115	69	17	11	331	154	57	11
<i>Hohenbergia stellata</i>	403	219	230	69	81	58	69	58	11	11	200	114	23	6
	380	207	219	69	92	69	69	69	11	11	234	114	23	6
	403	219	219	69	92	69	58	58	11	11	228	120	23	6
	414	207	219	69	69	46	58	69	11	11	222	120	23	6
	380	219	230	58	81	46	58	58	11	11	285	120	23	6
<i>Hohenbergia utriculosa</i>	288	230	0	0	58	92	58	46	17	11	182	137	34	11
	253	230	0	0	46	115	58	46	17	11	171	137	34	11
	253	230	0	0	46	115	58	46	17	11	171	137	34	11
	299	230	0	0	46	115	58	46	17	11	177	137	34	11
	276	219	0	0	46	92	58	46	17	11	171	131	34	11

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Lymania alvimii</i>	443	238	460	40	35	54	79	40	10	10	163	94	40	5
	455	213	465	40	30	50	84	45	10	10	158	104	35	5
	450	213	450	35	25	50	89	45	15	5	158	119	35	5
	435	213	450	40	40	50	84	35	10	5	153	114	35	5
	425	225	450	35	25	54	79	40	10	10	168	124	40	5
<i>Lymania globosa</i>	230	161	173	69	92	46	46	58	17	11	114	68	17	6
	265	161	161	69	104	58	46	58	17	11	120	68	17	6
	253	184	173	69	92	46	46	58	17	11	114	80	17	6
	242	150	161	69	92	58	46	58	17	11	114	68	17	6
	253	184	173	69	92	46	46	58	17	11	114	68	17	6
<i>Lymania smithii</i>	219	161	0	0	35	46	46	58	11	6	143	91	17	11
	219	150	0	0	35	58	46	58	11	6	143	97	17	11
	196	138	0	0	35	58	46	46	11	6	137	97	17	11
	196	138	0	0	46	58	46	46	11	6	143	91	17	11
	207	138	0	0	35	58	46	58	11	6	137	97	17	11
<i>Neoglaziovia variegata</i>	345	345	0	0	46	207	81	81	29	17	205	114	80	17
	368	345	0	0	35	219	81	92	29	17	200	103	74	17
	380	357	0	0	46	207	92	92	29	17	211	114	80	17
	368	345	0	0	35	219	81	81	29	17	200	103	74	17
	380	357	0	0	46	207	92	92	29	17	211	114	80	17
<i>Neoregelia chlorosticta</i>	357	184	0	0	81	104	81	58	17	11	211	108	29	11
	357	173	0	0	69	92	69	46	17	11	217	108	29	11
	380	196	0	0	69	92	81	58	17	11	222	114	29	11
	368	184	0	0	69	92	81	58	17	11	217	108	29	11
	345	161	0	0	69	92	58	35	17	11	205	103	29	11
<i>Neoregelia coriacea</i>	345	138	0	0	35	46	58	46	11	6	194	80	34	11
	357	150	0	0	46	58	58	46	11	6	205	91	34	11
	334	138	0	0	35	46	69	35	11	6	194	80	29	11
	357	150	0	0	35	46	58	35	11	6	200	80	29	11
	368	150	0	0	35	46	69	35	11	6	205	91	29	11
<i>Neoregelia marmorata</i>	437	184	0	0	69	46	104	46	17	11	228	108	17	6
	426	196	0	0	92	46	115	58	17	11	228	97	11	6
	368	196	0	0	92	46	127	46	17	11	222	103	17	6
	414	184	0	0	69	46	104	46	17	11	228	108	17	6
	437	184	0	0	69	46	104	58	17	11	222	103	17	6
<i>Neoregelia pineliana</i>	426	173	0	0	58	46	69	46	17	11	222	103	23	11
	449	150	0	0	46	46	58	46	17	11	222	103	29	11
	483	161	0	0	46	46	69	46	17	11	205	86	23	14
	437	150	0	0	58	58	58	46	17	11	217	91	29	11
	460	161	0	0	58	58	69	46	17	11	211	91	23	11
<i>Neoregelia sp.</i>	267	763	0	0	99	149	84	74	30	15	223	149	28	16
	257	750	0	0	94	139	84	74	30	15	223	149	26	14
	267	750	0	0	89	149	79	74	30	15	233	153	24	14
	248	725	0	0	99	144	89	74	30	15	238	144	28	14
	272	738	0	0	89	149	84	74	30	15	233	153	24	16
<i>Nidularium billbergioides var. citrinum</i>	242	127	0	0	35	35	23	23	6	6	131	80	17	7
	219	115	0	0	35	35	23	23	6	6	137	68	23	6
	242	115	0	0	46	46	35	35	6	6	148	74	23	6
	219	127	0	0	46	46	35	35	6	6	143	63	17	6
	207	127	0	0	46	46	35	35	6	6	137	68	23	6

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Nidularium inocentii</i> var. <i>lineatum</i>	357	150	0	0	81	92	58	58	17	11	228	114	17	11
	357	150	0	0	81	92	69	58	17	11	234	114	17	11
	334	150	0	0	69	81	58	58	17	11	200	114	17	11
	345	138	0	0	58	81	69	69	17	11	217	103	17	11
	345	138	0	0	58	81	69	69	17	11	217	103	17	11
<i>Nidularium regelioides</i>	104	104	0	0	58	35	35	35	17	11	86	57	11	6
	150	104	0	0	46	35	35	35	11	9	103	68	17	6
	138	115	0	0	46	35	35	35	11	9	97	57	17	6
	127	115	0	0	46	35	46	35	17	11	91	63	17	6
	150	115	0	0	46	46	46	35	11	11	103	68	17	6
<i>Nidularium rutilans</i>	196	127	0	0	46	46	58	46	11	6	114	80	17	11
	184	115	0	0	35	46	46	46	11	6	97	63	23	6
	184	127	0	0	46	46	46	46	11	6	108	68	29	6
	196	127	0	0	46	46	58	46	11	6	114	80	17	11
	161	92	0	0	46	58	58	46	11	6	114	63	17	11
<i>Ochogavia carnea</i>	276	196	0	0	69	81	138	69	23	17	148	114	11	6
	265	230	0	0	115	81	150	58	23	17	143	97	11	6
	253	242	0	0	115	115	173	58	23	17	160	114	11	6
	311	196	0	0	92	92	150	58	23	17	154	108	17	6
	299	219	0	0	92	81	161	58	23	17	171	114	11	6
<i>Orthophytum albopictum</i>	357	230	0	0	81	115	81	69	23	17	182	120	40	17
	299	207	0	0	81	104	69	81	17	11	182	125	29	17
	288	207	0	0	81	104	58	69	17	11	182	125	29	17
	288	207	0	0	81	104	69	69	17	11	182	120	29	17
	299	253	0	0	69	104	69	58	17	11	171	125	29	17
<i>Orthophytum alvimii</i>	368	242	0	0	92	92	81	58	17	11	251	171	29	11
	357	253	0	0	92	92	81	58	17	11	251	171	23	11
	345	276	0	0	92	92	81	69	17	11	251	177	23	11
	345	219	0	0	92	92	69	58	17	11	257	171	34	11
	357	230	0	0	92	92	69	58	17	11	257	177	34	11
<i>Orthophytum foliosum</i>	299	242	0	0	35	58	35	46	17	11	239	137	29	23
	334	242	0	0	35	58	58	69	17	11	268	154	29	17
	322	230	0	0	46	69	58	58	17	11	262	154	34	23
	334	230	0	0	46	69	69	69	17	11	257	148	34	23
	334	219	0	0	35	58	81	69	17	11	262	154	29	17
<i>Portea kermesina</i>	276	173	265	92	35	69	58	58	17	11	228	160	57	17
	219	173	253	92	35	58	58	58	17	11	228	160	57	17
	230	207	276	115	46	69	69	69	17	11	217	148	46	17
	207	184	265	92	46	69	69	69	17	11	205	143	46	17
	219	207	276	115	35	69	58	58	17	11	228	154	46	17
<i>Portea leptantha</i>	207	173	115	69	35	46	46	69	11	11	40	11	40	11
	184	161	115	69	35	46	46	69	11	11	34	11	34	11
	184	173	138	92	35	46	58	69	11	11	29	11	29	11
	196	173	115	69	35	46	46	69	11	11	40	11	40	11
	184	173	127	81	35	46	46	69	11	11	29	11	29	11
<i>Pseudananas sagenarius</i>	460	437	0	0	104	253	115	58	17	11	125	103	46	17
	518	483	0	0	81	230	127	69	17	11	165	131	46	17
	472	449	0	0	81	230	127	69	17	11	143	114	46	17
	518	483	0	0	81	230	127	69	17	11	165	131	46	17
	483	460	0	0	92	242	104	46	17	11	148	120	46	17

Anhang A2: Messwerte quantitativer Merkmale

Anhang A2 (Fortsetzung): Einzelmeßwerte quantitativer Merkmale, bei denen mehrere Meßwerte je Pflanze gemessen werden konnten.

Art	SaL	SaB	AL	AB	FL	FB	ML	DIIN	ÄIB	IIB	NL	NB	PL	PB
<i>Quesnelia lateralis</i>	414	219	0	0	58	69	81	69	11	11	302	165	29	6
	391	230	0	0	69	81	69	69	11	9	308	171	34	11
	391	207	0	0	69	81	81	69	11	9	314	165	34	11
	391	230	0	0	69	81	69	69	11	11	302	165	29	6
	426	196	0	0	58	69	92	58	11	11	296	148	34	11
<i>Quesnelia liboniana</i>	311	219	0	0	92	104	69	46	17	11	217	160	29	17
	311	207	0	0	81	92	69	58	17	11	200	154	29	17
	311	219	0	0	92	104	69	46	17	11	205	160	29	17
	311	207	0	0	81	92	69	58	17	11	200	154	29	17
<i>Quesnelia seideliana</i>	299	219	0	0	81	92	69	46	17	11	194	165	29	17
	302	288	0	0	23	46	46	46	11	11	228	97	34	9
	302	288	0	0	23	46	40	40	11	11	217	91	34	6
	319	311	0	0	23	51	34	34	11	11	228	97	34	6
	308	311	0	0	23	51	29	40	11	11	217	91	34	6
<i>Rombergia explodens</i>	296	276	0	0	23	46	34	34	11	11	228	91	34	9
	157	139	0	0	175	113	150	113	10	5	450	275	36	6
	194	144	0	0	163	125	163	113	10	5	450	250	36	6
	192	129	0	0	150	113	100	100	10	5	475	263	44	6
	114	144	0	0	188	125	150	100	10	5	450	275	40	6
<i>Rombergia petersii</i>	134	134	0	0	188	125	150	113	10	5	525	250	40	6
	414	207	0	0	58	92	58	104	23	17	251	125	74	17
	414	207	0	0	58	92	58	104	17	11	262	114	74	17
	414	230	0	0	46	69	58	92	17	11	285	103	74	17
	414	230	0	0	46	69	58	92	23	17	257	108	74	17
<i>Ursulea tuitensis</i>	403	219	0	0	58	92	69	104	23	17	257	108	68	17
	158	208	50	30	99	104	45	25	30	15	213	124	30	10
	139	208	50	25	99	99	54	25	30	15	198	129	30	10
	149	198	54	30	99	109	40	30	25	15	208	139	40	10
	124	203	59	25	114	124	50	30	25	15	208	129	25	10
<i>Wittrockia smithii</i>	158	208	50	25	99	99	50	25	40	15	198	129	30	10
	414	173	0	0	138	81	97	57	17	11	296	160	51	11
	380	207	0	0	115	104	80	57	17	11	285	148	46	46
	357	207	0	0	127	81	97	57	17	11	285	171	51	11
	391	173	0	0	127	104	103	57	17	11	314	160	51	11
	391	196	0	0	92	92	80	57	17	11	285	154	46	46

Anhang A3: Detaildarstellung der beobachteten Merkmale für die Außengruppentaxa

A3.1: *Fosterella caulescens* RAUH

Trop. Subtrop. Pflanzenwelt. 31: 23. 1979.

Verbreitung: Bolivien, La Paz.

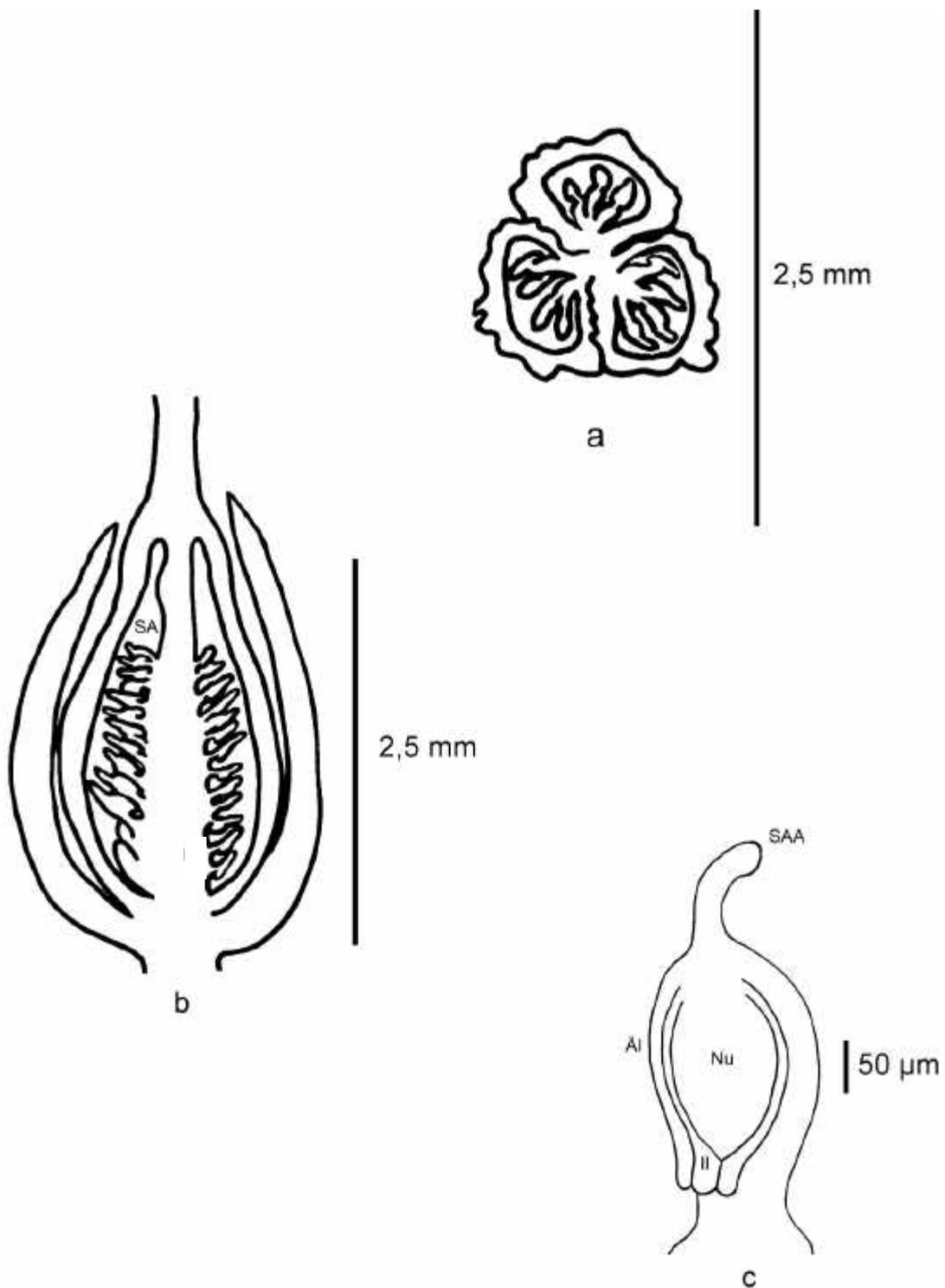
Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103532 (R: 40579a)

Sammelnummer: RDFOS1.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** 0,0 mm. **Fruchtknoten, Länge:** .5 mm
Fruchtknoten, Breite: 2,3 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** .2,17 **Fruchtknoten, apikale Verlängerung:** 0. **Fruchtknoten, Trichome:** schirmförmig. **Fruchtknoten, Form im Längsschnitt:** kegelig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig.
Fruchtknoten, Wände: leicht gewellt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:** Septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** tiefen Rinnen. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend. **Septalnektarien, Höhe:** -. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** >30.
Samenanlagen, Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel und Funikulus:** (110-) 111 (-113) μm . **Samenanlagen, Breite:** (180-) 182 (-183) μm . **Samenanlagen, Länge/Breite:** (0,6 -) 0,6 (-0,63). **Samenanlagen, Anhängselform:** gerade. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** 57 μm . **Samenanlagen, Anhängselbreite:** 25 μm . **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:** 2,28. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** entlang des ganzen Fruchtfaches. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** (26-) 27 (-30) μm . **Funikulus, Breite:** (63-) 65 (-68) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,4-) 0,5 (-0,6). **Mikropyle, Länge:** (17-) 18 (-23) μm . **Mikropyle, Breite:** (14-) 15 (-17) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** (1,2-) 1,2 (-1,4).
Äußeres Integument, Dicke: 11 μm . **Äußeres Integument, Zellschichten:** 2. **Inneres Integument, Dicke:** 13 μm . **Inneres Integument, Zellschichten:** 2. **Nucellus, Länge:** (56-) 64 (-74) μm . **Nucellus, Breite:** (65-) 72 (-77) μm . **Nucellus, Länge/Breite:** 1,5. **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:** 2. **Plazentazellen, Länge:** 57 μm . **Plazentazellen, Breite:** 11 μm . **Plazentazellen, Länge/Breite:** 5.

Anhang A3: Detaildarstellung der beobachteten Merkmale für die Außengruppentaxa



Fosterella caulescens. a) Querschnitt (Präparat RDFOS1/A). b) Längsschnitt (Präparat RDFOS1/B). SA = Samenanlagen. c) Samenanlage (Präparat RDFOS/B). SAA = Samenanlagenanhängsel, AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

Anhang A3: Detaildarstellung der beobachteten Merkmale für die Außengruppentaxa

Anhang A3: Detaildarstellung der beobachteten Merkmale für die Außengruppentaxa

A3.2: *Puya densiflora* HARMS

Notizbl. Bot. Gart. Berlin-Dahlem 10: 791. 1929.

Verbreitung: Peru, Dept. Cuzco, Urubamba Tal, zwischen Urubamba und Pisac Cuzco.

Lebenssammlung: HG .

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: 103568 (R:26145).

Sammelnummer: RDPUY1.

Petalpapillen: fehlend. **Epigyne Röhre:** - **Fruchtknoten, Länge:** 18,0 mm.

Fruchtknoten, Breite: 11,0 mm. **Fruchtknoten, Länge/Breite:** 1,63. **Fruchtknoten,**

apikale Verlängerung: fehlend. **Fruchtknoten, Trichome:** fehlend. **Fruchtknoten,**

Form im Längsschnitt: kegelförmig. **Fruchtknoten, Form im Querschnitt:** dreieckig.

Fruchtknoten, Wände: glatt. **Fruchtknoten, Flügel:** fehlend. **Fruchtknoten, Rinnen:**

septalrinnen. **Fruchtknoten, Rinnentiefe:** tief. **Fruchtknoten, Warzen:** fehlend.

Septalnektarien, Höhe: -. **Samenanlagen pro Fruchtfach:** >40. **Samenanlagen,**

Verteilungsdichte im Fruchtfach: gedrängt. **Samenanlagen, Länge ohne Anhängsel**

und Funikulus: (143-) 144 (-145) μm . **Samenanlagen, Breite:** (53-) 54 (-56) μm .

Samenanlagen, Länge/Breite: (1,5-) 1,6 (-1,6). **Samenanlagen, Anhängselform:**

Anhängsel fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge:** Anhängsel fehlend. **Samenanlagen,**

Anhängselbreite: Anhängsel fehlend. **Samenanlagen, Anhängsellänge/-breite:**

Anhängsel fehlend. **Samenanlagen, Lage im Fruchtfach:** entlang des ganzen

Fruchtfaches. **Samenanlagen, Orientierung:** heterotrop. **Funikulus, Länge:** (12-) 13 (-

14) μm . **Funikulus, Breite:** (16-) 17 (-18) μm . **Funikulus, Länge/Breite:** (0,8-) 0,8 (-0,9).

Mikropyle, Länge: (12-) 13 (-14) μm . **Mikropyle, Breite:** (0,6-) 0,7

(-0,8) μm . **Mikropyle, Länge/Breite:** 1,0. **Äußeres Integument, Dicke:** 6 μm . **Äußeres**

Integument, Zellschichten: 2. **Inneres Integument, Dicke:** 5 μm . **Inneres Integument,**

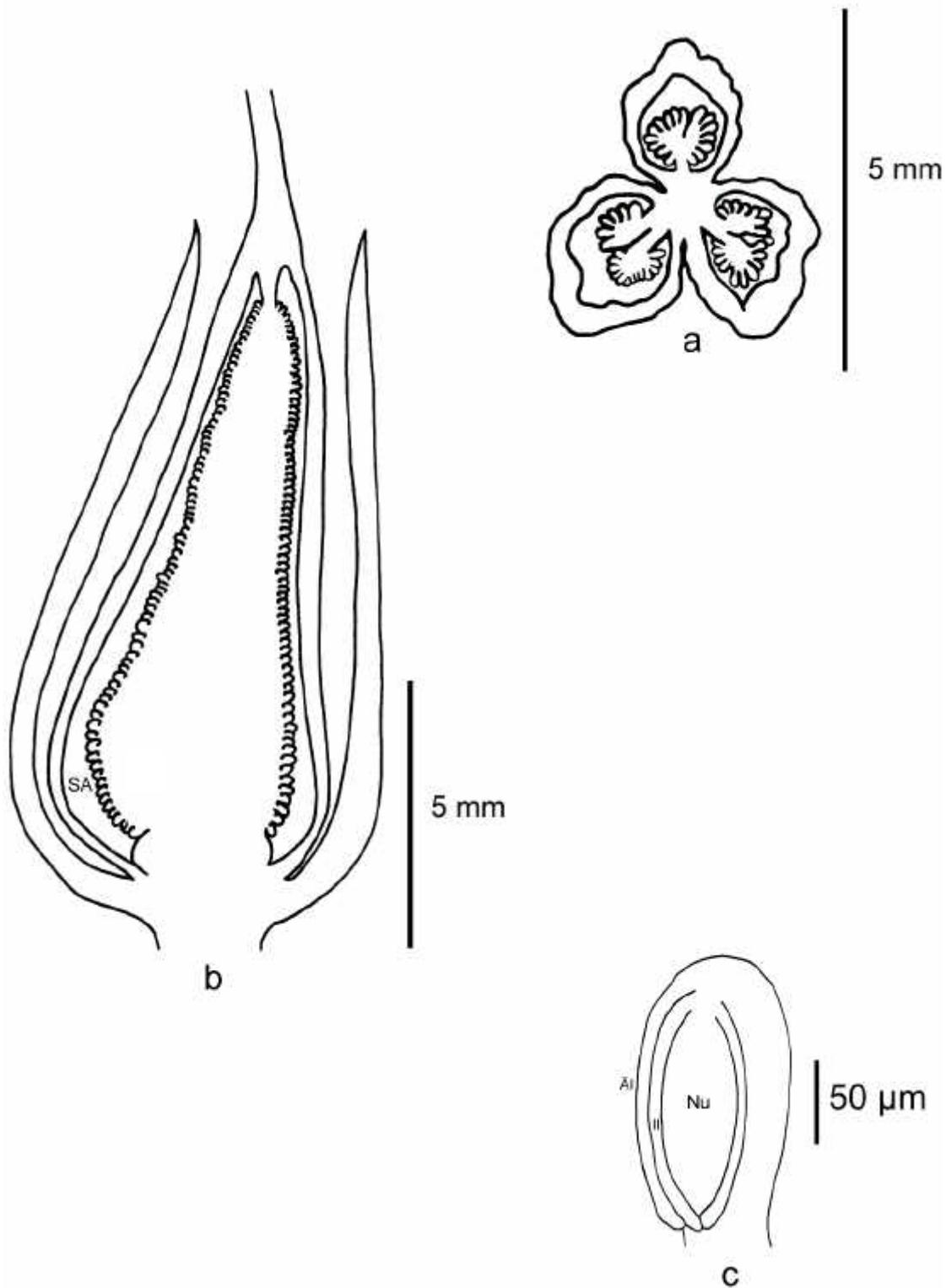
Zellschichten: 2. **Nucellus, Länge:** (22-) 24 (-28) μm . **Nucellus, Breite:** (11-) 14 (-18)

μm . **Nucellus, Länge/Breite:** (1,7-) 1,7 (-2). **Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte:**

4. **Plazentazellen, Länge:** (7-) 8 (-9) μm . **Plazentazellen, Breite:** 1,5 μm . **Plazentazellen,**

Länge/Breite: (4,6-) 5,3 (-2,3).

Anhang A3: Detaildarstellung der beobachteten Merkmale für die Außengruppentaxa



Puya densiflora. a) Querschnitt (Präparat RDPUY1/A). b) Längsschnitt (Präparat RDPUY1/B). SA: Samenanlangen. c) Samenanlage (Präparat RDPUY/B) AI = Äußeres Integument, II = Inneres Integument, Nu = Nucellus.

Anhang A4: Beschreibungen neuer Arten

Aechmea sp. (nov. sp.?)

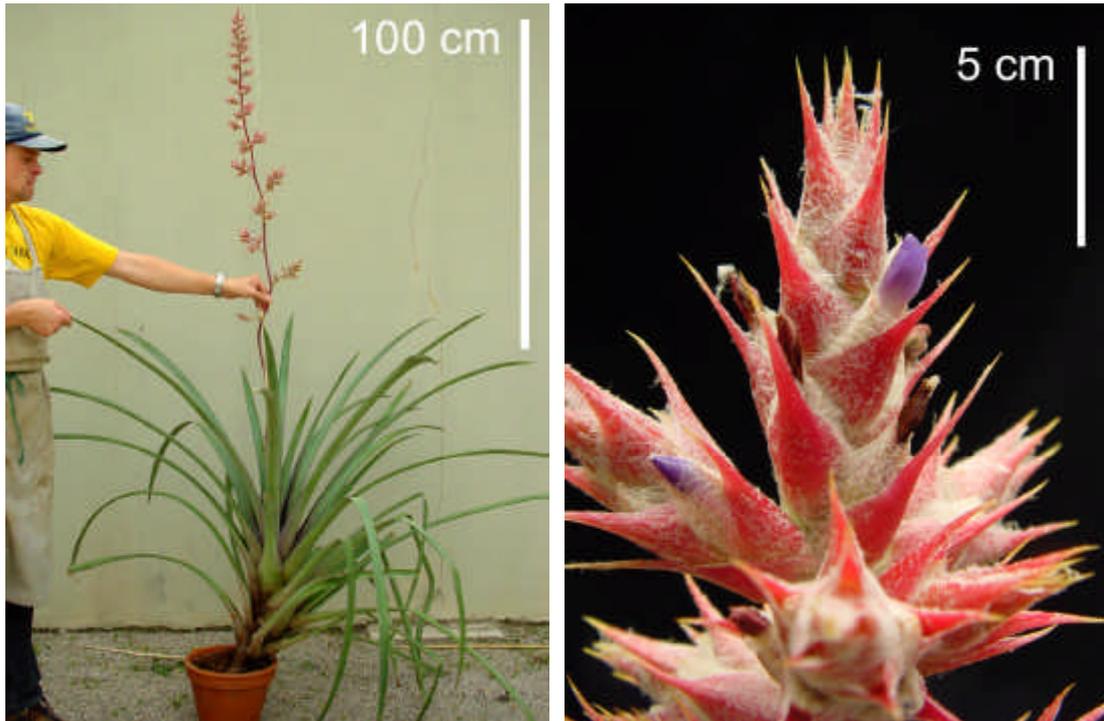
Lebenssammlung: HG.

Inventarnummer der kultivierten Pflanze: HG 130236 (leg. Rauh; Nr. R: 66907)

Sammelnummer: RD96.

Pflanze: 152,0 cm hoch. **Blätter:** 92,5-130,0 cm lang, 4,0-4,5 cm breit, lanzettlich, lederartig, mit kleinen braunen Stacheln am Blattrand und einem ebenfalls braunem Stachel an der Spitze, Oberseite spärlich mit schirmförmigen Schuppen bedeckt, Unterseite dicht mit Schuppen bedeckt. **Blattscheide:** 9,0-12,7 cm breit, weiß, ohne Schuppen. **Infloreszensschaft:** 120,0 cm lang, gerade, mit rundlichem Querschnitt, rötlich, wollig weiss beschuppt. **Blütenbrakteen:** 3,0-6,0 cm lang, rosa mit grünlicher Basis grünlich und mit einem kleinen Stachel an der Spitze. **Blüten:** zwittrig, sitzend ohne erkennbaren Pedicell. **Sepalen:** 2,0-3,3 cm lang, grünlich. **Petalen:** 2,8-4,0 cm lang, lila, mit gezähntem Anhängsel, Petalpapillen fehlend. **Stamina:** an den Petalen zusammengewachsen, weisslich, Staubbeutel gelb, nicht über die Korolla hinausragend. **Griffel:** dreilappig, gerade, nicht über die Korolla hinausragend. **Fruchtknoten:** 6,4-7,0 mm lang, 6,2-7,0 mm breit, mit eiförmigem Umriss im Längsschnitt, dreieckig im Querschnitt. Aussenwand glatt, hellrosa, mit sternförmigen farblosen Trichomen. Trichomfortsätze mit einem Längen-Breiten Verhältnis > 10:1. **Septalnektarien:** 2,0 mm hoch. **Epigyne Röhre:** 2,5-3,0 mm lang. **Samenanlagen:** 356-402 µm lang, 264-287 µm breit, ohne Anhängsel, apotrop, apikal zu 4-9 im Fruchtfach, sich gegenseitig nicht berührend. **Funikulus:** 57-69 µm lang, 60-80 µm breit. **Mikropyle:** 46-57 µm lang, 57 µm breit. **Äußeres Integument:** 11 µm dick, aus zwei Zellschichten bestehend. **Inneres Integument:** 6 µm dick, aus zwei Zellschichten bestehend. **Nucellus:** 160-171 µm läng, 103-108 µm breit. **Plazentahälften:** ohne Furchen. **Plazentazellen:** 46-57 µm, 6 µm breit.

Anhang A4: Beschreibungen neuer Arten



Aechmea sp. (HG 130236): Habitus (links) und Details der Infloreszens (rechts).



Aechmea sp. (HG 130236): Teil der Infloreszens.

Anhang A4: Beschreibungen neuer Arten

Neoregelia sp. (nov. sp.?)
HG 130162 (R: 69468).
RD67

Pflanzen: 39-50 cm hoch. **Blätter:** 32,3-47 cm lang, 2,0-2,9 cm breit, lanzettlich, lederartig, mit kleinen braunen Stacheln am Blattrand und einem ebenfalls braunem Stachel an der Spitze, Oberseite und Unterseite spärlich mit schirmförmigen Schuppen besetzt. Blattscheide weiß, ohne Schuppen, 4,1-7,0 cm breit.

Infloreszenzschafft: 3,0 cm lang, mittig in die Blattrosette eingesenkt.

Blütenbrakteen: 4,0-6,0 cm lang, grünlich. **Blüten:** zwittrig. **Pedicell:** 5 mm lang.

Sepalen: 2,1-3,0 cm lang, grünlich. **Petalen:** 3,8-5,5 cm lang, violett, ohne Anhängsel, Petalpapillen fehlend. **Stamina:** an den Petalen zusammengewachsen, weisslich, Staubbeutel gelb, nicht über die Korolla hinausragend. **Griffe:** dreilappig, ausgebreitet, nicht über die Korolla hinausragend. **Fruchtknoten:** 6,4-7,0 mm lang, 6,2-7,0 mm breit, eiförmig im Längsschnitt, dreieckig in Querschnitt, hellrosa mit sternförmigen weissen Trichomen auf der glatten Fruchtknotenaußenwand.

Trichomfortsätze mit einem Längen:Breiten-Quotient $> 10:1$. **Septalnektarien:** 2,0 mm hoch. **Epigyne Röhre:** 2,5-3,0 mm lang. **Samenanlagen** apikal, apotrop, zu 4-9 im Fruchtfach locker angeordnet, 356-402 μm lang, 264-287 μm breit, ohne Anhängsel. **Funikulus:** 57-69 μm lang, 60-80 μm breit. **Mikropyle:** 46-57 μm lang, 57 μm breit. **Äußeres Integument:** aus zwei Zellschichten bestehend, 11 μm dick.

Inneres Integument: aus zwei Zellschichten bestehend, 6 μm dick. **Nucellus:** 160-171 μm läng, 103-108 μm breit. **Plazentahälften** ohne Furchen. **Plazentazellen** 46-57 μm , 6 μm breit.



Neoregelia sp. (HG 130162): Blick auf den mit Wasser gefüllten inneren Teil der Rosette mit Infloreszens.

Anhang A4: Beschreibungen neuer Arten



Neoregelia sp. (HG 130162): Habitus der Pflanze.



Neoregelia sp. (HG 130162): Einzelblüte (links) und Kindelbildung (rechts).

Anhang A5: Tabelle der paarweisen Korrelationskoeffizienten unter Berücksichtigung aller Arten und Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

(SaL = Samenanlagenlänge, SaB = Samenanlagenlänge, FL = Funikulusslänge, FB =Funikulusbreite, ML =Mikopylenlänge, DIIN = Dicke des inneren Integumentes in Höhe des Nucellus, ÄIB = Dicke des äußeren Integuments, IIB = Dicke des inneren Integumentes im mittleren Bereich der Samenanlage, NL= Nucelluslänge, NB = Nucellusbreite, PL = Plazentazellenlänge, PB = Plazentazelenbreite. Alle Meßwerte sind in Mikrometern angegeben.)

Merkmal	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
SaL	307,23	119,19									
SaB	221,39	100,71	0,53	0,29	14,18	0,00	505,00	82,70	0,45	167,23	0,63
SaL	307,23	119,19									
TL/SaB	1,50	0,59	0,39	0,15	9,50	0,00	505,00	0,90	0,00	189,56	78,49
SaL	307,23	119,19									
FL	60,87	30,69	-0,01	0,00	-0,27	0,79	505,00	61,82	0,00	310,07	-0,05
SaL	307,23	119,19									
FB	76,41	36,76	0,28	0,08	6,54	0,00	505,00	49,88	0,09	237,88	0,91
SaL	307,23	119,19									
FL/FB	0,90	0,49	-0,16	0,02	-3,57	0,00	505,00	1,10	0,00	341,79	-38,34
SaL	307,23	119,19									
ML	71,15	32,02	0,39	0,16	9,61	0,00	505,00	38,65	0,11	202,94	1,47
SaL	307,23	119,19									
DIIN	57,11	28,38	0,36	0,13	8,74	0,00	505,00	30,55	0,09	220,16	1,52
SaL	307,23	119,19									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,41	0,17	9,99	0,00	505,00	-89,52	0,33	301,55	0,50
SaL	307,23	119,19									
ÄIB	16,62	7,10	0,25	0,06	5,73	0,00	505,00	12,08	0,01	238,11	4,16
SaL	307,23	119,19									
IIB	10,93	4,34	0,30	0,09	6,98	0,00	505,00	7,60	0,01	218,11	8,15
SaL	307,23	119,19									
NL	207,44	70,63	0,54	0,29	14,37	0,00	505,00	109,21	0,32	118,35	0,91
SaL	307,23	119,19									
NB	129,18	54,53	0,50	0,25	13,03	0,00	505,00	58,55	0,23	165,38	1,10
SaL	307,23	119,19									
NL/NB	1,67	0,44	-0,04	0,00	-0,83	0,41	505,00	1,71	0,00	323,86	-9,95
SaL	307,23	119,19									
PL	35,17	16,81	0,11	0,01	2,47	0,01	505,00	30,42	0,02	279,92	0,78

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkmal	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
SaL	307,23	119,19									
PB	11,20	6,39	0,11	0,01	2,39	0,02	505,00	9,45	0,01	285,11	1,98
SaL	307,23	119,19									
PL/PB	3,69	2,24	0,02	0,00	0,53	0,60	505,00	3,55	0,00	302,57	1,26
SaB	221,39	100,71									
SaL	307,23	119,19	0,53	0,29	14,18	0,00	505,00	167,23	0,63	82,70	0,45
SaB	221,39	100,71									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,41	0,17	-10,21	0,00	505,00	2,04	0,00	326,98	-70,43
SaB	221,39	100,71									
FL	60,87	30,69	0,06	0,00	1,34	0,18	505,00	56,83	0,02	209,44	0,20
SaB	221,39	100,71									
FB	76,41	36,76	0,56	0,31	15,16	0,00	505,00	31,15	0,20	104,17	1,53
SaB	221,39	100,71									
FL/FB	0,90	0,49	-0,35	0,12	-8,42	0,00	505,00	1,28	0,00	286,65	-72,40
SaB	221,39	100,71									
ML	71,15	32,02	0,45	0,20	11,30	0,00	505,00	39,47	0,14	120,67	1,42
SaB	221,39	100,71									
DIIN	57,11	28,38	0,46	0,21	11,47	0,00	505,00	28,70	0,13	129,14	1,62
SaB	221,39	100,71									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,34	0,12	8,14	0,00	505,00	-60,80	0,33	217,37	0,36
SaB	221,39	100,71									
ÄIB	16,62	7,10	0,53	0,28	14,10	0,00	505,00	8,31	0,04	95,92	7,55
SaB	221,39	100,71									
IIB	10,93	4,34	0,48	0,23	12,15	0,00	505,00	6,38	0,02	100,67	11,04
SaB	221,39	100,71									
NL	207,44	70,63	0,44	0,20	11,09	0,00	505,00	138,62	0,31	90,28	0,63
SaB	221,39	100,71									
NB	129,18	54,53	0,57	0,32	15,48	0,00	505,00	61,06	0,31	85,85	1,05
SaB	221,39	100,71									
NL/NB	1,67	0,44	-0,23	0,05	-5,18	0,00	505,00	1,89	0,00	307,27	-51,38
SaB	221,39	100,71									
PL	35,17	16,81	0,00	0,00	0,06	0,95	505,00	35,06	0,00	220,79	0,02
SaB	221,39	100,71									
PB	11,20	6,39	0,17	0,03	3,82	0,00	505,00	8,84	0,01	191,75	2,65

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkmalspaar	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
SaB	221,39	100,71									
PL/PB	3,69	2,24	-0,17	0,03	-3,84	0,00	505,00	4,52	0,00	249,43	-7,59
TL/SaB	1,50	0,59									
SaL	307,23	119,19	0,39	0,15	9,50	0,00	505,00	189,56	78,49	0,90	0,00
TL/SaB	1,50	0,59									
SaB	221,39	100,71	-0,41	0,17	-10,21	0,00	505,00	326,98	-70,43	2,04	0,00
TL/SaB	1,50	0,59									
FL	60,87	30,69	-0,03	0,00	-0,75	0,45	505,00	63,48	-1,74	1,54	0,00
TL/SaB	1,50	0,59									
FB	76,41	36,76	-0,31	0,10	-7,40	0,00	505,00	105,56	-19,44	1,88	-0,01
TL/SaB	1,50	0,59									
FL/FB	0,90	0,49	0,36	0,13	8,66	0,00	505,00	0,46	0,30	1,11	0,44
TL/SaB	1,50	0,59									
ML	71,15	32,02	-0,14	0,02	-3,19	0,00	505,00	82,55	-7,60	1,68	0,00
TL/SaB	1,50	0,59									
DIIN	57,11	28,38	-0,17	0,03	-3,82	0,00	505,00	69,17	-8,05	1,70	0,00
TL/SaB	1,50	0,59									
ML/DIIN	11,26	96,10	-0,02	0,00	-0,40	0,69	505,00	15,59	-2,89	1,50	0,00
TL/SaB	1,50	0,59									
ÄIB	16,62	7,10	-0,30	0,09	-7,02	0,00	505,00	21,98	-3,58	1,91	-0,02
TL/SaB	1,50	0,59									
IIB	10,93	4,34	-0,29	0,08	-6,76	0,00	505,00	14,10	-2,12	1,93	-0,04
TL/SaB	1,50	0,59									
NL	207,44	70,63	-0,04	0,00	-0,79	0,43	505,00	213,77	-4,22	1,56	0,00
TL/SaB	1,50	0,59									
NB	129,18	54,53	-0,21	0,04	-4,83	0,00	505,00	158,25	-19,40	1,79	0,00
TL/SaB	1,50	0,59									
NL/NB	1,67	0,44	0,22	0,05	5,05	0,00	505,00	1,43	0,16	1,01	0,29
TL/SaB	1,50	0,59									
PL	35,17	16,81	0,06	0,00	1,37	0,17	505,00	32,57	1,73	1,42	0,00
TL/SaB	1,50	0,59									
PB	11,20	6,39	-0,08	0,01	-1,86	0,06	505,00	12,54	-0,89	1,59	-0,01
TL/SaB	1,50	0,59									
PL/PB	3,69	2,24	0,18	0,03	4,07	0,00	505,00	2,68	0,67	1,32	0,05

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkm.	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
FL	60,87	30,69									
SaL	307,23	119,19	-0,01	0,00	-0,27	0,79	505,00	310,07	-0,05	61,82	0,00
FL	60,87	30,69									
SaB	221,39	100,71	0,06	0,00	1,34	0,18	505,00	209,44	0,20	56,83	0,02
FL	60,87	30,69									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,03	0,00	-0,75	0,45	505,00	1,54	0,00	63,48	-1,74
FL	60,87	30,69									
FB	76,41	36,76	0,32	0,10	7,49	0,00	505,00	53,32	0,38	40,67	0,26
FL	60,87	30,69									
FL/FB	0,90	0,49	0,56	0,31	14,97	0,00	505,00	0,36	0,01	29,46	34,85
FL	60,87	30,69									
ML	71,15	32,02	0,34	0,12	8,12	0,00	505,00	49,52	0,36	37,65	0,33
FL	60,87	30,69									
DIIN	57,11	28,38	0,20	0,04	4,60	0,00	505,00	45,79	0,19	48,45	0,22
FL	60,87	30,69									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,09	0,01	2,08	0,04	505,00	-6,36	0,29	60,54	0,03
FL	60,87	30,69									
ÄIB	16,62	7,10	0,26	0,07	6,08	0,00	505,00	12,93	0,06	42,07	1,13
FL	60,87	30,69									
IIB	10,93	4,34	0,13	0,02	2,98	0,00	505,00	9,80	0,02	50,70	0,93
FL	60,87	30,69									
NL	207,44	70,63	0,16	0,03	3,72	0,00	505,00	184,52	0,38	46,12	0,07
FL	60,87	30,69									
NB	129,18	54,53	0,14	0,02	3,22	0,00	505,00	113,80	0,25	50,54	0,08
FL	60,87	30,69									
NL/NB	1,67	0,44	-0,18	0,03	-4,05	0,00	505,00	1,83	0,00	81,52	-12,35
FL	60,87	30,69									
PL	35,17	16,81	-0,08	0,01	-1,82	0,07	505,00	37,86	-0,04	66,06	-0,15
FL	60,87	30,69									
PB	11,20	6,39	-0,07	0,00	-1,55	0,12	505,00	12,07	-0,01	64,57	-0,33
FL	60,87	30,69									
PL/PB	3,69	2,24	0,04	0,00	0,97	0,33	505,00	3,50	0,00	58,68	0,59
FL	60,87	30,69									
FB	76,41	36,76									
SaL	307,23	119,19	0,28	0,08	6,54	0,00	505,00	237,88	0,91	49,88	0,09

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkmalspaar	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
FB	76,41	36,76									
SaB	221,39	100,71	0,56	0,31	15,16	0,00	505,00	104,17	1,53	31,15	0,20
FB	76,41	36,76									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,31	0,10	-7,40	0,00	505,00	1,88	-0,01	105,56	-19,44
FB	76,41	36,76									
FL	60,87	30,69	0,32	0,10	7,49	0,00	505,00	40,67	0,26	53,32	0,38
FB	76,41	36,76									
FL/FB	0,90	0,49	-0,44	0,19	-11,03	0,00	505,00	1,35	-0,01	106,32	-33,18
FB	76,41	36,76									
ML	71,15	32,02	0,50	0,25	13,10	0,00	505,00	37,58	0,44	35,20	0,58
FB	76,41	36,76									
DIIN	57,11	28,38	0,45	0,20	11,35	0,00	505,00	30,48	0,35	43,02	0,58
FB	76,41	36,76									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,27	0,07	6,17	0,00	505,00	-41,71	0,69	75,27	0,10
FB	76,41	36,76									
ÄIB	16,62	7,10	0,49	0,24	12,45	0,00	505,00	9,46	0,09	34,64	2,51
FB	76,41	36,76									
IIB	10,93	4,34	0,50	0,25	12,79	0,00	505,00	6,46	0,06	30,59	4,19
FB	76,41	36,76									
NL	207,44	70,63	0,30	0,09	7,14	0,00	505,00	162,89	0,58	43,65	0,16
FB	76,41	36,76									
NB	129,18	54,53	0,39	0,15	9,44	0,00	505,00	85,20	0,58	42,63	0,26
FB	76,41	36,76									
NL/NB	1,67	0,44	-0,24	0,06	-5,65	0,00	505,00	1,90	0,00	110,44	-20,36
FB	76,41	36,76									
PL	35,17	16,81	0,12	0,01	2,72	0,01	505,00	30,96	0,06	67,14	0,26
FB	76,41	36,76									
PB	11,20	6,39	0,21	0,04	4,71	0,00	505,00	8,47	0,04	63,18	1,18
FB	76,41	36,76									
PL/PB	3,69	2,24	-0,16	0,03	-3,64	0,00	505,00	4,44	-0,01	86,11	-2,63
FL/FB	0,90	0,49									
SaL	307,23	119,19	-0,16	0,02	-3,57	0,00	505,00	341,79	-38,34	1,10	0,00
FL/FB	0,90	0,49									
SaB	221,39	100,71	-0,35	0,12	-8,42	0,00	505,00	286,65	-72,40	1,28	0,00

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkmalspaar	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
FL/FB	0,90	0,49									
TL/SaB	1,50	0,59	0,36	0,13	8,66	0,00	505,00	1,11	0,44	0,46	0,30
FL/FB	0,90	0,49									
FL	60,87	30,69	0,56	0,31	14,97	0,00	505,00	29,46	34,85	0,36	0,01
FL/FB	0,90	0,49									
FB	76,41	36,76	-0,44	0,19	-11,03	0,00	505,00	106,32	-33,18	1,35	-0,01
FL/FB	0,90	0,49									
FL/FB	0,90	0,49	1,00	1,00			505,00	0,00	1,00	0,00	1,00
FL/FB	0,90	0,49									
ML	71,15	32,02	-0,12	0,01	-2,63	0,01	505,00	78,02	-7,62	1,03	0,00
FL/FB	0,90	0,49									
DIIN	57,11	28,38	-0,20	0,04	-4,52	0,00	505,00	67,45	-11,47	1,10	0,00
FL/FB	0,90	0,49									
ML/DIIN	11,26	96,10	-0,08	0,01	-1,79	0,07	505,00	25,36	-15,65	0,91	0,00
FL/FB	0,90	0,49									
ÄIB	16,62	7,10	-0,20	0,04	-4,53	0,00	505,00	19,21	-2,87	1,13	-0,01
FL/FB	0,90	0,49									
IIB	10,93	4,34	-0,31	0,09	-7,25	0,00	505,00	13,39	-2,73	1,28	-0,03
FL/FB	0,90	0,49									
NL	207,44	70,63	-0,19	0,03	-4,25	0,00	505,00	231,69	-26,90	1,17	0,00
FL/FB	0,90	0,49									
NB	129,18	54,53	-0,22	0,05	-5,16	0,00	505,00	151,72	-25,01	1,16	0,00
FL/FB	0,90	0,49									
NL/NB	1,67	0,44	0,01	0,00	0,28	0,78	505,00	1,66	0,01	0,88	0,01
FL/FB	0,90	0,49									
PL	35,17	16,81	-0,15	0,02	-3,33	0,00	505,00	39,73	-5,06	1,05	0,00
FL/FB	0,90	0,49									
PB	11,20	6,39	-0,21	0,04	-4,76	0,00	505,00	13,65	-2,72	1,08	-0,02
FL/FB	0,90	0,49									
PL/PB	3,69	2,24	0,14	0,02	3,29	0,00	505,00	3,09	0,66	0,78	0,03
ML	71,15	32,02									
SaL	307,23	119,19	0,39	0,16	9,61	0,00	505,00	202,94	1,47	38,65	0,11
ML	71,15	32,02									
SaB	221,39	100,71	0,45	0,20	11,30	0,00	505,00	120,67	1,42	39,47	0,14

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkmalspaar	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
ML	71,15	32,02									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,14	0,02	-3,19	0,00	505,00	1,68	0,00	82,55	-7,60
ML	71,15	32,02									
FL	60,87	30,69	0,34	0,12	8,12	0,00	505,00	37,65	0,33	49,52	0,36
ML	71,15	32,02									
FB	76,41	36,76	0,50	0,25	13,10	0,00	505,00	35,20	0,58	37,58	0,44
ML	71,15	32,02									
FL/FB	0,90	0,49	-0,12	0,01	-2,63	0,01	505,00	1,03	0,00	78,02	-7,62
ML	71,15	32,02									
DIIN	57,11	28,38	0,66	0,44	19,85	0,00	505,00	15,31	0,59	28,45	0,75
ML	71,15	32,02									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,33	0,11	7,82	0,00	505,00	-59,01	0,99	69,92	0,11
ML	71,15	32,02									
ÄIB	16,62	7,10	0,46	0,21	11,66	0,00	505,00	9,34	0,10	36,57	2,08
ML	71,15	32,02									
IIB	10,93	4,34	0,47	0,22	11,84	0,00	505,00	6,43	0,06	33,53	3,44
ML	71,15	32,02									
NL	207,44	70,63	0,47	0,23	12,10	0,00	505,00	132,91	1,05	26,49	0,22
ML	71,15	32,02									
NB	129,18	54,53	0,53	0,28	14,03	0,00	505,00	64,92	0,90	30,93	0,31
ML	71,15	32,02									
NL/NB	1,67	0,44	-0,19	0,04	-4,40	0,00	505,00	1,86	0,00	94,48	-13,96
ML	71,15	32,02									
PL	35,17	16,81	-0,05	0,00	-1,12	0,26	505,00	37,04	-0,03	74,50	-0,10
ML	71,15	32,02									
PB	11,20	6,39	-0,02	0,00	-0,43	0,66	505,00	11,47	0,00	72,24	-0,10
ML	71,15	32,02									
PL/PB	3,69	2,24	-0,06	0,00	-1,25	0,21	505,00	3,97	0,00	74,08	-0,79
DIIN	57,11	28,38									
SaL	307,23	119,19	0,36	0,13	8,74	0,00	505,00	220,16	1,52	30,55	0,09
DIIN	57,11	28,38									
SaB	221,39	100,71	0,46	0,21	11,47	0,00	505,00	129,14	1,62	28,70	0,13
DIIN	57,11	28,38									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,17	0,03	-3,82	0,00	505,00	1,70	0,00	69,17	-8,05

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkm.	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
DIIN	57,11	28,38									
FL	60,87	30,69	0,20	0,04	4,60	0,00	505,00	48,45	0,22	45,79	0,19
DIIN	57,11	28,38									
FB	76,41	36,76	0,45	0,20	11,35	0,00	505,00	43,02	0,58	30,48	0,35
DIIN	57,11	28,38									
FL/FB	0,90	0,49	-0,20	0,04	-4,52	0,00	505,00	1,10	0,00	67,45	-11,47
DIIN	57,11	28,38									
ML	71,15	32,02	0,66	0,44	19,85	0,00	505,00	28,45	0,75	15,31	0,59
DIIN	57,11	28,38									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,06	0,00	1,46	0,15	505,00	-1,29	0,22	56,89	0,02
DIIN	57,11	28,38									
ÄIB	16,62	7,10	0,45	0,20	11,33	0,00	505,00	10,18	0,11	27,15	1,80
DIIN	57,11	28,38									
IIB	10,93	4,34	0,50	0,25	13,09	0,00	505,00	6,53	0,08	21,11	3,29
DIIN	57,11	28,38									
NL	207,44	70,63	0,46	0,21	11,46	0,00	505,00	142,76	1,13	19,17	0,18
DIIN	57,11	28,38									
NB	129,18	54,53	0,62	0,38	17,58	0,00	505,00	61,49	1,19	15,64	0,32
DIIN	57,11	28,38									
NL/NB	1,67	0,44	-0,21	0,04	-4,76	0,00	505,00	1,86	0,00	79,43	-13,36
DIIN	57,11	28,38									
PL	35,17	16,81	-0,04	0,00	-0,82	0,41	505,00	36,41	-0,02	59,29	-0,06
DIIN	57,11	28,38									
PB	11,20	6,39	0,07	0,00	1,58	0,11	505,00	10,30	0,02	53,61	0,31
DIIN	57,11	28,38									
PL/PB	3,69	2,24	-0,15	0,02	-3,48	0,00	505,00	4,38	-0,01	64,28	-1,94
ML/DIIN	11,26	96,10									
SaL	307,23	119,19	0,41	0,17	9,99	0,00	505,00	301,55	0,50	-89,52	0,33
ML/DIIN	11,26	96,10									
SaB	221,39	100,71	0,34	0,12	8,14	0,00	505,00	217,37	0,36	-60,80	0,33
ML/DIIN	11,26	96,10									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,02	0,00	-0,40	0,69	505,00	1,50	0,00	15,59	-2,89
ML/DIIN	11,26	96,10									
FL	60,87	30,69	0,09	0,01	2,08	0,04	505,00	60,54	0,03	-6,36	0,29

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkm.	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
ML/DIIN	11,26	96,10									
FB	76,41	36,76	0,27	0,07	6,17	0,00	505,00	75,27	0,10	-41,71	0,69
ML/DIIN	11,26	96,10									
FL/FB	0,90	0,49	-0,08	0,01	-1,79	0,07	505,00	0,91	0,00	25,36	-15,65
ML/DIIN	11,26	96,10									
ML	71,15	32,02	0,33	0,11	7,82	0,00	505,00	69,92	0,11	-59,01	0,99
ML/DIIN	11,26	96,10									
DIIN	57,11	28,38	0,06	0,00	1,46	0,15	505,00	56,89	0,02	-1,29	0,22
ML/DIIN	11,26	96,10									
ÄIB	16,62	7,10	0,29	0,08	6,79	0,00	505,00	16,38	0,02	-53,91	3,92
ML/DIIN	11,26	96,10									
IIB	10,93	4,34	0,32	0,10	7,53	0,00	505,00	10,77	0,01	-65,70	7,04
ML/DIIN	11,26	96,10									
NL	207,44	70,63	0,33	0,11	7,74	0,00	505,00	204,74	0,24	-80,85	0,44
ML/DIIN	11,26	96,10									
NB	129,18	54,53	0,28	0,08	6,57	0,00	505,00	127,38	0,16	-52,75	0,50
ML/DIIN	11,26	96,10									
NL/NB	1,67	0,44	-0,03	0,00	-0,60	0,55	505,00	1,67	0,00	20,93	-5,79
ML/DIIN	11,26	96,10									
PL	35,17	16,81	-0,04	0,00	-0,85	0,40	505,00	35,24	-0,01	18,85	-0,22
ML/DIIN	11,26	96,10									
PB	11,20	6,39	0,13	0,02	2,94	0,00	505,00	11,10	0,01	-10,62	1,95
ML/DIIN	11,26	96,10									
PL/PB	3,69	2,24	-0,10	0,01	-2,20	0,03	505,00	3,72	0,00	26,71	-4,19
ÄIB	16,62	7,10									
SaL	307,23	119,19	0,25	0,06	5,73	0,00	505,00	238,11	4,16	12,08	0,01
ÄIB	16,62	7,10									
SaB	221,39	100,71	0,53	0,28	14,10	0,00	505,00	95,92	7,55	8,31	0,04
ÄIB	16,62	7,10									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,30	0,09	-7,02	0,00	505,00	1,91	-0,02	21,98	-3,58
ÄIB	16,62	7,10									
FL	60,87	30,69	0,26	0,07	6,08	0,00	505,00	42,07	1,13	12,93	0,06
ÄIB	16,62	7,10									
FB	76,41	36,76	0,49	0,24	12,45	0,00	505,00	34,64	2,51	9,46	0,09

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkm.	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
ÄIB	16,62	7,10									
FL/FB	0,90	0,49	-0,20	0,04	-4,53	0,00	505,00	1,13	-0,01	19,21	-2,87
ÄIB	16,62	7,10									
ML	71,15	32,02	0,46	0,21	11,66	0,00	505,00	36,57	2,08	9,34	0,10
ÄIB	16,62	7,10									
DIIN	57,11	28,38	0,45	0,20	11,33	0,00	505,00	27,15	1,80	10,18	0,11
ÄIB	16,62	7,10									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,29	0,08	6,79	0,00	505,00	-53,91	3,92	16,38	0,02
ÄIB	16,62	7,10									
IIB	10,93	4,34	0,84	0,71	35,23	0,00	505,00	2,35	0,52	1,55	1,38
ÄIB	16,62	7,10									
NL	207,44	70,63	0,19	0,04	4,31	0,00	505,00	176,20	1,88	12,68	0,02
ÄIB	16,62	7,10									
NB	129,18	54,53	0,30	0,09	7,06	0,00	505,00	90,82	2,31	11,57	0,04
ÄIB	16,62	7,10									
NL/NB	1,67	0,44	-0,21	0,05	-4,87	0,00	505,00	1,89	-0,01	22,32	-3,41
ÄIB	16,62	7,10									
PL	35,17	16,81	0,00	0,00	0,04	0,97	505,00	35,10	0,00	16,59	0,00
ÄIB	16,62	7,10									
PB	11,20	6,39	0,09	0,01	2,01	0,05	505,00	9,87	0,08	15,51	0,10
ÄIB	16,62	7,10									
PL/PB	3,69	2,24	-0,16	0,03	-3,62	0,00	505,00	4,53	-0,05	18,48	-0,50
IIB	10,93	4,34									
SaL	307,23	119,19	0,30	0,09	6,98	0,00	505,00	218,11	8,15	7,60	0,01
IIB	10,93	4,34									
SaB	221,39	100,71	0,48	0,23	12,15	0,00	505,00	100,67	11,04	6,38	0,02
IIB	10,93	4,34									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,29	0,08	-6,76	0,00	505,00	1,93	-0,04	14,10	-2,12
IIB	10,93	4,34									
FL	60,87	30,69	0,13	0,02	2,98	0,00	505,00	50,70	0,93	9,80	0,02
IIB	10,93	4,34									
FB	76,41	36,76	0,50	0,25	12,79	0,00	505,00	30,59	4,19	6,46	0,06
IIB	10,93	4,34									
FL/FB	0,90	0,49	-0,31	0,09	-7,25	0,00	505,00	1,28	-0,03	13,39	-2,73

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkmalspaar	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
IIB	10,93	4,34									
IIB/ML	10,93	4,34	0,47	0,22	11,84	0,00	505,00	33,53	3,44	6,43	0,06
IIB/DIIN	10,93	4,34	0,50	0,25	13,09	0,00	505,00	21,11	3,29	6,53	0,08
IIB/ML/DIIN	10,93	4,34	0,32	0,10	7,53	0,00	505,00	-65,70	7,04	10,77	0,01
IIB/ÄIB	10,93	4,34	0,84	0,71	35,23	0,00	505,00	1,55	1,38	2,35	0,52
IIB/NL	10,93	4,34	0,23	0,05	5,25	0,00	505,00	166,91	3,71	8,02	0,01
IIB/NB	10,93	4,34	0,31	0,10	7,35	0,00	505,00	86,44	3,91	7,73	0,02
IIB/NL/NB	10,93	4,34	-0,13	0,02	-2,99	0,00	505,00	1,82	-0,01	13,10	-1,30
IIB/PL	10,93	4,34	-0,02	0,00	-0,41	0,68	505,00	35,95	-0,07	11,10	0,00
IIB/PB	10,93	4,34	0,10	0,01	2,18	0,03	505,00	9,65	0,14	10,20	0,07
IIB/PL/PB	10,93	4,34	-0,22	0,05	-4,95	0,00	505,00	4,91	-0,11	12,47	-0,42
NL/SaL	207,44	70,63	0,54	0,29	14,37	0,00	505,00	118,35	0,91	109,21	0,32
NL/SaB	207,44	70,63	0,44	0,20	11,09	0,00	505,00	90,28	0,63	138,62	0,31
NL/TL/SaB	207,44	70,63	-0,04	0,00	-0,79	0,43	505,00	1,56	0,00	213,77	-4,22
NL/FL	207,44	70,63	0,16	0,03	3,72	0,00	505,00	46,12	0,07	184,52	0,38
NL/FB	207,44	70,63	0,30	0,09	7,14	0,00	505,00	43,65	0,16	162,89	0,58
NL/FL/FB	207,44	70,63	-0,19	0,03	-4,25	0,00	505,00	1,17	0,00	231,69	-26,90
NL/ML	207,44	70,63	0,47	0,23	12,10	0,00	505,00	26,49	0,22	132,91	1,05

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkm.	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
NL	207,44	70,63									
DIIN	57,11	28,38	0,46	0,21	11,46	0,00	505,00	19,17	0,18	142,76	1,13
NL	207,44	70,63									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,33	0,11	7,74	0,00	505,00	-80,85	0,44	204,74	0,24
NL	207,44	70,63									
ÄIB	16,62	7,10	0,19	0,04	4,31	0,00	505,00	12,68	0,02	176,20	1,88
NL	207,44	70,63									
IIB	10,93	4,34	0,23	0,05	5,25	0,00	505,00	8,02	0,01	166,91	3,71
NL	207,44	70,63									
NB	129,18	54,53	0,82	0,68	32,44	0,00	505,00	-2,57	0,64	69,82	1,07
NL	207,44	70,63									
NL/NB	1,67	0,44	-0,06	0,00	-1,40	0,16	505,00	1,75	0,00	224,09	-9,96
NL	207,44	70,63									
PL	35,17	16,81	0,08	0,01	1,72	0,09	505,00	31,40	0,02	196,16	0,32
NL	207,44	70,63									
PB	11,20	6,39	0,12	0,01	2,62	0,01	505,00	9,02	0,01	193,06	1,28
NL	207,44	70,63									
PL/PB	3,69	2,24	-0,03	0,00	-0,68	0,50	505,00	3,89	0,00	210,95	-0,95
NB	129,18	54,53									
SaL	307,23	119,19	0,50	0,25	13,03	0,00	505,00	165,38	1,10	58,55	0,23
NB	129,18	54,53									
SaB	221,39	100,71	0,57	0,32	15,48	0,00	505,00	85,85	1,05	61,06	0,31
NB	129,18	54,53									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,21	0,04	-4,83	0,00	505,00	1,79	0,00	158,25	-19,40
NB	129,18	54,53									
FL	60,87	30,69	0,14	0,02	3,22	0,00	505,00	50,54	0,08	113,80	0,25
NB	129,18	54,53									
FB	76,41	36,76	0,39	0,15	9,44	0,00	505,00	42,63	0,26	85,20	0,58
NB	129,18	54,53									
FL/FB	0,90	0,49	-0,22	0,05	-5,16	0,00	505,00	1,16	0,00	151,72	-25,01
NB	129,18	54,53									
ML	71,15	32,02	0,53	0,28	14,03	0,00	505,00	30,93	0,31	64,92	0,90
NB	129,18	54,53									
DIIN	57,11	28,38	0,62	0,38	17,58	0,00	505,00	15,64	0,32	61,49	1,19

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkm.	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
NB	129,18	54,53									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,28	0,08	6,57	0,00	505,00	-52,75	0,50	127,38	0,16
NB	129,18	54,53									
ÄIB	16,62	7,10	0,30	0,09	7,06	0,00	505,00	11,57	0,04	90,82	2,31
NB	129,18	54,53									
IIB	10,93	4,34	0,31	0,10	7,35	0,00	505,00	7,73	0,02	86,44	3,91
NB	129,18	54,53									
NL	207,44	70,63	0,82	0,68	32,44	0,00	505,00	69,82	1,07	-2,57	0,64
NB	129,18	54,53									
NB	129,18	54,53	1,00	1,00			505,00	0,00	1,00	0,00	1,00
NB	129,18	54,53									
NL/NB	1,67	0,44	-0,48	0,23	-12,22	0,00	505,00	2,17	0,00	228,01	-59,13
NB	129,18	54,53									
PL	35,17	16,81	-0,05	0,00	-1,16	0,25	505,00	37,23	-0,02	135,08	-0,17
NB	129,18	54,53									
PB	11,20	6,39	0,10	0,01	2,22	0,03	505,00	9,71	0,01	119,78	0,84
NB	129,18	54,53									
PL/PB	3,69	2,24	-0,15	0,02	-3,39	0,00	505,00	4,48	-0,01	142,62	-3,64
NL/NB	1,67	0,44									
SaL	307,23	119,19	-0,04	0,00	-0,83	0,41	505,00	323,86	-9,95	1,71	0,00
NL/NB	1,67	0,44									
SaB	221,39	100,71	-0,23	0,05	-5,18	0,00	505,00	307,27	-51,38	1,89	0,00
NL/NB	1,67	0,44									
TL/SaB	1,50	0,59	0,22	0,05	5,05	0,00	505,00	1,01	0,29	1,43	0,16
NL/NB	1,67	0,44									
FL	60,87	30,69	-0,18	0,03	-4,05	0,00	505,00	81,52	-12,35	1,83	0,00
NL/NB	1,67	0,44									
FB	76,41	36,76	-0,24	0,06	-5,65	0,00	505,00	110,44	-20,36	1,90	0,00
NL/NB	1,67	0,44									
FL/FB	0,90	0,49	0,01	0,00	0,28	0,78	505,00	0,88	0,01	1,66	0,01
NL/NB	1,67	0,44									
ML	71,15	32,02	-0,19	0,04	-4,40	0,00	505,00	94,48	-13,96	1,86	0,00
NL/NB	1,67	0,44									
DIIN	57,11	28,38	-0,21	0,04	-4,76	0,00	505,00	79,43	-13,36	1,86	0,00

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkm.	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
NL/NB	1,67	0,44									
ML/DIIN	11,26	96,10	-0,03	0,00	-0,60	0,55	505,00	20,93	-5,79	1,67	0,00
NL/NB	1,67	0,44									
ÄIB	16,62	7,10	-0,21	0,05	-4,87	0,00	505,00	22,32	-3,41	1,89	-0,01
NL/NB	1,67	0,44									
IIB	10,93	4,34	-0,13	0,02	-2,99	0,00	505,00	13,10	-1,30	1,82	-0,01
NL/NB	1,67	0,44									
NL	207,44	70,63	-0,06	0,00	-1,40	0,16	505,00	224,09	-9,96	1,75	0,00
NL/NB	1,67	0,44									
NB	129,18	54,53	-0,48	0,23	-12,22	0,00	505,00	228,01	-59,13	2,17	0,00
NL/NB	1,67	0,44									
NL/NB	1,67	0,44	1,00	1,00			505,00	0,00	1,00	0,00	1,00
NL/NB	1,67	0,44									
PL	35,17	16,81	0,10	0,01	2,17	0,03	505,00	29,04	3,67	1,58	0,00
NL/NB	1,67	0,44									
PB	11,20	6,39	-0,09	0,01	-2,14	0,03	505,00	13,50	-1,37	1,74	-0,01
NL/NB	1,67	0,44									
PL/PB	3,69	2,24	0,15	0,02	3,30	0,00	505,00	2,46	0,74	1,57	0,03
PL	35,17	16,81									
SaL	307,23	119,19	0,11	0,01	2,47	0,01	505,00	279,92	0,78	30,42	0,02
PL	35,17	16,81									
SaB	221,39	100,71	0,00	0,00	0,06	0,95	505,00	220,79	0,02	35,06	0,00
PL	35,17	16,81									
TL/SaB	1,50	0,59	0,06	0,00	1,37	0,17	505,00	1,42	0,00	32,57	1,73
PL	35,17	16,81									
FL	60,87	30,69	-0,08	0,01	-1,82	0,07	505,00	66,06	-0,15	37,86	-0,04
PL	35,17	16,81									
FB	76,41	36,76	0,12	0,01	2,72	0,01	505,00	67,14	0,26	30,96	0,06
PL	35,17	16,81									
FL/FB	0,90	0,49	-0,15	0,02	-3,33	0,00	505,00	1,05	0,00	39,73	-5,06
PL	35,17	16,81									
ML	71,15	32,02	-0,05	0,00	-1,12	0,26	505,00	74,50	-0,10	37,04	-0,03
PL	35,17	16,81									
DIIN	57,11	28,38	-0,04	0,00	-0,82	0,41	505,00	59,29	-0,06	36,41	-0,02

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkm.	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
PL	35,17	16,81									
ML/DIIN	11,26	96,10	-0,04	0,00	-0,85	0,40	505,00	18,85	-0,22	35,24	-0,01
PL	35,17	16,81									
ÄIB	16,62	7,10	0,00	0,00	0,04	0,97	505,00	16,59	0,00	35,10	0,00
PL	35,17	16,81									
IIB	10,93	4,34	-0,02	0,00	-0,41	0,68	505,00	11,10	0,00	35,95	-0,07
PL	35,17	16,81									
NL	207,44	70,63	0,08	0,01	1,72	0,09	505,00	196,16	0,32	31,40	0,02
PL	35,17	16,81									
NB	129,18	54,53	-0,05	0,00	-1,16	0,25	505,00	135,08	-0,17	37,23	-0,02
PL	35,17	16,81									
NL/NB	1,67	0,44	0,10	0,01	2,17	0,03	505,00	1,58	0,00	29,04	3,67
PL	35,17	16,81									
PB	11,20	6,39	0,20	0,04	4,50	0,00	505,00	8,57	0,07	29,37	0,52
PL	35,17	16,81									
PL/PB	3,69	2,24	0,62	0,38	17,50	0,00	505,00	0,81	0,08	18,11	4,62
PB	11,20	6,39									
SaL	307,23	119,19	0,11	0,01	2,39	0,02	505,00	285,11	1,98	9,45	0,01
PB	11,20	6,39									
SaB	221,39	100,71	0,17	0,03	3,82	0,00	505,00	191,75	2,65	8,84	0,01
PB	11,20	6,39									
TL/SaB	1,50	0,59	-0,08	0,01	-1,86	0,06	505,00	1,59	-0,01	12,54	-0,89
PB	11,20	6,39									
FL	60,87	30,69	-0,07	0,00	-1,55	0,12	505,00	64,57	-0,33	12,07	-0,01
PB	11,20	6,39									
FB	76,41	36,76	0,21	0,04	4,71	0,00	505,00	63,18	1,18	8,47	0,04
PB	11,20	6,39									
FL/FB	0,90	0,49	-0,21	0,04	-4,76	0,00	505,00	1,08	-0,02	13,65	-2,72
PB	11,20	6,39									
ML	71,15	32,02	-0,02	0,00	-0,43	0,66	505,00	72,24	-0,10	11,47	0,00
PB	11,20	6,39									
DIIN	57,11	28,38	0,07	0,00	1,58	0,11	505,00	53,61	0,31	10,30	0,02
PB	11,20	6,39									
ML/DIIN	11,26	96,10	0,13	0,02	2,94	0,00	505,00	-10,62	1,95	11,10	0,01

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkm.	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
PB	11,20	6,39									
ÄIB	16,62	7,10	0,09	0,01	2,01	0,05	505,00	15,51	0,10	9,87	0,08
PB	11,20	6,39									
IIB	10,93	4,34	0,10	0,01	2,18	0,03	505,00	10,20	0,07	9,65	0,14
PB	11,20	6,39									
NL	207,44	70,63	0,12	0,01	2,62	0,01	505,00	193,06	1,28	9,02	0,01
PB	11,20	6,39									
NB	129,18	54,53	0,10	0,01	2,22	0,03	505,00	119,78	0,84	9,71	0,01
PB	11,20	6,39									
NL/NB	1,67	0,44	-0,09	0,01	-2,14	0,03	505,00	1,74	-0,01	13,50	-1,37
PB	11,20	6,39									
PL	35,17	16,81	0,20	0,04	4,50	0,00	505,00	29,37	0,52	8,57	0,07
PB	11,20	6,39									
PB	11,20	6,39	1,00	1,00			505,00	0,00	1,00	0,00	1,00
PB	11,20	6,39									
PL/PB	3,69	2,24	-0,48	0,23	-12,11	0,00	505,00	5,55	-0,17	16,21	-1,36
PL/PB	3,69	2,24									
SaL	307,23	119,19	0,02	0,00	0,53	0,60	505,00	302,57	1,26	3,55	0,00
PL/PB	3,69	2,24									
SaB	221,39	100,71	-0,17	0,03	-3,84	0,00	505,00	249,43	-7,59	4,52	0,00
PL/PB	3,69	2,24									
TL/SaB	1,50	0,59	0,18	0,03	4,07	0,00	505,00	1,32	0,05	2,68	0,67
PL/PB	3,69	2,24									
FL	60,87	30,69	0,04	0,00	0,97	0,33	505,00	58,68	0,59	3,50	0,00
PL/PB	3,69	2,24									
FB	76,41	36,76	-0,16	0,03	-3,64	0,00	505,00	86,11	-2,63	4,44	-0,01
PL/PB	3,69	2,24									
FL/FB	0,90	0,49	0,14	0,02	3,29	0,00	505,00	0,78	0,03	3,09	0,66
PL/PB	3,69	2,24									
ML	71,15	32,02	-0,06	0,00	-1,25	0,21	505,00	74,08	-0,79	3,97	0,00
PL/PB	3,69	2,24									
DIIN	57,11	28,38	-0,15	0,02	-3,48	0,00	505,00	64,28	-1,94	4,38	-0,01
PL/PB	3,69	2,24									
ML/DIIN	11,26	96,10	-0,10	0,01	-2,20	0,03	505,00	26,71	-4,19	3,72	0,00

Anhang A5 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Samenanlagenanhängsel.

Merkmal	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
PL/PB	3,69	2,24									
ÄIB	16,62	7,10	-0,16	0,03	-3,62	0,00	505,00	18,48	-0,50	4,53	-0,05
PL/PB	3,69	2,24									
IIB	10,93	4,34	-0,22	0,05	-4,95	0,00	505,00	12,47	-0,42	4,91	-0,11
PL/PB	3,69	2,24									
NL	207,44	70,63	-0,03	0,00	-0,68	0,50	505,00	210,95	-0,95	3,89	0,00
PL/PB	3,69	2,24									
NB	129,18	54,53	-0,15	0,02	-3,39	0,00	505,00	142,62	-3,64	4,48	-0,01
PL/PB	3,69	2,24									
NL/NB	1,67	0,44	0,15	0,02	3,30	0,00	505,00	1,57	0,03	2,46	0,74
PL/PB	3,69	2,24									
PL	35,17	16,81	0,62	0,38	17,50	0,00	505,00	18,11	4,62	0,81	0,08
PL/PB	3,69	2,24									
PB	11,20	6,39	-0,48	0,23	-12,11	0,00	505,00	16,21	-1,36	5,55	-0,17

Anhang A6: Tabelle der paarweisen Korrelationskoeffizienten von Merkmalen der Samenanlagenanhängsel mit allen übrigen Merkmalen unter Ausschluss der Taxa ohne Anhängsel.

(SaL = Samenanlagenlänge, SaB = Samenanlagenlänge, AL = Anhängsellänge, AB = Anhängselbreite, FL = Funikulusslänge, FB = Funikulussbreite, ML = Mikopylenlänge, DIIN = Dicke des inneren Integumentes in Höhe des Nucellus, ÄIB = Dicke des äußeren Integuments, IIB = Dicke des inneren Integumentes im mittleren Bereich der Samenanlage, NL = Nucelluslänge, NB = Nucellusbreite, PL = Plazentazellenlänge, PB = Plazentazellenbreite. Alle Meßwerte sind in Mikrometern angegeben.)

	Mean	Std.Dv.	r(X,Y)	r ²	t	p	N	Constant	Slope	Constant	Slope
AL	270,97	304,06									
SaL	277,49	100,70	0,39	0,16	6,54	0,00	235,00	242,15	0,13	-59,06	1,19
AL	270,97	304,06									
SaB	202,05	46,58	0,55	0,30	10,00	0,00	235,00	179,31	0,08	-451,64	3,58
AL	270,97	304,06									
AB	73,29	32,99	0,47	0,22	8,18	0,00	235,00	59,41	0,05	-47,94	4,35
AL	270,97	304,06									
AL/AB	3,70	3,40	0,80	0,65	20,69	0,00	235,00	1,25	0,01	5,30	71,89
AL	270,97	304,06									
FL	56,01	20,55	0,16	0,02	2,41	0,02	235,00	53,16	0,01	141,96	2,30
AL	270,97	304,06									
FB	70,74	29,09	0,08	0,01	1,23	0,22	235,00	68,67	0,01	211,77	0,84
AL	270,97	304,06									
FL/FB	0,89	0,40	0,03	0,00	0,48	0,63	235,00	0,88	0,00	249,71	23,79
AL	270,97	304,06									
ML	68,37	22,82	-0,21	0,04	-3,28	0,00	235,00	72,64	-0,02	462,54	-2,80
AL	270,97	304,06									
DIIN	53,78	19,42	0,01	0,00	0,11	0,91	235,00	53,66	0,00	264,86	0,11
AL	270,97	304,06									
ML/DIIN	1,48	1,05	-0,16	0,02	-2,42	0,02	235,00	1,63	0,00	338,31	-45,38
AL	270,97	304,06									
ÄIB	15,84	5,12	-0,04	0,00	-0,62	0,54	235,00	16,03	0,00	308,89	-2,39
AL	270,97	304,06									
IIB	10,42	3,90	-0,07	0,00	-1,00	0,32	235,00	10,65	0,00	324,18	-5,11
AL	270,97	304,06									
NL	206,74	56,98	0,38	0,14	6,22	0,00	235,00	187,57	0,07	-145,62	2,02
AL	270,97	304,06									
NB	129,46	45,10	0,48	0,23	8,29	0,00	235,00	110,27	0,07	-145,58	3,22
AL	270,97	304,06									
NL/NB	1,70	0,44	-0,23	0,05	-3,53	0,00	235,00	1,79	0,00	534,82	-155,53
AL	270,97	304,06									
PL	36,79	14,51	-0,04	0,00	-0,56	0,58	235,00	37,26	0,00	299,23	-0,77

Anhang A6 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Taxa ohne Anhängsel.

AL	270,97	304,06										
PB	10,06	3,97	-0,07	0,00	-0,99	0,32	235,00	10,29	0,00	321,04	-4,98	
AL	270,97	304,06										
PL/PB	4,22	2,35	-0,01	0,00	-0,15	0,88	235,00	4,24	0,00	276,36	-1,28	
AB	73,29	32,99										
SaL	277,49	100,70	0,10	0,01	1,57	0,12	235,00	254,58	0,31	63,98	0,03	
AB	73,29	32,99										
SaB	202,05	46,58	0,32	0,10	5,18	0,00	235,00	168,82	0,45	27,34	0,23	
AB	73,29	32,99										
TL/SaB	1,41	0,58	-0,14	0,02	-2,13	0,03	235,00	1,59	0,00	84,46	-7,90	
AB	73,29	32,99										
AL	270,97	304,06	0,47	0,22	8,18	0,00	235,00	-47,94	4,35	59,41	0,05	
AB	73,29	32,99										
AL/AB	3,70	3,40	0,00	0,00	0,03	0,98	235,00	3,68	0,00	73,23	0,02	
AB	73,29	32,99										
FL	56,01	20,55	0,06	0,00	0,93	0,35	235,00	53,23	0,04	67,82	0,10	
AB	73,29	32,99										
FB	70,74	29,09	0,40	0,16	6,57	0,00	235,00	45,18	0,35	41,56	0,45	
AB	73,29	32,99										
FL/FB	0,89	0,40	-0,26	0,07	-4,05	0,00	235,00	1,12	0,00	92,27	-21,23	
AB	73,29	32,99										
ML	68,37	22,82	0,02	0,00	0,32	0,75	235,00	67,30	0,01	71,21	0,03	
AB	73,29	32,99										
DIIN	53,78	19,42	0,37	0,14	6,16	0,00	235,00	37,64	0,22	39,10	0,64	
AB	73,29	32,99										
ML/DIIN	1,48	1,05	-0,30	0,09	-4,75	0,00	235,00	2,18	-0,01	87,16	-9,35	
AB	73,29	32,99										
ÄIB	15,84	5,12	0,21	0,05	3,32	0,00	235,00	13,42	0,03	51,60	1,37	
AB	73,29	32,99										
IIB	10,42	3,90	0,27	0,08	4,35	0,00	235,00	8,04	0,03	49,15	2,32	
AB	73,29	32,99										
NL	206,74	56,98	0,17	0,03	2,57	0,01	235,00	185,74	0,29	53,43	0,10	
AB	73,29	32,99										
NB	129,46	45,10	0,42	0,18	7,10	0,00	235,00	87,21	0,58	33,36	0,31	

Anhang A6 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Taxa ohne Anhängsel.

AB	73,29	32,99										
NL/NB	1,70	0,44	-0,33	0,11	-5,42	0,00	235,00	2,02	0,00	115,77	-25,04	
AB	73,29	32,99										
PL	36,79	14,51	-0,11	0,01	-1,69	0,09	235,00	40,32	-0,05	82,47	-0,25	
AB	73,29	32,99										
PB	10,06	3,97	0,16	0,03	2,50	0,01	235,00	8,63	0,02	59,80	1,34	
AB	73,29	32,99										
PL/PB	4,22	2,35	-0,25	0,06	-3,88	0,00	235,00	5,51	-0,02	87,87	-3,45	
AL/AB	3,70	3,40										
SaL	277,49	100,70	0,50	0,25	8,86	0,00	235,00	222,63	14,85	-1,01	0,02	
AL/AB	3,70	3,40										
SaB	202,05	46,58	0,42	0,17	6,97	0,00	235,00	181,04	5,68	-2,44	0,03	
AL/AB	3,70	3,40										
TL/SaB	1,41	0,58	0,27	0,07	4,31	0,00	235,00	1,24	0,05	1,43	1,60	
AL/AB	3,70	3,40										
AL	270,97	304,06	0,80	0,65	20,69	0,00	235,00	5,30	71,89	1,25	0,01	
AL/AB	3,70	3,40										
AB	73,29	32,99	0,00	0,00	0,03	0,98	235,00	73,23	0,02	3,68	0,00	
AL/AB	3,70	3,40										
FL	56,01	20,55	0,08	0,01	1,23	0,22	235,00	54,21	0,49	2,95	0,01	
AL/AB	3,70	3,40										
FB	70,74	29,09	-0,14	0,02	-2,22	0,03	235,00	75,28	-1,23	4,89	-0,02	
AL/AB	3,70	3,40										
FL/FB	0,89	0,40	0,15	0,02	2,30	0,02	235,00	0,83	0,02	2,56	1,27	
AL/AB	3,70	3,40										
ML	68,37	22,82	-0,20	0,04	-3,19	0,00	235,00	73,44	-1,37	5,78	-0,03	
AL/AB	3,70	3,40										
DIIN	53,78	19,42	-0,17	0,03	-2,69	0,01	235,00	57,44	-0,99	5,33	-0,03	
AL/AB	3,70	3,40										
ML/DIIN	1,48	1,05	-0,03	0,00	-0,40	0,69	235,00	1,51	-0,01	3,82	-0,09	
AL/AB	3,70	3,40										
ÄIB	15,84	5,12	-0,23	0,06	-3,68	0,00	235,00	17,15	-0,35	6,17	-0,16	
AL/AB	3,70	3,40										
IIB	10,42	3,90	-0,30	0,09	-4,77	0,00	235,00	11,68	-0,34	6,41	-0,26	

Anhang A6 (Fortsetzung): Paarweise Korrelationskoeffizienten quantitativer Merkmale unter Ausschluss der Taxa ohne Anhängsel.

AL/AB	3,70	3,40										
NL	206,74	56,98	0,29	0,09	4,70	0,00	235,00	188,52	4,93	0,06	0,02	
AL/AB	3,70	3,40										
NB	129,46	45,10	0,34	0,11	5,48	0,00	235,00	112,91	4,48	0,39	0,03	
AL/AB	3,70	3,40										
NL/NB	1,70	0,44	-0,14	0,02	-2,18	0,03	235,00	1,76	-0,02	5,55	-1,09	
AL/AB	3,70	3,40										
PL	36,79	14,51	0,02	0,00	0,28	0,78	235,00	36,49	0,08	3,54	0,00	
AL/AB	3,70	3,40										
PB	10,06	3,97	-0,20	0,04	-3,06	0,00	235,00	10,90	-0,23	5,39	-0,17	
AL/AB	3,70	3,40										
PL/PB	4,22	2,35	0,17	0,03	2,69	0,01	235,00	3,78	0,12	2,64	0,25	

Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

Anhang A7.1: Datensätze, Befehlssyntax und Log-files für die Parsimonie-Analysen morphologischer Merkmale (Datensatz I).

Die in diesem Anhang verwendeten Abkürzungen der Taxa setzen sich aus den ersten drei Buchstaben der Gattungsnamens und des Artepithetons zusammen, ggf. ergänzt um das Kürzel ssp. oder var. sowie den ersten Buchstaben des infrapopulativen Epithetons.

Datensatz I: Merkmalsmatrix mit 30 morphologischen Merkmalen des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs:

```
#NEXUS
begin data;
dimensions ntax=105 nchar=30;
format missing=? Symbols="0123456" datatype=standard;
matrix

[Char.-Nr.      00000000111111111222222222223
                123456789012345678901234567890]
Acapit          111111010110200010102221011001
Acastr          11010103121020000001210001000
Aecall          101111010110231110001110000020
Aecaqu          0?11110100?0251011000110000010
Aecbam          0?111101011025111100?010000011
Aecblu          11110114021025012000?010100010
Aecbro          2201011300?0221000001220000010
Aeccari          221101100210221000000210001020
Aeccha          1001101100?0241100101111000010
Aecdis          02111114011014111000?010000010
Aecemm          1?11010100?0221010000110000110
Aeceur          0?01010100?0241111000110010020
Aecfar          0?01111300?0251000001110000011
Aecfas          121101030110241100000110000130
Aecfen          1011110100?023101000?010000020
Aecfer          1101111100?0221000001110000011
Aecfil          0?11111100?0231020000110000121
Aecgam          1211111400?025121100?010000020
Aecgra          0?11111400?025112000?010000011
Aecker          11110124011024112100?010000020
Aeclin          1011110100?024112000?010000131
Aeclon          1011110100?0221000001111011000
Aecmex          1001111100?0231111000110010011
Aecmin          1?11111200?0231000000110000010
Aecmul          0?11100100?0241011001110000010
Aecnid          0211110100?0231000000110001030
Aecnud          11111101011025111000?010000010
Aecpan          11111111011023110000?010000011
Aecpim          1?111102011025112000?010000020
Aecpur          0211110400?0221000000110000010
Aecrac          111111110111241110000110000030
Aecrub          1?11110100?0241100000110000010
Aecser          0?11111000?0221000001110100021
Aecsmi          0?11011000?0241111000110000020
AecspA          1111110200?021101000?010000000
Aespb          0?0111010210251010000110000010
Aectil_ssp_k    111111110210230200001110000000
Aectil_ssp_t    111111110210230200002110000000
Aectri          1?01100000?0221000000210001010
Aecwar          1?1111110011251000000110000030
Aecweb          0011011100?0231010000110000010
Aecwei          1?11110100?0241010000111000020
Aecwin          0011010400?025112000?010000010
Anacom          1?01???00?021111010?010001000
Andski          1101100100?021121100?010000040
Ananan          1?01???00?025111000?010000000
Arafla          0?01011100?0011110000110000000
Aragoe          0?1110000210021000001110000010
Arapar          0?010110020001120000?010000010
Arapec          0?11011100?0010000001110000000
Billchl         111112010200231221001120000011
Billeup         111111110110251221001110010010
Billhor         1111111400?0231221001111000010
```

Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

Billmac	0?1112010200251221000110000010
Billpyr	11111110210241221001110010011
Billsau	0?1112040210251221001110000010
Bill_sp	0?111101020025121100?010000010
Billvir	0?11110100?0231210000110000020
Brobal	2211112100?023122100?010000000
Bronip	2201212100?025121100?021010001
Bropin	2211112100?023122100?011010000
Broser	2201112100?023122100?011010000
Canaur	1101110300?023112100?010000020
Crybro	0?011104021021111011?021111000
Deiurb	2201111100?025121111?001000001
Edmalv	2201110300?024001000?010000030
Edmlin	0?11110300?025001000?010010030
Fasbic	0?01110100?025122100?011000000
Ferita	11111104032022021100?010010000
Foscau	1100110200?0?5132100?010000020
Gresph	0?01120100?022021111?011011000
Hohcor	220111031110231011000120000011
Hohdis	22011103111023100000?010000010
Hohhum	22011003111020100000?010010010
Hohros	220111031110221000000110001010
Hohste	120110031110231000000110000010
Hohutr	22011003111023100000?010000010
Lymalv	0?1111110310111000000110000010
Lymglo	111111141300131000000110000020
Lymsmi	11011114030012100000?010000020
Neogvar	1011111200?021010000?020010011
Neochl	0?11111100?024112000?010000020
Neocor	0?11110100?024112000?010000120
Neomar	0?11111100?023111000?011000020
Neopin	0?011101021025112000?010000040
Neosp	0?01110100?025111001?020010021
Nidbil	1111110100?025111000?010000030
Nidino	0?11110100?025112000?010000030
Nidreg	0?111101031025111100?010000030
Nidrut	0?01110100?025111100?010000030
Ochcar	0?11220100?025022100?011010010
Ortalb	0?011101111023111000?010010021
Ortalv	1?011001111023111000?010000020
Ortfol	0?011101111023111100?010000021
Porker	1001111100?0241011000110000121
Porlep	0?11111100?0231011001110000020
Psesag	100111?0?021111001?021000011
Puyden	1100110200?0?3111100?010000040
Quelat	?111103011025111100?010001010
Quelib	0?111103011025111100?010000011
Quese	10011103011025111100?010000120
Ronexp	0001111200?022101000?011001030
Ronpet	1011111200?022101000?010010131
Urstui	0211111100?0251111001110010050
Witsmi	0?111104011025111100?010001041

;
end;

Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

Befehlssyntax des PAUP-Blocks und Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den *most parsimonious* Bäumen) mit Datensatz I (30 Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs).

[PAUP-Block:]

```
begin paup;
hsearch nchuck=10 chucklen=10;
set opt=DELTRAN maxtrees=1000 increase=no outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;

hsearch start=current nchuck=15000 chucklen=15000;
outgroup Foscau Puyden;
roottrees outroot=monophyl;
Pscores 1/ TL=yes CI=yes RI=yes RC=yes HI=yes;
contree/ majrule=yes grpfreq=no;
savetree file=HScons.tre;
end;
```

[Log-file der PAUP-Analyse:]

```
P A U P *
Portable version 4.0b10 for Unix
Thu Oct 4 14:19:03 2007

    Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191502529_27008/input_user//user_paup_job.t
xt" begins...

Data matrix has 105 taxa, 30 characters
Valid character-state symbols: 0123456
Missing data identified by '?'

Heuristic search settings:
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
  Of 30 total characters:
    All characters are of type 'unord'
    All characters have equal weight
    All characters are parsimony-informative
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
Addition sequence: simple (reference taxon = Acapit)
Number of trees held at each step during stepwise addition = 1
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Steepest descent option not in effect
No more than 10 trees of score (length) greater than or equal to 10 will be
saved
Initial 'MaxTrees' setting = 100
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
Trees are unrooted

Heuristic search completed
Total number of rearrangements tried = 8058345
Score of best tree(s) found = 370
Number of trees retained = 10
Time used = 2 sec (CPU time = 1.66 sec)

MaxTrees reset to 1000

Heuristic search settings:
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
  Of 30 total characters:
    All characters are of type 'unord'
    All characters have equal weight
    All characters are parsimony-informative
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Initial swapping on 10 trees already in memory
Steepest descent option not in effect
No more than 15000 trees of score (length) greater than or equal to 15000
will be saved
```

Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

'MaxTrees' setting = 1000 (will not be increased)
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
Trees are unrooted

10 non-binary starting trees arbitrarily dichotomized before branch swapping

'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #22 (score=370)

'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #22 (score=369)

'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #22 (score=368)

Elapsed time	Taxa added	Rearr. tried	-- Number of trees -- saved	-- Best left-to-swap	tree(s)
0:01:00	-	269644752	1000	921	368
0:01:52	-	508316739	1000	0	368

Heuristic search completed

Total number of rearrangements tried = 508316739

Score of best tree(s) found = 368

Number of trees retained = 1000

Note: Effectiveness of search may have been diminished due to tree-buffer overflow.

Time used = 00:01:52 (CPU time = 00:01:52.0)

Outgroup status changed:

2 taxa transferred to outgroup

Total number of taxa now in outgroup = 2

Number of ingroup taxa = 103

1000 trees converted from unrooted to rooted.

Lengths and fit measures of trees in memory:

Character-status summary:

Of 30 total characters:

All characters are of type 'unord'

All characters have equal weight

All characters are parsimony-informative

AncStates = "standard"

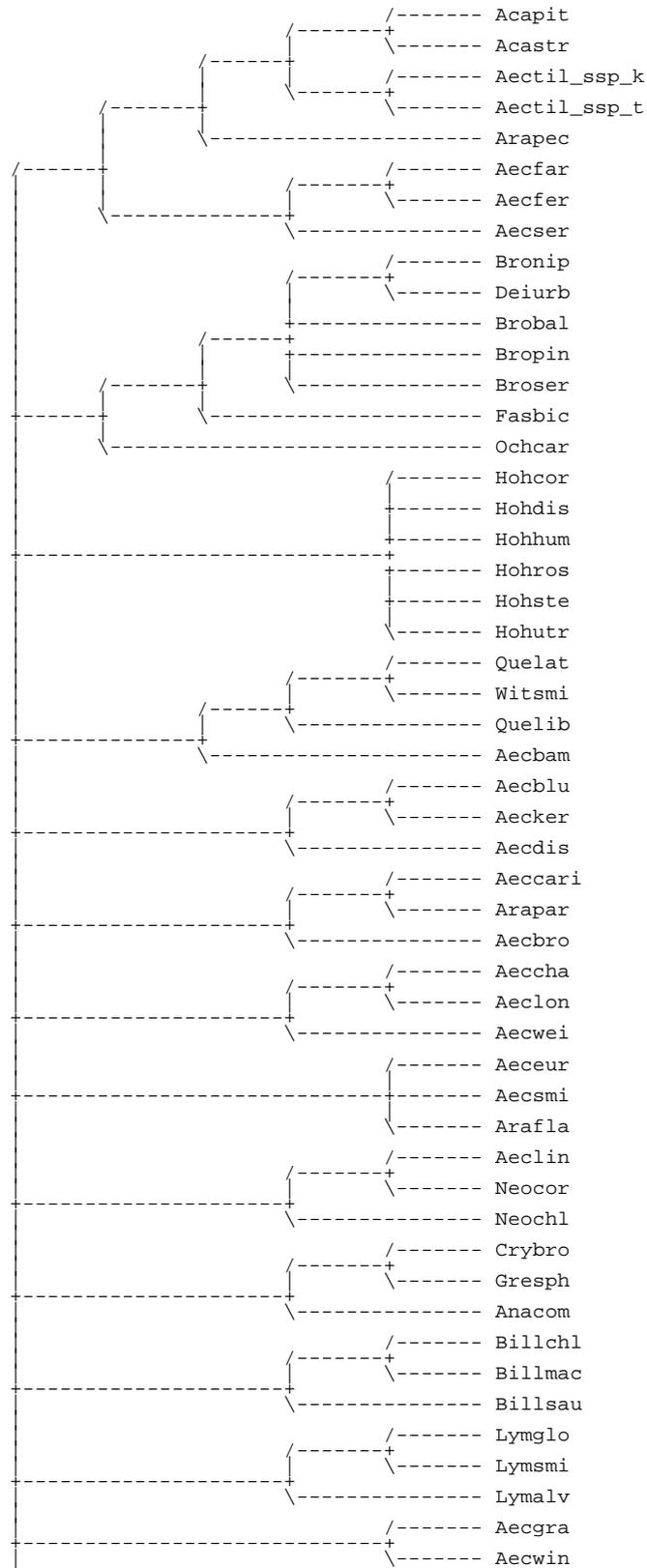
Sum of min. possible lengths = 56

Sum of max. possible lengths = 800

Tree # 1
Length 368
CI 0.152
RI 0.581
RC 0.088
HI 0.848

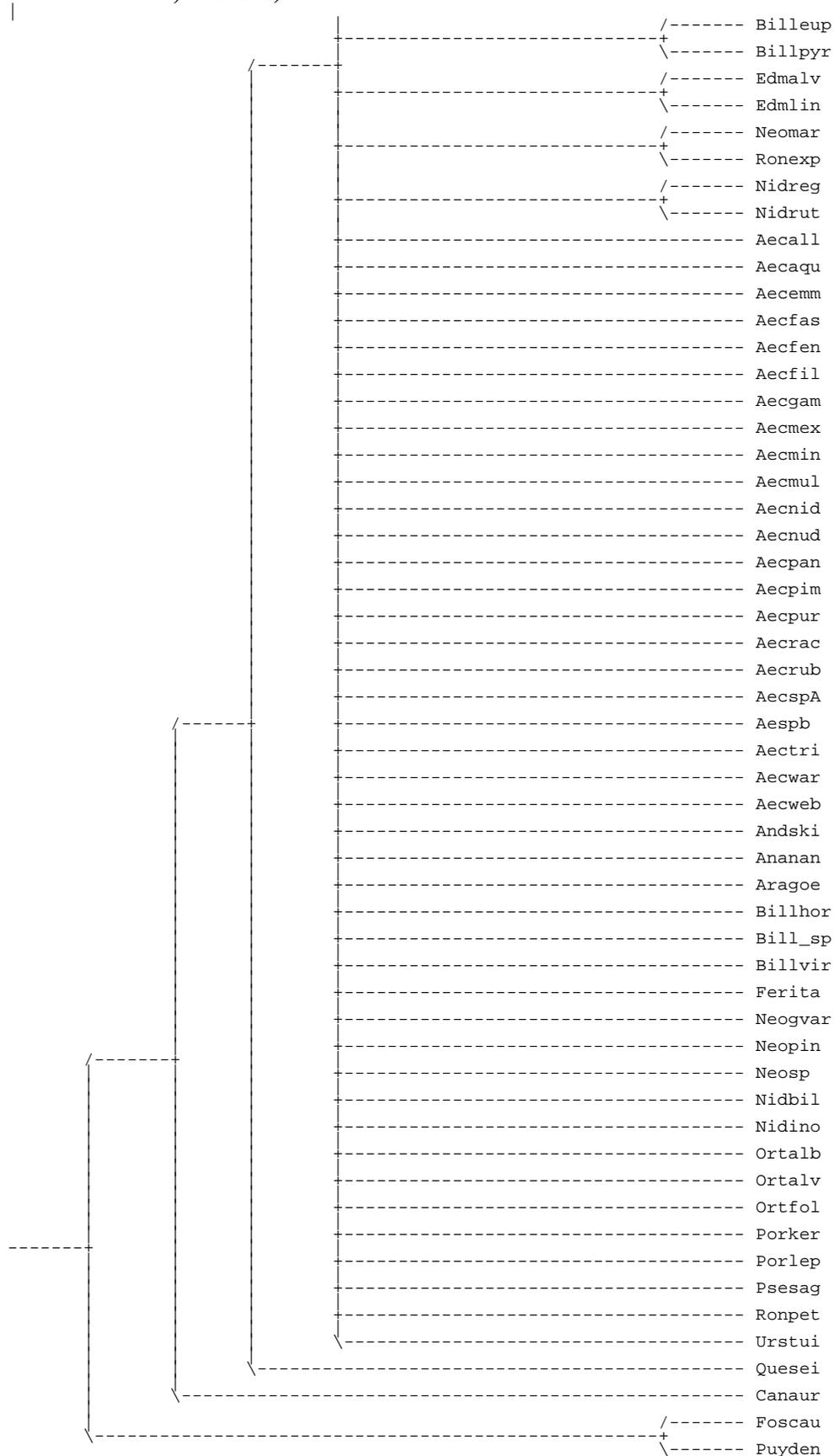
Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den *most parsimonious* Bäumen) mit 30 Merkmalen des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs (*strict consensus-tree*, Teil 1/2).



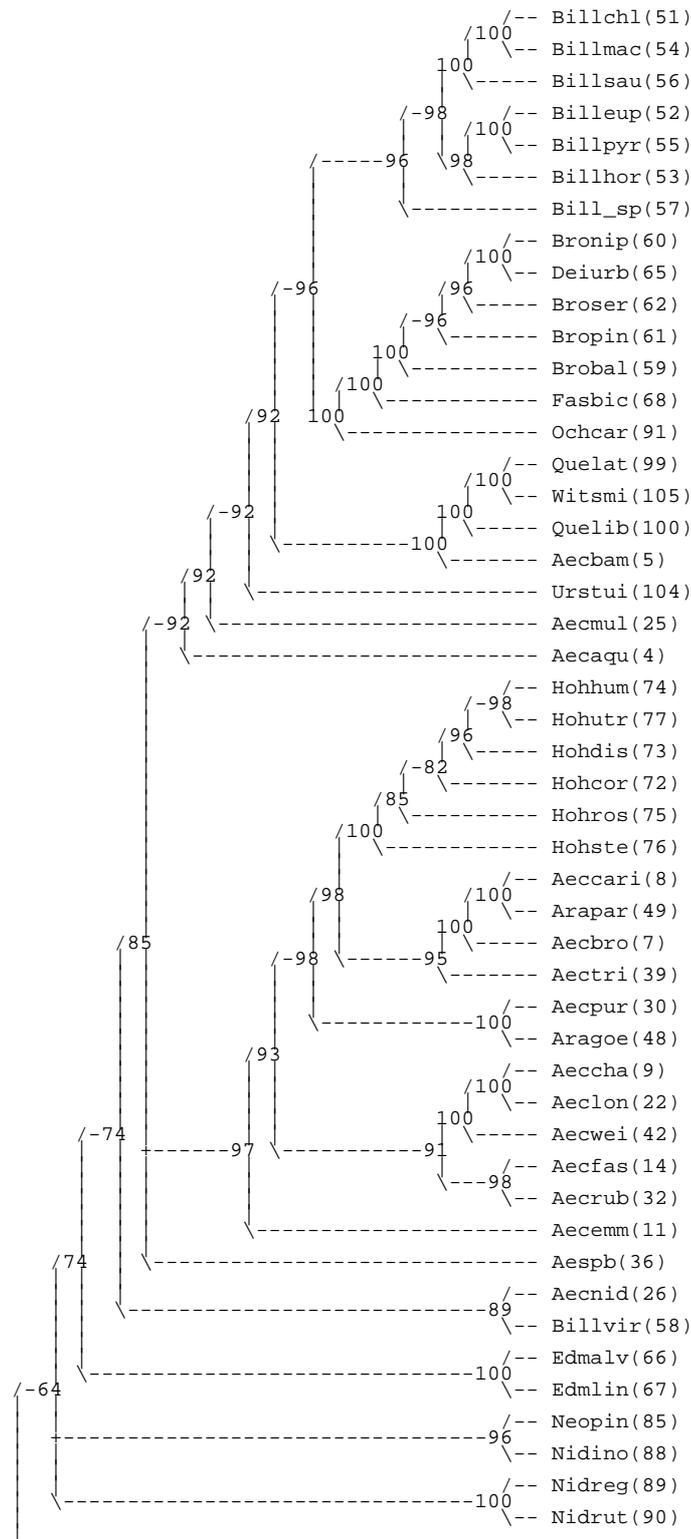
Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den *most parsimonious* Bäumen) mit 30 Merkmalen des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs (*strict consensus-tree*, Teil 2/2).



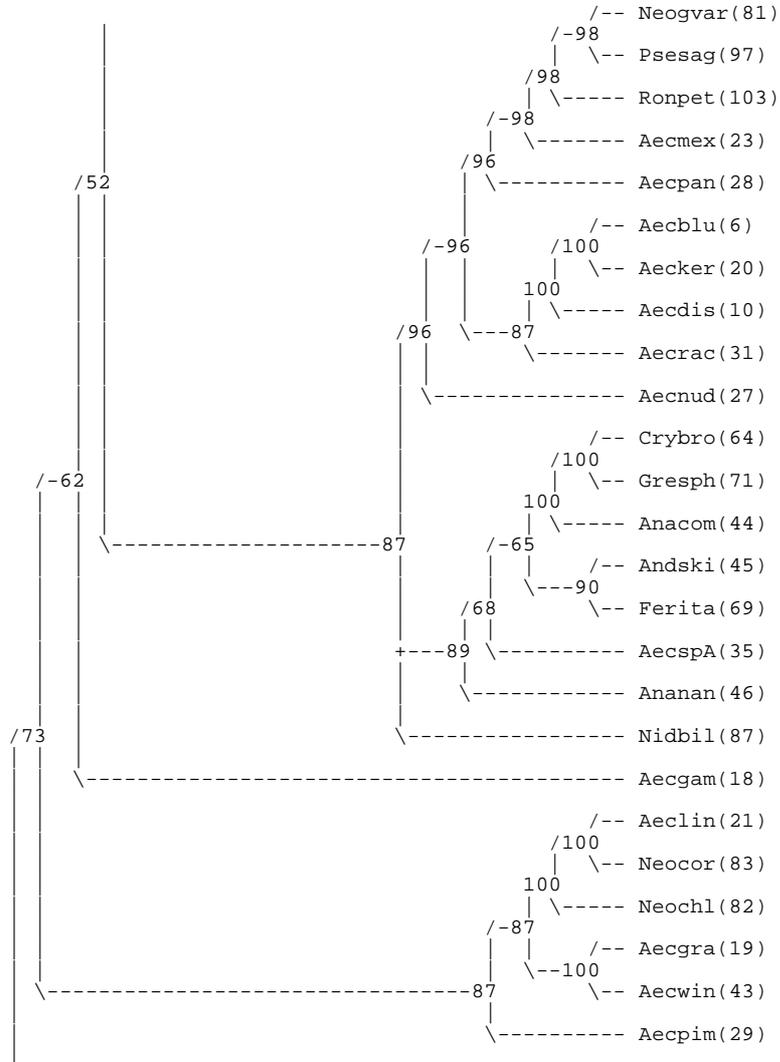
Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den *most parsimonious* Bäumen) mit 30 Merkmalen des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs (50% *majority-rule-tree*, Teil 1/3).



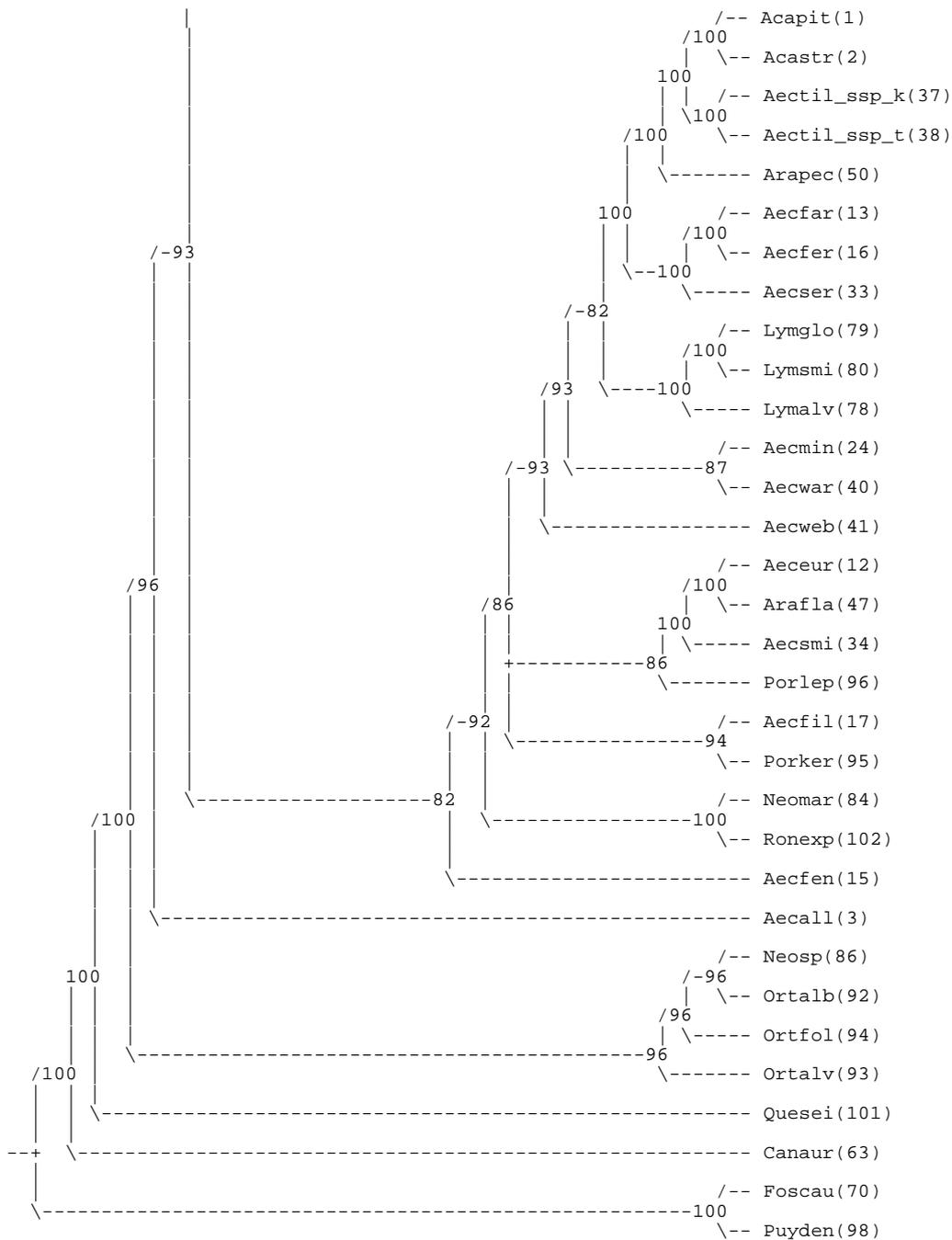
Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche mit 30 Merkmalen des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs (50% majority-rule-tree, Teil 2/3).



Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche mit 30 Merkmalen des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs (50% majority-rule-tree, Teil 3/3).



Processing of file
 "~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191502529_27008/input_user//user_paup_job.t
 xt" completed.

paup>

Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

Befehlssyntax des PAUP-Blocks und Ergebnis der Bootstrap-Analyse mit Datensatz I (30 Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs).

[PAUP-Block:]

```
begin paup;
bootstrap nrep=1000 search=heuristic/ nchuck=10 chucklen=10;
outgroup Puyden Foscau;
set opt=DELTRAN maxtrees=1000 increase=no outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;
savetree file=rhinalitBT5;
end;
```

[Logfile der Bootstrap-Analyse:]

```
P A U P *
Portable version 4.0b10 for Unix
Thu Oct 4 14:32:45 2007
```

```
-----NOTICE-----
This is a beta-test version. Please report any crashes,
apparent calculation errors, or other anomalous results.
There are no restrictions on publication of results obtained
with this version, but you should check the WWW site
frequently for bug announcements and/or updated versions.
See the README file on the distribution media for details.
-----
```

```
Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191503350_27244/input_user//user_paup_job.t
xt" begins...
```

```
Data matrix has 105 taxa, 30 characters
Valid character-state symbols: 0123456
Missing data identified by '?'
```

```
Bootstrap method with heuristic search:
Number of bootstrap replicates = 1000
Starting seed = 1345749731
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
Of 30 total characters:
  All characters are of type 'unord'
  All characters have equal weight
  All characters are parsimony-informative
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
Addition sequence: simple (reference taxon = Acapit)
Number of trees held at each step during stepwise addition = 1
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Steepest descent option not in effect
No more than 10 trees of score (length) greater than or equal to 10 will be
saved
Initial 'MaxTrees' setting = 100
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
Trees are unrooted
```

```
Elapsed Taxa  Rearr.  -- Number of trees --  Best
time added  tried  saved  left-to-swap  tree(s)
```

```
-----
0:01:00 Bootstrap replicate 44...
0:01:00 105 1985088 10 6 340
0:01:00 - 3368153 0 0 340
0:02:00 Bootstrap replicate 92...
0:02:00 105 952420 10 9 355
0:02:01 - 4168447 0 0 354
0:03:01 Bootstrap replicate 135...
0:03:01 105 1432100 10 8 281
0:03:01 - 3438549 0 0 281
0:04:01 Bootstrap replicate 181...
0:04:01 105 1667245 10 6 359
0:04:02 - 2906012 0 0 359
0:05:02 Bootstrap replicate 227...
0:05:02 105 1906643 10 8 248
```

Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

0:05:03	-	5081706	0	0	247
0:06:03	Bootstrap replicate 272...				
0:06:03	105	270102	10	10	323
0:06:04	-	3309262	0	0	316
0:07:04	Bootstrap replicate 319...				
0:07:04	105	5131666	10	1	258
0:07:04	-	5378748	0	0	258
0:08:04	Bootstrap replicate 365...				
0:08:04	105	1915846	10	8	319
0:08:05	-	5633011	0	0	318
0:09:05	Bootstrap replicate 409...				
0:09:05	105	3588555	10	6	329
0:09:06	-	6962586	0	0	328
0:10:06	Bootstrap replicate 455...				
0:10:06	105	2630518	10	3	221
0:10:06	-	3324252	0	0	221
0:11:06	Bootstrap replicate 503...				
0:11:06	105	5774407	10	10	260
0:11:07	-	9169682	0	0	260
0:12:07	Bootstrap replicate 551...				
0:12:07	105	707380	10	10	256
0:12:08	-	6495335	0	0	250
0:13:08	Bootstrap replicate 598...				
0:13:08	105	1973249	10	6	364
0:13:09	-	5814047	0	0	363
0:14:09	Bootstrap replicate 644...				
0:14:09	105	1249068	10	10	309
0:14:10	-	4430715	0	0	309
0:15:10	Bootstrap replicate 689...				
0:15:10	105	5054023	10	2	283
0:15:10	-	5430678	0	0	283
0:16:10	Bootstrap replicate 736...				
0:16:10	105	2789061	10	9	314
0:16:11	-	4942812	0	0	314
0:17:11	Bootstrap replicate 781...				
0:17:11	105	612776	10	10	293
0:17:12	-	4956011	0	0	290
0:18:12	Bootstrap replicate 830...				
0:18:12	105	1501996	10	8	348
0:18:12	-	3750715	0	0	348
0:19:12	Bootstrap replicate 876...				
0:19:12	105	1139883	10	10	300
0:19:13	-	4669216	0	0	296
0:20:13	Bootstrap replicate 922...				
0:20:13	105	456607	10	10	310
0:20:14	-	4255810	0	0	308
0:21:14	Bootstrap replicate 969...				
0:21:14	105	256896	10	10	277
0:21:15	-	3664577	0	0	268
0:21:57	Bootstrap replicate 1000...				
0:21:57	105	4246212	0	0	262

1000 bootstrap replicates completed
Time used = 00:21:57 (CPU time = 00:21:50.3)

Bootstrap 50% majority-rule consensus tree

```

/----- Acapit(1)
|
+----- Acastr(2)
|
+----- Aecall(3)
|
+----- Aecaqu(4)
|
+----- Aecbam(5)
|
+----- Aecblu(6)
|
+----- Aecbro(7)
|
+----- Aeccari(8)
|
+----- Aeccha(9)
|
+----- Aecdis(10)

```

Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

|
+----- Aecemm(11)
|
+----- Aeccur(12)
|
+----- Aecfar(13)
|
+----- Aecfas(14)
|
+----- Aecfen(15)
|
+----- Aecfer(16)
|
+----- Aecfil(17)
|
+----- Aecgam(18)
|
+----- Aecgra(19)
|
+----- Aecker(20)
|
+----- Aeclin(21)
|
+----- Aeclon(22)
|
+----- Aecmex(23)
|
+----- Aecmin(24)
|
+----- Aecmul(25)
|
+----- Aecnid(26)
|
+----- Aecnud(27)
|
+----- Aecpan(28)
|
+----- Aecpim(29)
|
+----- Aecpur(30)
|
+----- Aecrac(31)
|
+----- Aecrub(32)
|
+----- Aecser(33)
|
+----- Aecsmi(34)
|
+----- AecspA(35)
|
+----- Aespb(36)
|
| /----- Aectil_ssp_k(37)
+----- 81-----+
| \----- Aectil_ssp_t(38)
|
+----- Aectri(39)
|
+----- Aecwar(40)
|
+----- Aecweb(41)
|
+----- Aecwei(42)
|
+----- Aecwin(43)
|
+----- Anacom(44)
|
+----- Andski(45)
|
+----- Ananan(46)
|
+----- Arafla(47)
|
+----- Aragoe(48)

Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

|
+----- Arapar(49)
|
+----- Arapec(50)
|
+----- Billchl(51)
|
+----- Billeup(52)
|
+----- Billhor(53)
|
+----- Billmac(54)
|
+----- Billpyr(55)
|
+----- Billsau(56)
|
+----- Bill_sp(57)
|
+----- Billvir(58)
|
+----- Brobal(59)
|
+----- Bronip(60)
|
+----- Bropin(61)
|
+----- Broser(62)
|
+----- Canaur(63)
|
+----- Crybro(64)
|
+----- Deiurb(65)
|
+----- Edmalv(66)
|
+----- Edmlin(67)
|
+----- Fasbic(68)
|
+----- Ferita(69)
|
+----- Foscau(70)
|
+----- Gresph(71)
|
+----- Hohcor(72)
|
+----- Hohdis(73)
|
+----- Hohhum(74)
|
+----- Hohros(75)
|
+----- Hohste(76)
|
+----- Hohutr(77)
|
+----- Lymalv(78)
|
| /----- Lymglo(79)
+----- 68-----+
| \----- Lymsmi(80)
|
+----- Neogvar(81)
|
+----- Neochl(82)
|
+----- Neocor(83)
|
+----- Neomar(84)
|
+----- Neopin(85)
|
+----- Neosp(86)

Anhang A7.1 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz I)

```
|
+----- Nidbil(87)
|
+----- Nidino(88)
|
+----- Nidreg(89)
|
+----- Nidrut(90)
|
+----- Ochcar(91)
|
+----- Ortalb(92)
|
+----- Ortalv(93)
|
+----- Ortfol(94)
|
+----- Porker(95)
|
+----- Porlep(96)
|
+----- Psesag(97)
|
+----- Puyden(98)
|
+----- Quelat(99)
|
+----- Quelib(100)
|
+----- Quesei(101)
|
+----- Ronexp(102)
|
+----- Ronpet(103)
|
+----- Urstui(104)
|
\----- Witsmi(105)
```

Outgroup status changed:
2 taxa transferred to outgroup
Total number of taxa now in outgroup = 2
Number of ingroup taxa = 103

MaxTrees reset to 1000

Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191503350_27244/input_user//user_paup_job.t
xt" completed.

paup>

Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

Anhang A7.2: Datensätze, Befehlssyntax und Log-files für die Parsimonie-Analysen morphologischer Merkmale.

Die in diesem Anhang verwendeten Abkürzungen der Taxa setzen sich aus den ersten drei Buchstaben der Gattungsnamens und des Artepithetons zusammen, ggf. ergänzt um das Kürzel ssp. oder var. sowie den ersten Buchstaben des infrapopulativen Epithetons.

Datensatz II: Merkmalsmatrix für die PAUP-Analysen mit 30 morphologischen Merkmalen des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs sowie fünf weiteren Merkmalen des floralen Bereichs:

```
#NEXUS
begin data;
dimensions ntax=105 nchar=35;
format missing=? Symbols="0123456" datatype=standard;
matrix
[Char.-Nr.      0000000001111111112222222222333333
12345678901234567890123456789012345]
Acapit      0130111111010110200010102221011001
Acastr      00102110101031210200000001210001000
Aecall      0020010111010110231110001110000020
Aecaqu      003000?11110100?0251011000110000010
Aecbam      003000?111101011025111100?010000011
Aecblu      0030011110114021025012000?010100010
Aecbro      003002201011300?0221000001220000010
Aeccari     00300221101100210221000000210001020
Aeccha      003001001101100?0241100101111000010
Aecdis      0010002111114011014111000?010000010
Aecemm      003001?11010100?02210100000110000110
Aeccur      003000?01010100?0241111000110010020
Aecfar      001000?01111300?0251000001110000011
Aecfas      00100121101030110241100000110000130
Aecfen      001001011110100?023101000?010000020
Aecfer      10010110111100?0221000001110000011
Aecfil      000000?11111100?02310200000110000121
Aecgam      001001211111400?025121100?010000020
Aecgra      001000?11111400?025112000?010000011
Aecker      003001110124011024112100?010000020
Aeclin      003001011110100?024112000?010000131
Aeclon      010001011110100?0221000001111011000
Aecmex      001001001111100?0231111000110010011
Aecmin      101001?11111200?0231000000110000010
Aecmul      003000?11100100?0241011001110000010
Aecnid      000000211110100?0231000000110001030
Aecnud      002001111101011025111000?010000010
Aecpan      003001111111011023110000?010000011
Aecpim      002001?111102011025112000?010000020
Aecpur      002000211110400?0221000000110000010
Aecrac      1030011111110111241110000110000030
Aecrub      003001?11110100?0241100000110000010
Aecser      003000?11111000?0221000001110100021
Aecsmi      001000?11011000?0241111000110000020
AecspA      00300111110200?021101000?010000000
Aespb      003000?0111010210251010000110000010
Aectil_ssp_k 0030011111110210230200001110000000
Aectil_ssp_t 0030011111110210230200002110000000
Aectri      001001?01100000?0221000000210001010
Aecwar      001201?1111110011251000000110000030
Aecweb      001000011011100?0231010000110000010
Aecwei      001201?11110100?0241010000111000020
Aecwin      003000011010400?025112000?010000010
Anacom      000101?01???00?021111010?010001000
Andski      003001101100100?021121100?010000040
Ananan      000101?01???00?025111000?010000000
Arafla      000010?01011100?0011110000110000000
Aragoe      000000?1110000210021000001110000010
Arapar      000010?010110020001120000?010000010
Arapec      000010?11011100?0010000001110000000
Billchl     020201111120102002312210011200000011
Billeup     0201011111110110251221001110010010
```

Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

Billhor	020101111111400?0231221001111000010
Billmac	020100?1112010200251221000110000010
Billpyr	0220011111110210241221001110010011
Billsau	020200?1112040210251221001110000010
Bill_sp	020200?111101020025121100?010000010
Billvir	020000?11110100?0231210000110000020
Brobal	002202211112100?023122100?010000000
Bronip	002202201212100?025121100?021010001
Bropin	02202211112100?023122100?011010000
Broser	002202201112100?023122100?011010000
Canaur	000001101110300?023112100?010000020
Crybro	010000?011104021021111011?021111000
Deiurb	000002201111100?025121111?001000001
Edmalv	000002201110300?024001000?010000030
Edmlin	000000?11110300?025001000?010010030
Fasbic	011000?01110100?025122100?011000000
Ferita	1010011111104032022021100?010010000
Foscau	100001100110200?0?5132100?010000020
Gresph	002000?01120100?022021111?011011000
Hohcor	00300220111031110231011000120000011
Hohdis	0000022011103111023100000?010000010
Hohhum	0010022011003111020100000?010010010
Hohros	00100220111031110221000000110001010
Hohste	00100120110031110231000000110000010
Hohutr	0010022011003111023100000?010000010
Lymalv	010000?1111110310111000000110000010
Lymglo	0100111111141300131000000110000020
Lymsmi	0100111011114030012100000?010000020
Neogvar	001001011111200?021010000?020010011
Neochl	000000?11111100?024112000?010000020
Neocor	001200?11110100?024112000?010000120
Neomar	000000?11111100?023111000?011000020
Neopin	001000?011101021025112000?010000040
Neosp	001000?01110100?025111001?020010021
Nidbil	000001111110100?025111000?010000030
Nidino	000000?11110100?025112000?010000030
Nidreg	000000?111101031025111100?010000030
Nidrut	000000?01110100?025111100?010000030
Ochcar	012000?11220100?025022100?011010010
Ortalb	010000?011101111023111000?010010021
Ortalv	000001?011001111023111000?010000020
Ortfol	000000?011101111023111100?010000021
Porker	103001001111100?0241011000110000121
Porlep	103000?11111100?0231011001110000020
Psesag	00100100111??0??021111001?021000011
Puyden	101001100110200?0?3111100?010000040
Quelat	001000?111103011025111100?010001010
Quelib	001000?111103011025111100?010000011
Quese	0010010011103011025111100?010000120
Ronexp	01000000111200?022101000?011001030
Ronpet	010001011111200?022101000?010010131
Urstui	00102021111100?0251111001110010050
Witsmi	000030?111104011025111100?010001041

;
end;

Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

Befehlssyntax des PAUP-Blocks und Log-files der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach most parsimonious Bäumen) mit Datensatz II (30 Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, sowie fünf weitere Merkmale des floralen Bereichs).

[PAUP-Block:]

```
begin paup;
hsearch nchuck=10 chucklen=10;
set opt=DELTRAN maxtrees=1000 increase=no outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;

hsearch start=current nchuck=15000 chucklen=15000;
outgroup Foscau Puyden;
roottrees outroot=monophyl;
Pscores 1/ TL=yes CI=yes RI=yes RC=yes HI=yes;
contree/ majrule=yes grpfreq=no;
savetree file=HS35cons.tre;
end;
```

[Logfile der PAUP-Analyse:]

```
P A U P *
Portable version 4.0b10 for Unix
Thu Oct 4 15:02:13 2007
Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191505118_27592/input_user//user_paup_job.t
xt" begins...
```

```
Data matrix has 105 taxa, 35 characters
Valid character-state symbols: 0123456
Missing data identified by '?'
```

```
Heuristic search settings:
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
Of 35 total characters:
  All characters are of type 'unord'
  All characters have equal weight
  All characters are parsimony-informative
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
Addition sequence: simple (reference taxon = Acapit)
Number of trees held at each step during stepwise addition = 1
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Steepest descent option not in effect
No more than 10 trees of score (length) greater than or equal to 10 will be
saved
Initial 'MaxTrees' setting = 100
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
Trees are unrooted
```

```
Heuristic search completed
Total number of rearrangements tried = 3000448
Score of best tree(s) found = 444
Number of trees retained = 10
Time used = <1 sec (CPU time = 0.64 sec)
```

```
MaxTrees reset to 1000
```

```
Heuristic search settings:
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
Of 35 total characters:
  All characters are of type 'unord'
  All characters have equal weight
  All characters are parsimony-informative
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Initial swapping on 10 trees already in memory
Steepest descent option not in effect
No more than 15000 trees of score (length) greater than or equal to 15000
will be saved
```

Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

'MaxTrees' setting = 1000 (will not be increased)
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
Trees are unrooted

10 non-binary starting trees arbitrarily dichotomized before branch swapping
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #10 (score=442)
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #19 (score=440)
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #17 (score=439)
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #26 (score=437)

Elapsed time	Taxa added	Rearr. tried	-- Number of trees saved	-- Best left-to-swap	tree(s)
0:01:00	-	274527946	1000	120	437
0:01:06	-	302711350	1000	0	437

Heuristic search completed
Total number of rearrangements tried = 302711350
Score of best tree(s) found = 437
Number of trees retained = 1000
Note: Effectiveness of search may have been diminished due to tree-buffer overflow.
Time used = 00:01:06 (CPU time = 00:01:06.0)

Outgroup status changed:
2 taxa transferred to outgroup
Total number of taxa now in outgroup = 2
Number of ingroup taxa = 103

1000 trees converted from unrooted to rooted.

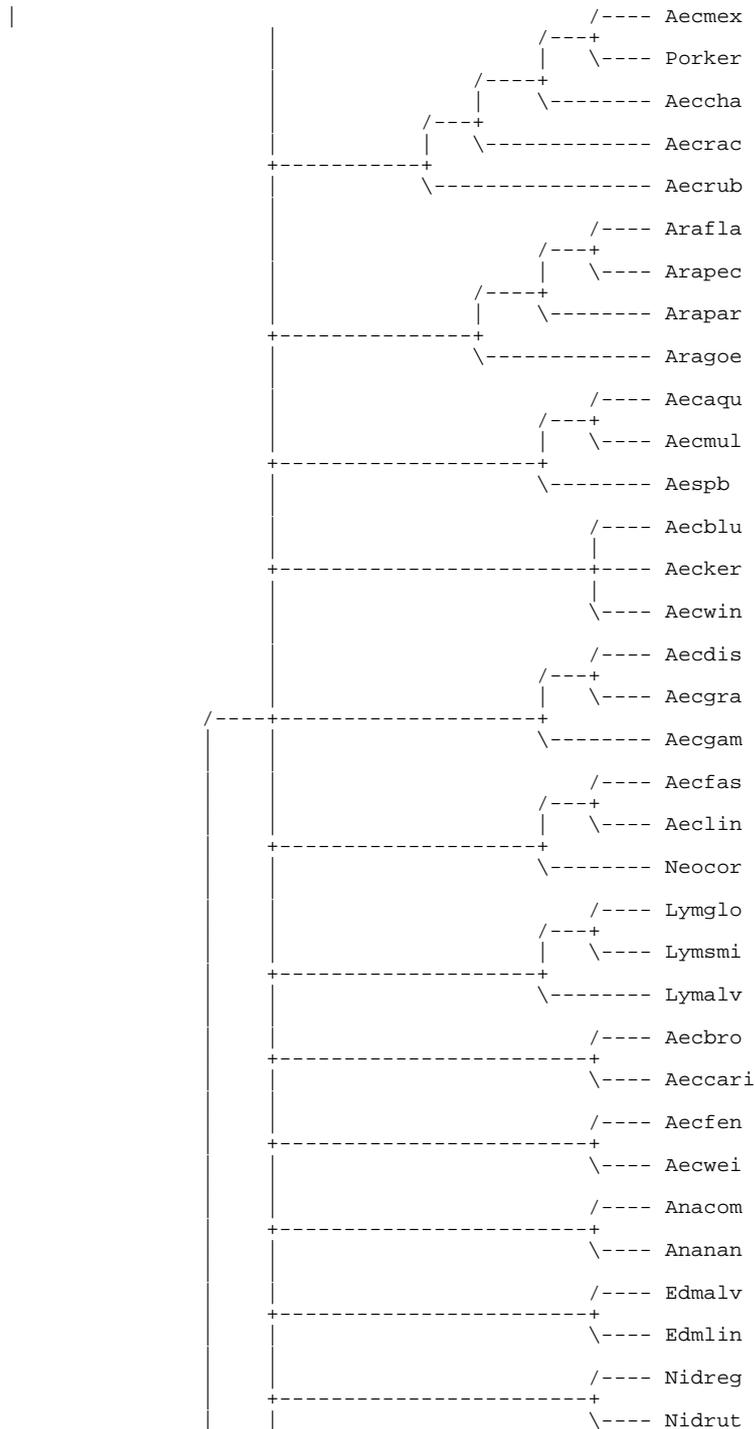
Lengths and fit measures of trees in memory:
Character-status summary:
Of 35 total characters:
All characters are of type 'unord'
All characters have equal weight
All characters are parsimony-informative
AncStates = "standard"

Sum of min. possible lengths = 67
Sum of max. possible lengths = 918

Tree # 1
Length 437
CI 0.153
RI 0.565
RC 0.087
HI 0.847

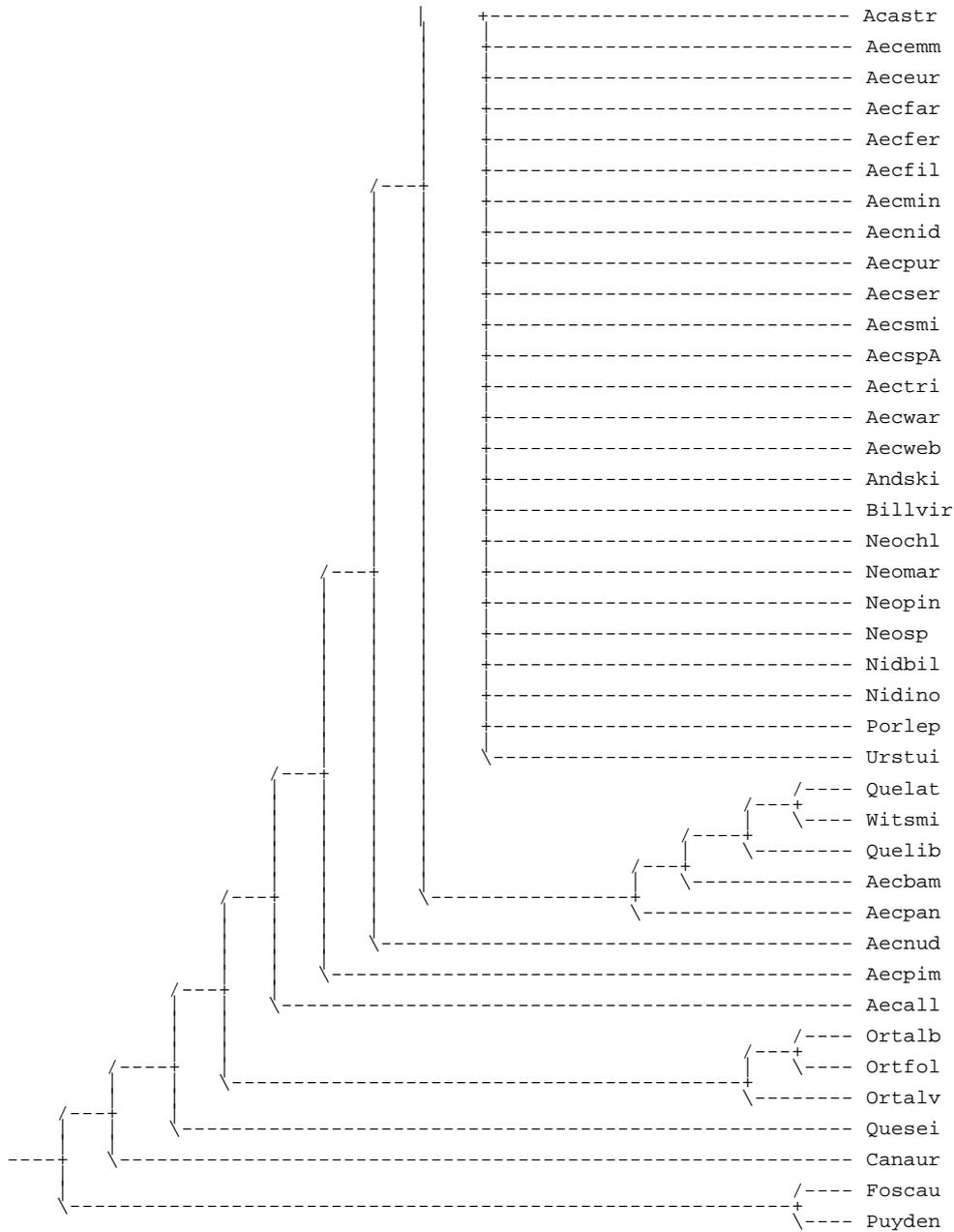
Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den most parsimonious Bäumen) mit Datensatz II (30 Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, sowie fünf weitere Merkmale des floralen Bereichs, *strict consensus-tree*, Teil 2/3).

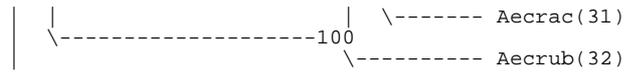


Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den most parsimonious Bäumen) mit Datensatz II (30 Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, sowie fünf weitere Merkmale des floralen Bereichs, *strict consensus-tree*, Teil 3/3).



Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)



Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

Befehlssyntax des PAUP-Blocks und Log-files der Parsimonieanalyse (Bootstrap-Analyse) mit Datensatz II (30 Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs sowie fünf weitere Merkmale des floralen Bereichs).

[PAUP-Block:]

```
begin paup;
bootstrap grpfreq=no nrep=1000 search=heuristic/ nchuck=10 chucklen=10;
outgroup Puyden Foscau;
set opt=DELTRAN maxtrees=1000 increase=no outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;
end;
```

[Logfile der Bootstrap-Analyse:]

```
P A U P *
Portable version 4.0b10 for Unix
Thu Oct 4 15:03:04 2007

Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191505169_27617/input_user//user_paup_job.t
xt" begins...
```

```
Data matrix has 105 taxa, 35 characters
Valid character-state symbols: 0123456
Missing data identified by '?'
```

```
Bootstrap method with heuristic search:
Number of bootstrap replicates = 1000
Starting seed = 6925699
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
Of 35 total characters:
All characters are of type 'unord'
All characters have equal weight
All characters are parsimony-informative
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
Addition sequence: simple (reference taxon = Acapit)
Number of trees held at each step during stepwise addition = 1
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Steepest descent option not in effect
No more than 10 trees of score (length) greater than or equal to 10 will be
saved
Initial 'MaxTrees' setting = 100
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
Trees are unrooted
```

```
Elapsed Taxa Rearr. -- Number of trees -- Best
time added tried saved left-to-swap tree(s)
```

```
-----
0:01:00 Bootstrap replicate 41...
0:01:00 105 253682 10 10 349
0:01:01 - 3175024 0 0 341
0:02:01 Bootstrap replicate 85...
0:02:01 105 6440651 10 6 327
0:02:01 - 8564696 0 0 327
0:03:01 Bootstrap replicate 130...
0:03:01 105 2338084 10 7 304
0:03:02 - 4210987 0 0 304
0:04:02 Bootstrap replicate 170...
0:04:02 105 2654560 10 2 423
0:04:02 - 3232503 0 0 423
0:05:02 Bootstrap replicate 215...
0:05:02 105 4107577 10 1 372
0:05:02 - 4150753 0 0 372
0:06:02 Bootstrap replicate 257...
0:06:02 105 2711699 10 8 405
0:06:03 - 4824018 0 0 405
0:07:03 Bootstrap replicate 296...
0:07:03 105 3576128 10 7 286
0:07:04 - 5678479 0 0 286
0:08:04 Bootstrap replicate 339...
```

Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

```

0:08:04 105 716797 10 10 453
0:08:05 - 4566544 0 0 443
0:09:05 Bootstrap replicate 386...
0:09:05 105 1384006 10 8 302
0:09:05 - 3373879 0 0 302
0:10:05 Bootstrap replicate 432...
0:10:05 105 4282704 10 7 434
0:10:06 - 8635614 0 0 433
0:11:06 Bootstrap replicate 472...
0:11:06 105 2360183 10 7 480
0:11:07 - 4356066 0 0 480
0:12:07 Bootstrap replicate 516...
0:12:07 105 4914075 10 4 322
0:12:07 - 5984819 0 0 322
0:13:07 Bootstrap replicate 561...
0:13:07 105 526287 10 10 411
0:13:10 - 9160383 0 0 400
0:14:10 Bootstrap replicate 607...
0:14:10 105 3049490 10 1 311
0:14:10 - 3170383 0 0 311
0:15:10 Bootstrap replicate 651...
0:15:10 105 6177965 10 5 335
0:15:10 - 7531004 0 0 335
0:16:10 Bootstrap replicate 694...
0:16:10 105 4302815 10 3 353
0:16:11 - 7279740 0 0 352
0:17:11 Bootstrap replicate 737...
0:17:11 105 4761533 10 10 366
0:17:12 - 7417377 0 0 366
0:18:12 Bootstrap replicate 780...
0:18:12 105 2327022 10 7 294
0:18:12 - 4237395 0 0 294
0:19:12 Bootstrap replicate 825...
0:19:12 105 1665608 10 6 301
0:19:13 - 5476405 0 0 300
0:20:13 Bootstrap replicate 872...
0:20:13 105 62480 10 10 457
0:20:15 - 3939788 0 0 439
0:21:15 Bootstrap replicate 917...
0:21:15 105 4634782 10 2 274
0:21:15 - 5045535 0 0 274
0:22:15 Bootstrap replicate 963...
0:22:15 105 6275 2 2 391
0:22:16 - 3249170 0 0 373
0:23:07 Bootstrap replicate 1000...
0:23:07 105 4055660 0 0 425

```

1000 bootstrap replicates completed
Time used = 00:23:07 (CPU time = 00:22:58.8)

Bootstrap 50% majority-rule consensus tree

```

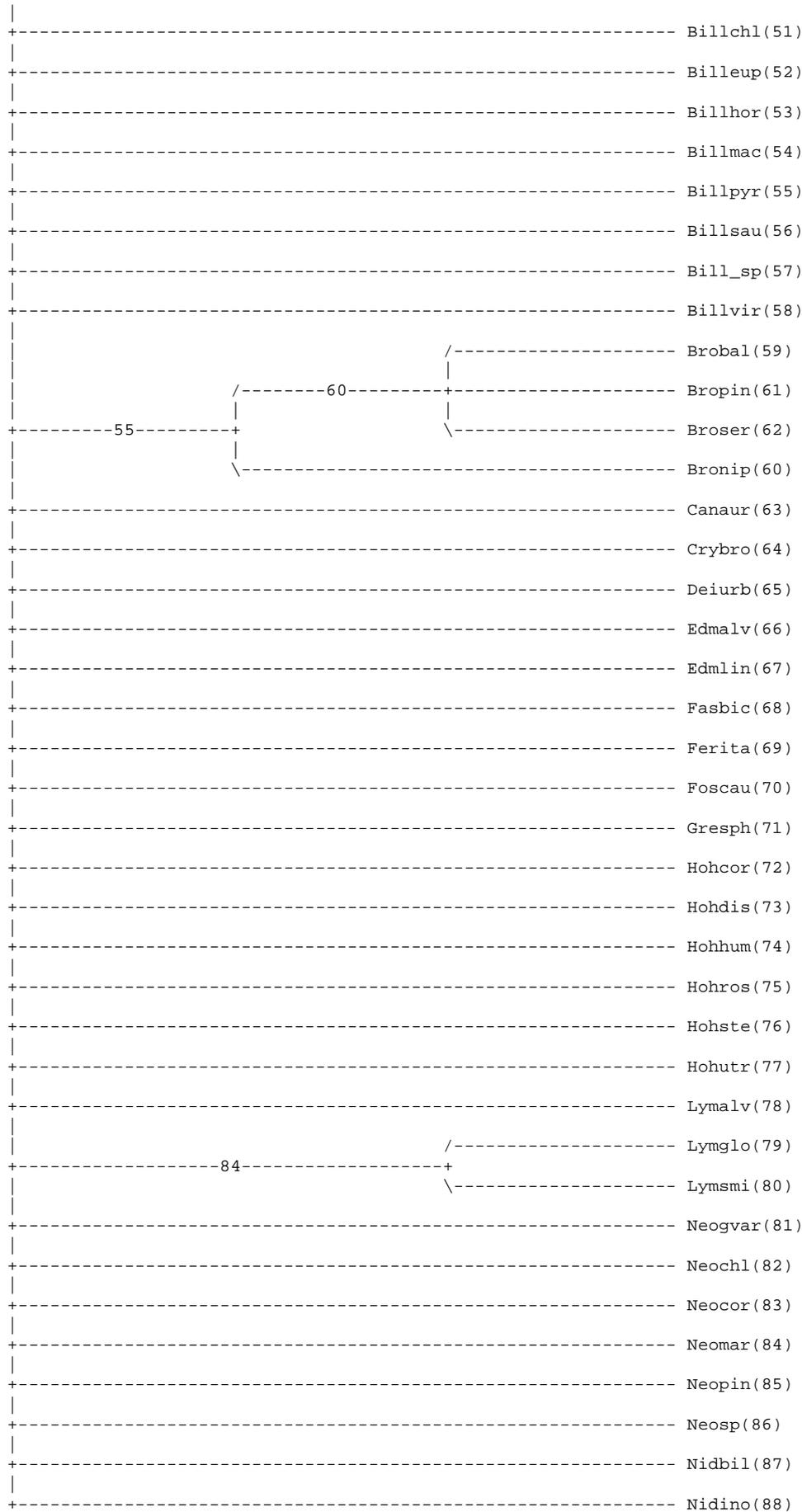
/----- Acapit (1)
|
+----- Acastr (2)
|
+----- Aecall (3)
|
+----- Aecaqu (4)
|
+----- Aecbam (5)
|
+----- Aecblu (6)
|
+----- Aecbro (7)
|
+----- Aeccari (8)
|
+----- Aeccha (9)
|
+----- Aecdis (10)
|
+----- Aecemm (11)
|
+----- Acecur (12)

```

Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

+-----		Aecfar(13)
+-----		Aecfas(14)
+-----		Aecfen(15)
+-----		Aecfer(16)
+-----		Aecfil(17)
+-----		Aecgam(18)
+-----		Aecgra(19)
+-----		Aecker(20)
+-----		Aeclin(21)
+-----		Aeclon(22)
+-----		Aecmex(23)
+-----		Aecmin(24)
+-----		Aecmul(25)
+-----		Aecnid(26)
+-----		Aecnud(27)
+-----		Aecpan(28)
+-----		Aecpim(29)
+-----		Aecpur(30)
+-----		Aecrac(31)
+-----		Aecrub(32)
+-----		Aecser(33)
+-----		Aecsmi(34)
+-----		AecspA(35)
+-----		Aespb(36)
	/-----	Aectil_ssp_k(37)
+-----87-----	+	
	\-----	Aectil_ssp_t(38)
+-----		Aectri(39)
+-----		Aecwar(40)
+-----		Aecweb(41)
+-----		Aecwei(42)
+-----		Aecwin(43)
+-----		Anacom(44)
+-----		Andski(45)
+-----		Ananan(46)
+-----		Arafla(47)
+-----		Aragoe(48)
+-----		Arapar(49)
+-----		Arapec(50)

Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)



Anhang A7.2 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz II)

```
|
+----- Nidreg(89)
|
+----- Nidrut(90)
|
+----- Ochcar(91)
|
+----- Ortalb(92)
|
+----- Ortalv(93)
|
+----- Ortfol(94)
|
+----- Porker(95)
|
+----- Porlep(96)
|
+----- Psesag(97)
|
+----- Puyden(98)
|
+----- Quelat(99)
|
+----- Quelib(100)
|
+----- Quese(101)
|
+----- Ronexp(102)
|
+----- Ronpet(103)
|
+----- Urstui(104)
|
\----- Witsmi(105)
```

Outgroup status changed:

2 taxa transferred to outgroup
Total number of taxa now in outgroup = 2
Number of ingroup taxa = 103

MaxTrees reset to 1000

Processing of file

"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191505169_27617/input_user/user_paup_job.t
xt" completed.

Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

Anhang A7.3: Datensätze, Befehlssyntax und Log-files für die Parsimonie-Analysen morphologischer Merkmale.

Die in diesem Anhang verwendeten Abkürzungen der Taxa setzen sich aus den ersten drei Buchstaben der Gattungsnamens und des Artepithetons zusammen, ggf. ergänzt um das Kürzel ssp. oder var. sowie den ersten Buchstaben des infrazepezifischen Epithetons.

Datensatz III: Merkmalsmatrix für die PAUP-Analysen mit 30 Merkmalen des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, fünf weiteren selbst untersuchten Merkmalen des floralen Bereichs und acht aus verschiedenen Literaturquellen kompilierten weiteren Merkmalen.

```
#NEXUS
begin data;
dimensions ntax=105 nchar=43;
format missing=? Symbols="0123456" datatype=standard;
matrix
[Char.-Nr.      000000000111111111222222222333333334444
1234567890123456789012345678901234567890123]
Acapit         0130011111101010200010102221011001203003
Acastr        001012110101031210200000012100010001513013
Aecall        002020101110101102311100011100000201113116
Aecaqu       0030300?11110100?0251011000110000010151211(12)
Aecbam       0030200?111101011025111100?0100000111203113
Aecblu       00302011110114021025012000?0101000101201113
Aecbro       0030202201011300?0221000001220000010150(23)110
Aeccari      0030302211011002102210000002100010201?03113
Aeccha       0030201001101100?024110010111100001012111(24)
Aecdis       00103002111114011014111000?010000010151(01)113
Aecemm       0030301?11010100?02210100001100001101213113
Aeccur       0030300?01010100?0241111000110010020151(23)113
Aecfar       0010200?01111300?02510000011100000111?0?11?
Aecfas       0010201211010301102411000001100001301211113
Aecfen       0010401011110100?023101000?0100000201511112
Aecfer       1001301101111100?02210000011100000111511114
Aecfil       0000200?11111100?02310200001100001211501112
Aecgam       0010101211111400?025121100?0100000201211113
Aecgra       0010200?11111400?025112000?0100000111201113
Aecker       00302011110124011024112100?010000020120(23)113
Aecclin      0030201011110100?024112000?0100001311?0(23)1?3
Aecclon      0100001011110100?0221000001110110001210(10)12
Aecmex       0010301001111100?0231111000110010011121(23)11(23)
Aecmin       1010201?11111200?02310000001100000101211113
Aecmul       0030?00?11100100?02410110011100000101?12113
Aecnid       0000400211110100?02310000001100010301401112
Aecnud       0020201111101011025111000?010000010121(23)113
Aecpan       0030401111111011023110000?0100000111?131?4
Aecpim       0020201?11102011025112000?0100000201213113
Aecpur       0020100211110400?02210000001100000101213113
Aecrac       103040111111101112411100001100000301311113
Aecrub       0030301?11110100?02411000001100000101403113
Aecser       0030200?11111000?02210000011101000211211113
Aecsmi       0010400?11011000?02411110001100000201211112
AecspA       0030401111110200?021101000?0100000001?031?3
Canaur       0030400?01110102102510100001100000101?031?3
Aectil_ssp_k 003020111111102102302000011100000001213112
Aectil_ssp_t 003020111111102102302000021100000001213116
Aectri       0010201?01100000?022100000021000101012111?3
Aecwar       0012301?11111100112510000001100000301?11113
Aecweb       0010300011011100?02310100001100000101213114
Aecwei       0012001?11110100?02410100001110000201411113
Aecwin       0030400011010400?025112000?0100000101213113
Anacom       0001301?01???00?021111010?0100010001212010
Andski       0030301101100100?021121100?0100000401213016
Ananan       0001001?01???00?025111000?0100000001102113
Arafla       0000010?01011100?0011110000110000000110(23)01(12)
Aragoe       0000000?1110000210021000001110000010110(23)111
Arapar       0000010?0101110020001120000?010000010110(23)111
Arapar       0000010?11011100?00100000011100000001101111
Arapar       0202201111120102002312210011200000111111113
Billchl      02012011111111011025122100111001001011111103
Billleup     0201101111111400?02312210011110000101111113
Billhor      0201200?11120102002512210001100000101111113
Billmac      0201200?11120102002512210001100000101111113
```

Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

Billpyr	022010111111110210241221001110010011111?11?
Billsau	0202200?1112040210251221001110000101111113
Bill_sp	0202100?111101020025121100?01000001011111?3
Billvir	0200100?11110100?02312100001100000201111113
Brobal	0022002211112100?023122100?010000000112010
Bronip	0022002201212100?025121100?0210100011012010
Bropin	0022002211112100?023122100?0110100001012010
Broser	0022002201112100?023122100?0110100001012010
Canaur	0000101101110300?023112100?0100000201011113
Crybro	0100000?011104021021111011?0211110001000013
Deiurb	0000002201111100?025121111?0010000011002013
Edmalv	0000302201110300?024001000?0100000301213113
Edmlin	0000300?11110300?025001000?0100100301213113
Fasbic	0110500?01110100?025122100?0110000001012005
Ferita	1010001111104032022021100?0100100001112003
Foscau	1000301100110200?0?5132100?0100000200100004
Grespha	0020500?01120100?022021111?0110110001112005
Hohcor	0030002201110311102310110001200000111402113
Hohdis	00003022011103111023100000?010000010140(23)112
Hohhum	00103022011003111020100000?01001001014021?3
Hohros	0010302201110311102210000001100010101402113
Hohste	00103012011003111023100000011000001014(01)(23)112
Hohutr	00103022011003111023100000?0100000101402113
Lymalv	0100000?11111103101110000001100000101201113
Lymglo	010001111111413001310000001100000201201113
Lymsmi	01000111011114030012100000?0100000201201113
Neogvar	0010301011111200?021010000?0200100111112113
Neochl	0000000?11111100?024112000?0100000201211113
Neocor	0012000?11110100?024112000?0100000120121113
Neomar	0000000?11111100?023111000?0110000201211113
Neopin	0010000?011101021025112000?0100000401211113
Neosp	0010000?01110100?025111001?02001002112111?3
Nidbil	0000001111110100?025111000?01000003012111?3
Nidino	0000000?11110100?025112000?010000030121(01)103
Nidreg	0000000?111101031025111100?010000030121(01)113
Nidrut	0000000?01110100?025111100?010000030121(01)113
Ochcar	0120000?11220100?025022100?0110100101112005
Ortalb	0100400?011101111023111000?0100100211412013
Ortalv	0000401?011001111023111000?0100000201412013
Ortfol	0000400?011101111023111100?0100000211412013
Porker	1030301001111100?02410110001100001211412113
Porlep	1030400?11111100?02310110011100000201412113
Psesag	001000100111?0?0?021111001?021000011150(02)01(34)
Puyden	1010301100110200?0?3111100?0100000400102014
Quelat	0010200?111103011025111100?0100010101210113
Quelib	0010200?111103011025111100?0100000111211113
Quesei	00102010011103011025111100?010000120121(01)113
Ronexp	0100000001111200?022101000?011001030120(01)106
Ronpet	0100001011111200?022101000?010010131120(01)116
Urstui	0010202211111100?02511110011100100501203016
Witsmi	0000300?111104011025111100?010001041121(01)113

;

end;

Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

Befehlsyntax des PAUP-Blocks und Log-files der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den most parsimonious Bäumen) mit Datensatz III (30 Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, fünf weiterer selbst untersuchter Merkmale des floralen Bereichs und acht aus verschiedenen Literaturquellen kompilierten weiteren Merkmalen).

[PAUP-Block:]

```
begin paup;
hsearch nchuck=10 chucklen=10;
set opt=DELTRAN maxtrees=1000 increase=no outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;

hsearch start=current nchuck=15000 chucklen=15000;
outgroup Foscau Puyden;
roottrees outroot=monophyl;
Pscores 1/ TL=yes CI=yes RI=yes RC=yes HI=yes;
contree/ majrule=yes grpfreq=no;
savetree file=HScons.tre;
end;
```

[Logfile der PAUP-Analyse:]

```
P A U P *
Portable version 4.0b10 for Unix
Thu Oct 4 15:06:26 2007

    Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191505371_27691/input_user//user_paup_job.t
xt" begins...

Data matrix has 105 taxa, 43 characters
Valid character-state symbols: 0123456
Missing data identified by '?'

Heuristic search settings:
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
  Of 43 total characters:
    All characters are of type 'unord'
    All characters have equal weight
    All characters are parsimony-informative
  Multistate taxa interpreted as uncertainty
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
Addition sequence: simple (reference taxon = Acapit)
Number of trees held at each step during stepwise addition = 1
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Steepest descent option not in effect
No more than 10 trees of score (length) greater than or equal to 10 will be
saved
Initial 'MaxTrees' setting = 100
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
Trees are unrooted

Heuristic search completed
Total number of rearrangements tried = 3423928
Score of best tree(s) found = 588
Number of trees retained = 10
Time used = <1 sec (CPU time = 0.76 sec)

MaxTrees reset to 1000

Heuristic search settings:
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
  Of 43 total characters:
    All characters are of type 'unord'
    All characters have equal weight
    All characters are parsimony-informative
  Multistate taxa interpreted as uncertainty
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Initial swapping on 10 trees already in memory
Steepest descent option not in effect
No more than 15000 trees of score (length) greater than or equal to 15000
will be saved
```

Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

'MaxTrees' setting = 1000 (will not be increased)
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
Trees are unrooted

10 non-binary starting trees arbitrarily dichotomized before branch swapping

'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #11 (score=588)
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #15 (score=586)
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #24 (score=584)
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #33 (score=583)
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #32 (score=582)
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #36 (score=581)
'MaxTrees' limit (1000) hit while swapping on tree #38 (score=580)

Elapsed time	Taxa added	Rearr. tried	-- Number of trees -- saved	Best left-to-swap	tree(s) tree(s)
0:01:00	-	275905165	1000	245	580
0:01:11	-	326754245	1000	0	580

Heuristic search completed

Total number of rearrangements tried = 326754245
Score of best tree(s) found = 580
Number of trees retained = 1000
Note: Effectiveness of search may have been diminished due to tree-buffer
overflow.
Time used = 00:01:11 (CPU time = 00:01:10.8)

Outgroup status changed:

2 taxa transferred to outgroup
Total number of taxa now in outgroup = 2
Number of ingroup taxa = 103

1000 trees converted from unrooted to rooted.

Lengths and fit measures of trees in memory:

Character-status summary:

Of 43 total characters:

All characters are of type 'unord'
All characters have equal weight
All characters are parsimony-informative

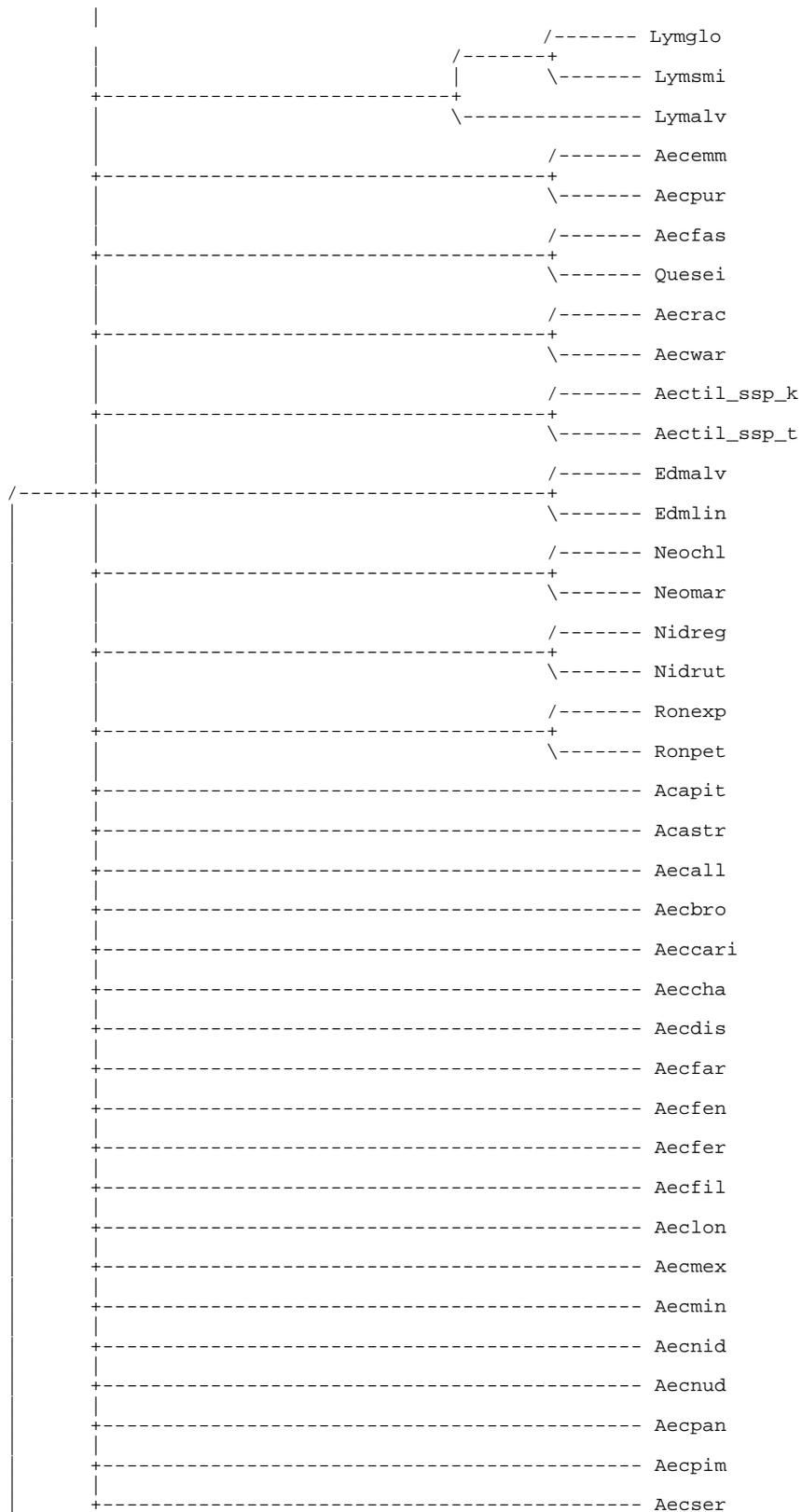
Multistate taxa interpreted as uncertainty
AncStates = "standard"

Sum of min. possible lengths = 89
Sum of max. possible lengths = 1202

Tree # 1
Length 580
CI 0.153
RI 0.559
RC 0.086
HI 0.847

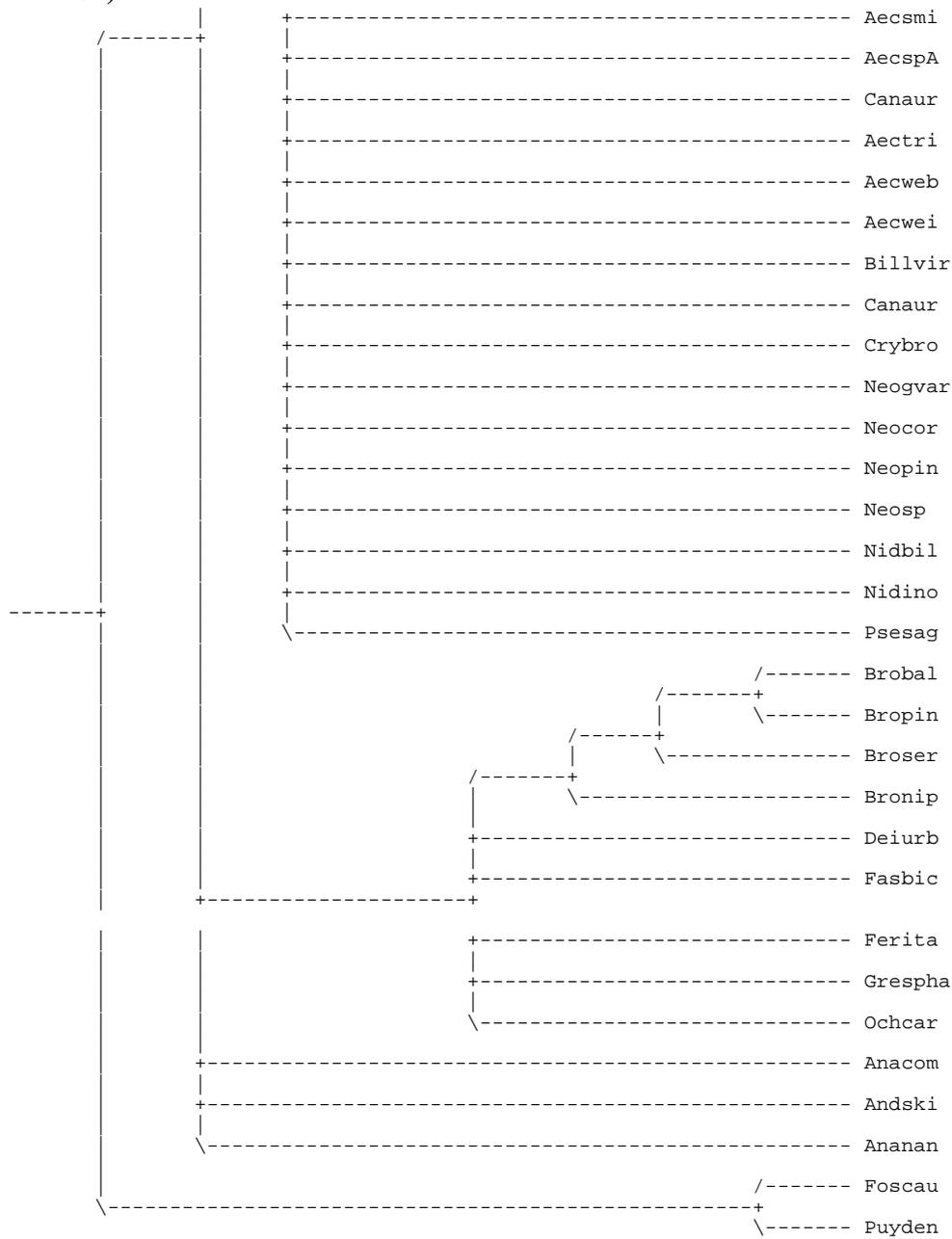
Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den *most parsimonious* Bäumen) mit Datensatz II (43Merkmale des Fruchtknoten-, Samenanlagen und weiteren floralen Bereichs sowie weiterer aus Literaturquellen erschlossener Merkmale, *strict consensus-tree*, Teil 2/3).



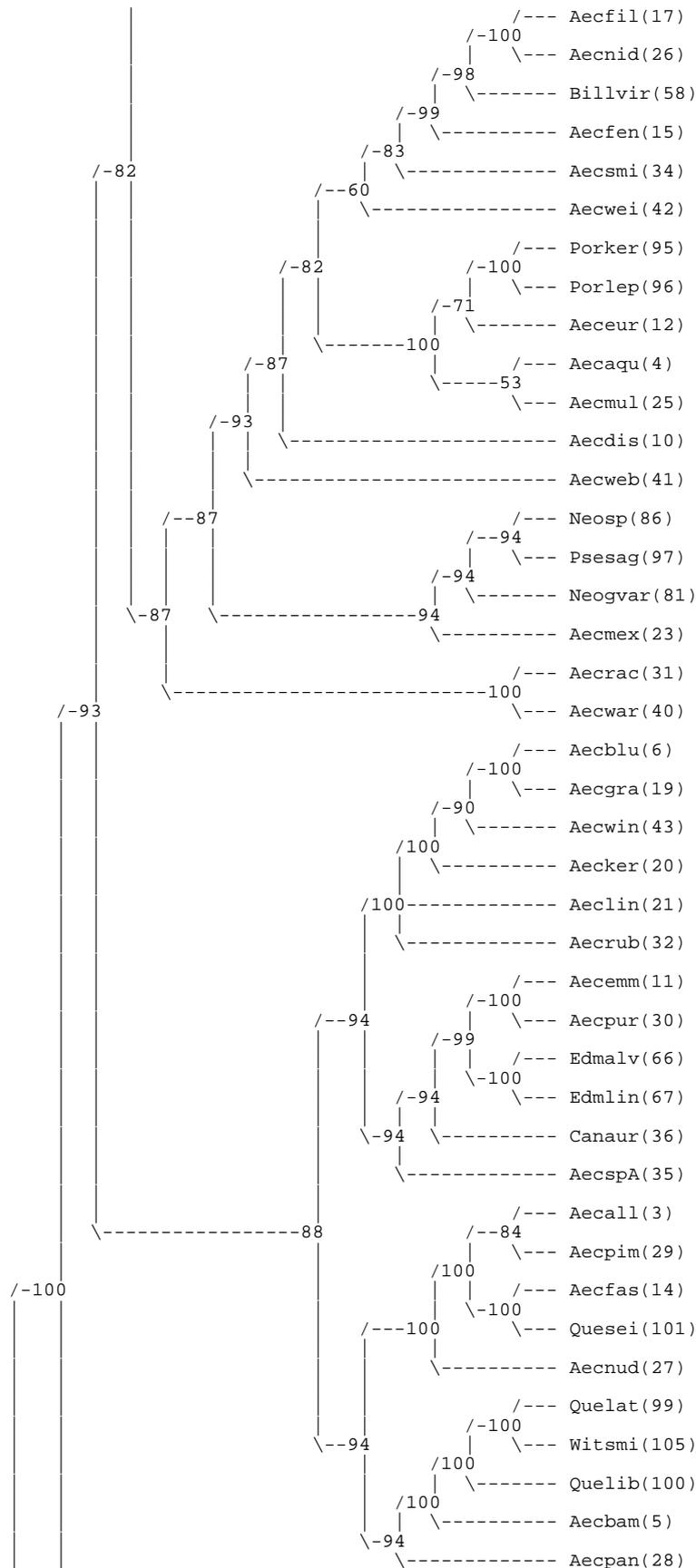
Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den *most parsimonious* Bäumen) mit Datensatz II (43Merkmale des Fruchtknoten-, Samenanlagen und weiteren floralen Bereichs sowie weiterer aus Literaturquellen erschlossener Merkmale, *strict consensus-tree*, Teil 3/3).



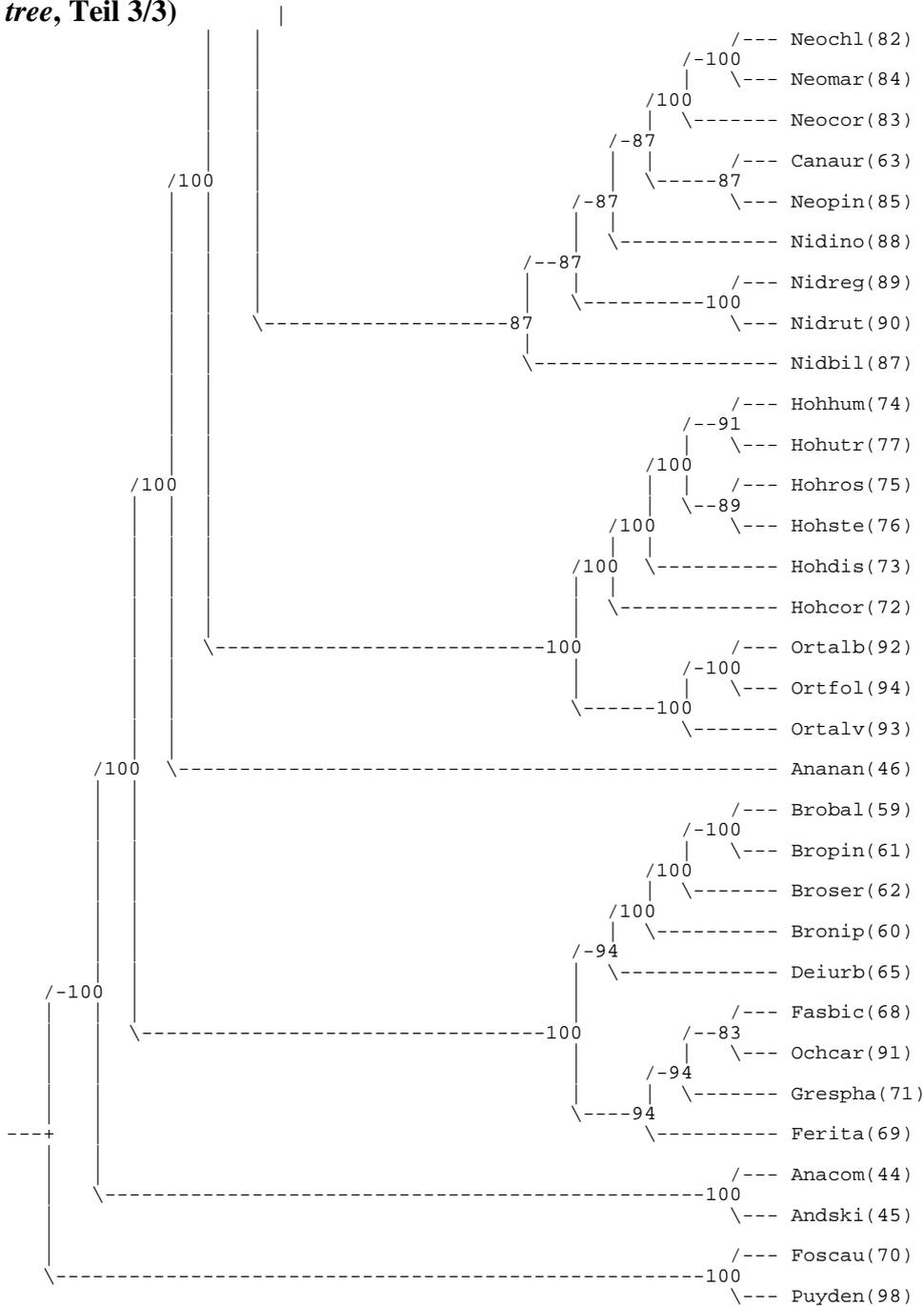
Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den *most parsimonious* Bäumen) mit Datensatz II (43Merkmale des Fruchtknoten-, Samenanlagen und weiteren floralen Bereichs sowie weiterer aus Literaturquellen erschlossener Merkmale, 50%-majority-rule-tree, Teil 2/3)



Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

Ergebnisse der Parsimonieanalyse (Heuristische-Suche nach den *most parsimonious* Bäumen) mit Datensatz II (43Merkmale des Fruchtknoten-, Samenanlagen und weiteren floralen Bereichs sowie weiterer aus Literaturquellen erschlossener Merkmale, 50%-majority-rule-tree, Teil 3/3)



1000 trees saved to file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191505371_27691/paup_exec/1/HS43cons.tre"

Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191505371_27691/input_user//user_paup_job.t
xt" completed.

paup>

Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

Befehlssyntax des PAUP-Blocks und Log-files der Parsimonieanalyse (Bootstrap-Analyse) mit Datensatz III (30 Merkmale des Fruchtknoten- und Samenanlagenbereichs, fünf weiterer selbst untersuchter Merkmale des floralen Bereichs und acht aus verschiedenen Literaturquellen kompilierten weiteren Merkmalen).

[PAUP-Block:]

```
begin paup;
bootstrap grpfreq=no nrep=1000 search=heuristic/ nchuck=10 chucklen=10;
outgroup Puyden Foscau;
set opt=DELTRAN maxtrees=1000 increase=no outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;
savetree file=rhinaHS30BT;
end;
```

[Logfile der Bootstrap-Analyse:]

```
P A U P *
Portable version 4.0b10 for Unix
Thu Oct 4 15:09:22 2007

Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191505547_27755/input_user/user_paup_job.t
xt" begins...
```

```
Data matrix has 105 taxa, 43 characters
Valid character-state symbols: 0123456
Missing data identified by '?'
```

```
Bootstrap method with heuristic search:
Number of bootstrap replicates = 1000
Starting seed = 1159050700
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
  Of 43 total characters:
    All characters are of type 'unord'
    All characters have equal weight
    All characters are parsimony-informative
Multistate taxa interpreted as uncertainty
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
Addition sequence: simple (reference taxon = Acapit)
Number of trees held at each step during stepwise addition = 1
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Steepest descent option not in effect
No more than 10 trees of score (length) greater than or equal to 10 will be
  saved
Initial 'MaxTrees' setting = 100
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
Trees are unrooted
```

Elapsed time	Taxa added	Rearr. tried	-- Number of trees -- saved	Best left-to-swap	tree(s)
0:01:00					Bootstrap replicate 39...
0:01:00	105	212858	4	4	587
0:01:01	-	3231741	0	0	571
0:02:01					Bootstrap replicate 77...
0:02:01	105	5156061	10	2	479
0:02:01	-	5549450	0	0	479
0:03:01					Bootstrap replicate 115...
0:03:01	105	3394987	10	4	450
0:03:01	-	4503604	0	0	450
0:04:01					Bootstrap replicate 154...
0:04:01	105	3191347	10	2	494
0:04:01	-	3576165	0	0	494
0:05:01					Bootstrap replicate 191...
0:05:01	105	3658230	10	10	486
0:05:03	-	9416614	0	0	482
0:06:03					Bootstrap replicate 229...
0:06:03	105	2274229	10	10	656
0:06:04	-	5066844	0	0	656
0:07:04					Bootstrap replicate 270...
0:07:04	105	2065538	10	8	413
0:07:05	-	4184165	0	0	413

Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

```

0:08:05 Bootstrap replicate 310...
0:08:05 105 3557811 10 3 599
0:08:05 - 4175082 0 0 599
0:09:05 Bootstrap replicate 350...
0:09:05 105 5226691 10 9 426
0:09:06 - 9266840 0 0 424
0:10:06 Bootstrap replicate 388...
0:10:06 105 6080571 10 2 534
0:10:06 - 6511091 0 0 534
0:11:06 Bootstrap replicate 428...
0:11:06 105 1129283 10 9 440
0:11:07 - 3019075 0 0 440
0:12:07 Bootstrap replicate 465...
0:12:07 105 3160434 10 3 488
0:12:07 - 3758481 0 0 488
0:13:07 Bootstrap replicate 502...
0:13:07 105 5173172 10 3 516
0:13:07 - 5786406 0 0 516
0:14:07 Bootstrap replicate 540...
0:14:07 105 1640477 10 10 465
0:14:08 - 5279230 0 0 463
0:15:08 Bootstrap replicate 577...
0:15:08 105 186461 10 10 469
0:15:10 - 6554671 0 0 456
0:16:10 Bootstrap replicate 616...
0:16:10 105 2491840 10 4 479
0:16:11 - 3616150 0 0 479
0:17:11 Bootstrap replicate 656...
0:17:11 105 638009 1 1 499
0:17:12 - 4823705 0 0 497
0:18:12 Bootstrap replicate 697...
0:18:12 105 4814158 10 7 600
0:18:13 - 6700208 0 0 600
0:19:13 Bootstrap replicate 735...
0:19:13 105 2572351 10 8 517
0:19:13 - 4457850 0 0 517
0:20:13 Bootstrap replicate 774...
0:20:13 105 1883128 10 5 515
0:20:14 - 3058290 0 0 515
0:21:14 Bootstrap replicate 811...
0:21:14 105 201558 10 10 621
0:21:15 - 4895860 0 0 592
0:22:15 Bootstrap replicate 850...
0:22:15 105 67939 10 10 529
0:22:17 - 4534229 0 0 508
0:23:17 Bootstrap replicate 890...
0:23:17 105 1899708 10 5 484
0:23:18 - 5824239 0 0 483
0:24:18 Bootstrap replicate 927...
0:24:18 105 5103388 10 2 426
0:24:18 - 5510823 0 0 426
0:25:18 Bootstrap replicate 963...
0:25:18 105 2854104 10 10 445
0:25:20 - 7990360 0 0 444
0:26:20 Bootstrap replicate 997...
0:26:20 105 1124793 10 7 397
0:26:21 - 3870494 0 0 396
0:26:24 Bootstrap replicate 1000...
0:26:24 105 2862300 0 0 502

```

1000 bootstrap replicates completed
Time used = 00:26:24 (CPU time = 00:26:18.3)

Bootstrap 50% majority-rule consensus tree

```

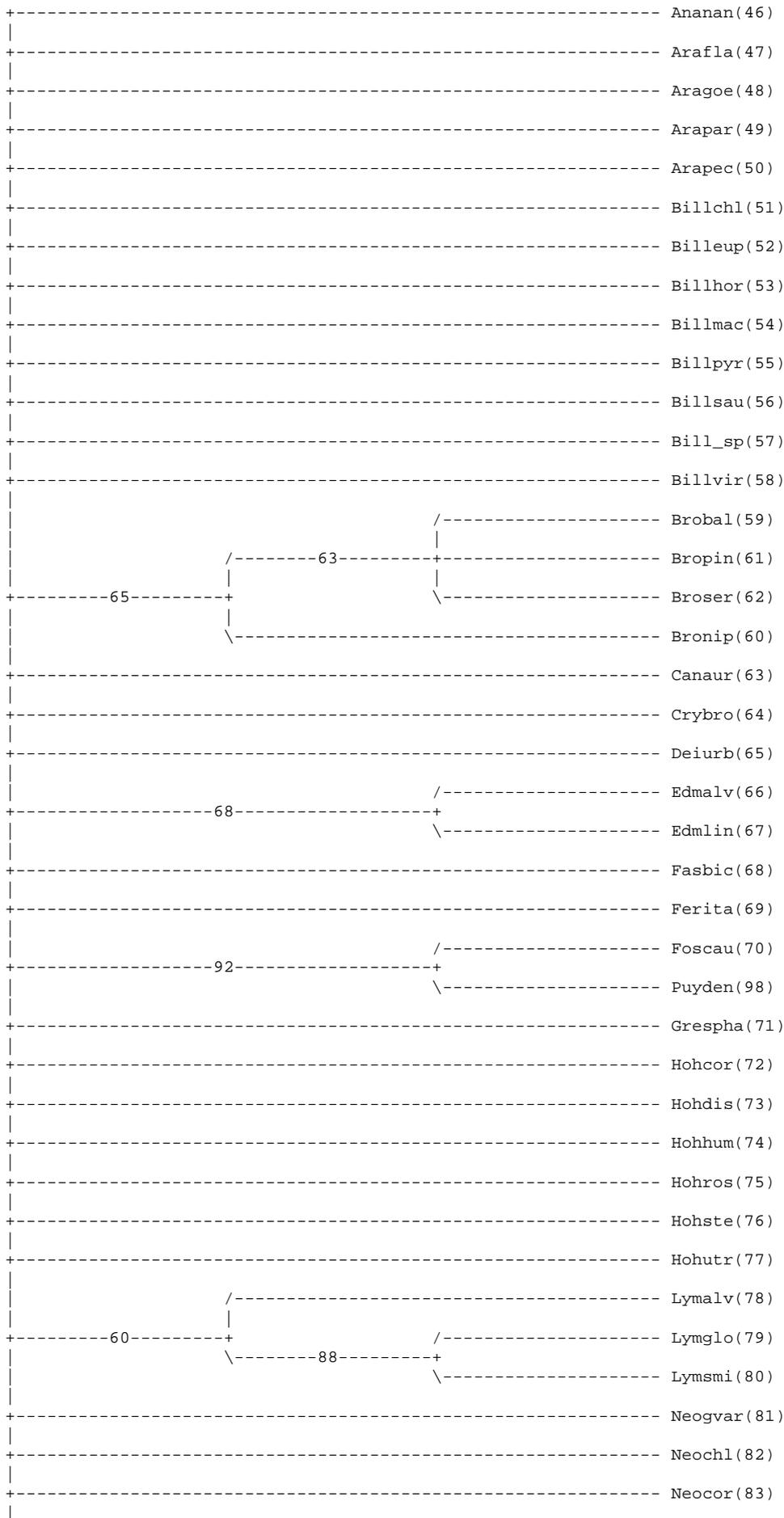
/----- Acapit(1)
|
+----- Acastr(2)
|
+----- Aecall(3)
|
+----- Aecaqu(4)
|
+----- Aecbam(5)
|
+----- Aecblu(6)
|

```

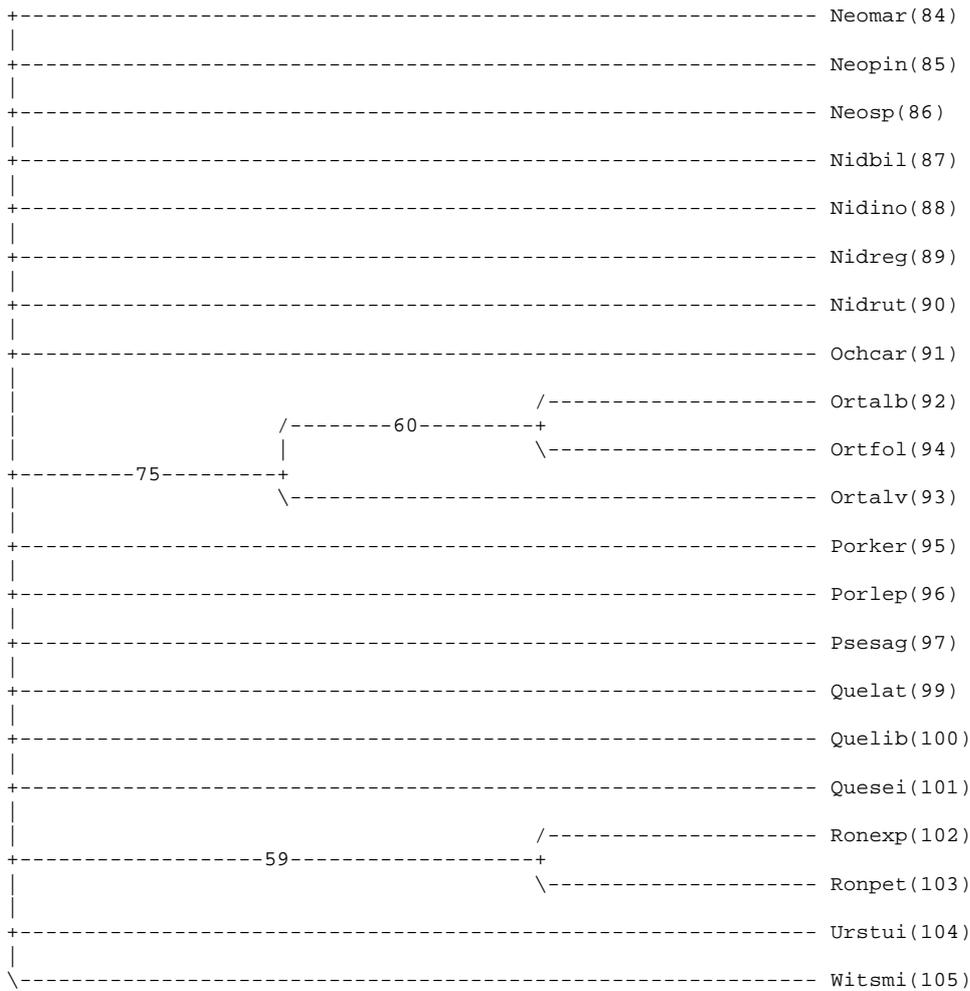
Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)

+-----	Aebro(7)
+-----	Aeccari(8)
+-----	Aeccha(9)
+-----	Aecdis(10)
+-----	Aecemm(11)
+-----	Aeceur(12)
+-----	Aecfar(13)
+-----	Aecfas(14)
+-----	Aecfen(15)
+-----	Aecfer(16)
+-----	Aecfil(17)
+-----	Aecgam(18)
+-----	Aecgra(19)
+-----	Aecker(20)
+-----	Aeclin(21)
+-----	Aeclon(22)
+-----	Aecmex(23)
+-----	Aecmin(24)
+-----	Aecmul(25)
+-----	Aecnid(26)
+-----	Aecnud(27)
+-----	Aecpan(28)
+-----	Aecpim(29)
+-----	Aecpur(30)
+-----	Aecrac(31)
+-----	Aecrub(32)
+-----	Aecser(33)
+-----	Aecsmi(34)
+-----	AecspA(35)
+-----	Canaur(36)
+-----	/----- Aectil_ssp_k(37)
+-----	+-----
+-----	\----- Aectil_ssp_t(38)
+-----	Aectri(39)
+-----	Aecwar(40)
+-----	Aecweb(41)
+-----	Aecwei(42)
+-----	Aecwin(43)
+-----	Anacom(44)
+-----	Andski(45)

Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)



Anhang A7.3 Parsimonieanalyse morphologischer Merkmale (Datensatz III)



Outgroup status changed:
 2 taxa transferred to outgroup
 Total number of taxa now in outgroup = 2
 Number of ingroup taxa = 103

MaxTrees reset to 1000

"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191505547_27755/paup_exec/1/rhinaHS30BT"

Processing of file
 "~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1191505547_27755/input_user/user_paup_job.t
 xt" completed.

paup>

Anhang A8.1: Datensätze, Befehlssyntax und Log-files für die Analysen molekularer Sequenzdaten (mit Daten aus den Regionen *matK*, 3' *trnL-trnF*, *trnK* und *psbA-trnH*) aus den Arbeiten von Schulte et al. (2005) sowie DeSouza et al. (2007) .

Die Namen der Taxa in den folgenden Abschnitten werden durch die Kombination der ersten drei Buchstaben der Gattung und des Artepithetons abgekürzt. Sequenzen, die aus der Arbeit von Schulte et al. (2005) stammen, sind durch die in Versalien gesetzten Gattungsabkürzungen gekennzeichnet, die übrigen Sequenzen stammen aus der Arbeit von DeSouza et al. (2007). Die beiden Arten *Fosterella caulescens* und *Puya densiflora* (Bromeliaceae/Pitcarinioideae) dienen in den folgenden Analysen als Außengruppentaxa.

Das den Analysen zu Grunde liegende Alignment (Dateiname: Bromelioideae_Alignment.fas) ist zusätzlich auch im FASTA-Format auf der beiliegenden CD zusammen mit den Ergebnissen der Analysen zu finden.

Ausgangsalignment molekularer Sequenzdaten (mit Daten aus den Regionen 3' *trnL-trnF*, *trnK*, *psbA-trnH*) aus den Arbeiten von Schulte et al. (2005) sowie DeSouza et al. (2007) zur Analyse der Verwandtschaftsbeziehungen ausgewählter Bromelioideae:

```
#NEXUS
[C:\DOKUME~1\HP_BES~1\Desktop\BROMIS~1\KOMPLE~1 -- data title]
```

```
[Name: FOScau      Len: 2670 Check:  0]
[Name: PUYden      Len: 2670 Check:  0]
[Name: FERita      Len: 2670 Check:  0]
[Name: RONpet      Len: 2670 Check:  0]
[Name: ARAgoe      Len: 2670 Check:  0]
[Name: ARAfla      Len: 2670 Check:  0]
[Name: ANDski      Len: 2670 Check:  0]
[Name: EDMlin      Len: 2670 Check:  0]
[Name: GREsph      Len: 2670 Check:  0]
[Name: DEIurb      Len: 2670 Check:  0]
[Name: BROser      Len: 2670 Check:  0]
[Name: ACAstr      Len: 2670 Check:  0]
[Name: FASbic      Len: 2670 Check:  0]
[Name: WITsup      Len: 2670 Check:  0]
[Name: HOHste      Len: 2670 Check:  0]
[Name: URStui      Len: 2670 Check:  0]
[Name: AECmex      Len: 2670 Check:  0]
[Name: AECrac      Len: 2670 Check:  0]
[Name: AECfar      Len: 2670 Check:  0]
[Name: AECwar      Len: 2670 Check:  0]
[Name: AECfil      Len: 2670 Check:  0]
[Name: AECgra      Len: 2670 Check:  0]
[Name: AECker      Len: 2670 Check:  0]
[Name: AECdis      Len: 2670 Check:  0]
[Name: AECnud      Len: 2670 Check:  0]
[Name: CHESph      Len: 2670 Check:  0]
[Name: NEOvar      Len: 2670 Check:  0]
[Name: ANAnan      Len: 2670 Check:  0]
[Name: ANAcom      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Aecfas      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Aecpim      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Porlep      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Aechan      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Quesla      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Lymsmi      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Aecmin      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Arparv      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Crybro      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Argoel      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Lymglo      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Lymalv      Len: 2670 Check:  0]
[Name: Aecall      Len: 2670 Check:  0]
```

```
begin data;
```

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

```
dimensions ntax=42 nchar=2670;
format datatype=dna interleave missing=? gap=-;
matrix
FOScau ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
PUYden ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
FERita ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
RONpet ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
ARAgoe ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
ARAffla ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
ANDski ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
EDMlin ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
GREsph ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
DElurb ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
BROser ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
ACAstr ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
FASbic ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
WITsup ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
HOHste ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
URStui ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
AECmex ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
AECrac ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
AECfar ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
AECwar ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
AECfil ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
AECgra ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
AECker ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
AECdis ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
AECnud ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GCACGAATTACAAGGATATT
CHEspH ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
NEOvar ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
ANAnan ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
ANAcum ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecfas ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecpim ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
Porlep ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aechan ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
Quesla ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????AT GGAAGAATTACAAGGATATT
Lymsmi CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG GCTCAAGTAGAAATGTAAT
GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecmin CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG GCTCAAGTAGAAATGTAAT
GGAAGAATTACAAGGATATT
Arparv CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG GCTCAAGTAGAAATGTAAT
GGAAGAATTACAAGGATATT
Crybro CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG GCTCAAGTAGAAATGTAAT
GGAAGAATTACAAGGATATT
Argoel CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG GCTCAAGTAGAAATGTAAT
GGAAGAATTACAAGGATATT
Lymglo CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG GCTCAAGTAGAAATGTAAT
GGAAGAATTACAAGGATATT
Lymalv CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG GCTCAAGTAGAAATGTAAT
GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecall CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG GCTCAAGTAGAAATGTAAT
GGAAGAATTACAAGGATATT

FOScau TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
PUYden TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
FERita TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
RONpet TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
ARAgoe TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
ARAffla TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
ANDski TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGCTTAAATGATTCGAT
EDMlin TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
GREsph TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
DElurb TAGAAAAATATAGATCGCG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
BROser TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCGAT
```

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

ACAstr TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTCAAT
FASbic TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
WITsup TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
HOHste TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
URStui TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
AECmex TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
AECrac TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
AECfar TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
AECwar TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
AECfil TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
AECgra TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
AECker TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
AECdis TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAGCACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCACGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
AECnud TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
CHEspH TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
NEOvar TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
ANAnan TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
ANacom TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Aecfas TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Aecpim TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Porlep TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Aechan TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Quesla TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Lymsmi TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Aecmin TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Arparv TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Crybro TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Argoel TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Lymglo TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Lymalv TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT
Aecall TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTCAGGAGTATA TTTACGCGTTTGCTCATGAT
CATGGTTTAAATGATTTCGAT

FOScau TTTTACGAACCCGTGAAAA TTATTGGTTATGACAATAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTGCAATGT
ATCAACAGAATTATTGATT
PUYden TTTTACGAACCCGTGAAAA TTATTGGTTATGACAATAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTGCAATGT
ATCAACAGAATTATTGATT
FERita TTTTACGAACCCGTGAAAA TTATTGGTTATGACAATAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTGCAATGT
ATCAACAGAATTATTGATT
RONpet TTTTACGAACCCGTGAAAA TTATTGGTTATGACAATAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTGCAATGT
ATCAACAGAATTATTGATT
ARAgoe TTTTACGAACCCGTGAAAA TTATTGGTTATGACAATAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTGCAATGT
ATCAACAGAATTATTGATT
ARafla TTTTACGAACCCGTGAAAA TTATTGGTTATGACAATAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTGCAATGT
ATCAACAGAATTATTGATT
ANDski TTTTACGAACCCGTGAAAA TTATTGGTTATGACAATAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTGCAATGT
ATCAACAGAATTATTGATT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

EDMlin TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
GREsph TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAATAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
DElurb TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAATAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
BRoser TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAATAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
ACAstr TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
FASbic TT????????CCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAATAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
WITsup TTTTATGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
HOHste TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
URStui TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
AECmex TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
AECrac TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
AECfar TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
AECwar TTTTACGAACCCGTGGAAA TTTTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
AECfil TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
AECgra TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
AECker TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
AECdis TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
AECnud TTTTATGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
CHEspH TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
NEOvar TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
ANAnan TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
ANacom TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Aecfas TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Aecpim TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Porlep TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Aechan TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Quesla TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Lymsmi TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Aecmin TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Arparv TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Crybro TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Argoel TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Lymglo TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Lymalv TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT
Aecall TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA ACGTTTAATTATTCTAGATGAT
ATCAACAGAATTATTGATT

FOScau AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACGCTTATTTTTATTCT CATTTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGGTCA
PUYden AATTCGGTTAATTATTCTAA TAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGGTCA
FERita AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATAGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGGTCA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

RONpet AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
ARAgoe AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
ARAlfa AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
ANDski AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
EDMlin AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
GRESph AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
DElurb AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
BROser AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
ACAstr AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
FASbic AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
WITsup AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
HOHste AATTCGGTTAATTATTCTAA GAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
URStui AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
AECmex AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
AECrac AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTTTTTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
AECfar AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
AECwar AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
AECfil AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
AECgra AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTTTTTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
AECker AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTTTTTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
AECdis AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
AECnud AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
CHESph AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
NEOvar AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
ANAnan AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
ANacom AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aecfas AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aecpim AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Porlep AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aechan AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Quesla AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymsmi AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTGGTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aecmin AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Arparv AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Crybro AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Argoel AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymglo AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymalv AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTTCGTTGGGC ACAACACTTATTTTTATTCT CATTTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

Aecall AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCTGGGC ACAACTTATTTTATTCT CATTTTTTCTCAGATGAT
ATCAGAAGGTTTTGCGATCA

FOScau TTGTGGAAATACCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

PUYden TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

FERita TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

RONpet TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA GATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

ARAgoe TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

ARAfla TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

ANDski TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

EDMlin TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

GREsph TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

DElurb TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

BRoser TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

ACAstr TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

FASbic TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

WITsup TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

HOHste TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

URStui TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATAACAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

AECmex TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

AECrac TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

AECfar TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

AECwar TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

AECfil TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

AECgra TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

AECker TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

AECdis TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

AECnud TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

CHEsph TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

NEOvar TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

ANAnan TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

ANacom TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT

Aecfas TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

Aecpim TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

Porlep TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAGGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

Aechan TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

Quesla TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

Lymsmi TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

Aecmin TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

Arparv TTGTGGAAATCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

Crybro TTGTGGAAATTCATTCTCG CCGCGATTAGTATCTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT
Argoel TTGTGGAAATTCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTCC CGAAGAAAAAATAACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT
Lymglo TTGTGGAAATTCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT
Lymalv TTGTAGAAATTCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA AATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT
Aecall TTGTGGAAATTCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA GATGTCAGAATTTACGATCT
ATTCATTCAATATTTCCCTT

FOScau TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTTGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
PUYden TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
FERita TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
RONpet TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
ARAgoe TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
ARAffa TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
ANDski TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
EDMlin TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
GRESph TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTATCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
DElurb TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACAAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
BROser TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
ACAstr TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
FASbic TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
WITsup TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
HOHste TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
URStui TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
AECmex TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
AECrac TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
AECfar TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
AECwar TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
AECfil TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
AECgra TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
AECker TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
AECdis TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
AECnud TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
CHESph TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
NEOvar TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
ANAnan TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
ANAcum TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecfas TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecpim TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Porlep TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aechan TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

Quesla TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Lymsmi TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecmin TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Arparv TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Crybro TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Argoel TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Lymglo TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Lymalv TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecall TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT CCATTTGGAAATCTTGGTTC
AAATCCTTCAATGCCGGATC

FOScau CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
PUYden CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
FERita CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTATGTTTTTTCAA
RONpet CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTATGTTTTTTCAA
ARAgoe CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
ARAffla CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
ANDski CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
EDMlin CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
GRESph CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
DELurb CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
BROser CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
ACAstr CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
FASbic CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATAATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
WITsup CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
HOHste CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
URStui CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
AECmex CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
AECrac CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
AECfar CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
AECwar CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
AECfil CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
AECgra CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
AECker CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
AECdis CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
AECnud CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
CHESph CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
NEOvar CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
ANAnan CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
ANAcum CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

Aecfas CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Aecpim CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Porlep CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Aechan CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Quesla CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Lymsmi CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Aecmin CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Arparv CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Crybro CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Argoel CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Lymglo CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Lymalv CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTACGTTTTTTCAA
Aecall CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT AGTCTCATTACTCCGAAGAA
ATCAATTTATGTTTTTTCAA

FOScau AAGAAAATAAAAAGACTATTT TTGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
PUYden AAGAAAATAAAAAGACTATTT TTGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
FERita AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTT TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
RONpet AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
ARAgoe AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
ARafla AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
ANDski AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
EDMlin AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
GREsph AAGAAAATAAAAAGACTATTT TTGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTT TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
DElurb AAGAAAATAAAAAGACTATTT AGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTTTTACGATT
BR0ser AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
ACAstr AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
FASbic AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
WITsup AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGTGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
HOHste AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
URStui AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTT TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
AECmex AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
AECrac AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGTGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
AECfar AAGAAAATAAAAAGACTATTT TTGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
AECwar AAGAAAATAAAAAGACTATTT TTGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
AECfil AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
AECgra AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGTGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
AECker AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGTGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
AECdis AAGAAAATAAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGTGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT
AECnud AAGAAAATAAAAAGACTATTT TTGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGTGAATTTG TATTCGTTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTATTTACGATT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

CHesph AAGAAAATAAAAGACTATTT TTGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTT TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
NEOvar AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
ANAnan AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
ANacom AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecfas AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGTGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecpim AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGTGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Porlep AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Aechan AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Quesla AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGTGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymsmi AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecmin AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Arparv AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Crybro AAGAAAATAAAAGACTATTT AGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Argoel AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymglo AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymalv AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecall AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCTATATAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG TATTCGTTTTCTTCGTAAA
CAATCTTCTTATTTACGATT

FOSeau AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATGCAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCATAAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
PUYden AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCATAAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
FERita AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
RONpet AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
ARAgoe AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
ARafla AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
ANDski AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
EDMlin AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
GREsph AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCATAAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
DElurb AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
BRoser AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
ACAstr AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
FASbic AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCATAAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
WITsup AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
HOHste AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
URStui AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
AECmex AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
AECrac AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
AECfar AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCATAAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
AECwar AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC
AECfil AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACCTTTATGGTTC

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECgra AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
AECker AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
AECdis AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
AECnud AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
CHesph AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
NEOvar AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
ANAnan AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
ANacom AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
Aecfas AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
Aecpim AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
Porlep AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
Aechan AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
Quesla AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT AGTAGTGTACCGTAATTATT
TTCAGAAAACTTTATGGTTT
Lysmi AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG??
Aecmin AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG??
Arparv AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG??
Crybro AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG??
Argoel AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGGACATCTTAT
AGTAG??
Lymglo AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG??
Lymalv AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG??
Aecall AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG??

FOScou TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAGTGGAATGCTACTTTG
PUYden TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
FERita TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
RONpet TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
ARAgoe TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
ARAFla TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
ANDski TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
EDMlin TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTCAATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
GRESph TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
DElurb TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
BROser TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
ACAstr TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
FASbic TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
WITsup TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAG GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
HOHste TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
URStui TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG
AECmex TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAATGTTACCTTG

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
AECfar TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
AECwar TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
AECfil TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
AECgra TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
AECker TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
AECdis TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
AECnud TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
CHEsph TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATTCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
NEOvar TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
ANAnan TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
ANacom TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
Aecfas TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
Aecipm TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
Porlep TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
Aechan TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
Quesla TTCACGGATCCTTTCATGCA TTATGTTTCGATATCAAGGAA AAGCAATTCTGGCTTCAAAA GGGACTCATCTTTTGATGAA
GAAGTGGAAATGTTACCTTG
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arpar ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScou TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTATGGGTTATCTTTC
PUYden TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
FERita TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
RONpet TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
ARAgoe TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
ARAffa TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
ANDski TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
EDMin TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
GREsph TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
DElurb TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
BROser TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
ACAstr TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
FASbic TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
WITsup TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
HOHste TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
URStui TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC
AECmex TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCAATTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTC

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
AECfar TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
AECwar TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
AECfil TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
AECgra TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
AECker TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
AECdis TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
AECnud TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
CHEsph TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
NEOvar TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
ANAnan TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
ANacom TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
Aecfas TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCGAACTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
Aecipm TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
Porlep TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
Aechan TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTCTGGGTTATCTTTTC
Quesla TCAATCTCTGGCAATATTAT TTTCATTTTTGGTCTCAACC ACACAGGATTTCATATAAACC AATTATCAAACCTATTCCTTC
TATTTTATGGGTTATCTTTTC
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arparv ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScou AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
PUYden AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
FERita AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
RONpet AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT
AGAAACAGGTATTAAGAAAT TCGATACCATAGTCCCAGTT
ARAgoe AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT
AGAAACTGGTATTAAGAAAT TCGATACCATAGTCCCAGTT
ARAfla AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
ANDski AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
EDMlin AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
GREsph AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TTGATACCATAGTCCCAGTT
DElurb AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
BROser AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
ACAstr AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
FASbic AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
WITsup AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
HOHste AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
URStui AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
AECmex AAGTGTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT
AGAAACTGGTATTAAGAAAT TCGATACCATAGTCCCAGTT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
AECfar AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCAGAGTCCCAGTT
AECwar AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT
AGAAACTGGTATTAAGAAAT TCGATACCATAGTCCCAGTT
AECfil AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCGTAGTCCCAGTT
AECgra AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
AECker AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
AECdis AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
AECnud AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT
AGAAACTGGTATTAAGAAAT TCGATACCATAGTCCCAGTT
CHesph AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
NEOvar AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAATAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
ANAnan AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT
AGAAACTGGTATTAAGAAAT TCGATACCATAGTCCCAGTT
ANacom AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT
AGAAACTGGTATTAAGAAAT TCGATACCATAGTCCCAGTT
Aecfas AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
Aecipm AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
Porlep AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
Aechan AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
Quesla AAGTG TACTAAGAAATCCTT TGGTGGTAAGGAATCAAATG TTGGAGAATTCATTCTAAT AGAAACTGGTATTAAGAAAT
TCGATACCATAGTCCCAGTT
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arparv ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScou ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CTGTATCGGGACACCTATT AGTAAGCCGGTCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
PUYden ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
FERita ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
RONpet ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
ARAgoe ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
ARAffa ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
ANDski ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
EDMlin ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
GREsph ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
DELurb ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
BROser ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGGTCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
ACAstr ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
FASbic ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
WITsup ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
HOHste ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
URStui ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
AECmex ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGCGATATTA
AECfar ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
AECwar ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTCAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTAGCAGATTGTGATATTA
AECfil ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
AECgra ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGCGATATTA
AECker ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGCGATATTA
AECdis ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
AECnud ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
CHEsph ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
NEOvar ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
ANAnan ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
ANacom ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
Aecfas ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
Aecipm ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
Porlep ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
Aechan ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
Quesla ATTCTCTCATTGGATCATT GTCTAAAGCTAAATTTTGTA CCGTATCGGGACATCCTATT AGTAAGCCGATCTGGACCGA
TTTATCAGATTGTGATATTA
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arparv ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScou TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGCGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
PUYden TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
FERita TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
RONpet TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
ARAgoe TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
ARAffla TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
ANDski TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
EDMlin TTGATCGATTGGTCCGATA TGGAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
GREsph TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
DElurb TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
BROser TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACAGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
ACAstr TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
FASbic TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
WITsup TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
HOHste TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
URStui TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC
AECmex TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTTCTCATT TCCGATA TCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTC

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
AECfar TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
AECwar TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
AECfil TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
AECgra TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
AECker TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
AECdis TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
AECnud TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
CHEsph TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
NEOvar TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
ANAnan TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
ANacom TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
Aecfas TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
Aecipm TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
Porlep TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
Aechan TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
Quesla TTGATCGATTGGTCCGATA TGTAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCCGAAA AACGGAGTTGTATCGAATA
AAGTATATACTTAGACTTTT
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arparv ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScau GTGTGCTAGAACTTTGGTCT GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGCGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTATGGAAGAAGAA
PUYden GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
FERita GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
RONpet GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
ARAgoe GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
ARAfla GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
ANDski GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
EDMin GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
GRESph GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
DElurb GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCAGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
BROser GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
ACAstr GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
FASbic GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
WITsup GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
HOHste GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT GGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
URStui GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
AECmex GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAACATAAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTTGCAGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
AECfar GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
AECwar GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
AECfil GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGATA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
AECgra GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
AECker GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
AECdis GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
AECnud GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
CHesph GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
NEOvar GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
ANAnan GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGCATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
ANacom GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT
AGGTTCCGGCATTATTAGAAG AATTTTTTACGGAAGAAGAA
Aecfas GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT GGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
Aecipm GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
Porlep GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
Aechan GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
Quesla GTGTGCTAGAACTTTAGCTC GTAAACATAAGAGTACGGTA CGCTCTTTTTGCGGAGATT AGGTTCCGGTATTATTAGAAG
AATTTTTTACGGAAGAAGAA
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arpar ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScou CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGTATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
PUYden CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGTATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
FERita CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGTATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
RONpet CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGTATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
ARAgoe CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
ARAfla CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
ANDski CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
EDMin CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
GREsph CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGTATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
DElurb CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGTATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
BROser CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGTATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
ACAstr CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGTATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
FASbic CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGTATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
WITsup CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA AAACATATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
HOHste CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
URStui CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
AECmex CAAGTTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTTGGTATTTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
AECfar CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
AECwar CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
AECfil CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
AECgra CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
AECker CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
AECdis CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
AECnud CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
CHesph CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
NEOvar CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
ANAnan CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
ANacom CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACGATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
Aecfas CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGAAAACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
Aecipm CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
Porlep CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
Aechan CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
Quesla CAAGTCTTTCTTTGATCTT CCCCAAACCAACCCCTTTT CTTTACATGGATCACGTCGA GAACATATTGGTATTGGA
TATTATCCGTATCAATAACC
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arparv ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScou TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATTTAGAG AATGGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCATAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
PUYden TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCAAAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
FERita TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACATAAAAAATTCAAAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
RONpet TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCAAAAAT CCCTATTCTGAAATGCTCAT
ARAgoe TGGTGAATCATTGCTAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCAAAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
ARAffa TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCAAAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
ANDski TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCAAAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
EDMlin TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCAAAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
GREsph TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCAAAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
DELurb TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCAAAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
BROser TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCAAAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
ACAstr TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCAAAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
FASbic TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAAGTCCAAAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
WITsup TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCAAAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
HOHste TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCAAAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
URStui TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCAAAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
AECmex TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCAAAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCCCAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
AECfar TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCCCAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
AECwar TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCCCAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
AECfil TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCCCAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
AECgra TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCCCAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
AECker TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCCCAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
AECdis TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCCCAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
AECnud TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCCCAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
CHesph TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCCCAAAT TTCTATTCTGAAATGCTCAT
NEOvar TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCCCAAAT CTCTATTCTGAAATGCTCAT
ANAnan TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCCCAAAT CTCTATTCTGAAATGCTCAT
ANacom TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA
GACAGAAAAAATTCCCAAAT CTCTATTCTGAAATGCTCAT
Aecfas TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCCCAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
Aecipm TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATTTAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCCCAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
Porlep TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCCCAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
Aechan TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCCCAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
Quesla TGGTGAATCATTGATAATTG GTCATGAGACCCATATAGAG AATAGATCTCTAAATATCAA GACAGAAAAAATTCCCAAAT
TTCTATTCTGAAATGCTCAT
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arparv ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScou GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGAGTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
PUYden GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGAGAAAAGTGTGTGCGGT
FERita GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
RONpet GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
ARAgoe GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
ARAffa GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
ANDski GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
EDMlin GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
GREsph GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
DElurb GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
BROser GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
ACAstr GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
FASbic GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
WITsup GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
HOHste GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
URStui GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT
AECmex GTAGTGGTGTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTTCTTCTCGGGA TGTA AATTTGATATGTATAC
ATAGGAAAAGTGTGTGCGGT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT TGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
AECfar GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGAA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
AECwar GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGAA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
AECfil GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGAA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
AECgra GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT TGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
AECker GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT TGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
AECdis GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT TGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
AECnud GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
CHEsph GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGAA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
NEOvar GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCGACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
ANAnan GAAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
ANacom GAAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGTGTGTCCGGT
Aecfas GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGT????????
Aecipm GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGT????????
Porlep GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGAA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGT????????
Aechan GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGAA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGT????????
Quesla GTAGTGGTTTAGTGGTTGAA TCAACTGAGTAGTCAAAAATT CGTAGACTTCTTCTCGGGA TGAAAATTTGATATGTATAC
ATAGGGAAAAGT????????
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arparv ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScou ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
PUYden ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
FERita ATTGACATGTATAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
RONpet ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
ARAgoe ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
ARAffa ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
ANDski ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
EDMin ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
GRESph ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATAAAAACCTCTGGAATG
ACTAATTTTTTACTGAATA
DElurb ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
BROser ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
ACAstr ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
FASbic ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTGCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
WITsup ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
HOHste ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
URStui ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA
AECmex ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTTTACTGAATA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECrac ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
AECfar ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATTATTTTATTACTGAATA
AECwar ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
AECfil ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCA ATTAATCAATTTTTAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
AECgra ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATA
AATGATTTTATTACTGAATA
AECker ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
AECdis ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
AECnud ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
CHesph ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
NEovar ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
ANAnan ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
ANacom ATTGACATGTAGAATGGGAC TCTCTCTTTATTCTCGTCCG ATTAATCAATTTTTCAAAAAG ATCTATCAAACCTCTGGAATG
AATGATTTTATTACTGAATA
Aecfas ???
Aecpim ???
Porlep ???
Aechan ???
Quesla ???
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arparv ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScau TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATAATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
PUYden TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATGATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA?
FERita TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TCATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATGATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
RONpet TTCTATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
ARAgoe TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
ARafla TTCTATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
ANDski TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
EDMlin TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
GREsph TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATGATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
DElurb TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATGATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
BR0ser TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATGATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
ACAstr TTTCATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATGATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
FASbic TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TCATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATGATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
WITsup TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
HOHste TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
URStui TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
AECmex TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
AECrac TTCTATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
AECfar TTCGATTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECwar TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
AECfil TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTGTAATGTTATAA
AECgra TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
AECker TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
AECdis TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
AECnud TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTAAGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
CHesph TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
NEOvar TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCAT-----GATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
ANAnan TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATGATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
ANacom TTCGATTTTTGTGGATTGG AATGGATTCACAATAACTCT TAATTTTTCCGAATTCAT TTCATATTCATGATTCAT
AATCATTATAATGTTATAA
Aecfas ???
Aecipm ???
Porlep ???
Aechla ???
Quesla ???
Lymsmi ???
Aecmin ???
Arparv ???
Crybro ???
Argoel ???
Lymglo ???
Lymalv ???
Aecall ???

FOScou TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
PUYden ???CATTAAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
FERita TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
RONpet TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
ARAgoe TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTTGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
ARafla TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTTGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
ANDski TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
EDMlin TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
GRESph TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
DEIurb TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
BROser TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
ACAstr TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
FASbic TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
WITsup TAAACATTAATAATATAT AAATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGCAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
HOHste TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
URStui TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
AECmex TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
AECrac TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
AECfar TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
AECwar TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
AECfil TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

AECgra TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCA????GTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
AECker TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
AECdis TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
AECnud TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
CHesph TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
NEOvar TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
ANAnan TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
ANacom TAAACATTAATAATATA??? ?AATATATTATACGATATGG ATTCGTGTCGTGATTAATCG TTTGATATGTCAGTATGTAT
ACGTACGTATTAGGTATATA
Aecfas ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Aecpim ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Porlep ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Aechan ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Quesla ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Lymsmi ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Aecmin ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Arparv ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Crybro ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Argoel ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Lymglo ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Lymalv ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
Aecall ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????

FOScou TGGCCATCCTTTCTCGAATT TTGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
PUYden TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
FERita TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA-IT CCAGCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
RONpet TGGACATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
ARAgoe TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
ARAFla TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
ANDski TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
EDMlin TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
GRESph TGGTCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
DEIurb TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
BROser TGACCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
ACAstr TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
FASbic TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
WITsup TGGTCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
HOHste GGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
URStui TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
AECmex TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
AECrac TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
AECfar TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
AECwar TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
AECfil GGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
AECgra TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG
AECker TGGCCATCCTTTCTCGAATT TCGATAGAGGGATTCCA--- ---GCTACTGACGCAACGTA GTCAACTCTATTTCGTTAGAA
CAGCTTCCATTGAGTCTCTG

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

RONpet ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAACCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
ARAgoe ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
ARAffa ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
ANDski ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
EDMlin ??????ATAAG?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTGGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
GRESph ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
DElurb ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TT????????????????? ?AACNATTTATCCTCTTT?G
TTTTTCATTGATGAAAAAA
BROser ??????ATAAG?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAAGTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
ACAstr ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
FASbic ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGTGCATTTAACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
WITsup ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTGGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
HOHste ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
URStui ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
AECmex ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TT?GAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
AECrac ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTGGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
AECfar ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
AECwar ??????AAAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACAATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
AECfil ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
AECgra ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTGGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
AECker ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTGGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
AECdis ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTGGAGCCCATTTACTCC TAACTGTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
AECnud ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTGGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
CHESph ??????ATAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
NEOvar ??????AAAAAAGATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTATAGCCCATTTACTCC TAAGTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
ANAnan ??????AAAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
ANAcum ??????AAAAA?GATTGGC TCAGGATTGCCCATTTTAA TTAGAGCCCGTTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Aecfas ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Aecpim ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Porlep ?????????????????? ?????????????????? ???gagccattttactcc taactatttatcctctttg tttttcattgatgaaaaa
Aechan ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Quesla ?????????????????? ?????????????????? ???gagccattttactcc taactatttatcctctttg tttttcattgatgaaaaa
Lymsmi ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Aecmin ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC NAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Arparv ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Crybro ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Argoel ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Lymglo ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Lymalv ?????????????????? ?????????????????? ???GAGCCCATTTACTCC TAAGTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA
Aecall ?????????????????? ?????????????????? ???GAACCCATTTACTCC TAACTATTTATCCTCTTTG
TTTTTCATTGATGAAAAAA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

FOScau CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGAATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
PUYden CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
FERita CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
RONpet CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
ARAgoe CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
ARafla CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
ANDski CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
EDMlin CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
GRESph CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
DElurb CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
BROser CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA
AATGGATCCGAAC????? ?????????????????? ??????????????????
ACAstr CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
FASbic CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
WITsup CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
HOHste CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
URStui CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
AECmex CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
AECrac CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAGGATATATAGGTAAA
AECfar CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
AECwar CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
AECfil CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
AECgra CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAGGATATATAGGTAAA
AECker CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAGGATATATAGGTAAA
AECdis CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
AECnud CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
CHESph CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
NEOvar CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
ANAnan CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
ANacom CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
Aecfas CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
Aecpim CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAGGATATATAGGTAAA
Porlep CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
Aechan CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
Quesla CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
Lymsmi CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
Aecmin CAAAATTCANWATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
Arparv CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA
Crybro CAAAATTCACTATCTTTCTC ATTCATTCTACTATTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTAAA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

Argoel CAAAATTCACATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTTAA
Lymglo CAAAATTCACATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTTAA
Lymalv CAAAATTCACATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTTAA
Aecall CAAAATTCACATCTTTCTC ATTCATTCTACTCTTTCACA AATGGATCCGAACAGAAATC TTTGGATCTTATCCCATACA
AATGAAGATATATAGGTTAA

FOScau CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCAA ATCTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
PUYden CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCAA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
FERita CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
RONpet CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCAA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
ARAgoe CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
ARAfla CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
ANDski CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
EDMin CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
GRESph CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
DElurb CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
BROser ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????TCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA GTCCCTTTAATTGACATAGA
ACAstr CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
FASbic CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
WITsup CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
HOHste CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
URStui CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
AECmex CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
AECrac CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
AECfar CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
AECwar CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
AECfil CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
AECgra CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
AECker CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
AECdis CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
AECnud CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
CHESph CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
NEOvar CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
ANAnan CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
ANacom CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Aecfas CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Aecpim CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Porlep CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Aechan CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Quesla CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CCTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTITTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

Lymsmi CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTTTTA
GTGCCTTTAATTGACATAGA
Aecmin CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTTTTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Arparv CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTTTTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Crybro CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTTTTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Argoel CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTTTTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Lymglo CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTTTTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Lymalv CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTTTTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA
Aecall CAATCTCTATTATTAATAA TTCACAATCCATATCATTAT CTTATATTTACTAGGTCCA ATTTTGTATTTTTGTTTTA
GTCCCTTTAATTGACATAGA

FOScou TACAAGTACTCTACTGAGAT GATGCACAAAAA?TGGTCGG GATAGCTCAGT?GGTAGAGC A?GAGGACTG
PUYden TACAAGTACTCTACTAGGAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
FERita TACAAGTACTCTACTAGGAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
RONpet TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
ARAgoe TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
ARAfla TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
ANDski TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
EDMlin TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
GRESph TACAAGTACTCTACTAGGAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
DElurb TACAAGTACTCTACTAGGAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
BROser TACAAGTACTCTACTAGGAT GATGCCCCAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
ACAstr TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
FASbic TACAAGTACTCTACTAGGAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
WITsup TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
HOHste TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
URStui TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
AECmex TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
AECrac TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
AECfar TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
AECwar TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
AECfil TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
AECgra TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
AECker TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
AECdis TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
AECnud TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
CHESph TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
NEOvar TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
ANAnan TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
ANacom TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Aecfas TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Aecpim TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Porlep TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Aechan TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Quesla TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Lymsmi TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Aecmin TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Arparv TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Crybro TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Argoel TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Lymglo TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Lymalv TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG
Aecall TACAAGTACTCT-----GAT GATGCACAAAAAATGGTCGG GATAGCTCAGTTGGTAGAGC A?GAGGACTG

;
end;

Befehlssyntax und Einstellungen für die Bayes'sche Analyse des oben stehenden Datensatzes basierend auf dem Ergebnis der Abschätzung der am besten den Datensatz beschreibenden Modellparameter. Die Auswahl der Modellparameter erfolgte mit Hilfe des Programmes Modeltest3.7 (POSADA et al. 1998):

```
begin mrbayes;
set autoclose=yes;
prset revmatpr=fixed(1.0000,2.0056,0.3176,0.3176,1.2592,1.0000) pinvarpr=fixed(0.6559)shapepr=fixed(0.9203);
lset nst=6 rates=gamma;

mcmc startingtree=random ngen=1000000 printfreq=1000 nchains=5;
sumt burnin=12000;

end;
```

Graphische Zusammenfassung (Phylogenetischer Baum) der Ergebnisse der oben dargestellten MrBayes-Analyse :

(Ein zweiter Lauf mit den selben Einstellungen erbrachte ein in Bezug auf die ausgegebene Topologie identisches Resultat. Ein vollständiges Set von Dateien, inklusive der Vorläufe zur Bestimmung der Burnin-Phase befinden sich auf der beiliegenden CD.)

#NEXUS

[ID: 4693127779]

begin trees;

[Note: This tree contains information on the topology,
branch lengths (if present), and the probability
of the partition indicated by the branch.]

```
tree con_50_majrule = (FOScau:0.017641,PUYden:0.002882,(((FERita:0.002622,
(((RONpet:0.000757,Aecall:0.001119)1.00:0.003293,((NEOvar:0.005162,Crybro:0.004796)0.50:0.000408,
(ANAnan:0.000684,ANAcum:0.000735)1.00:0.002493)1.00:0.001104)1.00:0.001084,((((((ARAgoe:0.000966,
(ARAfla:0.001043,Argoel:0.000553)0.50:0.000474)0.50:0.000439,Arparv:0.002072)1.00:0.001273,Lymglo:0.002571)
0.50:0.000111,(Aechan:0.001583,Lymsmi:0.004382)1.00:0.001060)0.50:0.002459,
((ANDski:0.000516,AECmex:0.000402)1.00:0.000964,URStui:0.001337)1.00:0.001681)0.50:0.000958,
(((HOHste:0.002051,AECfil:0.002112)0.50:0.000383,((AECfar:0.002129,Aecmin:0.000860)0.50:0.000070,
(AECwar:0.004118,CHEsph:0.001978)0.50:0.000789)1.00:0.000870)0.50:0.000098,Lymalv:0.006003)0.50:0.000722,
Porlep:0.001377)0.50:0.000118)0.50:0.000800,((EDMlin:0.003052,
(AECdis:0.004523,AECnud:0.004843)0.50:0.000513)0.50:0.000197,
((WITsup:0.002256,Aecpim:0.000712)1.00:0.001466,((AECrac:0.000465,
(AECgra:0.002403,AECker:0.000468)1.00:0.000099)1.00:0.004954,Quesla:0.000482)0.50:0.000400)0.50:0.001923)0.
50:0.000823,Aecfas:0.004306)1.00:0.001139)1.00:0.000688)0.50:0.000829,ACAstr:0.003745)1.00:0.001138)1.00:0.0
01005,DElurb:0.006378)0.50:0.000883,BROser:0.006533)1.00:0.000814,FASbic:0.005432)1.00:0.000769,GREsph:0.
004738)1.00:0.001306);
```

[Note: This tree contains information only on the topology
and branch lengths (mean of the posterior probability density).]

```
tree con_50_majrule = (FOScau:0.017641,PUYden:0.002882,(((FERita:0.002622,
(((RONpet:0.000757,Aecall:0.001119):0.003293,((NEOvar:0.005162,Crybro:0.004796):0.000408,
(ANAnan:0.000684,ANAcum:0.000735):0.002493):0.001104):0.001084,((((((ARAgoe:0.000966,
(ARAfla:0.001043,Argoel:0.000553):0.000474):0.000439,Arparv:0.002072):0.001273,Lymglo:0.002571):0.000111,
(Aechan:0.001583,Lymsmi:0.004382):0.001060):0.002459,
((ANDski:0.000516,AECmex:0.000402):0.000964,URStui:0.001337):0.001681):0.000958,
(((HOHste:0.002051,AECfil:0.002112):0.000383,((AECfar:0.002129,Aecmin:0.000860):0.000070,
(AECwar:0.004118,CHEsph:0.001978):0.000789):0.000870):0.000098,Lymalv:0.006003):0.000722,Porlep:0.001377):
0.000118):0.000800,((EDMlin:0.003052,(AECdis:0.004523,AECnud:0.004843):0.000513):0.000197,
((WITsup:0.002256,Aecpim:0.000712):0.001466,((AECrac:0.000465,
(AECgra:0.002403,AECker:0.000468):0.000099):0.004954,Quesla:0.000482):0.000400):0.001923):0.000823,Aecfas:0.
004306):0.001139):0.000688):0.000829,ACAstr:0.003745):0.001138):0.001005,DElurb:0.006378):0.000883,BROser:
0.006533):0.000814,FASbic:0.005432):0.000769,GREsph:0.004738):0.001306);

end;
```

Maximum Parsimonie-Analyse der variablen Positionen eines Alignments molekularer Daten aus den Arbeiten von Schulte et al. (2005) und DeSouza et al. (2007).

Das Ausgangsalignment ist identisch mit dem oben zuvor dokumentiertem, für die MrBayes-Analyse verwendeten Datensatz, konstante Positionen wurden aber vor den Parsimonie-Analysen entfernt, um die Rechenzeit zu verkürzen, wodurch die für diese Analyse nun 70 Positionen umfassende Matrix entstand.

Das für die Analyse verwendete finale Alignment ist zusätzlich im FASTA-Format auf der beiliegenden CD zu finden.

```
#NEXUS
[C:\DOKUME~1\Rhina1\Desktop\LYMANI~1\BROMIS~2 -- data title]

[Name: FOScau Len: 70 Check: 0]
[Name: PUYden Len: 70 Check: 0]
[Name: FERita Len: 70 Check: 0]
[Name: RONpet Len: 70 Check: 0]
[Name: ARAgoe Len: 70 Check: 0]
[Name: ARAfla Len: 70 Check: 0]
[Name: ANDski Len: 70 Check: 0]
[Name: EDMlin Len: 70 Check: 0]
[Name: GRESpha Len: 70 Check: 0]
[Name: DELurb Len: 70 Check: 0]
[Name: BROser Len: 70 Check: 0]
[Name: ACAstr Len: 70 Check: 0]
[Name: FASbic Len: 70 Check: 0]
[Name: WITsup Len: 70 Check: 0]
[Name: HOHste Len: 70 Check: 0]
[Name: URStui Len: 70 Check: 0]
[Name: AECmex Len: 70 Check: 0]
[Name: AECrac Len: 70 Check: 0]
[Name: AECfar Len: 70 Check: 0]
[Name: AECwar Len: 70 Check: 0]
[Name: AECfil Len: 70 Check: 0]
[Name: AECgra Len: 70 Check: 0]
[Name: AECKER Len: 70 Check: 0]
[Name: AECdis Len: 70 Check: 0]
[Name: AECnud Len: 70 Check: 0]
[Name: CHESph Len: 70 Check: 0]
[Name: NEOvar Len: 70 Check: 0]
[Name: ANAna Len: 70 Check: 0]
[Name: ANAcom Len: 70 Check: 0]
[Name: Aecfas Len: 70 Check: 0]
[Name: Aecpim Len: 70 Check: 0]
[Name: Porlep Len: 70 Check: 0]
[Name: Aechan Len: 70 Check: 0]
[Name: Quelat Len: 70 Check: 0]
[Name: Lymsmi Len: 70 Check: 0]
[Name: Aecmin Len: 70 Check: 0]
[Name: Araparv Len: 70 Check: 0]
[Name: Crybro Len: 70 Check: 0]
[Name: Aragoe Len: 70 Check: 0]
[Name: Lymglo Len: 70 Check: 0]
[Name: Lymalv Len: 70 Check: 0]
[Name: Aecall Len: 70 Check: 0]

begin data;
dimensions ntax=42 nchar=70;
format datatype=dna interleave gap=- missing=X;
options gapmode=newstate;
matrix

FOScau TGCTAAGGACCCCTCTCCG AGCGTAATGTTTGC GGAAT TTCATC----CCAAATAXC ACAGCACTGA
PUYden TGCTAAGGACCCCTCTCCG AGTATAATGAATTGCGGAAT TTCATC----CCAAATGGC ACAGCACTAG
FERita TGCAAAAGGACCCCTTTGCCT GGTATAATGAATTGCGGCAT TTCATCTTCCACAAAATAGC ACCGCACTAG
RONpet TGCAAAAGGCCCTTTGTGCG GGTATGATGAACCTTCGTA-- ----C----CCAAATAGC ATCGC----
ARAgoe TGCAAAAAATCCCTCTGCCG GGGATGATAAAATTCAGA-- ----T----CCAAATAGC ACCGC----
ARAfla TGCAAAAAATCCCTCTGCCG GGTATGATAAAATTCATA-- ----T----CCAAATAGC ACCGC----
ANDski CGCAAAAGATCCCCTTGCCG GGTATGATAAAATTCAGA-- ----C----CCAAAGAGC ACCTC----
EDMlin TGCAAAAGATCCCCTTGCGW GGTATGATAAAATTCGGA-- ----C----AAAAGTGGC ACCTC----
```


Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

Y,y ==> {CT}
M,m ==> {AC}
K,k ==> {GT}
S,s ==> {CG}
W,w ==> {AT}
H,h ==> {ACT}
B,b ==> {CGT}
V,v ==> {ACG}
D,d ==> {AGT}
N,n ==> {ACGT}

Bootstrap method with heuristic search:

Number of bootstrap replicates = 1000

Starting seed = 1645188572

Optimality criterion = parsimony

Character-status summary:

Of 70 total characters:

All characters are of type 'unord'

All characters have equal weight

1 character is parsimony-uninformative

Number of parsimony-informative characters = 69

Gaps are treated as "fifth base"

Multistate taxa interpreted as uncertainty

Starting tree(s) obtained via stepwise addition

Addition sequence: simple (reference taxon = FOScau)

Number of trees held at each step during stepwise addition = 1

Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)

Steepest descent option not in effect

No more than 10 trees of score (length) greater than or equal to 10 will be saved

Initial 'MaxTrees' setting = 100

Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero

'MulTrees' option in effect

Topological constraints not enforced

Trees are unrooted

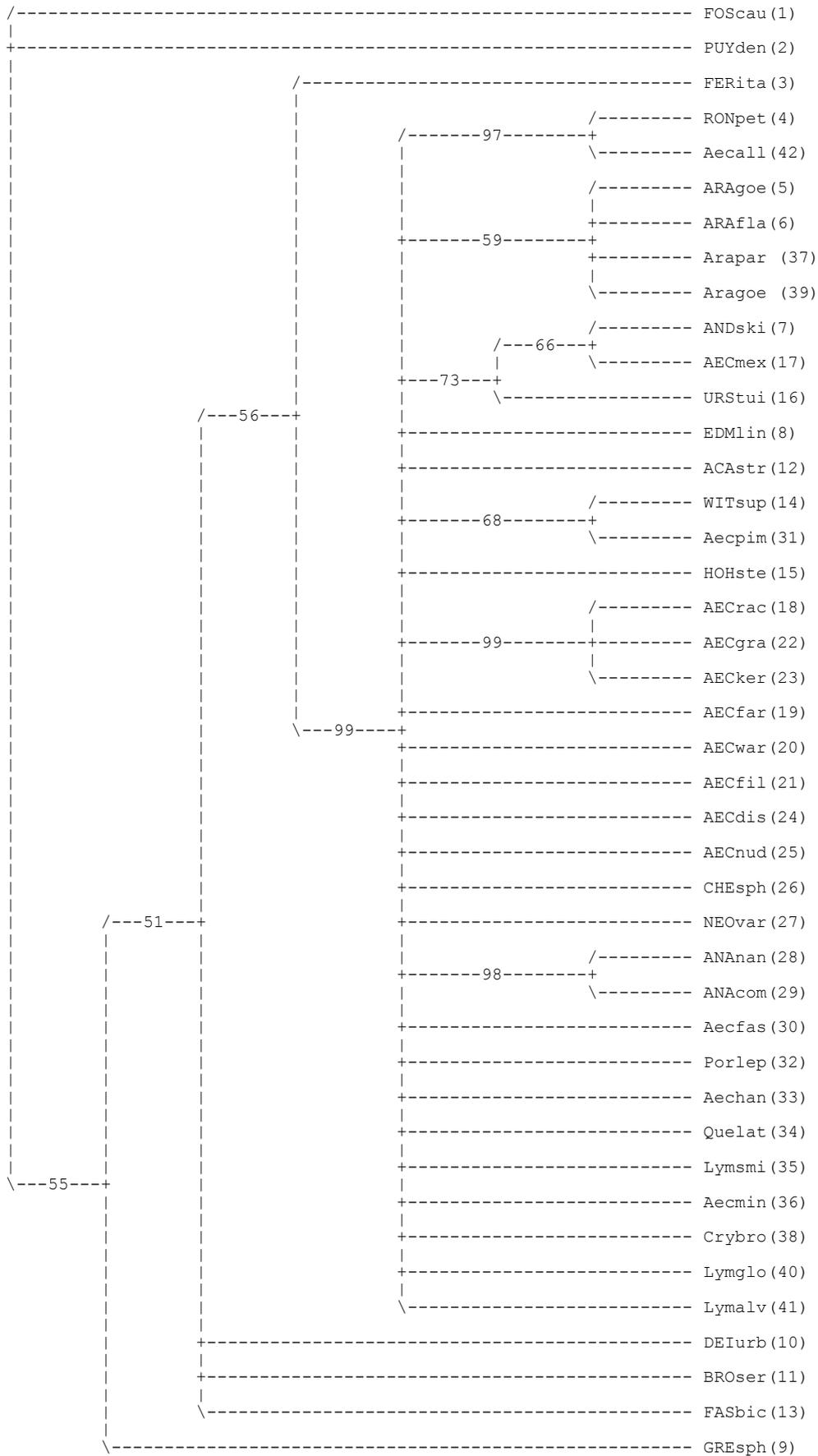
Elapsed time	Taxa added	Rearr. tried	-- saved	-- Number of trees left-to-swap	Best tree(s)
--------------	------------	--------------	----------	---------------------------------	--------------

0:01:00	Bootstrap replicate 954...				
0:01:00	42	48206	10	9	107
0:01:00	-	250272	0	0	107
0:01:03	Bootstrap replicate 1000...				
0:01:03	42	217810	0	0	132

1000 bootstrap replicates completed

Time used = 00:01:03 (CPU time = 00:01:03.0)

Bootstrap 50% majority-rule consensus tree der Maximum Parsimonie-Analyse der variablen Positionen eines Alignments molekularer Daten aus den Arbeiten von Schulte et al. (2005) und DeSouza et al. (2007):



Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

Outgroup status changed:

2 taxa transferred to outgroup

Total number of taxa now in outgroup = 2

Number of ingroup taxa = 40

MaxTrees reset to 1000

Processing of file

"~/webservice/htdocs/paup3.sge/temp/1227643024_7760/input_user//user_paup_job.txt" completed.

paup>

Eine zweite Analyse diente der Bestimmung der Güteparameter für die sparsamsten Bäume, sowie der Errechnung eines *strict consensus* sowie eines *majority-rule consensus* Baumes im Rahmen einer Heuristischen Suche. Hierzu wurde der folgende PAUP-Block genutzt:

```
begin paup;
hsearch;
set maxtrees=1000 outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;
outgroup FOScau PUYden;
roottrees outroot=monophyl;
Pscores 1/ TL=yes CI=yes RI=yes RC=yes HI=yes;
contree/ majrule=yes grpfreq=no;
savetree file=HScons.tre;
end;
```

[Die Analyse wurde auf dem online-Rechnercluster am NanoBio-Zentrum der Technischen Universität Kaiserslautern unter der paupjob_nr: 1193174154_12796 verarbeitet und erbrachte die folgenden Resultate:]

```
P A U P *
Portable version 4.0b10 for Unix
Tue Oct 23 22:39:29 2007
```

```
-----NOTICE-----
This is a beta-test version. Please report any crashes,
apparent calculation errors, or other anomalous results.
There are no restrictions on publication of results obtained
with this version, but you should check the WWW site
frequently for bug announcements and/or updated versions.
See the README file on the distribution media for details.
-----
```

```
Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1193174154_12796/input_user//user_paup_job.t
xt" begins...
```

Data read in DNA format

```
Data matrix has 43 taxa, 70 characters
Valid character-state symbols: ACGT
Missing data identified by 'X'
Gaps identified by '-'
"Equate" macros in effect:
R,r ==> {AG}
Y,y ==> {CT}
M,m ==> {AC}
K,k ==> {GT}
S,s ==> {CG}
W,w ==> {AT}
H,h ==> {ACT}
B,b ==> {CGT}
V,v ==> {ACG}
D,d ==> {AGT}
N,n ==> {ACGT}
```

Heuristic search settings:

```
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
Of 70 total characters:
  All characters are of type 'unord'
  All characters have equal weight
  1 character is parsimony-uninformative
  Number of parsimony-informative characters = 69
Gaps are treated as "fifth base"
Multistate taxa interpreted as uncertainty
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
Addition sequence: simple (reference taxon = FOScau)
Number of trees held at each step during stepwise addition = 1
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
Steepest descent option not in effect
Initial 'MaxTrees' setting = 100
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
Topological constraints not enforced
```

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten für Arten der Unterfamilie Bromelioideae

Trees are unrooted

The limit of 100 trees (= 'MaxTrees') has been reached.

Do you want to increase 'MaxTrees'? (y/N) n

'MaxTrees' limit (100) hit while swapping on tree #1 (score=127)

'MaxTrees' limit (100) hit while swapping on tree #1 (score=123)

Heuristic search completed

Total number of rearrangements tried = 2269191

Score of best tree(s) found = 123

Number of trees retained = 100

Note: Effectiveness of search may have been diminished due to tree-buffer overflow.

Time used = 1 sec (CPU time = 1.09 sec)

MaxTrees reset to 1000

Outgroup status changed:

2 taxa transferred to outgroup

Total number of taxa now in outgroup = 2

Number of ingroup taxa = 41

100 trees converted from unrooted to rooted.

Lengths and fit measures of trees in memory:

Character-status summary:

Of 70 total characters:

All characters are of type 'unord'

All characters have equal weight

1 character is parsimony-uninformative

Number of parsimony-informative characters = 69

Gaps are treated as "fifth base"

Multistate taxa interpreted as uncertainty

AncStates = "standard"

Sum of min. possible lengths = 75

Sum of max. possible lengths = 349

Tree # 1

Length 123

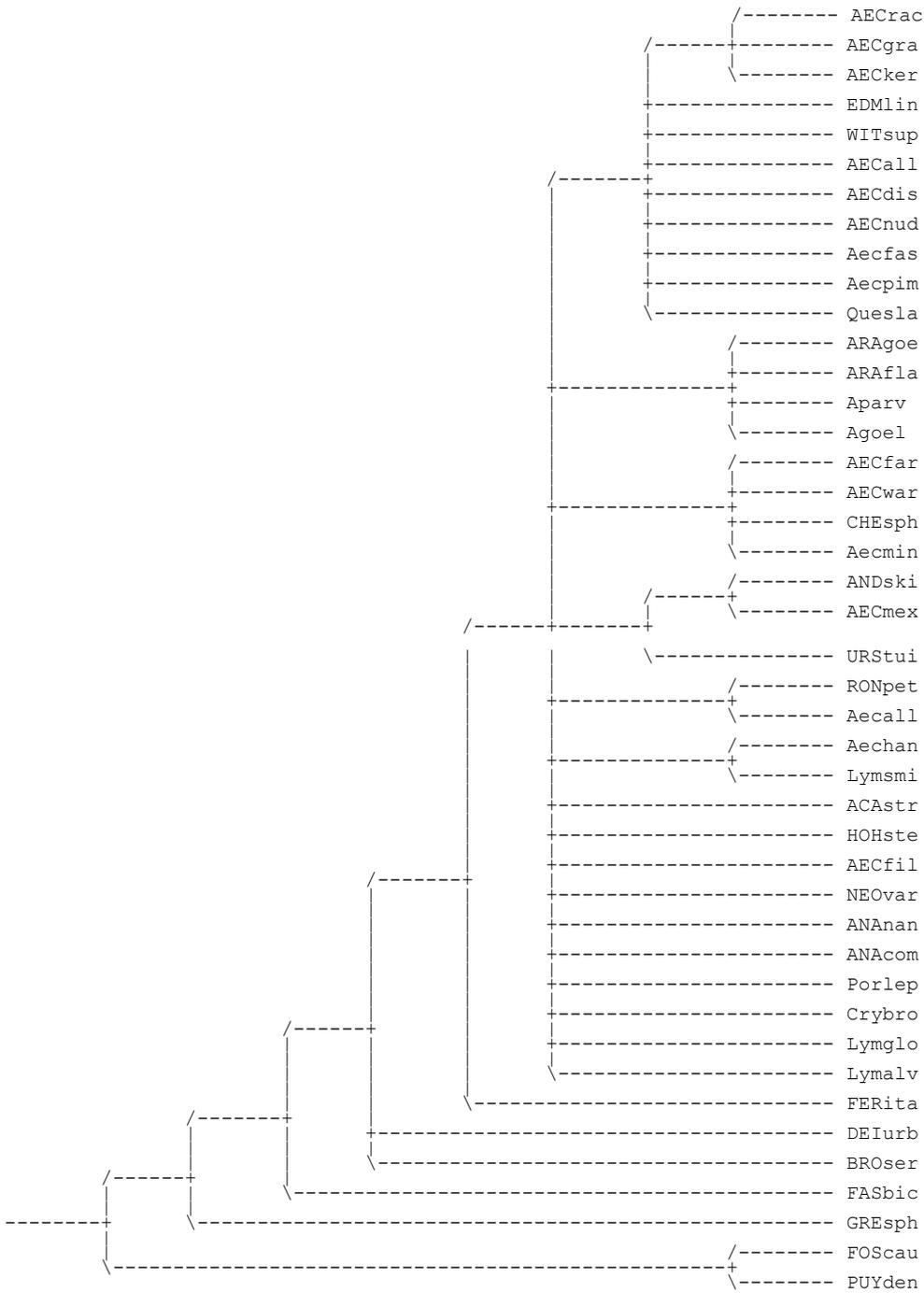
CI 0.610

RI 0.825

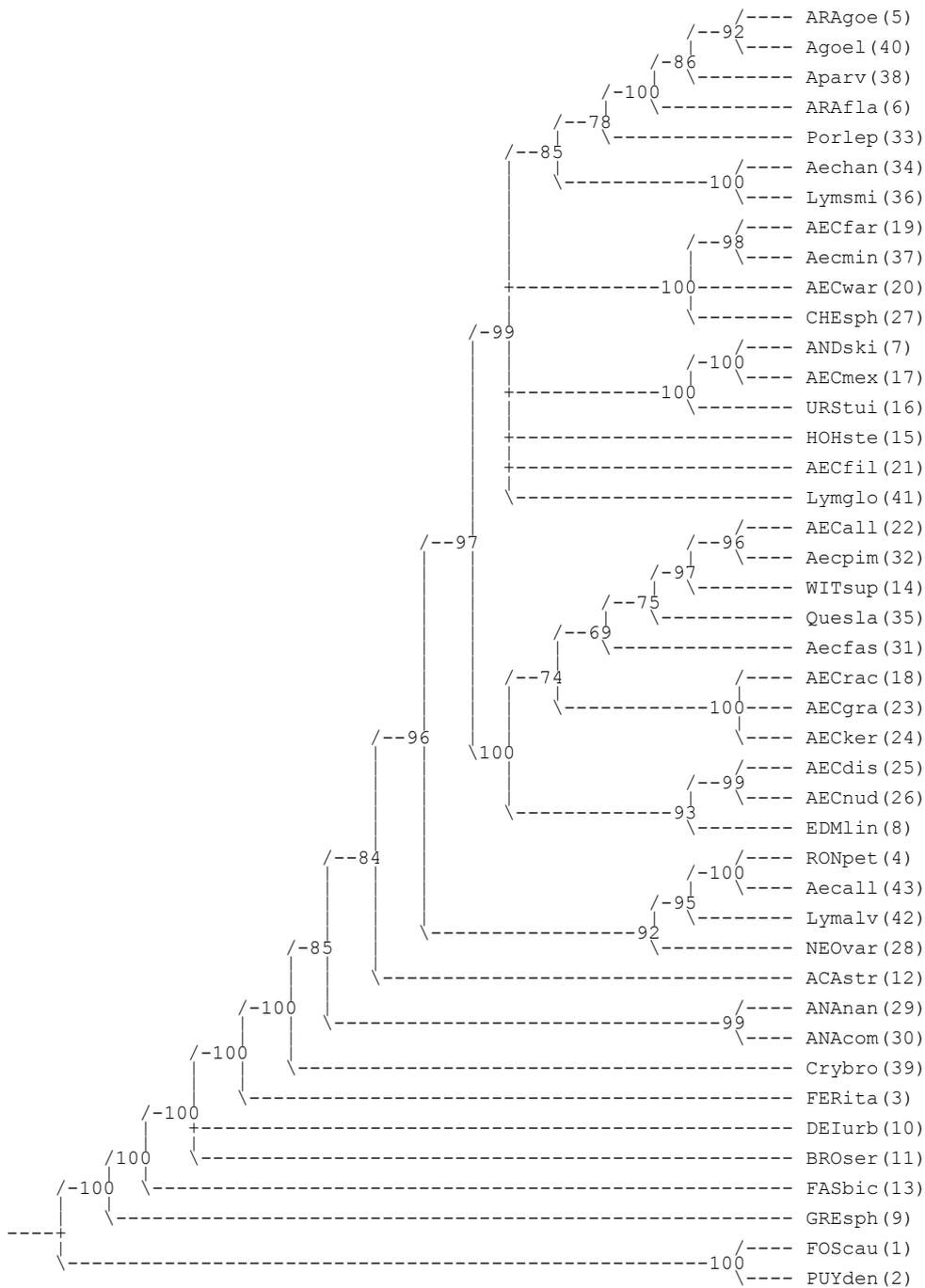
RC 0.503

HI 0.390

Strict consensus tree der Maximum Parsimonie-Analyse der variablen Positionen eines Alignments molekularer Daten aus den Arbeiten von Schulte et al. (2005) und DeSouza et al. (2007):



50% majority-rule consensus tree der Maximum Parsimonie-Analyse der variablen Positionen eines Alignments molekularer Daten aus den Arbeiten von Schulte et al. (2005) und DeSouza et al. (2007):



Processing of file
 "~/webserver/htdocs/paup3.sgc/temp/1193174154_12796/input_user//user_paup_job.t
 xt" completed.

paup>

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Anhang A8.2: Datensätze, Befehlssyntax und Log-files für die Analysen molekularer Sequenzdaten (mit Daten aus den Regionen *matK*, *3'trnL-trnF* und *psbA-trnH*) aus der Arbeit von DeSouza et al. (2007) .

Die Namen der Taxa in den folgenden Abschnitten werden durch die Kombination der ersten drei Buchstaben der Gattung und des Artepithetons abgekürzt. Alle verwendeten Sequenzen werden in der Arbeit von DeSouza et al. (2007) mit ihren Genbank-Referenznummern aufgelistet.

Ausgangsalignment molekularer Sequenzdaten (mit Daten aus den Regionen *matK*, *3'trnL-trnF* sowie *psbA-trnH*) aus DeSouza et al. (2007) zur Analyse der Verwandtschaftsbeziehungen von Arten der Gattung *Lymania* und nahestehenden anderen Gattungen der Bromelioideae.

#NEXUS

[C:\DOKUME~1\rhinal\Desktop\LYMANI~1\DESOUZ~1 -- data title]

```
[Name: Aeccar      Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aecped     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Lymcor     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aecapi     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Lymspi     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aeclin     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aectur     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Lymazu     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Lymbra     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Ronbra     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Ronneo     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Lymalv     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Lymglo     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Lymsmi     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aegamo     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aecgra     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aecmin     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aecrac     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aecwar     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Aragoe     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Arapar     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Crybro     Len: 1824 Check: 0]
[Name: Crybre     Len: 1824 Check: 0]
```

begin data;

dimensions ntax=23 nchar=1824;

format datatype=dna interleave gap=- missing=?;

matrix

```
Aeccar CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecped ?TGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Lymcor CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCG AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecapi ?TGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Lymspi CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aeclin ?TGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCCCTGCCTCTG
GCTCAAGTTCGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aectur CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
```

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Lymazu CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Lymbra CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Ronbra CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Ronneo CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Lymalv CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Lymglo CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Lymsmi CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aegamo ??????TATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGNNAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecgra CTGACCATATTGCACTATGA ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecmin CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecrac CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aecwar ?TGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Aragoe CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Arapar CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Crybro CTGACCATATTGCACTATGT ATGTATCATTTGATAAACCA AGAAAAACCTCCTGCCTCTG
GCTCAAGTAGAAATGTAAAT GGAAGAATTACAAGGATATT
Crybre ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????

Aeccar TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTCAAT
Aecped TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Lymcor TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Aecapi TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Lymspi TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Aeclin TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Aectur TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Lymazu TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Lymbra TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Ronbra TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Ronneo TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Lymalv TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Lymglo TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Lymsmi TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Aegamo TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Aecgra TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Aecmin TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Aecrac TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Aecwar TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTCTAT
Aragoe TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Arapar TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Crybro TAGAAAAAGATAGATCTCGG CAACAACACTTCCTATATCC GCTTCTTTTTCAGGAGTATA
TTTACGCGTTTGCTCATGAT CATGGTTTAAATGATTGAT
Crybre ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????

Aeccar TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aecped TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Lymcor TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aecapi TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Lymspi TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTAGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aeclin TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aectur TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Lymazu TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTAGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Lymbra TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Ronbra TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Ronneo TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Lymalv TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTAGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Lymglo TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Lymsmi TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aegamo TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aecgra TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aecmin TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aecrac TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aecwar TTTTACGAACCCGTGGAAA TTTTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Aragoe TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Arapar TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Crybro TTTTACGAACCCGTGGAAA TTATTGGTTATGACAAAAA TCTAGTTCAGTACTTGTGAA
ACGTTTAATTATTCGAATGT ATCAACAGAATTATTTGATT
Crybre ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????

Aeccar AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aecped AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymcor AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aecapi AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymspi AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aeclin AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aectur AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymazu AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymbra AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Ronbra AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Ronneo AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTNTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymalv AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymglo AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Lymsmi AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTGGTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aegamo AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTTTTTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aecgra AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTTTTTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aecmin AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aecrac AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aecwar AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Aragoe AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Arapar AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Crybro AATTCGGTTAATTATTCTAA CAAAATCGATTCGTTGGGC ACAACTTATTTTTATTCT
CATTTTTTTTCTCAGATGAT ATCAGAAGGTTTTGCGATCA
Crybre ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????

Aeccar TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTTCCTT
Aecped TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTTCCTT
Lymcor TTGTGGAAATTCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTTCCTT
Aecapi TTGTGGAAATTCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTTCCTT
Lymspi TTGTAGAAATTCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTTCCTT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Aeclin TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Aectur TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Lymazu TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Lymbra TTGTGGAAATNCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Ronbra TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Ronneo TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Lymalv TTGTAGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Lymglo TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Lymsmi TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Aegamo TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAATATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Aecgra TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Aecmin TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Aecrac TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Aecwar TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Aragoe TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Arapar TTGTGGAAATTCCATTCTCG CTGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Crybro TTGTGGAAATTCCATTCTCG CCGCGATTAGTATCTTTTCC CGAAGAAAAAGAAATACCAA
AATGTCAGAATTTACGATCT ATTCATTCAATATTTCCCTT
Crybre ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????

Aeccar TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecped TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Lymcor TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecapi TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACAAATACCCTATCCTAT
TCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Lymspi TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aeclin TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aectur TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Lymazu TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Lymbra TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Ronbra TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Ronneo TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATC
Lymalv TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGGTTC AAATCCTTCAATGCCGGATT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Lymglo TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Lymsmi TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aegamo TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecgra TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecmin TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecrac TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aecwar TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Aragoe TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Arapar TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Crybro TTTAGAGGACAAATTATCAC ATTTAAATTATGTGTCAGAT ATACTAATACCCTATCCTAT
CCATTTGGAAATCTTGTTT AAATCCTTCAATGCCGGATC
Crybre ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????

Aeccar CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Aecped CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Lymcor CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Aecapi CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Lymspi CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Aeclin CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Aectur CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Lymazu CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Lymbra CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Ronbra CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Ronneo CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Lymalv CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Lymglo CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Lymsmi CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Aegamo CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATAGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Aecgra CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATAGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Aecmin CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Aecrac CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Aecwar CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Aragoe CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Arapar CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Crybro CAAGATGTTCCATCTTTGCA TTTATTGCGATTCTTTCTCC ACGAATATCATAAATTGGAAT
AGTCTCATTACTCCGAAGAA ATCAATTTACGTTTTTTTCAA
Crybre ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????

Aeccar AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecped AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymcor AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecapi AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymspi AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aeclin AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aectur AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymazu AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymbra AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Ronbra AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Ronneo AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymalv AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymglo AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Lymsmi AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aegamo AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecgra AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecmin AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecrac AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aecwar AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Aragoe AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Arapar AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Crybro AAGAAAATAAAAGACTATTT TGGTTCCTATATAAATTCTTA TGTATCTGAATGCGAATTTG
TATTCGTTTTTCTTCGTAAA CAATCTTCTTATTTACGATT
Crybre ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????

Aeccar AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Aecped AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Lymcor AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAATAGAACATCTTAT
????????????GAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Aecapi AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GGTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Lymspi AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG????GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Aeclin AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Aectur AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GGTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Lymazu AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Lymbra AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGT????????????? ??????????????????
Ronbra AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGT????????????? ??????????????????
Ronneo AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Lymalv AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG????GGTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Lymglo AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG????GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Lymsmi AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG????GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Aegamo AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGT????????????? ??????????????????
Aecgra AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Aecmin AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGT????????????TC AAGTCCCTCTATCCCCNATA
Aecrac AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Aecwar AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Aragoe AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGGACATCTTAT
AGTAG????GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Arapar AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAG????GTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Crybro AACATCTTCTGGAACCTTTC TTGAGCGAATACAGTTCTAT GGAAAAATAGAACATCTTAT
AGTAGTG??GGTGAGGGTTC AAGTCCCTCTATCCCCAATA
Crybre ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????TGAGGGTTC
AAGTCCCTCTATCCCCAATA

Aeccar AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTTCATTGATGAAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTCACAA
Aecped AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTTCATTGATGAAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTCACAA
Lymcor AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTTCATTGATGAAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTYYTCA TTCATTCTACTCTTTCACAA
Aecapi AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTTCATTGATGAAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTCACAA
Lymspi AAGAGCCCATTTTACTTCCT AAGTATTTATCCTCTTTTGT TTTTTCATTGATGAAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTCACAA
Aeclin AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTTCATTGATGAAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTCACAA
Aectur AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTTCATTGATGAAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTCACAA
Lymazu AAGAGCCCATTTTACTTCCT AAGTATTTATCCTCTTTTGT TTTTTCATTGATGAAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTCACAA
Lymbra ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
?????????????????
Ronbra ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
?????????????????

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Ronneo A-GAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Lymalv AAGAGCCCATTTTACTTCCT AAGTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Lymglo AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Lymsmi AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Aegamo ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????
Aecgra AGGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Aecmin AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCANWATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Aecrac AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Aecwar AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Aragoe AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Arapar AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Crybro AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCTATCTTTCTCA TTCATTCTACTCTTTACAA
Crybre AAGAGCCCATTTTACTTCCT AACTATTTATCCTCTTTTGT TTTTCATTGATGAAAAAC
AAAATTCATCT????????? ??????????TATTTACAA

Aeccar ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Aecped ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Lymcor ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Aecapi ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Lymspi ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Aeclin ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Aectur ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATGAAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Lymazu ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Lymbra ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????
Ronbra ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????
Ronneo ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Lymalv ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Lymglo ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Lymsmi ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Aegamo ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????????????????
????????????????????
Aecgra ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAGGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Aecmin ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Aecrac ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Aecwar ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Aragoe ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Arapar ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Crybro ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC
Crybre ATGGATCCGAACAGAAATCT TTGGATCTTATCCCATACAA ATGAAGATATATAGGTAAAC
AATCTCTATTATTAATAAT TCACAATCCATATCATTATC

Aeccar CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Aecped CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Lymcor CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Aecapi CTTATATTTAATAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Lymspi CTTATATTTACTAGGTCTA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Aeclin CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTCTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Aectur CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Lymazu CTTATATTTACTAGGTCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Lymbra ????????????????? ????????????????? ????????????????? ?????????????????
????????????????????
Ronbra ????????????????? ????????????????? ????????????????? ?????????????????
????????????????????
Ronneo CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Lymalv CTTATATTTACTAGGTCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Lymglo CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Lymsmi CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Aegamo ????????????????? ????????????????? ????????????????? ?????????????????
????????????????????
Aecgra CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Aecmin CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Aecrac CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Aecwar CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Aragoe CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Arapar CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Crybro CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC
Crybre CTTATATTTACTAGGTCCAA TTTTGTATTTTTGTTTTAG TCCCTTTAATTGACATAGAT
ACAAGTACTCTGATGATGCA CAAAAAATGGTCGGGATAGC

Aeccar TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTACC A???CTGCTGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Aecped TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AGTT?????????GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Lymcor TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AGT?CTGCTGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAANN CAGAAGTCTTAATGTATNTGN
Aecapi TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AGT?????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Lymspi TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCA?? ??????GCTGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Aeclin TCAGTTGGGAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC ???????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Aectur TCAGTTGGGAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AGT?????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Lymazu TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC ???????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Lymbra ?????????????????? ?????????????????? ???????CTGTTGAA?GCTC CATCTACAAATGGATAAGAC
AGAAGTCTTAATGTATATGA
Ronbra ?????????????????? ?????????????????? ???????CTGTTGAA?GCTC CATCTACAAATGGATAAGAC
AGAAGTCTTAATGTATATGA
Ronneo TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AGT?????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Lymalv TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AG?CTGCTGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Lymglo TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AGTTCTGCTGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Lymsmi TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC ???????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Aegamo ?????????????????? ?????????????????? ?????????????????? ??????CAAATGGATAAGAC
AGAAGTCTTAATGTATATGA
Aecgra TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC A??CTGCTGTTGAACGCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Aecmin TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AGTTCTGCTGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Aecrac TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCA?? ???????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTTTTAATGTATATGA
Aecwar TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AGTT?????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Aragoe TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGT????? ???????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Arapar TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC AGTT?????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Crybro TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCG????? ???????TGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA
Crybre TCAGTTGGTAGAGCAGAGGA CTGAAAATCCTCGTGTCCACC? ??????GCTGTTGAA?GCTC
CATCTACAAATGGATAAGAC AGAAGTCTTAATGTATATGA

Aeccar ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTT TAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATCCAATTA
Aecped ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTT TAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATCCAATTA
Lymcor ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTT TAG CAAGCTATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATCCAATTA
Aecapi ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTT TAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATCCAATTA
Lymspi ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTT TAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATCCAATTA
Aeclin ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTT TAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- ----TCTTAATTCCAATTA
Aectur ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGCTAAA CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- ----TCTTAATTCCAATTA
Lymazu ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGCTAAA CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- ----TCTTAATTCCAATTA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Lymbra ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGCTAAA CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- ----TCTTAATTCCAATTA
Ronbra ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- ----TCTTAATTCCAATTA
Ronneo ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- ----TCTTAATTCCAATTA
Lymalv ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATTCCAATTA
Lymglo ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATTCCAATTA
Lymsmi ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATTCCAATTA
Aegamo ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGCTAAA CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- ----TCTTAATTCCAATTA
Aecgra ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGCTAAA CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- ----TCTTAATTCCAATTA
Aecmin ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATTCCAATTA
Aecrac ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATTCCAATTA
Aecwar ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATTCCAATTA
Aragoe ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTAT--- --ATTCCAAATTCCAATTA
Arapar ATTGCTGAAGGAAAGGAACA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTATTCT TAATTCCAAATTCCAATTA
Crybro ATTGCTGAAGGAA----CA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTATTCT TAATTCCAAATTCCAATTA
Crybre ATTGCTGAAGGAA----CA ATACCCAATATCTTGTTTAG CAAGATATTGGGTATTTTT
CTTCTCAATTTTTCTATTCT TAATTCCAAATTCCAATTA

Aeccar CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Aecped CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Lymcor CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Aecapi CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Lymspi CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Aeclin CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Aectur CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Lymazu CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Lymbra CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Ronbra CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Ronneo CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Lymalv CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Lymglo CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Lymsmi CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Aegamo CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGN
GCNAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Aecgra CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGCATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Aecmin CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGCATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Aecrac CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGCATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Aecwar CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGCATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Aragoe CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGCATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Arapar CTTAATTAACGACGAGATTT ATTATCGTTTCTTGCATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Crybro CTTAATTAACGACGGGATTT ATTATCGTTTCTTGCATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA
Crybre CTTAATTAACGACGGGATTT ATTATCGTTTCTTGCATGTC TCGCGAAAGTCAGAGTAGGC
GCGAATTCTCCAATTTGTG ACCTACCATACGATCTGTTA

Aeccar TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aecped TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Lymcor TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aecapi TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Lymspi TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aeclin TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aectur TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Lymazu TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Lymbra TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Ronbra TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Ronneo TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Lymalv TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Lymglo TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Lymsmi TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aegamo TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aecgra TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aecmin TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aecrac TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aecwar TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Aragoe TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Arapar TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT
Crybro TATAAATAGGTAAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCCG GACCAAGTTACTATTATTTT

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Crybre TATAAATAGGTAATGTTCC TTTCCATTATGAATAGCGAT TGTATGGCCAATCATTGTGG
GTATAATGGTAGATGCCCGA GACCAAGTACTATTATTC

Aeccar TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aecped TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Lymcor TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aecapi TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Lymspi TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aeclin TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aectur TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Lymazu TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Lymbra TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Ronbra TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Ronneo TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Lymalv TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Lymglo TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Lymsmi TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aegamo TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aecgra TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aecmin TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aecrac TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aecwar TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Aragoe TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Arapar TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Crybro TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT
Crybre TTTCTCCTCCCTCATGTTGA GTTTTTCAATTTTTCCCGCT AAATGATTAGCTACAAAAGG
ATTTTTTTTTAGTGAACGTG TCACAGCTGATTACTCCTTT

Aeccar TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGATNAA
Aecped TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Lymcor TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAN CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGATNAA
Aecapi TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATAAATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Lymspi TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT
CCAGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Aeclin TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT
CCAGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGAGAAA

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Aectur TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGAGAAA
Lymazu TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGAGAAA
Lymbra TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGAGAAA
Ronbra TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGAGNAA
Ronneo TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Lymalv TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Lymglo TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Lymsmi TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Aegamo TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGNATGGAAAAAAGATAAA
Aecgra TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT
CCAGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGAGAAA
Aecmin TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGATNAA
Aecrac TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Aecwar TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Aragoe TTTTTT--ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Arapar TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TGGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Crybro TTTTTTTACATTTTAAAGAT TAGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT
CCAGAATAAATACAATAATG ATGAATGGAAAAAAGATAAA
Crybre TTTTTT-ACATTTTAAAGAT TAGCATTCTATGTCCAATAT CTCGATCTAAGTATGGAGGT C-
AGAATAAATACNATAATG ATGAATGGAAAAAAGATNAA

Aeccar ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAA-
Aecped ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAA-
Lymcor ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAA-
Aecapi ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Lymspi ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAG
Aeclin ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAG
Aectur ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Lymazu ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Lymbra ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Ronbra ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Ronneo ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Lymalv ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Lymglo ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Lymsmi ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAG
Aegamo ATCCTTTAGGCTAG????? ???
Aecgra ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Aecmin ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAA-
Aecrac ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Aecwar ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA
Aragoe ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAA-
Arapar ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAG
Crybro ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAA-
Crybre ATCCTTTAG?CTAGATAAGA TAAA

;
end;

Befehlssyntax und Einstellungen für die Bayes'sche Analyse des oben stehenden Datensatzes basierend auf dem Ergebnis der Abschätzung der am besten den Datensatz beschreibenden Modellparameter. Die Auswahl der Modellparameter erfolgte mit Hilfe des Programmes Modeltest3.7 (POSADA et al. 1998):

```
begin mrbayes;
set autoclose=yes;
prset revmatpr=fixed(1.0000,1.5873,0.4013,0.4013,1.5873,1.0000) pinvarpr=fixed(0.9273);
lset nst=6 rates=equal;

mcmc startingtree=random ngen=1000000 printfreq=1000 nchains=5;
sumt burnin=4000;
end;
```

Graphische Zusammenfassung (Phylogenetischer Baum) der Ergebnisse der oben dargestellten MrBayes-Analyse :

(Ein zweiter Lauf mit den selben Einstellungen erbrachte ein in Bezug auf die ausgegebene Topologie identisches Resultat. Ein vollständiges Set von Dateien, inklusive der Vorläufe zur Bestimmung der Burnin-Phase befinden sich auf der beiliegenden CD.)

#NEXUS

```
[ID: 3926574271]
begin trees;
[Note: This tree contains information on the topology,
      branch lengths (if present), and the probability
      of the partition indicated by the branch.]
tree con_50_majrule =
(Aeccar:0.001097,Aecped:0.001098,Lymcor:0.001667,Lymglo:0.000561,Lymsmi:0.001679,Aecrac:0.002201,(Crybro:
0.001204,Crybre:0.002188)1.00:0.004794,(Lymspi:0.001423,Lymalv:0.001336)1.00:0.002786,(((Aeclin:0.002740,Aec
tur:0.002679,Ronbra:0.000704)1.00:0.002992,Ronneo:0.001933)0.91:0.001621,((Lymazu:0.002419,Lymbra:0.000700)
0.56:0.001210,(Aegamo:0.002168,Aecgra:0.002117)1.00:0.003420)1.00:0.002502)1.00:0.001951,(Aragoe:0.001111,A
rapar:0.000564)0.99:0.001100,(Aecapi:0.002790,Aecmin:0.001085,Aecwar:0.002221)0.90:0.001108);

[Note: This tree contains information only on the topology
      and branch lengths (mean of the posterior probability density).]
tree con_50_majrule =
(Aeccar:0.001097,Aecped:0.001098,Lymcor:0.001667,Lymglo:0.000561,Lymsmi:0.001679,Aecrac:0.002201,(Crybro:
0.001204,Crybre:0.002188):0.004794,(Lymspi:0.001423,Lymalv:0.001336):0.002786,(((Aeclin:0.002740,Aectur:0.00
2679,Ronbra:0.000704):0.002992,Ronneo:0.001933):0.001621,((Lymazu:0.002419,Lymbra:0.000700):0.001210,(Aeg
amo:0.002168,Aecgra:0.002117):0.003420):0.002502):0.001951,(Aragoe:0.001111,Arapar:0.000564):0.001100,(Aeca
pi:0.002790,Aecmin:0.001085,Aecwar:0.002221):0.001108);
end;
```

Ein zweiter Lauf mit den selben Einstellungen erbrachte ein identisches Resultat, ein vollständiges Set von Dateien, inklusive der Vorläufe zur Bestimmung der Burnin-Phase befinden sich auf der beiliegenden CD.?

Maximum Parsimonie-Analyse der variablen Positionen eines Alignments molekularer Daten aus DeSouza et al. (2007).

Das Ausgangsalignment ist identisch mit dem oben zuvor dokumentiertem, für die MrBayes-Analyse verwendeten Datensatz, konstante Positionen wurden aber vor den Parsimonie-Analysen entfernt, wodurch die kürzere, hier 39 Positionen umfassende Matrix entstand.

Das für die Analyse verwendete finale Alignment ist zusätzlich im FASTA-Format auf der beiliegenden CD zu finden.

#NEXUS

[C:\DOKUME~1\Rhinal\Desktop\LYMANI~1\DESOUS~1\NUR_DE~1 -- data title]

```
[Name: Aeccar      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aecped      Len: 39 Check: 0]
[Name: Lymcor      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aecapi      Len: 39 Check: 0]
[Name: Lymspi      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aeclin      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aectur      Len: 39 Check: 0]
[Name: Lymazu      Len: 39 Check: 0]
[Name: Lymbra      Len: 39 Check: 0]
[Name: Ronbra      Len: 39 Check: 0]
[Name: Ronneo      Len: 39 Check: 0]
[Name: Lymalv      Len: 39 Check: 0]
[Name: Lymglo      Len: 39 Check: 0]
[Name: Lymsmi      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aegamo      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aecgra      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aecmin      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aecrac      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aecwar      Len: 39 Check: 0]
[Name: Aragoe      Len: 39 Check: 0]
[Name: Arapar      Len: 39 Check: 0]
[Name: Crybro      Len: 39 Check: 0]
[Name: Crybeu      Len: 39 Check: 0]
```

begin data;

dimensions ntax=23 nchar=39;

format datatype=dna interleave missing=X gap=-;

matrix

```
Aeccar TCCTAGGTCCTCGCCTAGGA ATTG----ATCACAG-T-
Aecped TCCTAGGTCCTCGCCTAGGA ATTG----ATCACAG-T-
Lymcor TCCTAGGTCCTCGCCTAGGA ATTG----ATCACAG-T-
Aecapi TCCTAGGTCCTCTCCTAGGA ATTG----ATCACAG-TA
Lymspi TACTAAGTCCTCGGTTAGGA ATTG----ATCACAGCTG
Aeclin CCTCAGGCCCTTCCGAGGA ATTG-----TTCAGCGG
Aectur CCTCAGGCCCTTGCCGAGGA ACAA-----TTCAG-GA
Lymazu TACTAGGTCCTCGGTTAGGA ACAA-----TTCAG-GA
Lymbra TCCTAGGTCCTCGXXXAGGA ACAA-----TTCAG-GA
Ronbra CCTCAGGCCCTTGXXXAGGA ATTG-----TTCAG-GA
Ronneo TCCCAGGCCCTCGCCTAGGA ATTG-----TTCAG-TA
Lymalv TACTAAGTCTTCGGTTAGGA ATTG----ATCACAG-TA
Lymglo TCCTAGGTCCTCGCCTAGGA ATTG----ATCACAG-TA
Lymsmi TCCTAGGTCCTCGCCTAGGA ATTG----ATCACAG-TG
Aegamo TCCTTGGTTCACGXXXAGGA ACAA-----TTCAG-TX
Aecgra TCCTTGGTTCACGCCTAGGA ACAA-----TTCAGCGA
Aecmin TCCTAGGTCCTCTCCTAGGA ATTG----ATCATAG-T-
Aecrac TCCTAGGTCCTCGCCTAGGA ATTG----ATCATAG-TA
Aecwar TCCTAGGTCCTCTCCTAGGA ATTG----ATCACAG-TA
```

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

```
Aragoe TCCTAGATCCTCGCCTAGGA ATTG-----ATCACAG-T-
Arapar TCCTAGATCCTCGCCTAGGA ATTGTCTTAATCACAG-TG
Crybro TCCTAGGCTTTCGCCT---- -TTGTCTTAATCACAACCT-
Crybeu XXXXXXXXXXXXXXXCCT---- -TTGTCTTAATCACCA-TA
```

```
;
end;
begin assumptions;
options gapmode=newstate;
end;
```

Im PAUP-Block wurden für die *bootstrap*-Analyse die folgenden Einstellungen gewählt:?

```
begin paup;
set maxtrees=100 increase=auto outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;
bootstrap grpfreq=no nrep=1000;
outgroup Crybro Crybeu;
end;
```

Die Eingabedatei wurde auf dem online-Rechnercluster am NanoBio-Zentrum der Technischen Universität Kaiserslautern verarbeitet und erbrachte die folgenden Resultate:?

```
P A U P *
Portable version 4.0b10 for Unix
Tue Nov 13 18:51:25 2007
```

```
-----NOTICE-----
This is a beta-test version. Please report any crashes,
apparent calculation errors, or other anomalous results.
There are no restrictions on publication of results obtained
with this version, but you should check the WWW site
frequently for bug announcements and/or updated versions.
See the README file on the distribution media for details.
-----
```

```
Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1194978469_25861/input_user//user_paup_job.t
xt" begins...
```

Data read in DNA format

```
Data matrix has 23 taxa, 39 characters
Valid character-state symbols: ACGT
Missing data identified by 'X'
Gaps identified by '-'
"Equate" macros in effect:
R,r ==> {AG}
Y,y ==> {CT}
M,m ==> {AC}
K,k ==> {GT}
S,s ==> {CG}
W,w ==> {AT}
H,h ==> {ACT}
B,b ==> {CGT}
V,v ==> {ACG}
D,d ==> {AGT}
N,n ==> {ACGT}
```

```
Bootstrap method with heuristic search:
Number of bootstrap replicates = 1000
Starting seed = 132386591
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
Of 39 total characters:
All characters are of type 'unord'
All characters have equal weight
All characters are parsimony-informative
Gaps are treated as "fifth base"
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
Addition sequence: simple (reference taxon = Aeccar)
Number of trees held at each step during stepwise addition = 1
```

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)
 Steepest descent option not in effect
 Initial 'MaxTrees' setting = 100 (will be auto-increased by 100)
 Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
 'MulTrees' option in effect
 Topological constraints not enforced
 Trees are unrooted

Elapsed time	Taxa added	Rearr. tried	-- Number of trees -- saved	left-to-swap	Best tree(s)

0:01:00	Bootstrap replicate 10...				
0:01:00	23	9445662	9044	6753	69
0:02:00	-	61709416	16186	1407	69
0:02:07	-	67807321	0	0	69
0:03:07	Bootstrap replicate 20...				
0:03:07	23	9302377	7348	5077	58
0:03:39	-	36628096	0	0	58
0:04:39	Bootstrap replicate 35...				
0:04:39	23	351160	340	253	63
0:04:40	-	1428144	0	0	63
0:05:40	Bootstrap replicate 51...				
0:05:40	23	639513	1858	1701	62
0:06:11	-	25258944	0	0	62
0:07:11	Bootstrap replicate 66...				
0:07:11	23	4206809	1952	1004	67
0:07:16	-	9243499	0	0	67
0:08:16	Bootstrap replicate 84...				
0:08:16	23	1552112	444	49	63
0:08:16	-	1742376	0	0	63
0:09:16	Bootstrap replicate 100...				
0:09:16	23	534248	305	173	55
0:09:17	-	1433240	0	0	55
0:10:17	Bootstrap replicate 102...				
0:10:17	23	16285304	15916	12110	64
0:11:17	-	66153922	27554	11894	64
0:12:17	-	113823935	29491	2301	64
0:12:30	-	123373344	0	0	64
0:13:30	Bootstrap replicate 120...				
0:13:30	23	361078	722	634	58
0:13:34	-	4796016	0	0	58
0:14:34	Bootstrap replicate 131...				
0:14:34	23	14130208	4422	1038	62
0:14:39	-	18989688	0	0	62
0:15:39	Bootstrap replicate 142...				
0:15:39	23	21479307	5799	851	60
0:15:44	-	25416864	0	0	60
0:16:44	Bootstrap replicate 161...				
0:16:44	23	10979312	3805	1254	65
0:16:49	-	16734936	0	0	65
0:17:49	Bootstrap replicate 168...				
0:17:49	23	1836397	891	456	54
0:17:52	-	3896720	0	0	54
0:18:52	Bootstrap replicate 194...				
0:18:52	23	9868632	4496	2217	63
0:19:02	-	21077296	0	0	63
0:20:02	Bootstrap replicate 202...				
0:20:02	23	7701825	7023	5139	60
0:20:51	-	42430960	0	0	60
0:21:51	Bootstrap replicate 229...				
0:21:51	23	3190829	1540	734	64
0:21:55	-	6897528	0	0	64
0:22:55	Bootstrap replicate 249...				
0:22:55	23	16584461	4237	521	66
0:22:57	-	19139523	0	0	66
0:23:57	Bootstrap replicate 252...				
0:23:57	23	41169923	27949	17998	66
0:24:57	-	89542118	33816	12093	66
0:25:57	-	137009326	35172	1767	66
0:26:06	-	144329664	0	0	66
0:27:06	Bootstrap replicate 262...				
0:27:06	23	848684	335	127	68
0:27:07	-	1482848	0	0	68
0:28:07	Bootstrap replicate 274...				
0:28:07	23	6026590	5060	3643	61
0:28:37	-	32577856	0	0	61
0:29:37	Bootstrap replicate 285...				

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

0:29:37	23	31496159	12874	5088	64
0:30:09	-	58332960	0	0	64
0:31:09	Bootstrap replicate 297...				
0:31:09	23	21028801	5492	460	69
0:31:11	-	22959160	0	0	69
0:32:11	Bootstrap replicate 311...				
0:32:11	23	18620850	8296	3721	62
0:32:26	-	35541512	0	0	62
0:33:26	Bootstrap replicate 322...				
0:33:26	23	1775457	4642	4228	62
0:34:26	-	50632335	14409	2567	62
0:34:40	-	61968040	0	0	62
0:35:40	Bootstrap replicate 338...				
0:35:40	23	7857660	2031	197	68
0:35:41	-	8788272	0	0	68
0:36:41	Bootstrap replicate 344...				
0:36:41	23	13184164	6712	3591	62
0:37:13	-	35598161	0	0	62
0:38:13	Bootstrap replicate 354...				
0:38:13	23	9018124	3340	1253	66
0:38:20	-	16347980	0	0	66
0:39:20	Bootstrap replicate 362...				
0:39:20	23	2464003	4064	3485	62
0:39:47	-	28091560	0	0	62
0:40:47	Bootstrap replicate 373...				
0:40:47	23	688288	1421	1270	55
0:41:07	-	16741408	0	0	55
0:42:07	Bootstrap replicate 374...				
0:42:07	23	57075863	14765	859	61
0:42:11	-	60749440	0	0	61
0:43:11	Bootstrap replicate 379...				
0:43:11	23	17610325	10780	6566	63
0:43:59	-	50374808	0	0	63
0:44:59	Bootstrap replicate 393...				
0:44:59	23	9461742	3371	1160	69
0:45:07	-	15002859	0	0	69
0:46:07	Bootstrap replicate 403...				
0:46:07	23	11038844	3017	384	64
0:46:09	-	12671835	0	0	64
0:47:09	Bootstrap replicate 413...				
0:47:09	23	25132374	8960	2908	65
0:47:23	-	37189112	0	0	65
0:48:23	Bootstrap replicate 419...				
0:48:23	23	13909950	7143	3956	69
0:48:51	-	38362732	0	0	69
0:49:51	Bootstrap replicate 426...				
0:49:51	23	1403254	2091	1745	67
0:50:07	-	15003432	0	0	67
0:51:07	Bootstrap replicate 435...				
0:51:07	23	15957253	14004	10225	64
0:52:07	-	54070687	19495	6646	64
0:52:56	-	85018544	0	0	64
0:53:56	Bootstrap replicate 451...				
0:53:56	23	15363	105	102	66
0:54:22	-	19701088	0	0	66
0:55:22	Bootstrap replicate 467...				
0:55:22	23	2116831	644	164	69
0:55:22	-	2941032	0	0	69
0:56:22	Bootstrap replicate 488...				
0:56:22	23	4769531	5574	4443	61
0:57:01	-	34798192	0	0	61
0:58:01	Bootstrap replicate 495...				
0:58:01	23	15446200	22781	19131	63
0:59:01	-	63389021	48503	33612	63
1:00:01	-	110635699	62549	36475	63
1:01:01	-	155928468	69687	33124	63
1:02:01	-	198980357	74510	27871	63
1:03:01	-	243127918	77068	20118	63
1:04:01	-	284296394	78327	11825	63
1:05:01	-	324976485	78730	2820	63
1:05:19	-	337403760	0	0	63
1:06:19	Bootstrap replicate 500...				
1:06:19	23	10310695	3141	732	71
1:06:23	-	13598096	0	0	71
1:07:23	Bootstrap replicate 517...				
1:07:23	23	4656368	1499	322	59
1:07:24	-	5955240	0	0	59

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

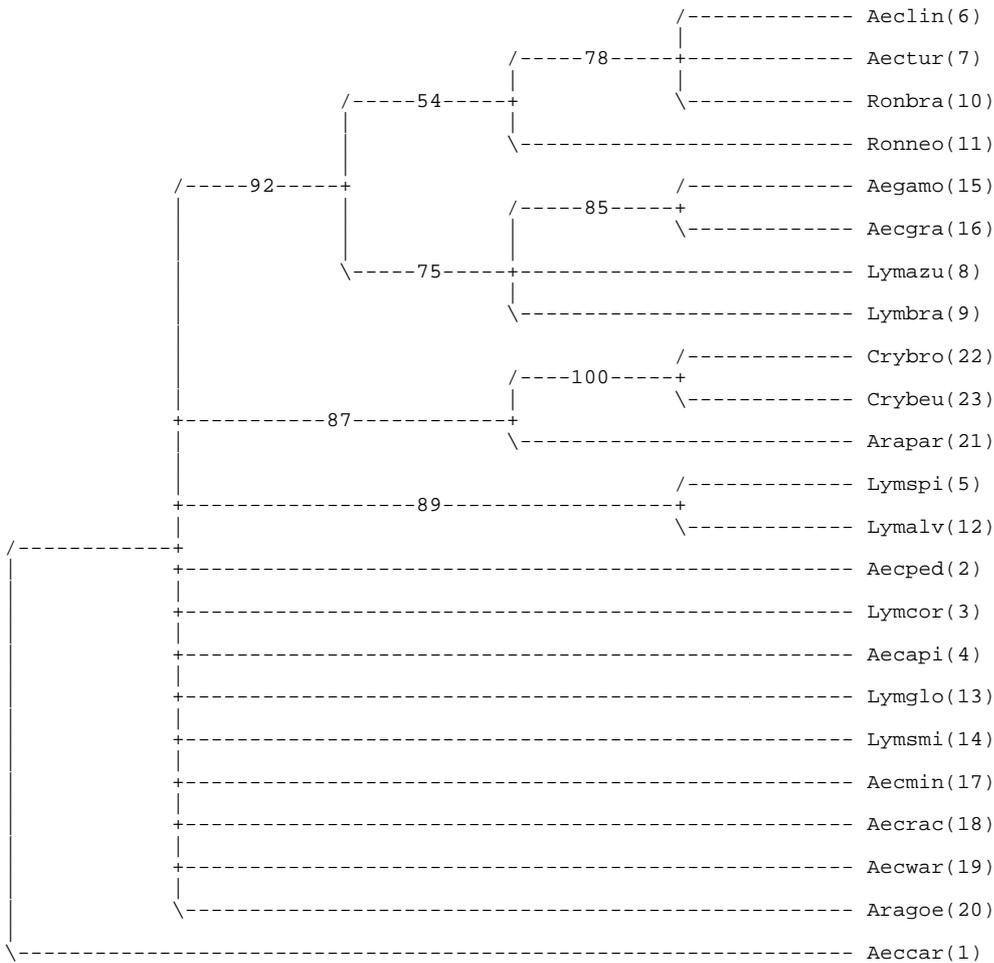
1:08:24	Bootstrap replicate 526...				
1:08:24	23	1667781	2141	1764	72
1:08:38	-	15012720	0	0	72
1:09:38	Bootstrap replicate 536...				
1:09:38	23	23510210	10442	4564	63
1:10:02	-	45731304	0	0	63
1:11:02	Bootstrap replicate 540...				
1:11:02	23	51240127	12636	408	56
1:11:04	-	53050280	0	0	56
1:12:04	Bootstrap replicate 545...				
1:12:04	23	4206768	2454	1470	71
1:12:14	-	11959896	0	0	71
1:13:14	Bootstrap replicate 553...				
1:13:14	23	25555487	6175	108	65
1:13:14	-	26024872	0	0	65
1:14:14	Bootstrap replicate 570...				
1:14:14	23	5033368	1212	34	66
1:14:15	-	5187448	0	0	66
1:15:15	Bootstrap replicate 578...				
1:15:15	23	7033535	10647	8934	68
1:16:15	-	55218868	19367	5974	68
1:16:47	-	81600024	0	0	68
1:17:47	Bootstrap replicate 598...				
1:17:47	23	249864	260	204	72
1:17:48	-	1856231	0	0	72
1:18:48	Bootstrap replicate 603...				
1:18:48	23	22566567	6091	582	66
1:18:51	-	24882015	0	0	66
1:19:51	Bootstrap replicate 621...				
1:19:51	23	11352404	7439	4767	60
1:20:29	-	41464968	0	0	60
1:21:29	Bootstrap replicate 631...				
1:21:29	23	19470976	6756	2031	63
1:21:40	-	28423328	0	0	63
1:22:40	Bootstrap replicate 654...				
1:22:40	23	5360606	2673	1405	61
1:22:48	-	12659702	0	0	61
1:23:48	Bootstrap replicate 671...				
1:23:48	23	8092966	3668	1748	65
1:23:58	-	15880096	0	0	65
1:24:58	Bootstrap replicate 679...				
1:24:58	23	865231	1153	943	65
1:25:09	-	10731473	0	0	65
1:26:09	Bootstrap replicate 689...				
1:26:09	23	1489663	1129	761	66
1:26:14	-	5053625	0	0	66
1:27:14	Bootstrap replicate 712...				
1:27:14	23	4712075	2633	1531	59
1:27:23	-	12068335	0	0	59
1:28:23	Bootstrap replicate 723...				
1:28:23	23	21581088	5296	259	63
1:28:25	-	22751376	0	0	63
1:29:25	Bootstrap replicate 728...				
1:29:25	23	41917527	17628	7528	77
1:30:05	-	78177464	0	0	77
1:31:05	Bootstrap replicate 746...				
1:31:05	23	8583840	2368	253	68
1:31:06	-	9592864	0	0	68
1:32:06	Bootstrap replicate 764...				
1:32:06	23	5484153	2145	741	61
1:32:10	-	9033312	0	0	61
1:33:10	Bootstrap replicate 770...				
1:33:10	23	22375799	8371	3008	64
1:33:26	-	36067636	0	0	64
1:34:26	Bootstrap replicate 775...				
1:34:26	23	8695396	3332	1346	62
1:34:33	-	15889944	0	0	62
1:35:33	Bootstrap replicate 805...				
1:35:33	23	6096238	4517	3000	79
1:35:53	-	23619960	0	0	79
1:36:53	Bootstrap replicate 816...				
1:36:53	23	842086	1188	986	70
1:37:08	-	18701855	0	0	70
1:38:08	Bootstrap replicate 825...				
1:38:08	23	12113465	6306	3319	56
1:38:25	-	26983992	0	0	56
1:39:25	Bootstrap replicate 837...				

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

1:39:25	23	2508816	1521	867	67
1:39:31	-	7580288	0	0	67
1:40:31	Bootstrap replicate 846...				
1:40:31	23	29365788	7394	294	64
1:40:32	-	30570256	0	0	64
1:41:32	Bootstrap replicate 865...				
1:41:32	23	4643348	2950	1858	68
1:41:43	-	13071312	0	0	68
1:42:43	Bootstrap replicate 878...				
1:42:43	23	4832297	3457	2321	72
1:43:00	-	22058515	0	0	72
1:44:00	Bootstrap replicate 896...				
1:44:00	23	9865598	3805	1465	60
1:44:09	-	17164464	0	0	60
1:45:09	Bootstrap replicate 906...				
1:45:09	23	3913599	1523	563	66
1:45:12	-	6467928	0	0	66
1:46:12	Bootstrap replicate 916...				
1:46:12	23	4449688	2306	1294	62
1:46:22	-	13561978	0	0	62
1:47:22	Bootstrap replicate 930...				
1:47:22	23	10197979	3865	1537	63
1:47:35	-	18089240	0	0	63
1:48:35	Bootstrap replicate 961...				
1:48:35	23	185498	563	519	64
1:48:47	-	9088000	0	0	64
1:49:47	Bootstrap replicate 970...				
1:49:47	23	6472462	3452	1979	61
1:50:00	-	17118128	0	0	61
1:51:00	Bootstrap replicate 978...				
1:51:00	23	915119	396	199	74
1:51:01	-	1982828	0	0	74
1:52:01	Bootstrap replicate 995...				
1:52:01	23	5559058	3026	1638	73
1:52:09	-	13992272	0	0	73
1:52:40	Bootstrap replicate 1000...				
1:52:40	23	148224	0	0	59

1000 bootstrap replicates completed
Time used = 01:52:40 (CPU time = 01:52:26.1)

Bootstrap 50% majority-rule consensus tree der Maximum Parsimonie-Analyse der variablen Positionen eines Alignments molekularer Daten aus DeSouza et al. (2007):



Outgroup status changed:
 2 taxa transferred to outgroup
 Total number of taxa now in outgroup = 2
 Number of ingroup taxa = 21
 Processing of file "~/webservice/htdocs/paup3.sge/temp/1194978469_25861/input_user//user_paup_job.t
 xt" completed.
 paup>

Eine zweite Analyse diente der Bestimmung der Güteparameter für die sparsamsten Bäume, sowie der Errechnung eines *strict consensus* sowie eines *majority-rule consensus* Baumes im Rahmen einer Heuristischen Suche. Hierzu wurde der folgende PAUP-Block genutzt.

```
begin paup;
hsearch;
set maxtrees=1000 outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;
outgroup Crybro Crybre;
roottrees outroot=monophyl;
Pscores 1/ TL=yes CI=yes RI=yes RC=yes HI=yes;
contree/ majrule=yes grpfreq=no;
savetree file=HScons.tre;
end;
```

```
begin paup;
hsearch;
set maxtrees=1000 outroot=monophyl torder=left criterion=parsimony;
outgroup Crybro Crypbeuc;
roottrees outroot=monophyl;
Pscores 1/ TL=yes CI=yes RI=yes RC=yes HI=yes;
contree/ majrule=yes grpfreq=no;
savetree file=HScons.tre;
end;
```

Die Analyse wurde auf dem online-Rechnercluster am NanoBio-Zentrum der Technischen Universität Kaiserslautern unter der paupjob_nr: 1228000401_25167 verarbeitet und erbrachte die folgenden Resultate:

P A U P *

Portable version 4.0b10 for Unix

Sun Nov 30 00:13:25 2008

-----NOTICE-----

This is a beta-test version. Please report any crashes, apparent calculation errors, or other anomalous results. There are no restrictions on publication of results obtained with this version, but you should check the WWW site frequently for bug announcements and/or updated versions. See the README file on the distribution media for details.

Processing of file

"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1228000401_25167/input_user//user_paup_job.txt" begins...

Data read in DNA format

Data matrix has 23 taxa, 39 characters

Valid character-state symbols: ACGT

Missing data identified by 'X'

Gaps identified by '-'

"Equate" macros in effect:

R,r ==> {AG}

Y,y ==> {CT}

M,m ==> {AC}

K,k ==> {GT}

S,s ==> {CG}

W,w ==> {AT}

H,h ==> {ACT}

B,b ==> {CGT}

V,v ==> {ACG}

Anhang A8.1: Analysen einer kombinierten Matrix molekularer Daten mit Fokus auf Arten der Gattung *Lymania*.

D,d ==> {AGT}
N,n ==> {ACGT}

Heuristic search settings:

Optimality criterion = parsimony

Character-status summary:

Of 39 total characters:

All characters are of type 'unord'

All characters have equal weight

All characters are parsimony-informative

Gaps are treated as "fifth base"

Starting tree(s) obtained via stepwise addition

Addition sequence: simple (reference taxon = Aeccar)

Number of trees held at each step during stepwise addition = 1

Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR)

Steepest descent option not in effect

Initial 'MaxTrees' setting = 100

Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero

'MulTrees' option in effect

Topological constraints not enforced

Trees are unrooted

The limit of 100 trees (= 'MaxTrees') has been reached.

Do you want to increase 'MaxTrees'? (y/N) n

'MaxTrees' limit (100) hit while swapping on tree #4 (score=63)

Heuristic search completed

Total number of rearrangements tried = 417920

Score of best tree(s) found = 63

Number of trees retained = 100

Note: Effectiveness of search may have been diminished due to tree-buffer overflow.

Time used = <1 sec (CPU time = 0.34 sec)

MaxTrees reset to 1000

Outgroup status changed:

2 taxa transferred to outgroup

Total number of taxa now in outgroup = 2

Number of ingroup taxa = 21

100 trees converted from unrooted to rooted.

Lengths and fit measures of trees in memory:

Character-status summary:

Of 39 total characters:

All characters are of type 'unord'

All characters have equal weight

All characters are parsimony-informative

Gaps are treated as "fifth base"

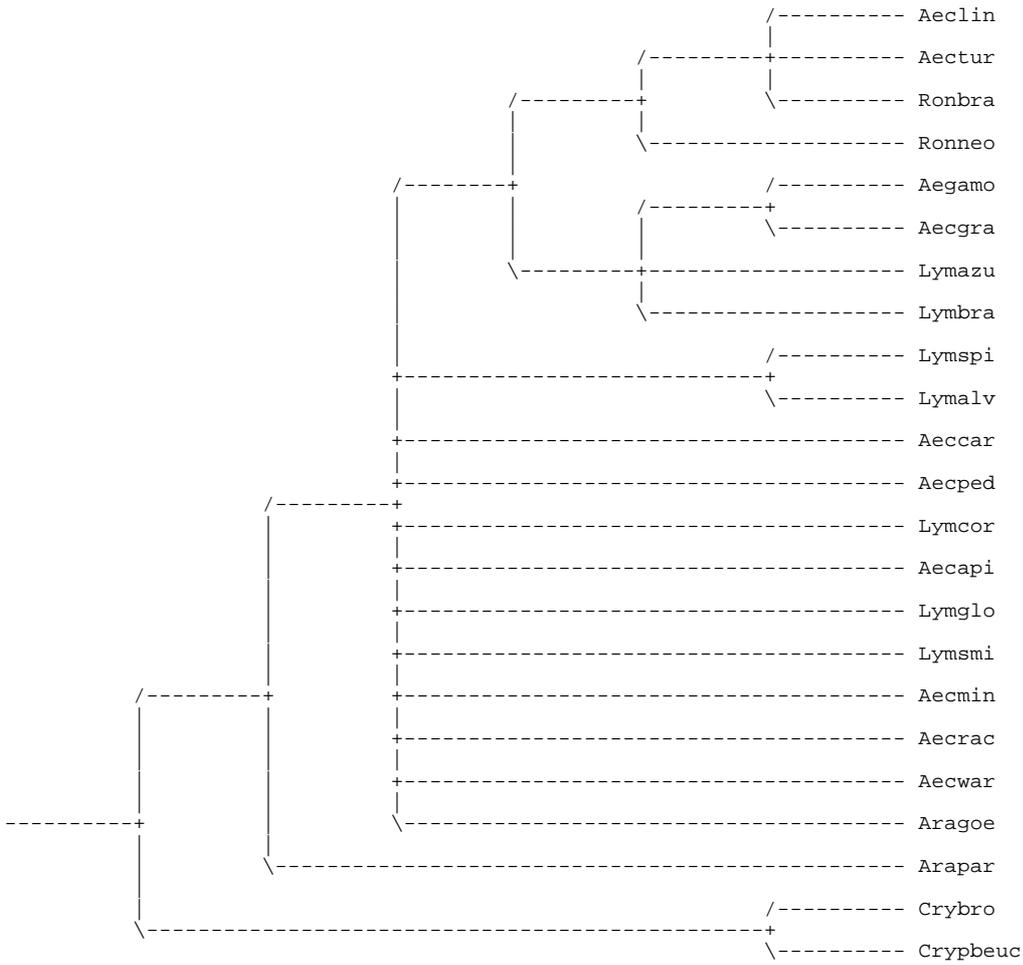
AncStates = "standard"

Sum of min. possible lengths = 40

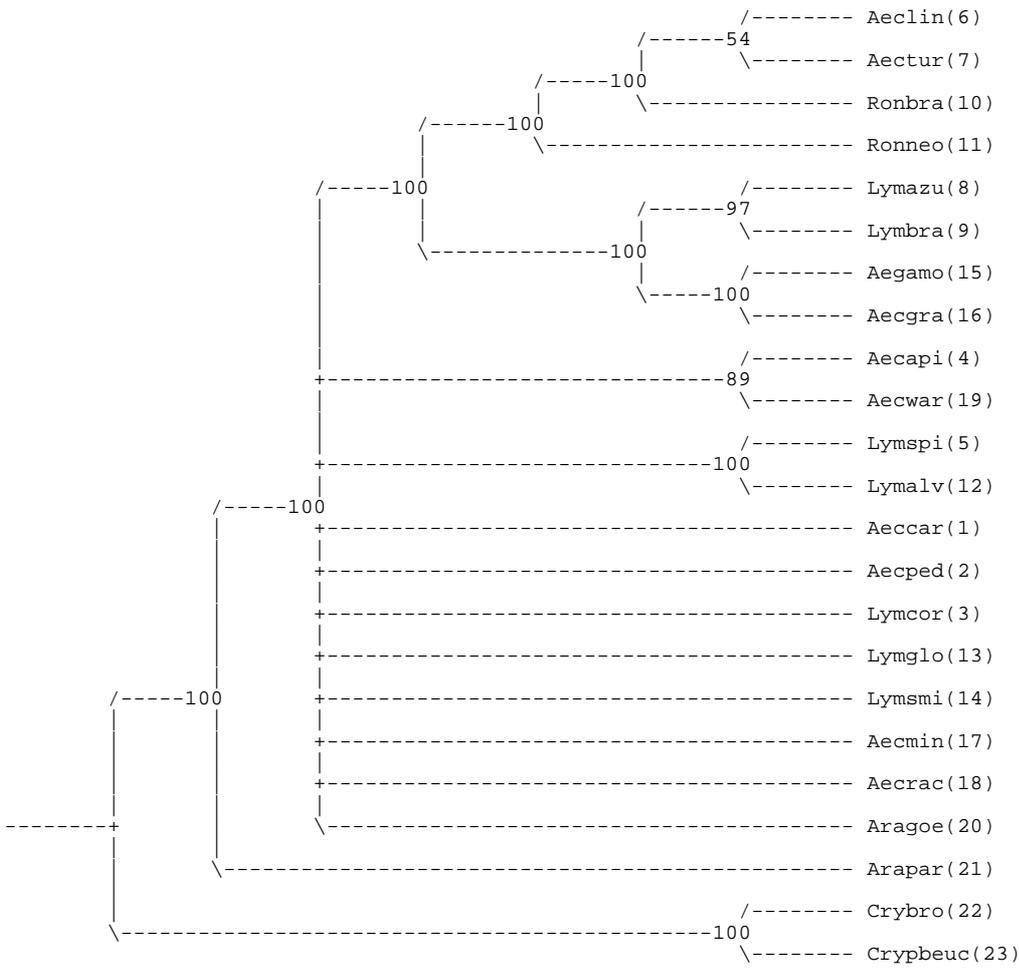
Sum of max. possible lengths = 144

Tree # 1
Length 63
CI 0.635
RI 0.779
RC 0.495
HI 0.365

Strict consensus tree der Maximum Parsimonie-Analyse der variablen Positionen eines Alignments molekularer Daten aus DeSouza et al. (2007):



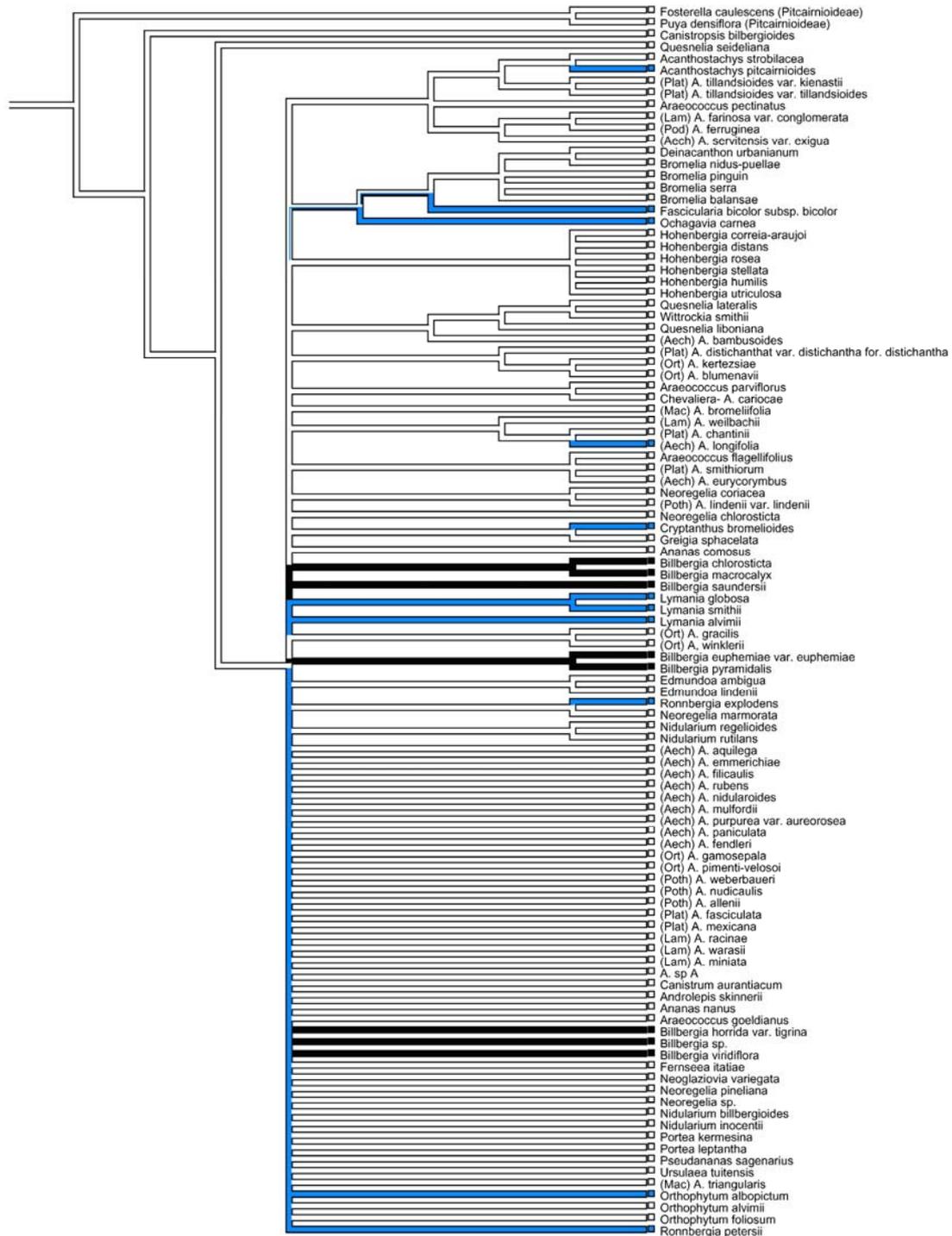
50% majority-rule consensus tree der Maximum Parsimonie-Analyse der variablen Positionen eines Alignments molekularer Daten aus DeSouza et al. (2007):



Processing of file
"~/webserver/htdocs/paup3.sge/temp/1228000401_25167/input_user//user_paup_job.t
xt" completed.

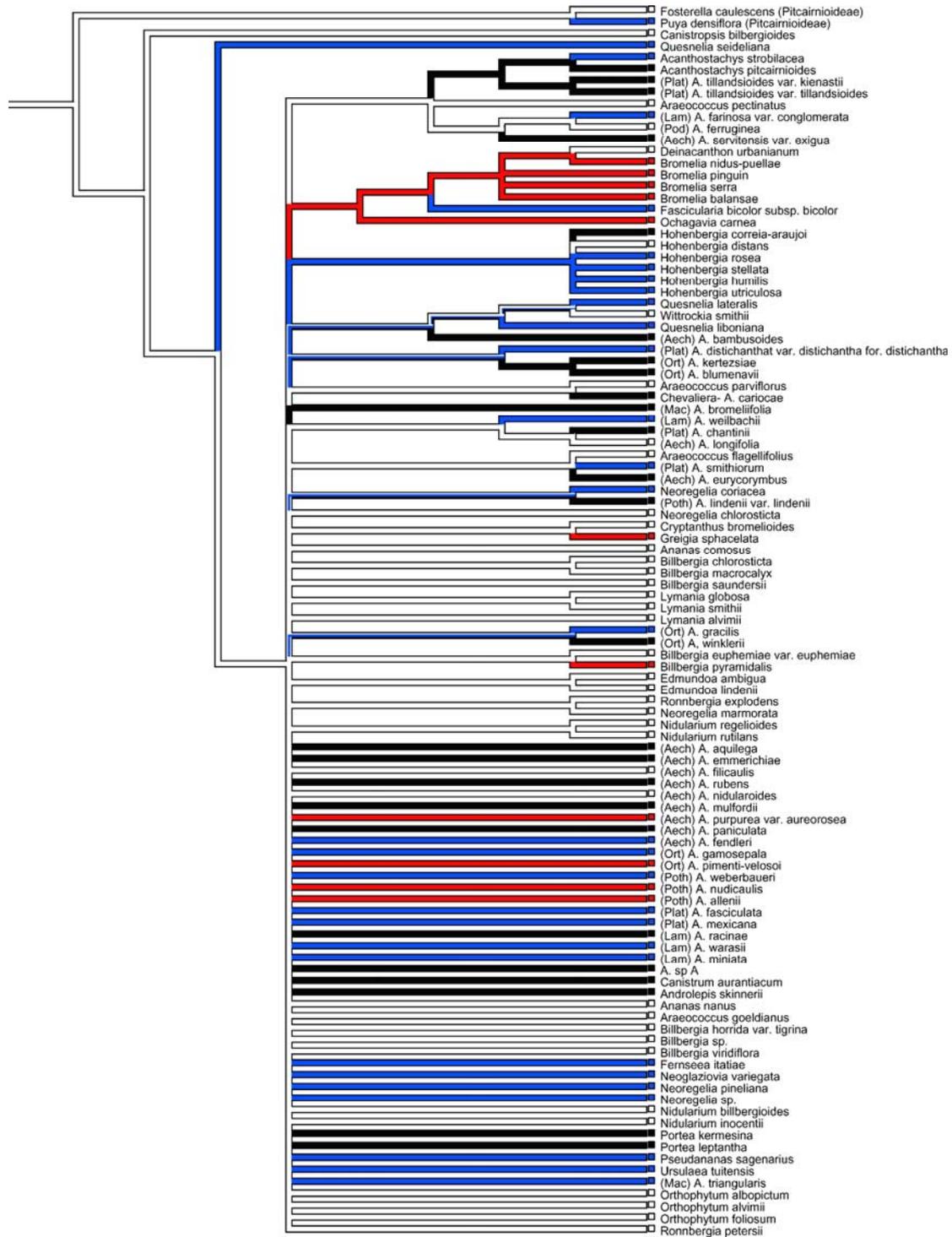
paup>

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 1, Orientierung der Petalen am Anthesetag. Weiß: gerade, Blau: ausgebreitet, Schwarz: einfach nach Hinten gerollt.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



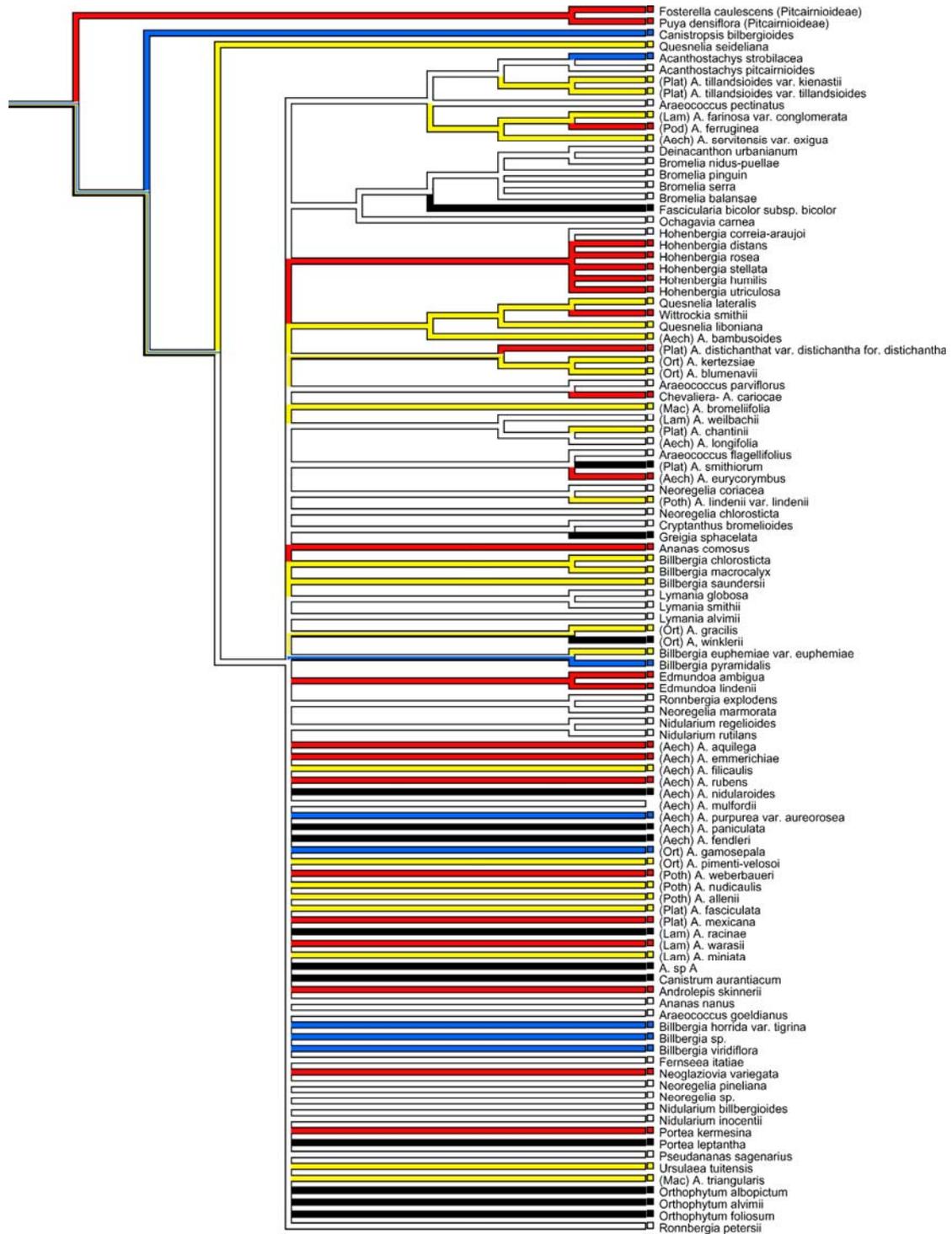
Merkmal 2, Grundfarbe der Petalen. Weiß: weiß, creme oder hellgrün, Blau: blau, lila oder purpurn, Rot: rot oder rosa, Schwarz: gelb oder orange.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



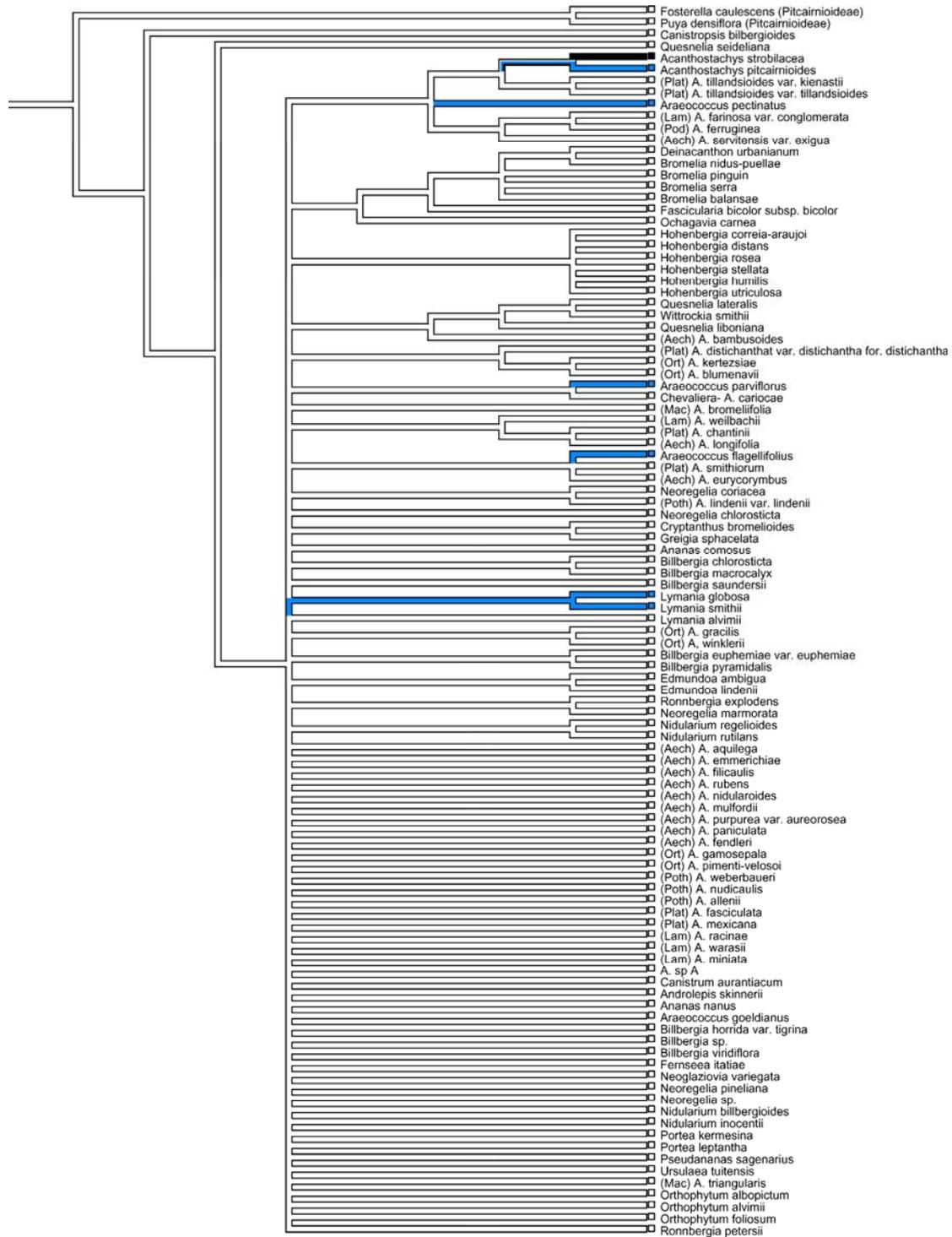
Merkmal 3, Farbe der Petalenspitzen. Weiß: Spitzen identisch wie Grundfarbe, Blau: Spitzen blau, Schwarz: Spitzen weiß.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



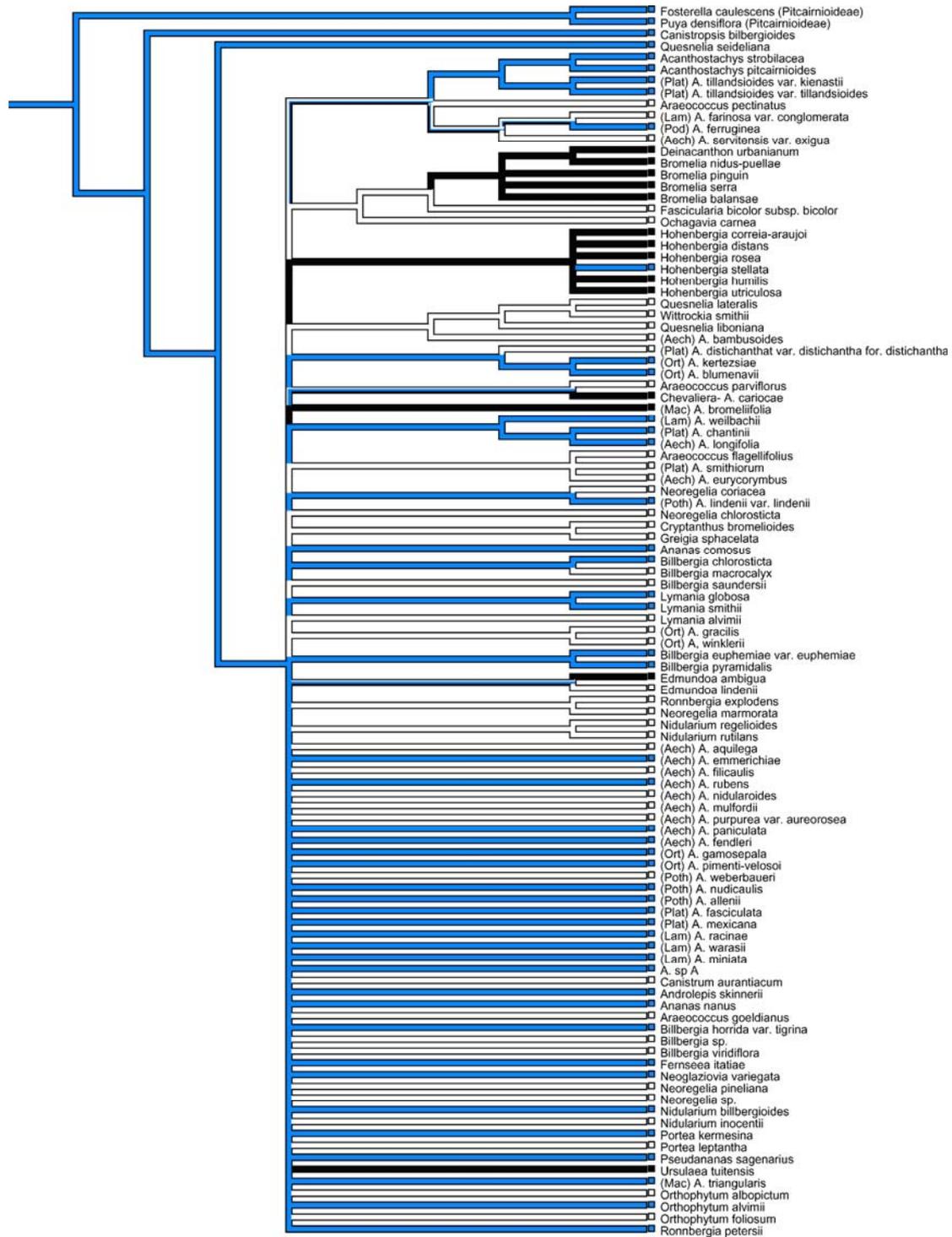
Merkmal 4, Petalenanhängsel. Weiß: fehlend, Blau: taschenförmig, Gelb fransig, Rot zungenförmig, Schwarz: gezähnt.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



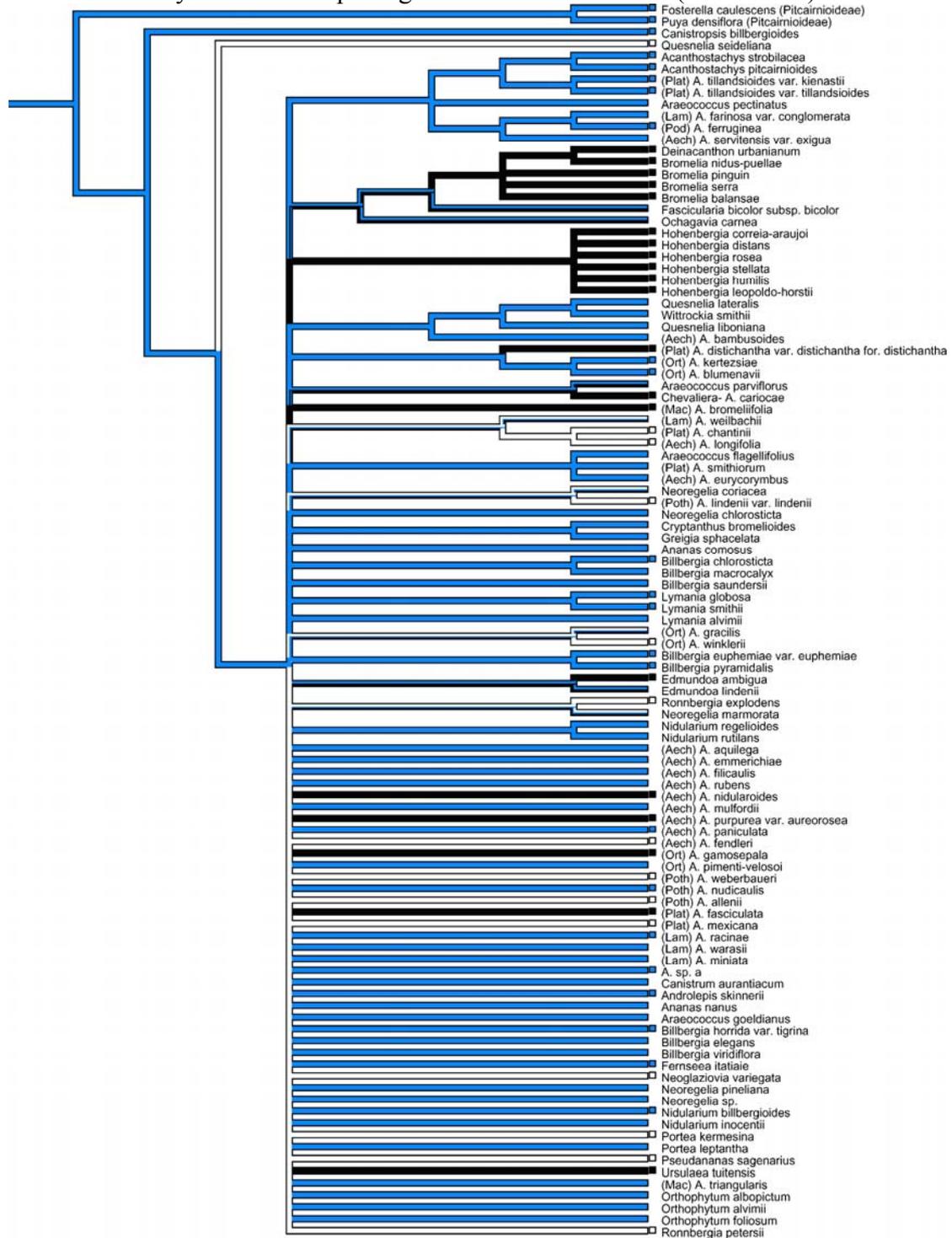
Merkmal 5, Petalpapillen. Weiß: fehlend, Blau: stumpf, Schwarz: spitz.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 6, Trichomverteilung. Weiß: kahl, Blau: zerstreut, Schwarz: dicht.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 7, Trichomforsätze. Weiß: Trichomforsätze fehlend, Blau: Trichomforsätze mit Länge:Breite ≤10:1, Schwarz: Trichomforsätze mit Länge:Breite >10:1.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



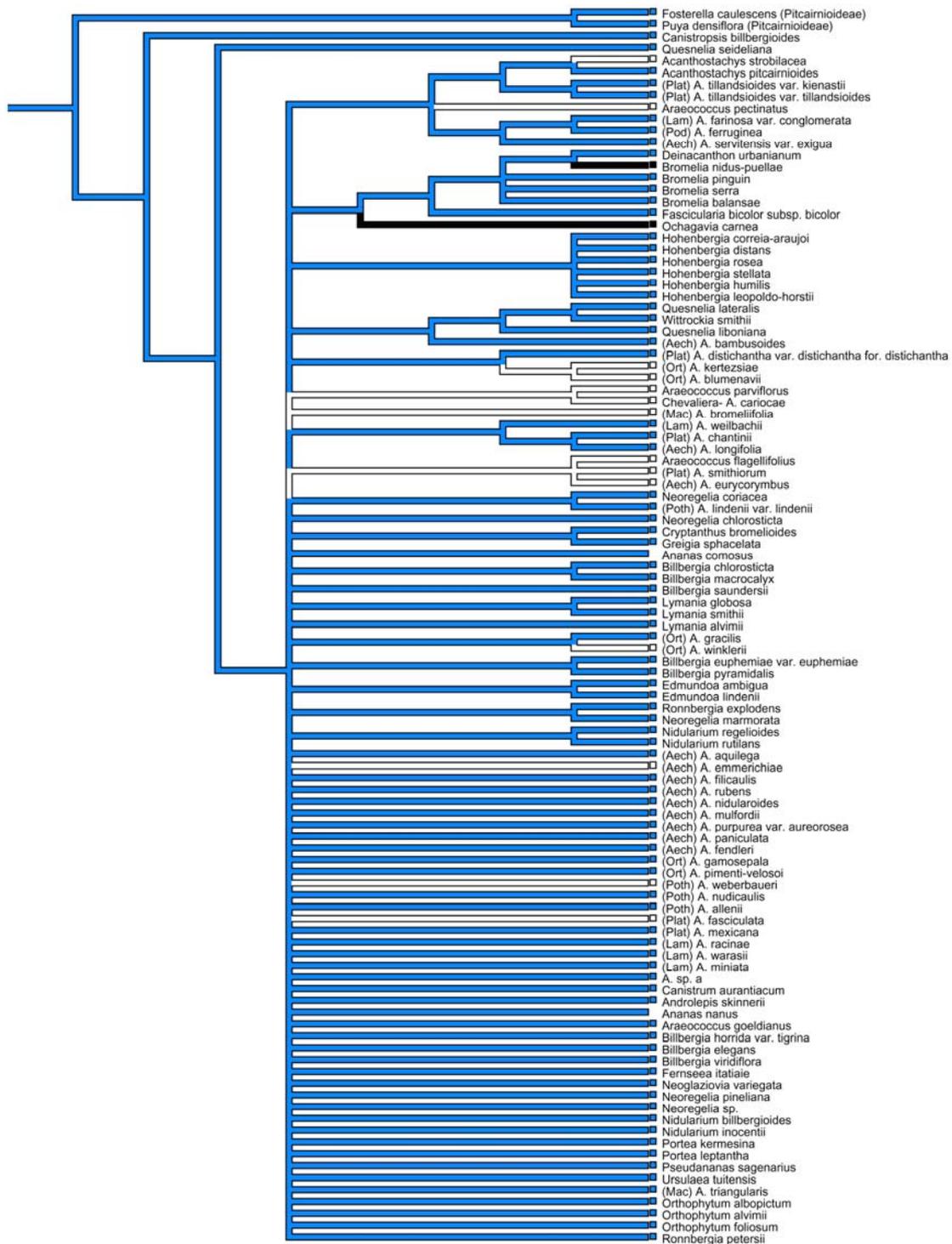
Merkmal 8, Epigyne Röhre. Weiß: fehlend, Schwarz: vorhanden.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



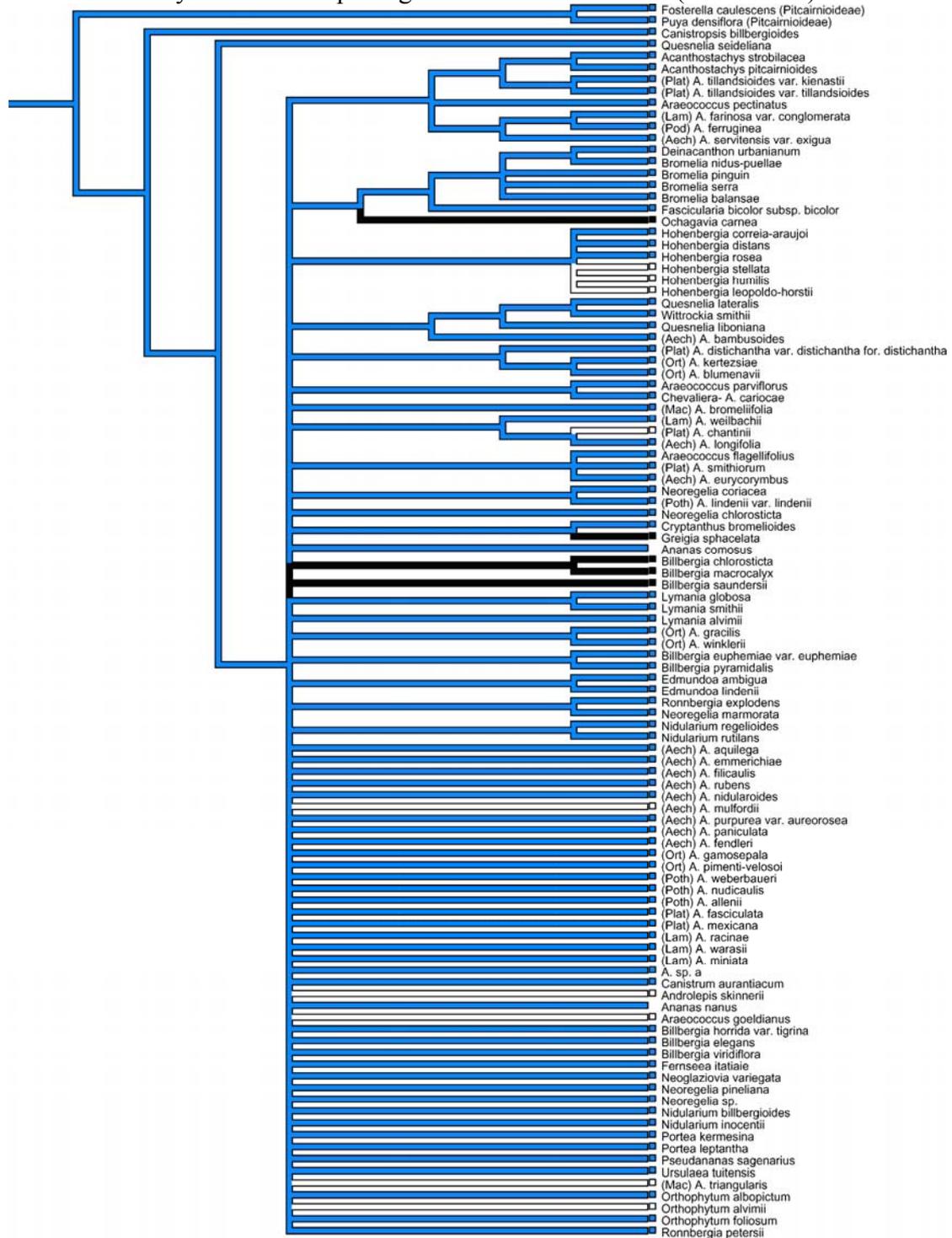
Merkmal 9, Lage der Fruchtknoten. Weiß: oberständig, Schwarz: unterständig.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



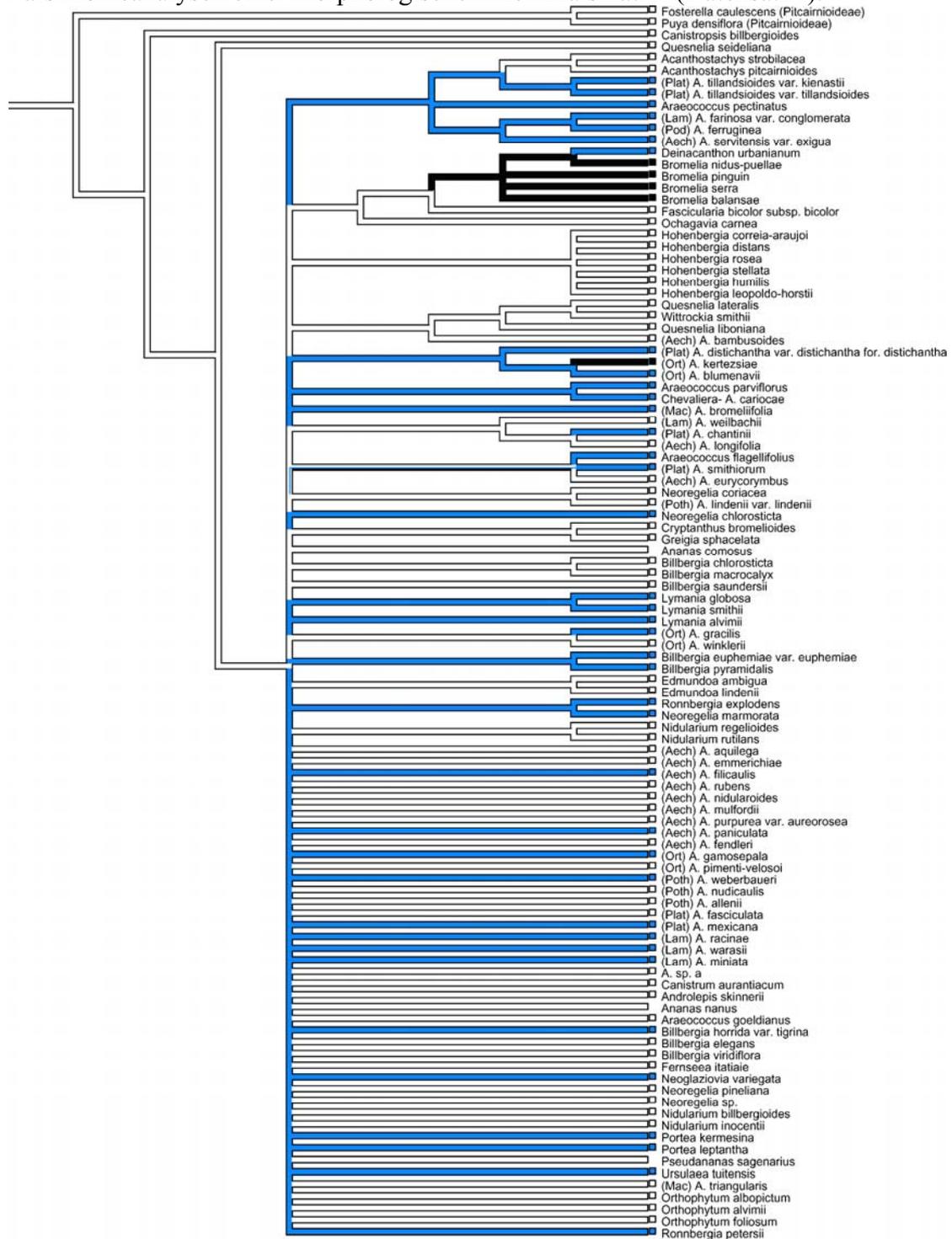
Merkmal 10, Länge der Fruchtknoten (mm). Weiß: < 2,25, Blau: ≥ 2,25 - < 32,5, Schwarz: ≥ 32,5.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



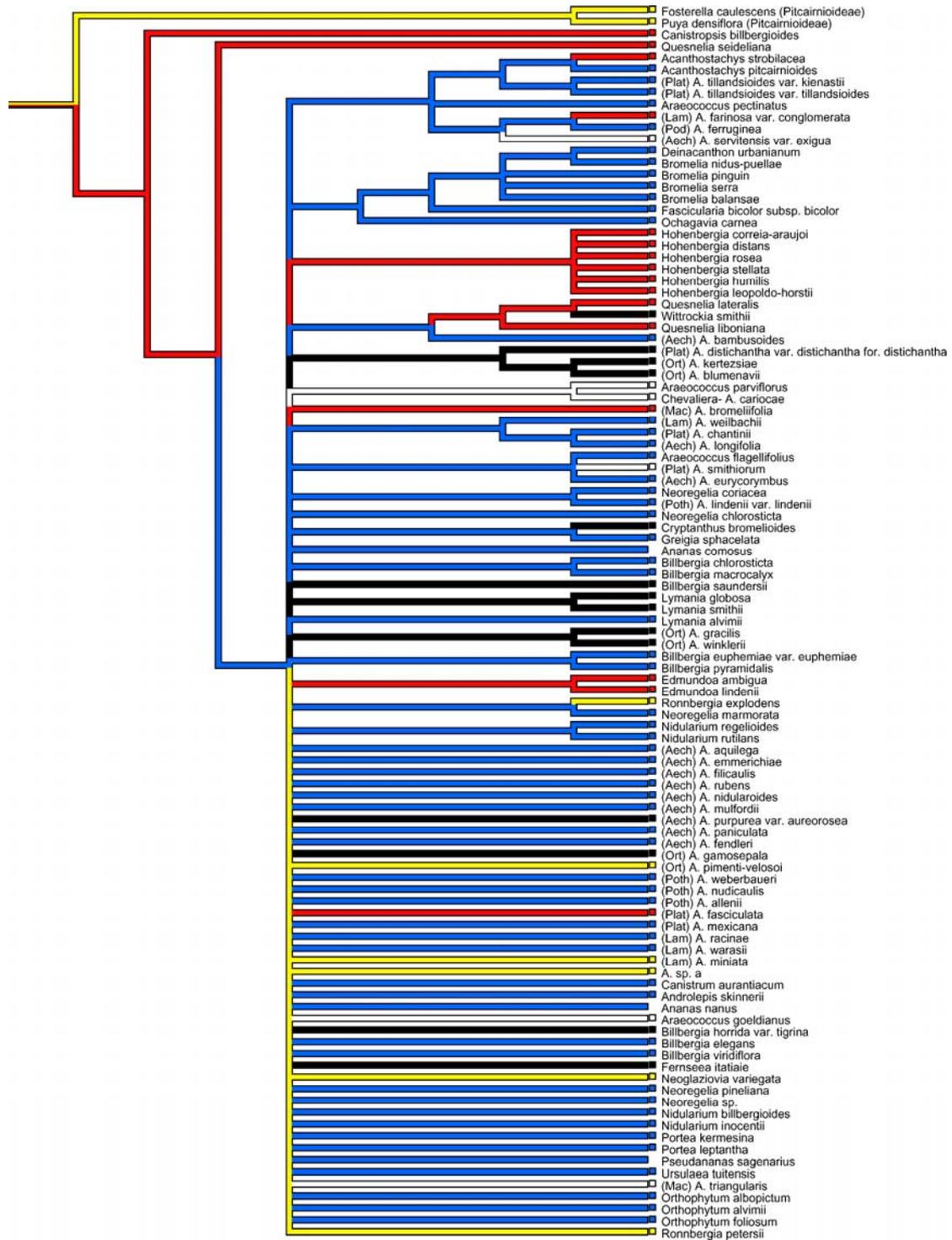
Merkmal 11, Länge/Breite des Fruchtknotens (mm). Weiß: < 0,9, Blau: { ≥ 0,9 , < 3,2}, Schwarz: ≥ 3,2.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 12, Fruchtknotenform im Querschnitt. Weiß: dreieckig, Blau: radiär, Schwarz: viereckig.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



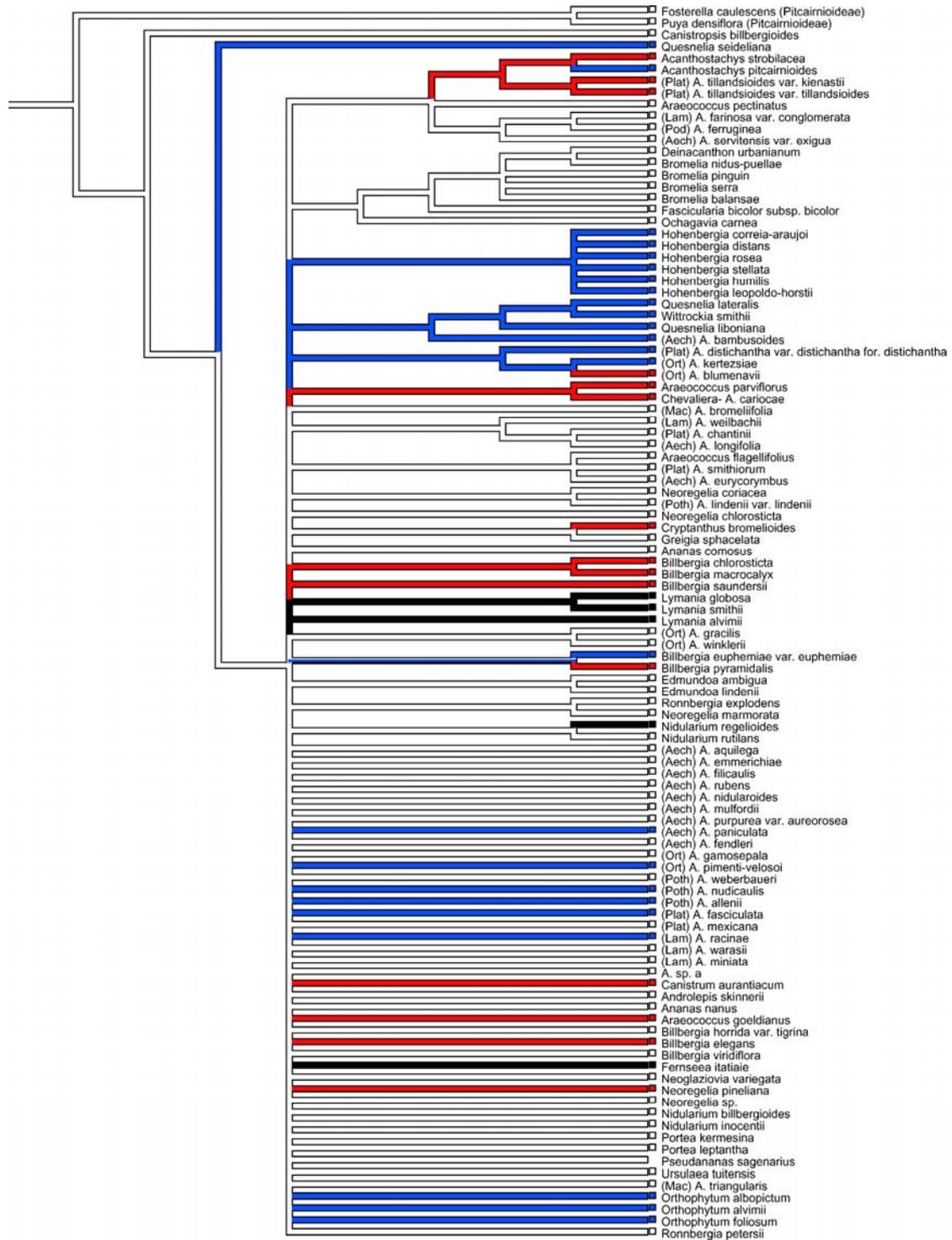
Merkmal 13, Fruchtknoten im Längsschnitt, Grundrissform. Weiß: rundlich, Blau: elliptisch, Gelb: eiförmig, Rot: umgekehrt eiförmig, Schwarz: rechteckig.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



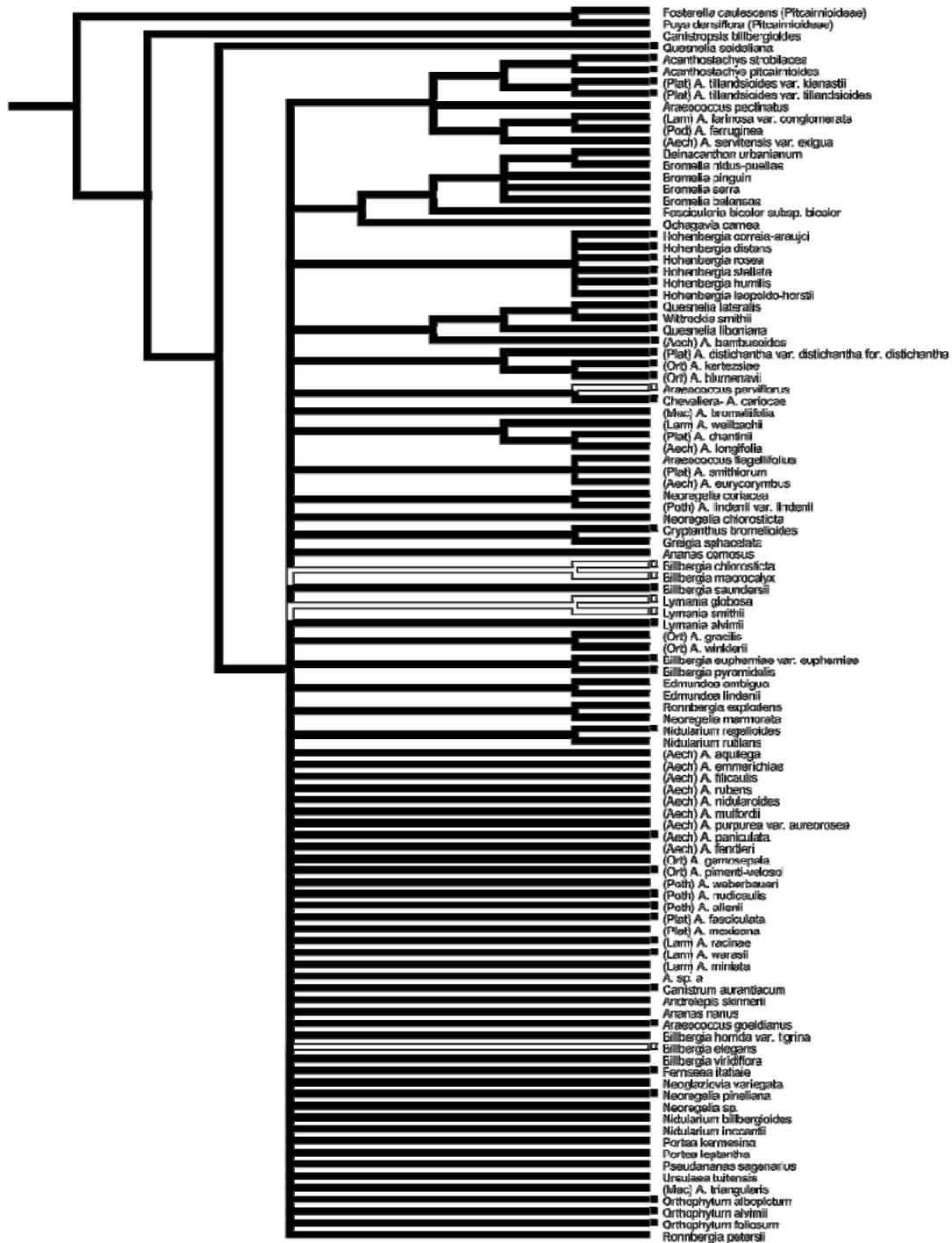
Merkmal 14, Fruchtknoten, Flügel. Weiß: fehlend, Schwarz: vorhanden.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 15, Fruchtknotenrinnen. Weiß: Rinnen fehlend, Blau: Septalrinnen, Rot: Fruchtfachrinnen, Schwarz: sowohl Septal- als auch Fruchtfachrinnen.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



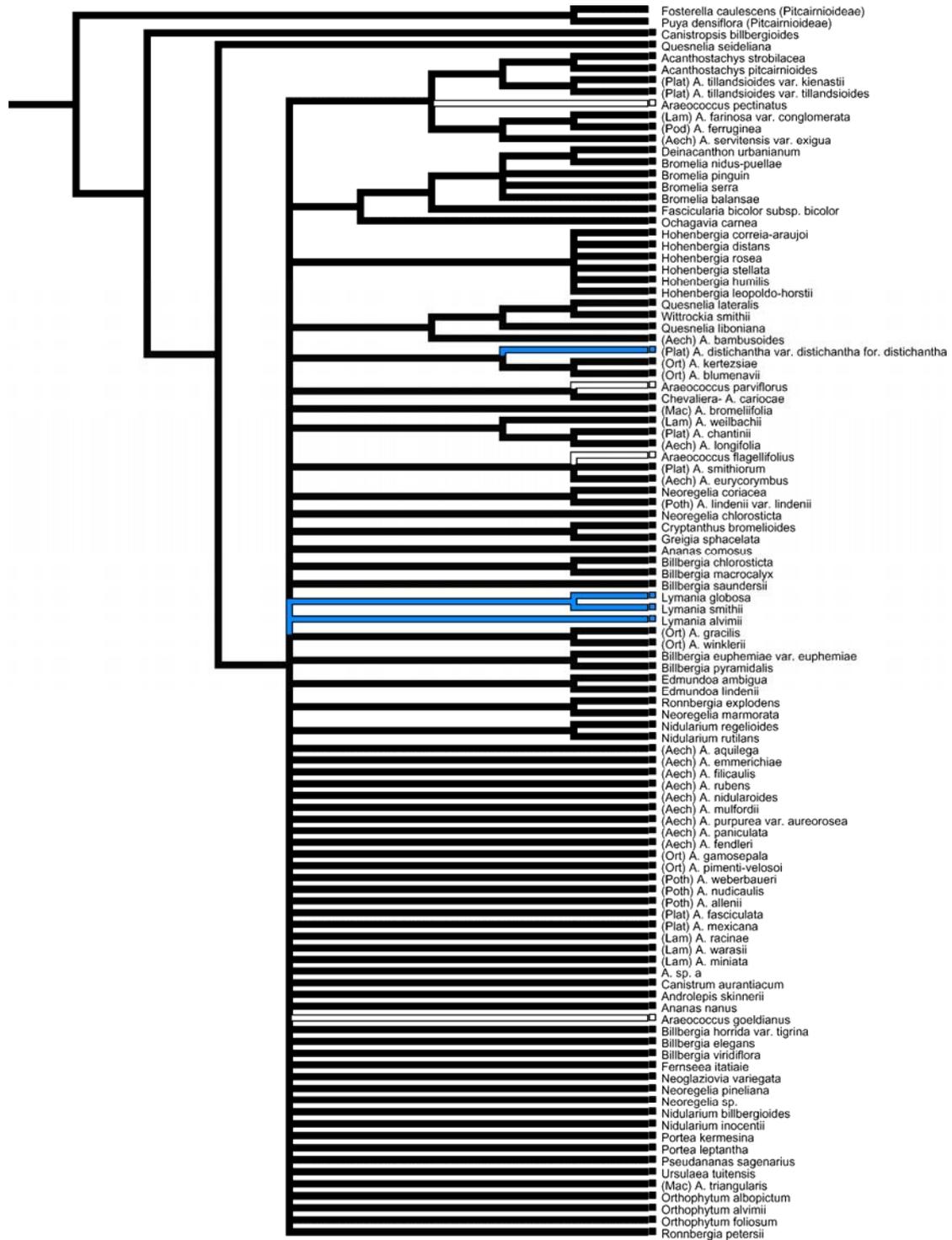
Merkmal 16, Tiefe der Fruchtknotenrinnen. Weiß: tiefe Rinnen, Schwarz: flache Rinnen.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



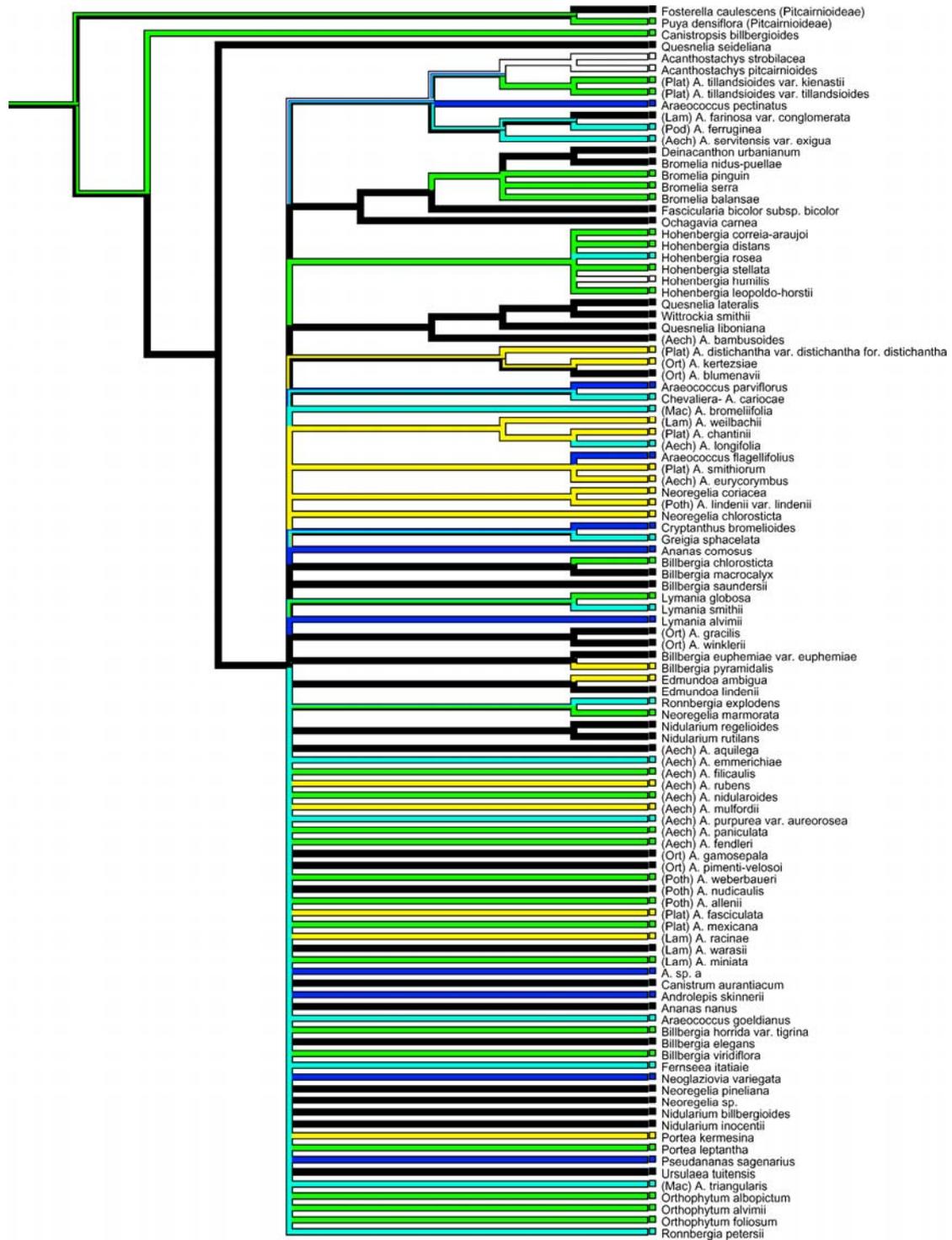
Merkmal 17, Fruchtknotenwarzen. Weiß: fehlend, Schwarz: vorhanden.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



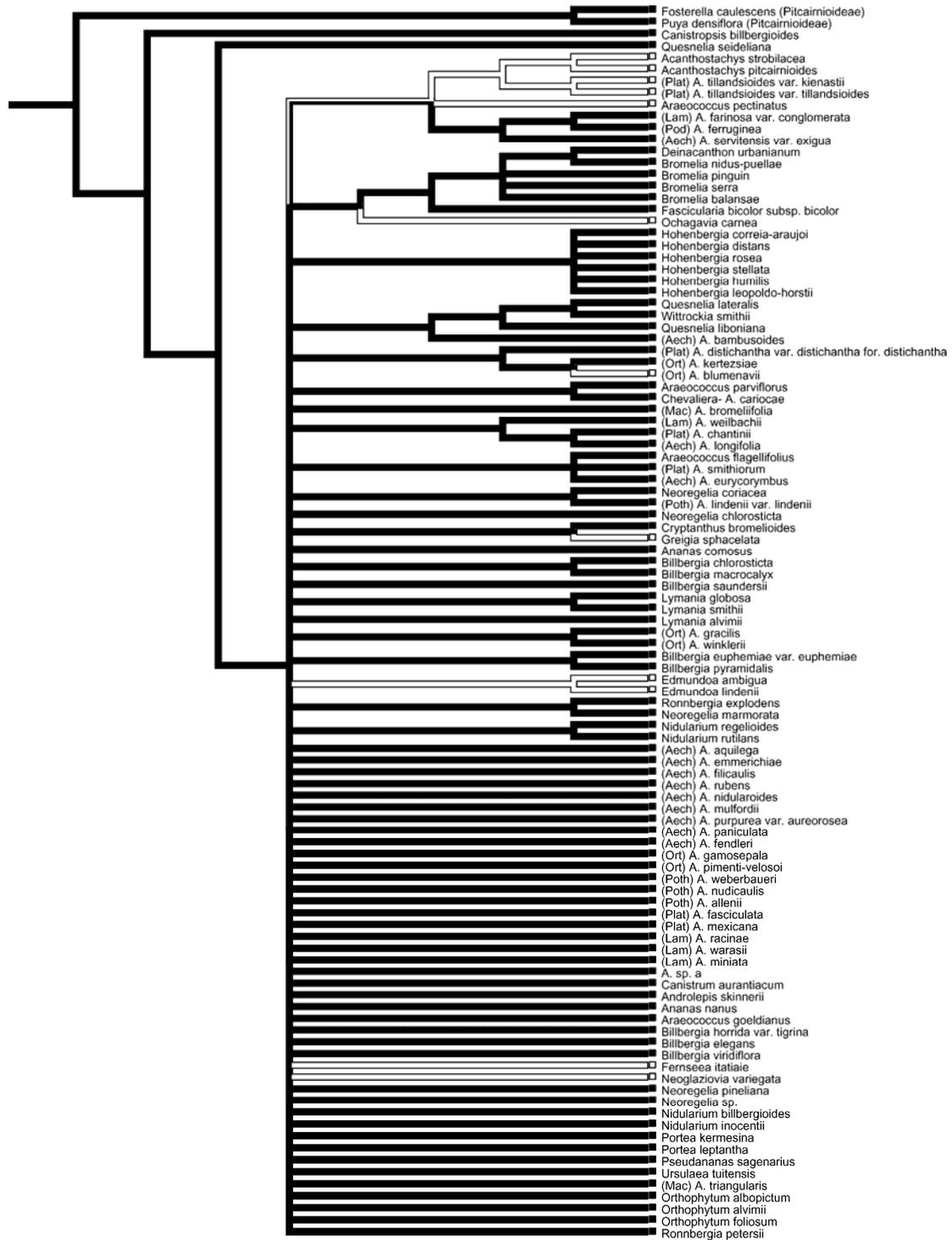
Merkmal 18, Höhe der Septalnectarien (mm). Weiß: < 0,5, Blau: { ≥ 0,5 , < 1,5 }, Schwarz: ≥ 1,5.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



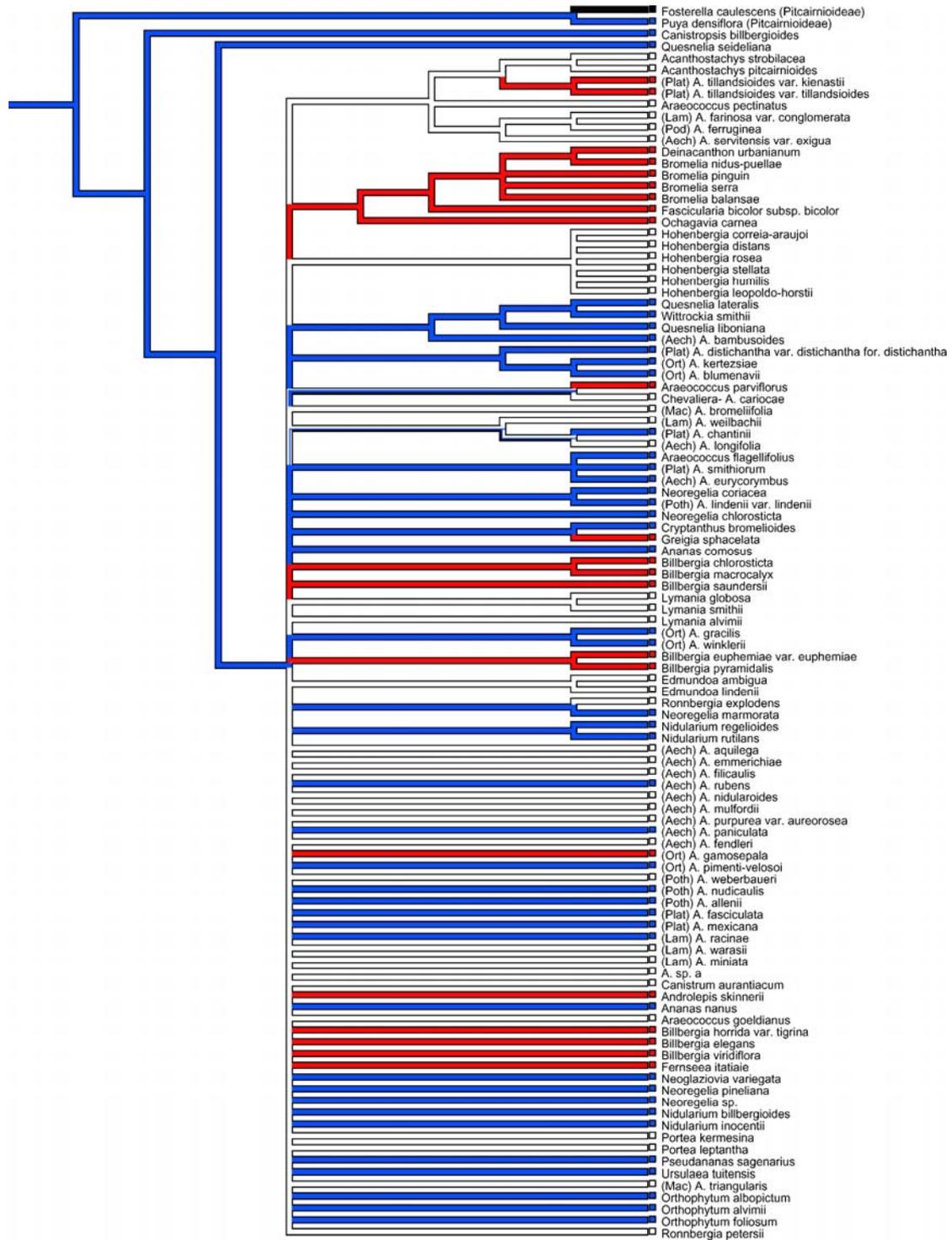
Merkmal 19, Samenanlagen pro Fruchtfach. Weiß: 2, Blau: 4-9, Hellblau: 10-15, Grün: 16-29, Gelb: 30-40, Schwarz: > 40.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



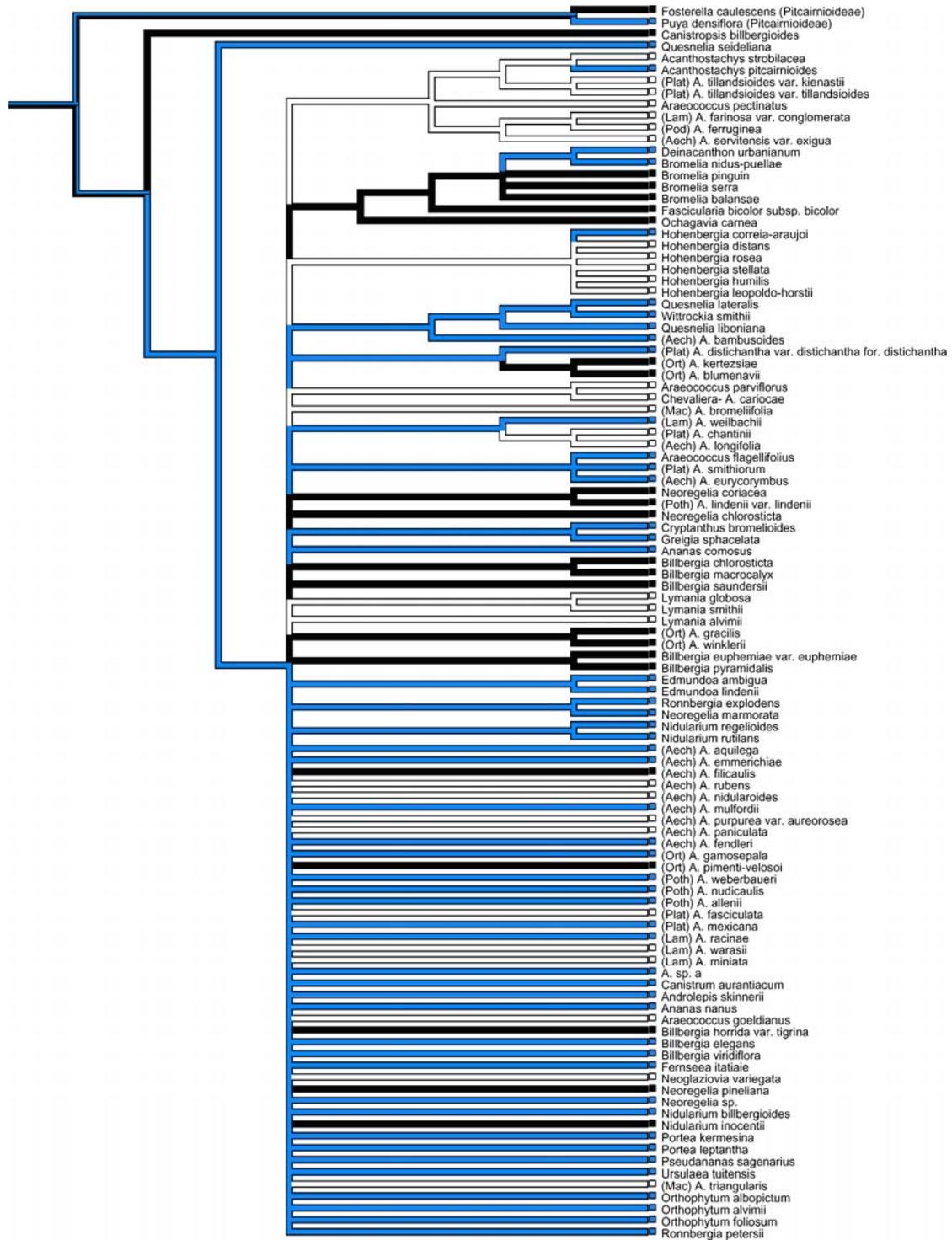
Merkmal 20, Samenanlagen–Verteilungsdichte pro Fruchtfach. Weiß: locker, Schwarz: gedrängt.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



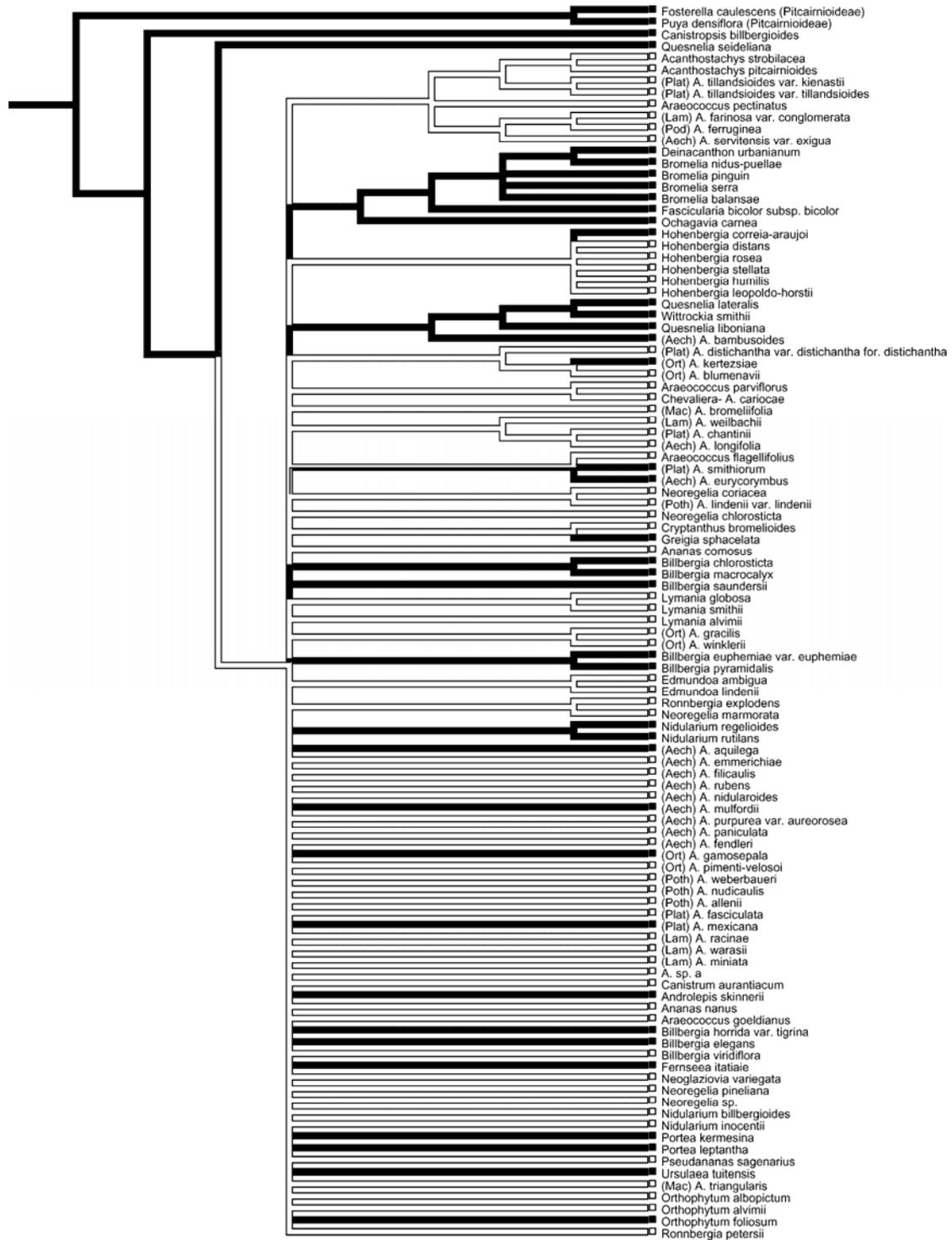
Merkmal 21, Samenanlagen, Orientierung. Weiß: apotrop, Blau: heterotrop, Rot: waagrecht, Schwarz: epitrop.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



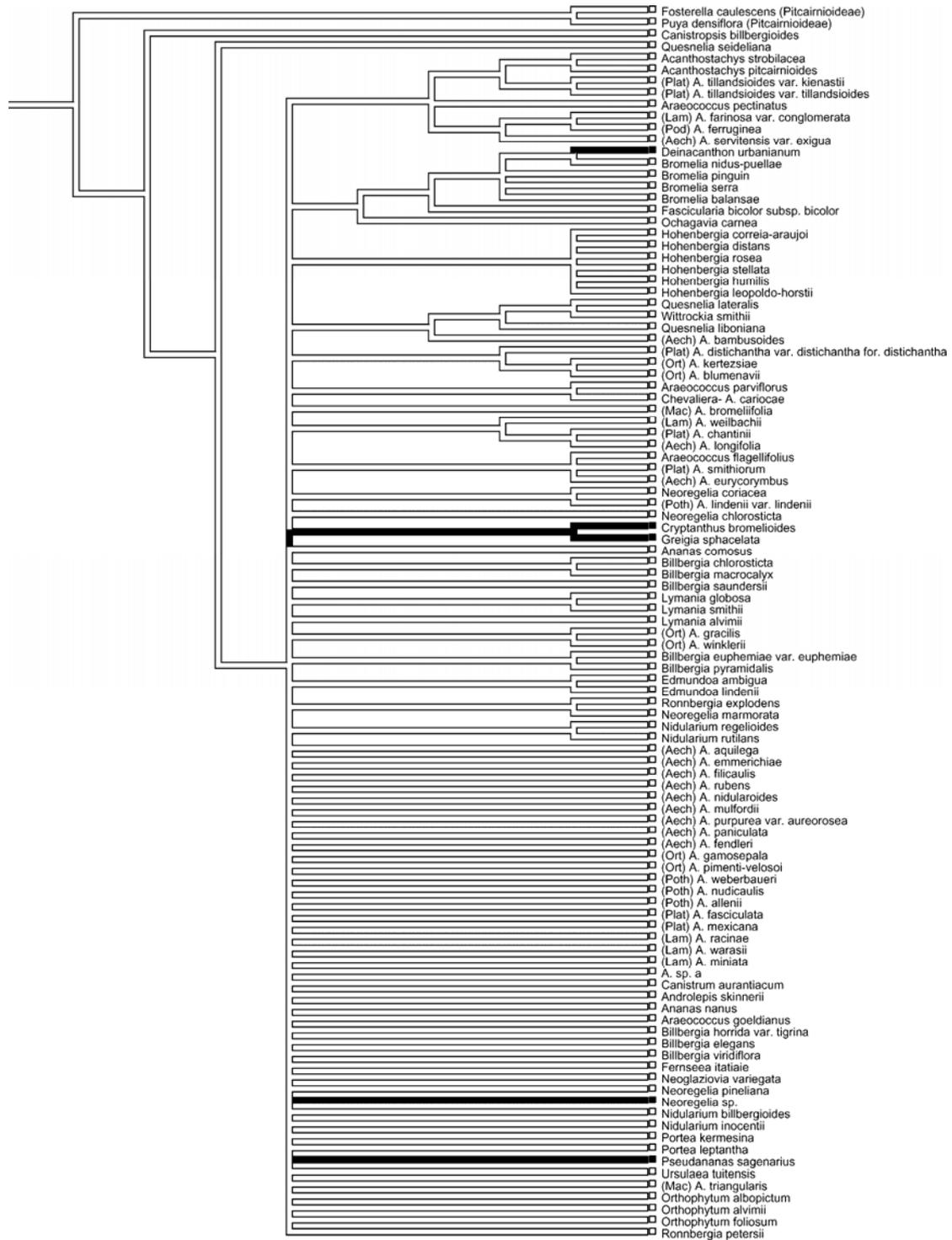
Merkmal 22, Lage der obersten Samenanlagen im Fruchtfach. Weiß: apikal, Blau: subapikal, Schwarz: zentral.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 23, Samenanlagen, Bedeckung der Fruchtknotenachse. Weiß: < 70%, Schwarz: > 70%.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 24, SA-Länge (µm). Weiß: < 500, Schwarz: ≥ 500.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



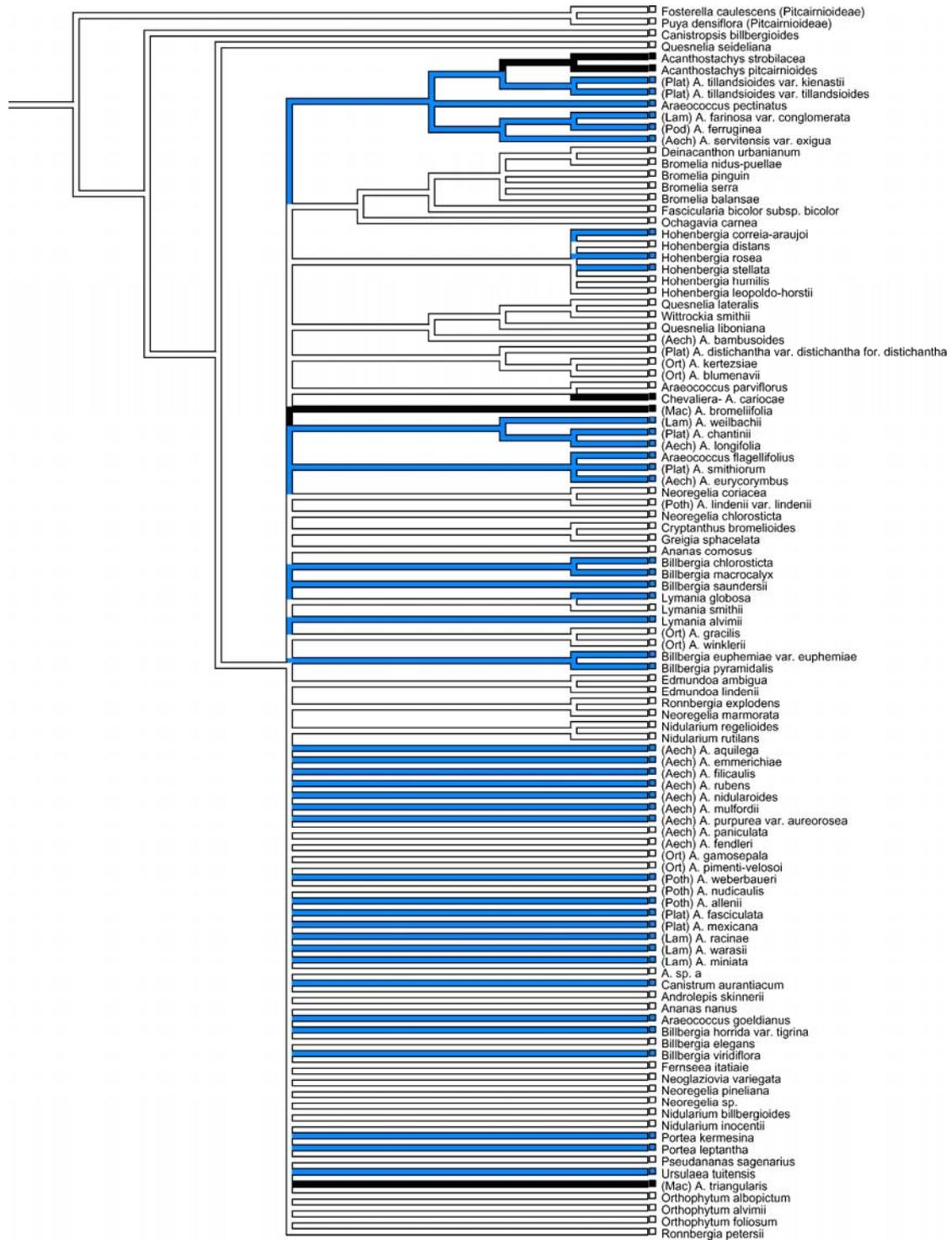
Merkmal 25, SA- Breite (µm). Weiß: < 462, Schwarz: ≥ 462.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



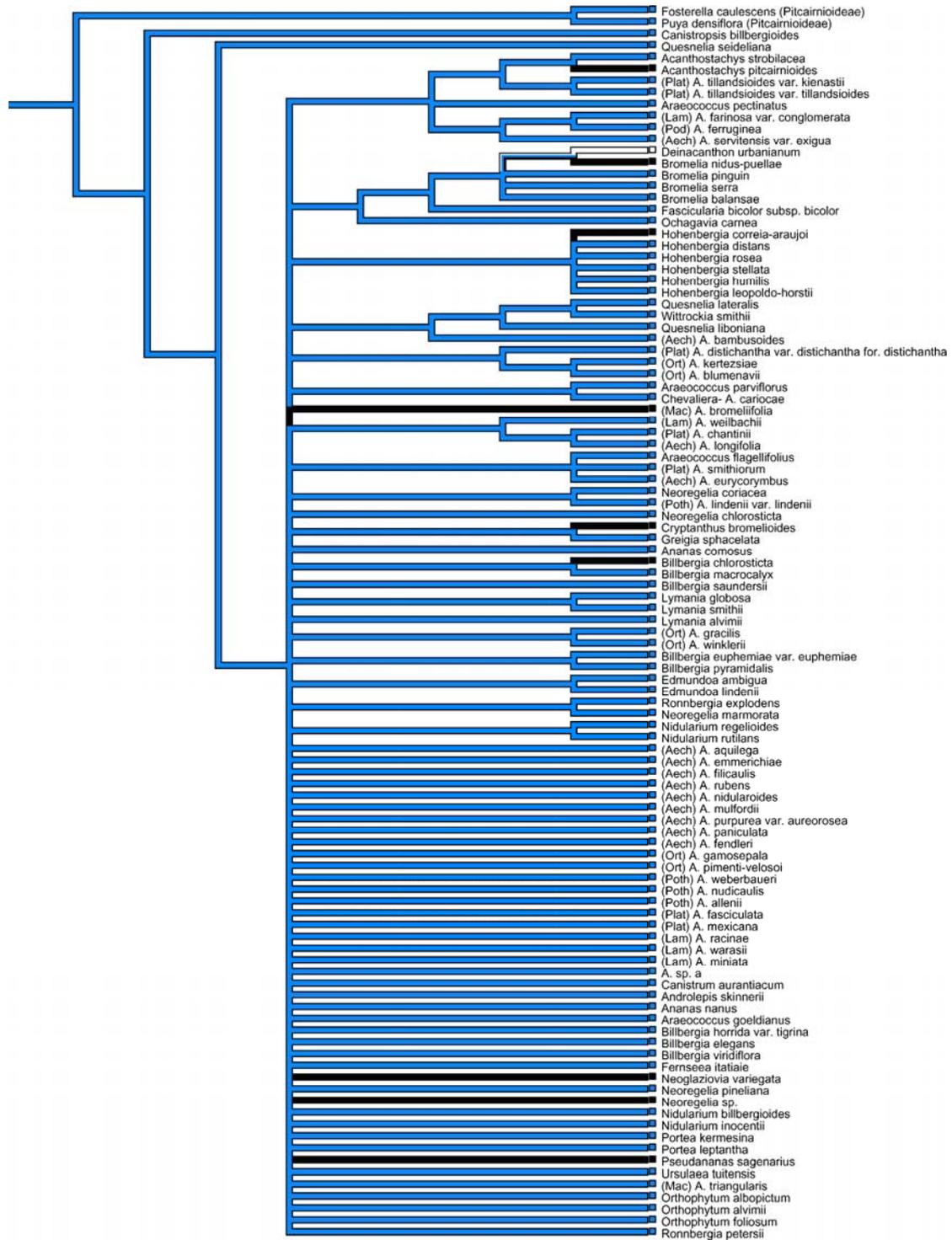
Merkmal 26, Samenanlagenanhängselform. Weiß: gerade, Blau: gebogen, Schwarz: mehrfach gewunden.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



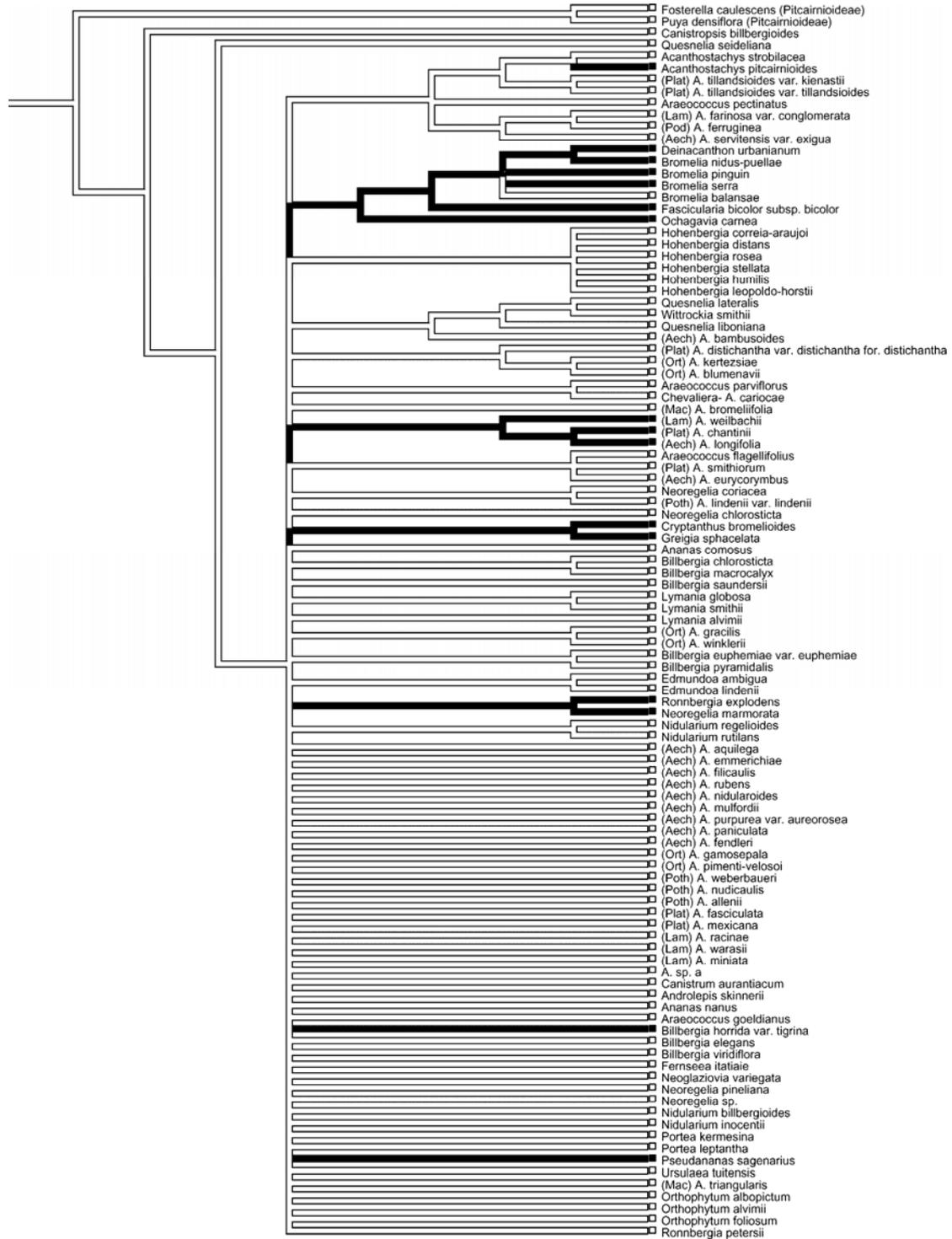
Merkmal 27, SA-Anhänger, Länge (µm). Weiß: 0, Blau: 45 - 500, Schwarz: > 700.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 28, Funikulus, Breite (µm). Weiß: 0, Blau: > 0,0 < 125, Schwarz: ≥ 125.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 29, Mikropyle, Länge (µm). Weiß: < 105, Schwarz: ≥ 105.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 30, Dicke des inneren Integumentes in Höhe der Nucellusapex (μm). Weiß: $< 8,2$, Schwarz: $\geq 8,2$.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



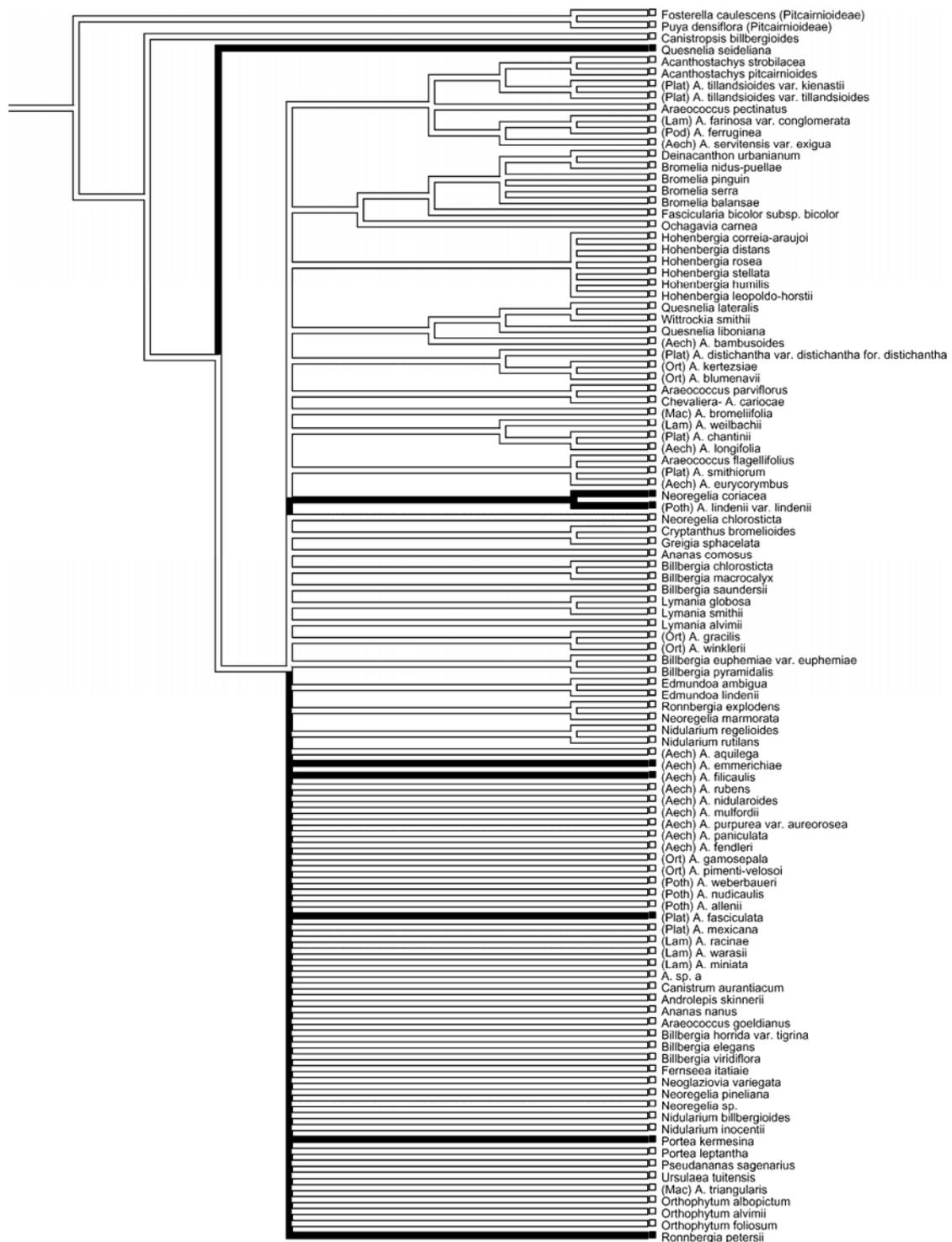
Merkmal 31, Gesamtdicke der Integumente (μm). Weiß: < 30 , Schwarz: ≥ 30 .

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



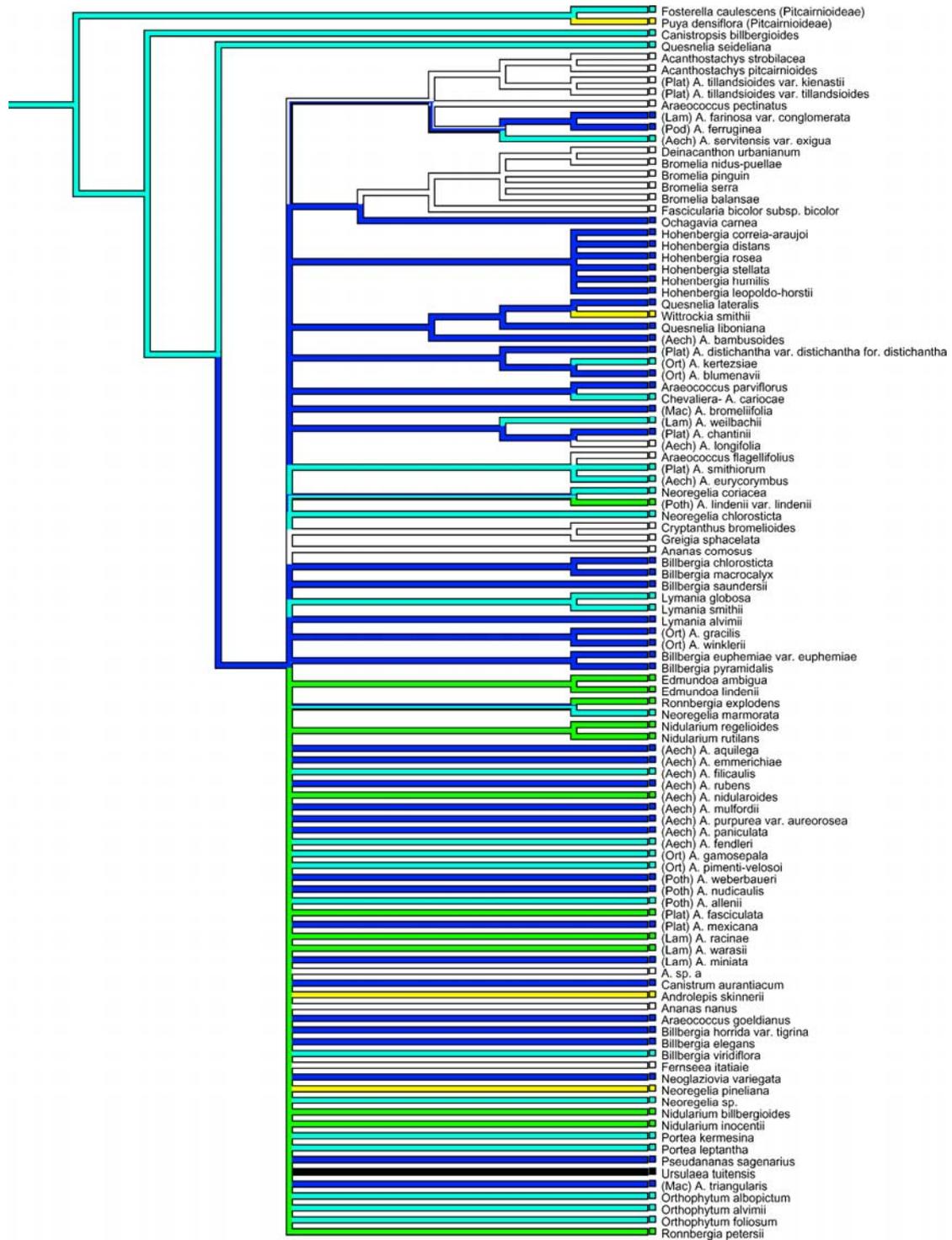
Merkmal 32, Nucellus, Länge (µm). Weiß: < 270, Schwarz: ≥ 270.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



Merkmal 33, Nucellus, Länge/Breite (μm). Weiß: $< 2,3$, Schwarz: $\geq 2,3$.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



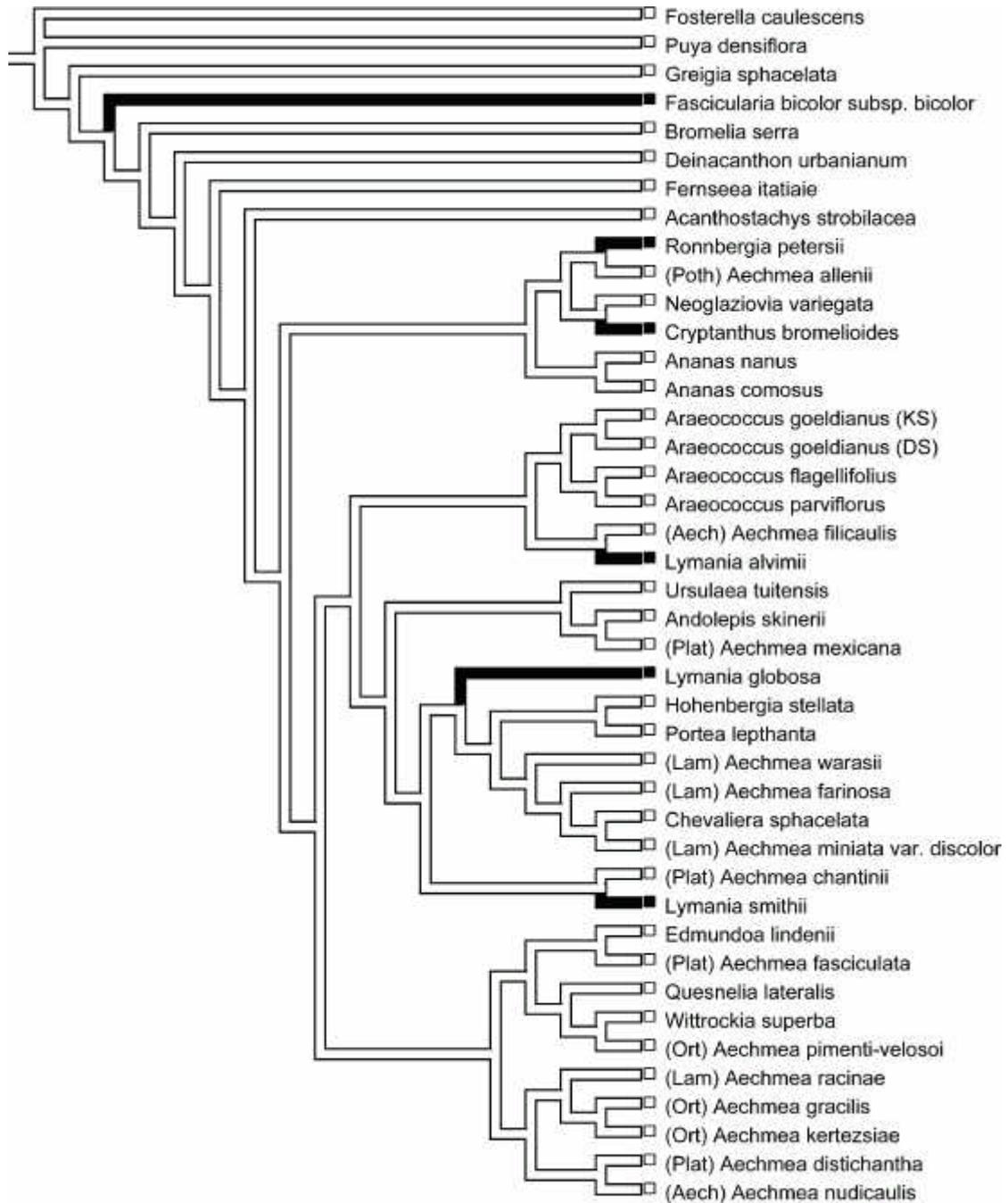
Merkmal 34, Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte. Weiß: fehlend, Blau: eins, Hellblau: zwei, Grün: drei, Gelb: vier.

Anhang A9: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien der *strict-consensus*-Bäume eigener Parsimonieanalysen einer morphologischen Merkmalsmatrix (Datensatz I).



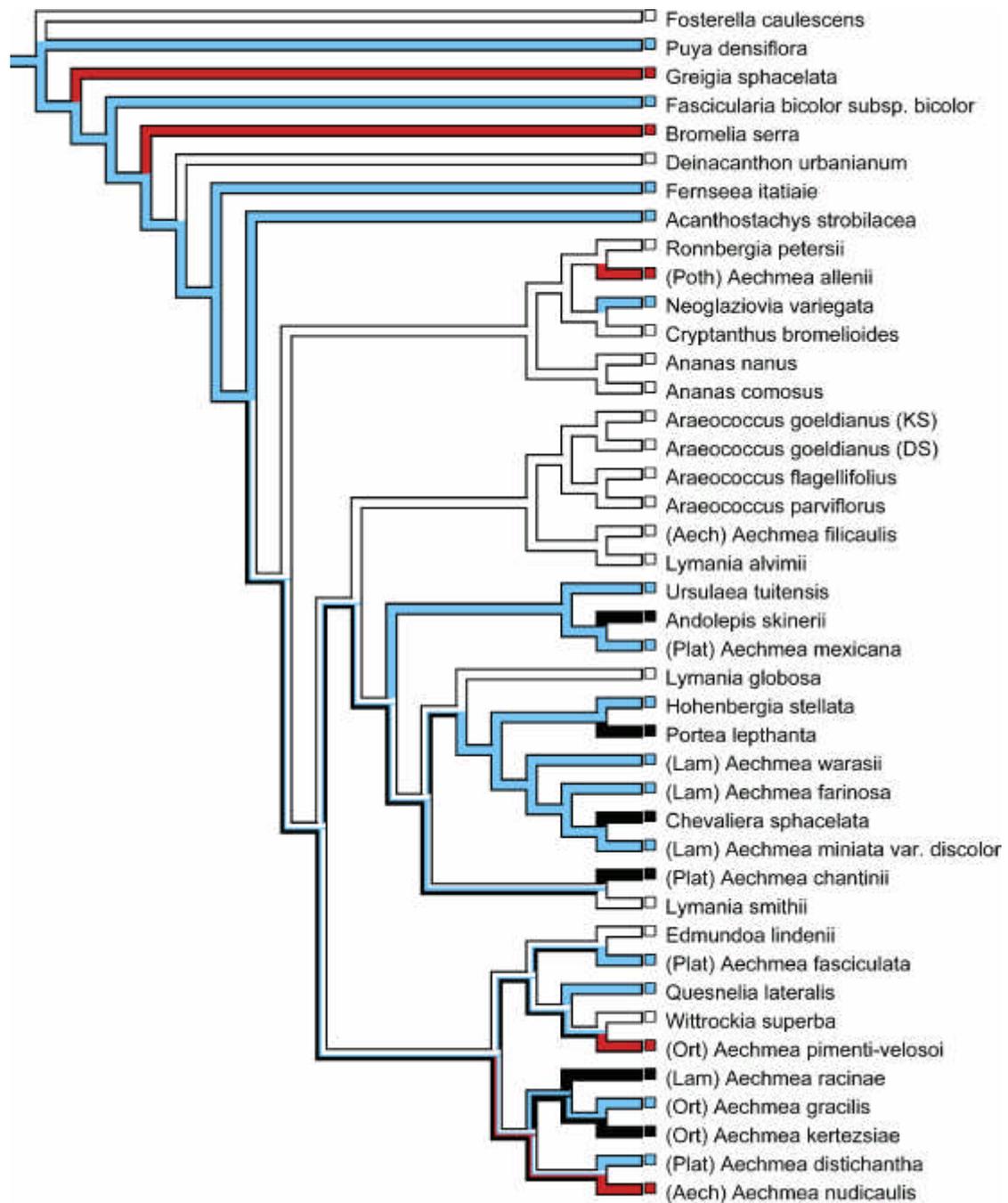
Merkmal 35, Plazentazellenbreite (μm). Weiß: < 13, Schwarz: ≥ 13.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



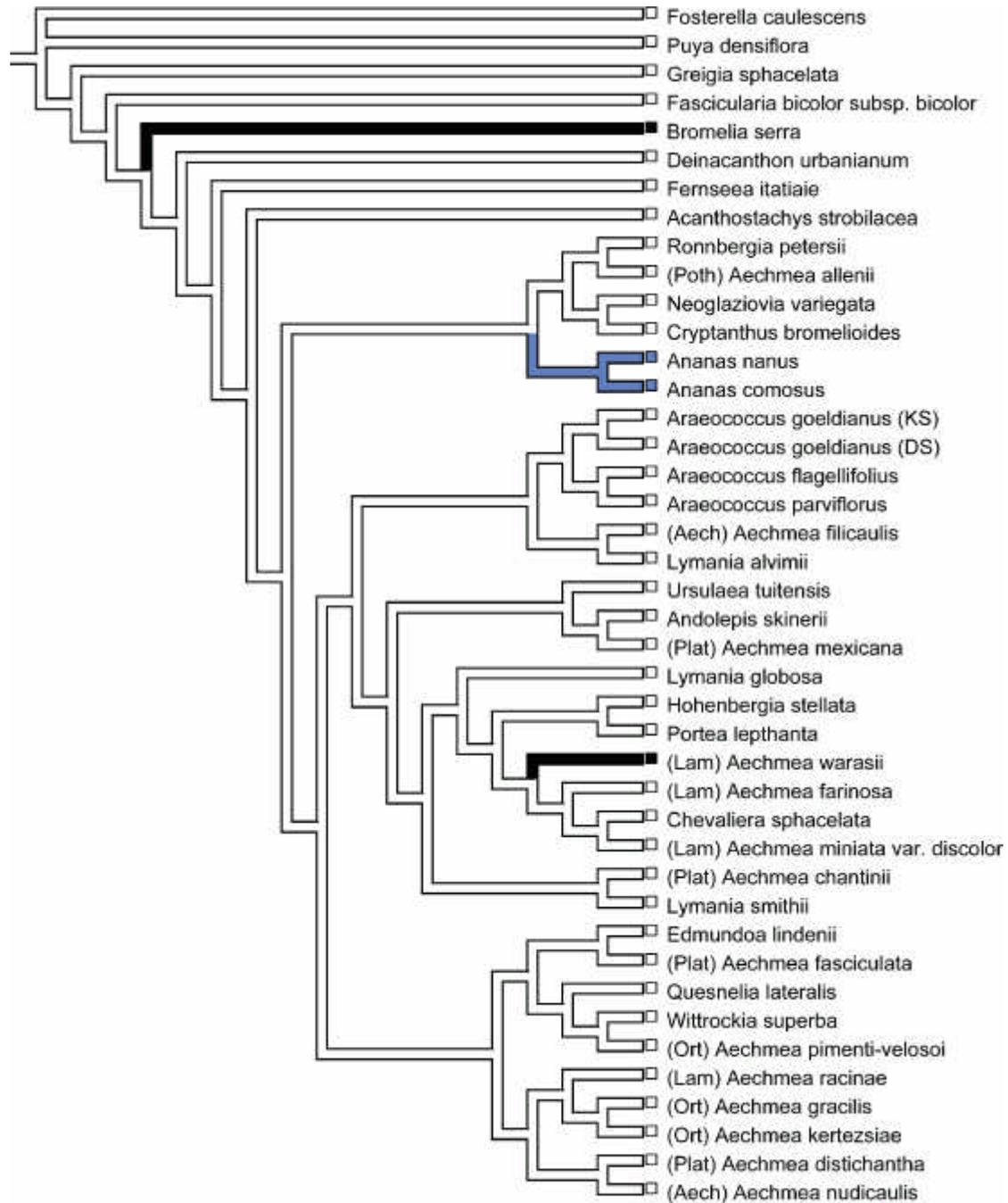
Merkmal 1: Orientierung der Petalen am Anthesetrag. Weiß: gerade, Schwarz: ausgebreitet.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



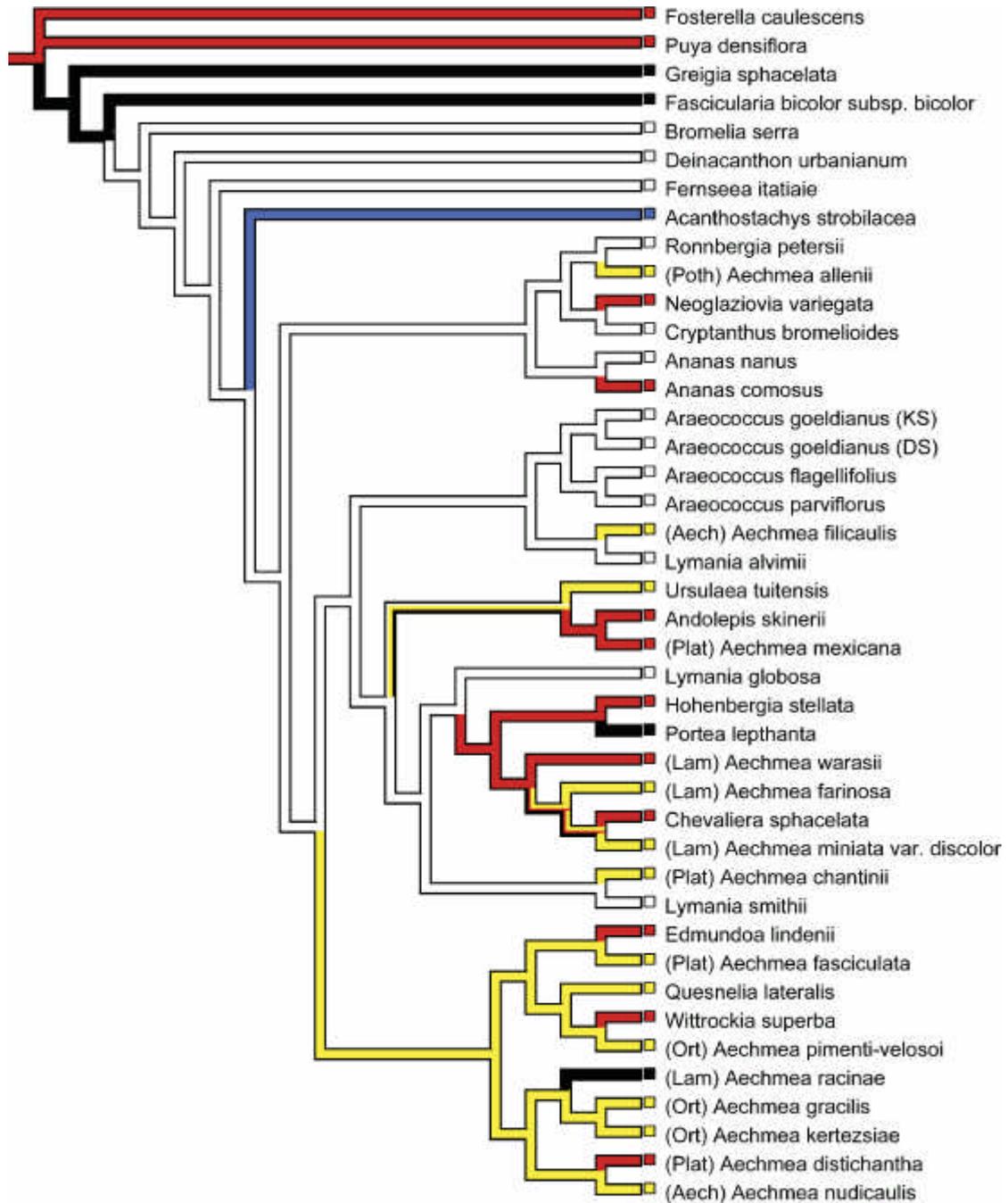
Merkmal 2, Grundfarbe der Petalen. Weiß: weiß, creme oder hellgrün, Blau: blau, lila oder purpurn, Rot: rot oder rosa, Schwarz: gelb oder orange.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



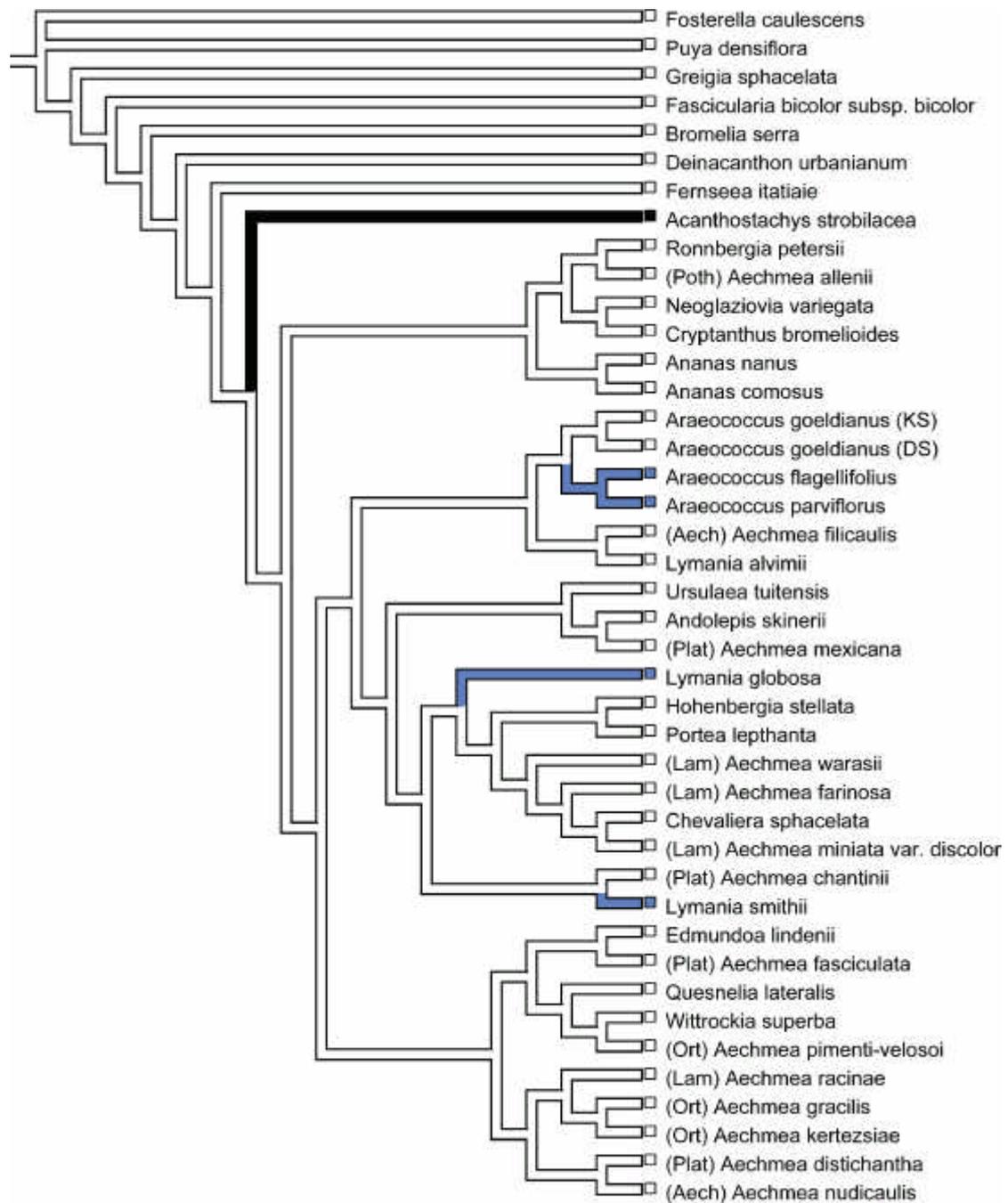
Merkmal 3, Farbe der Petalenspitzen. Weiß: Spitzen identisch wie Grundfarbe, Blau: Spitzen blau, Schwarz: Spitzen weiß.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



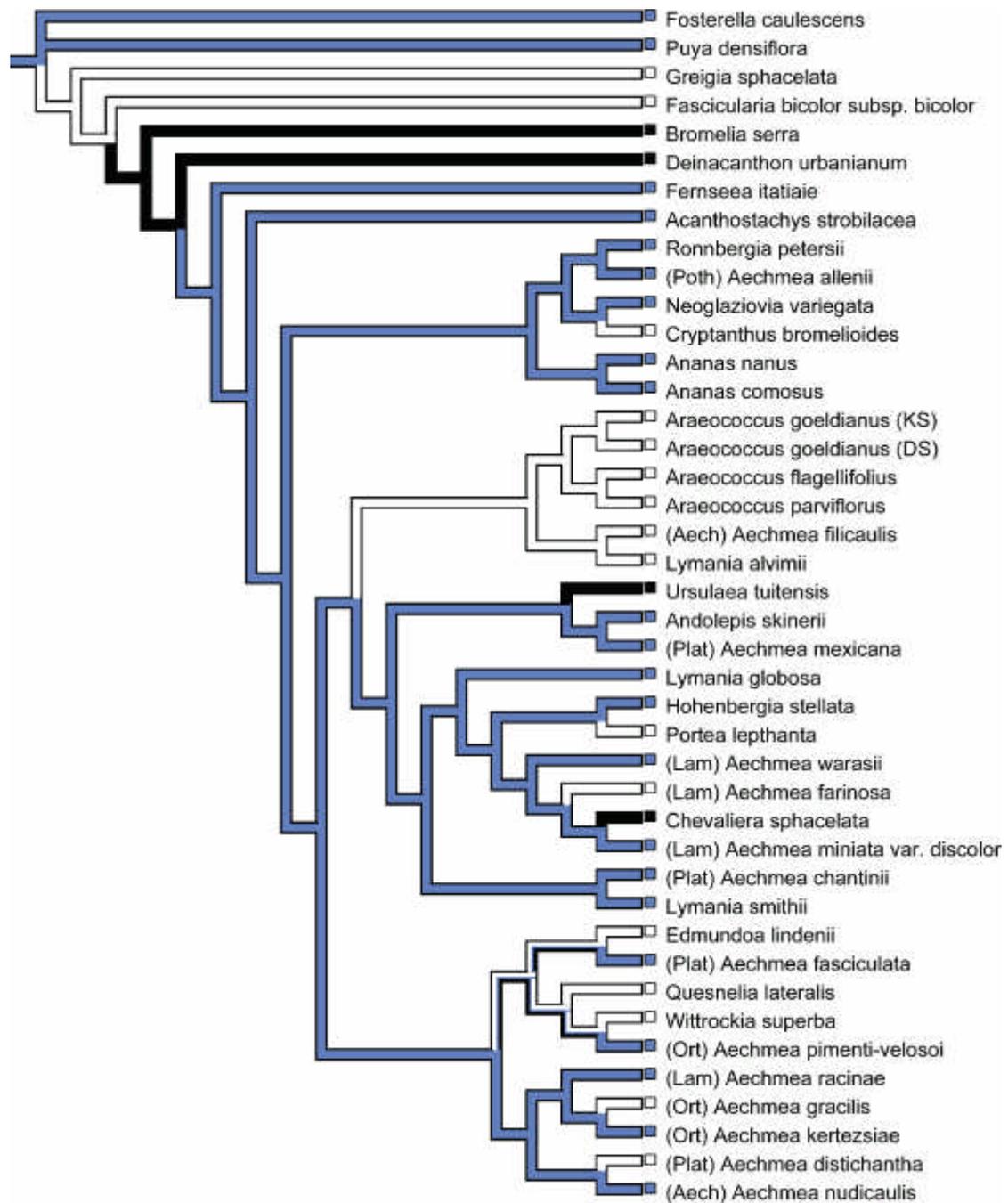
Merkmal 4, Petalanhängsel. Weiß: fehlend, Blau: taschenförmig, Gelb fransig, Rot zungenförmig, Schwarz: gezähnt.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



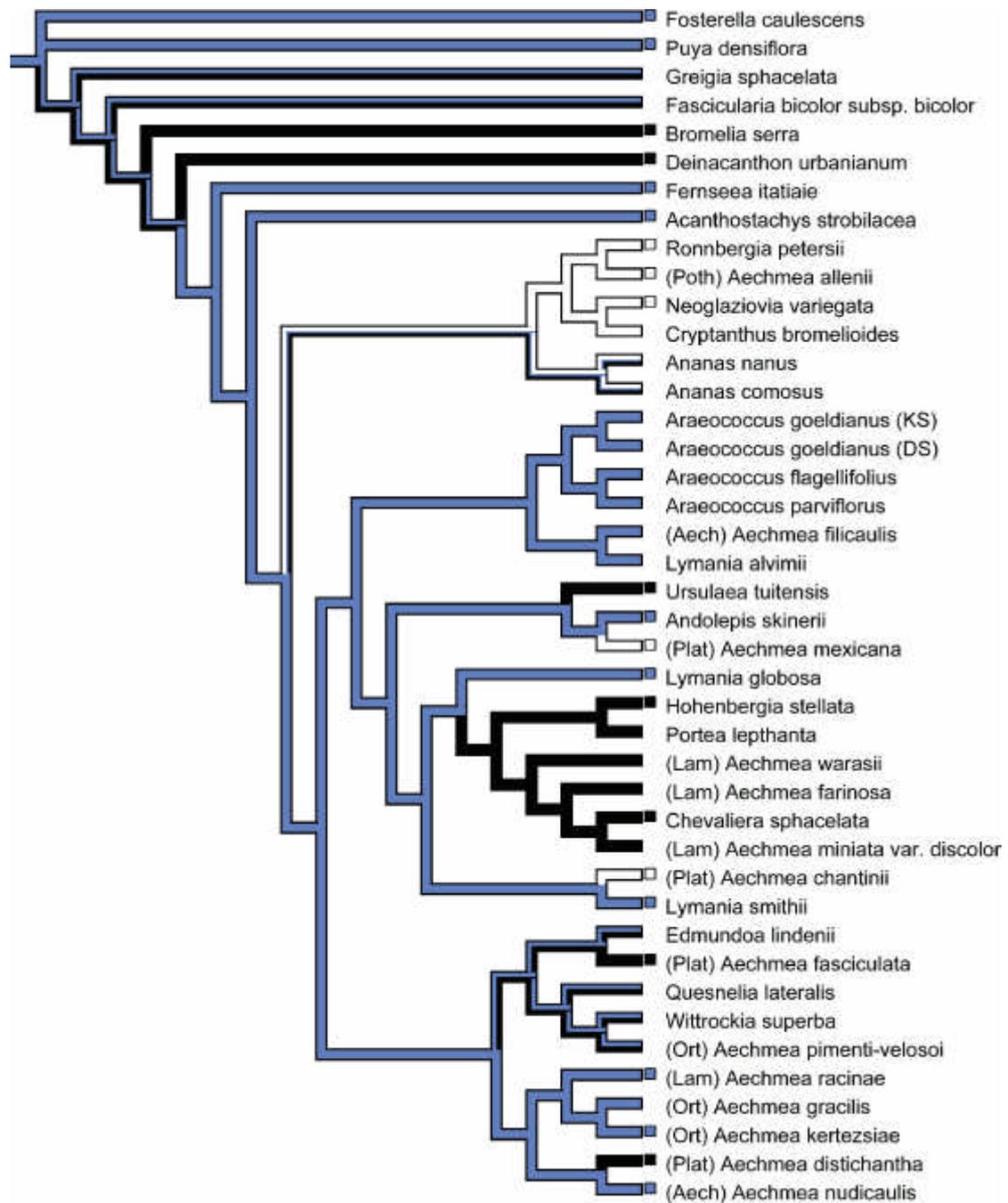
Merkmalszustand 5, Petalpapillen. Weiß: fehlend, Blau: stumpf, Schwarz: spitz.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



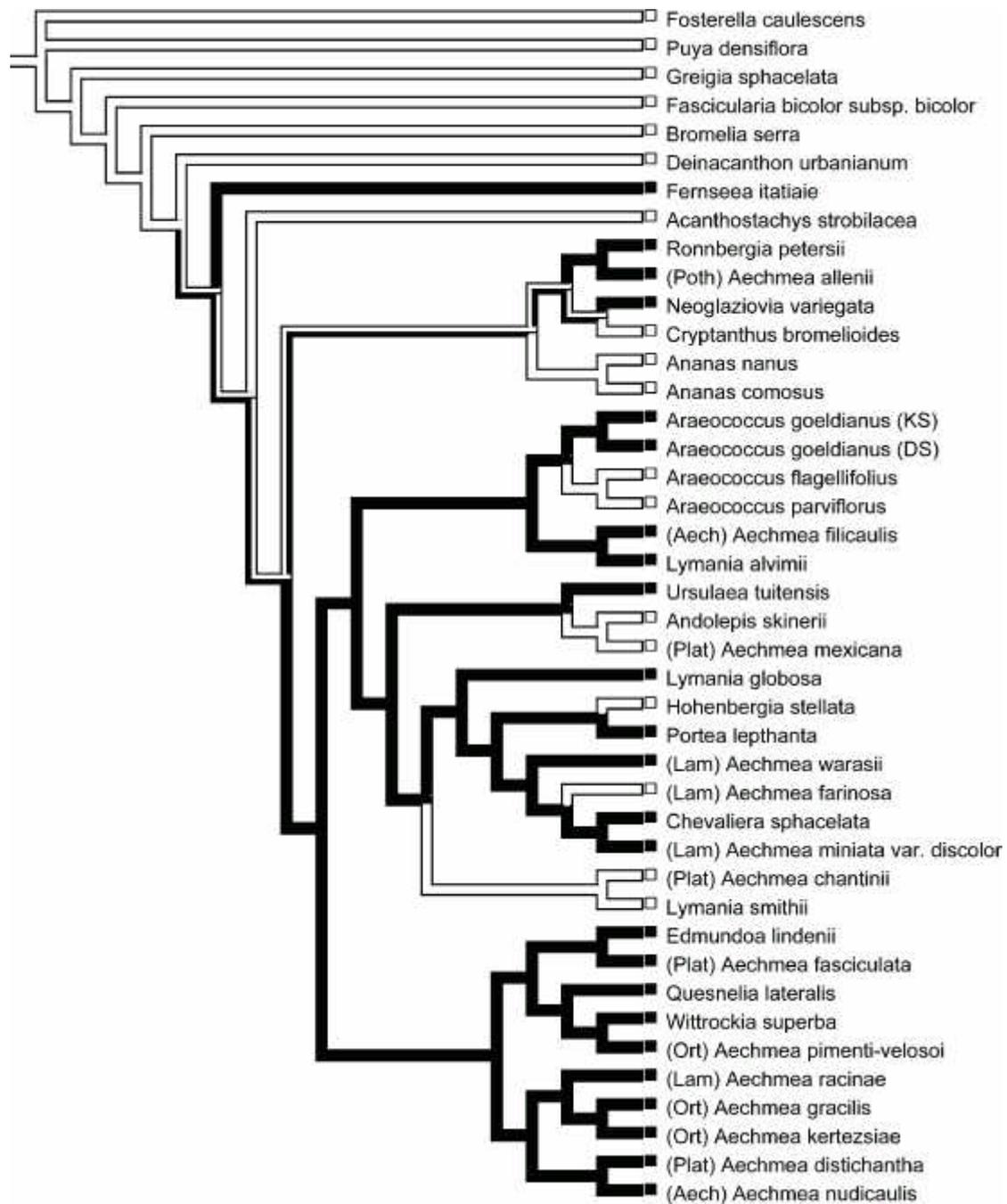
Merkmal 6, Trichomverteilung. Weiß: kahl, Blau: zerstreut, Schwarz: dicht.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



Merkmal 7, Trichomforsätze. Weiß: Trichomforsätze fehlend, Blau: Trichomforsätze mit Länge:Breite > 10:1, Schwarz: Trichomforsätze mit Länge:Breite > 10:1.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



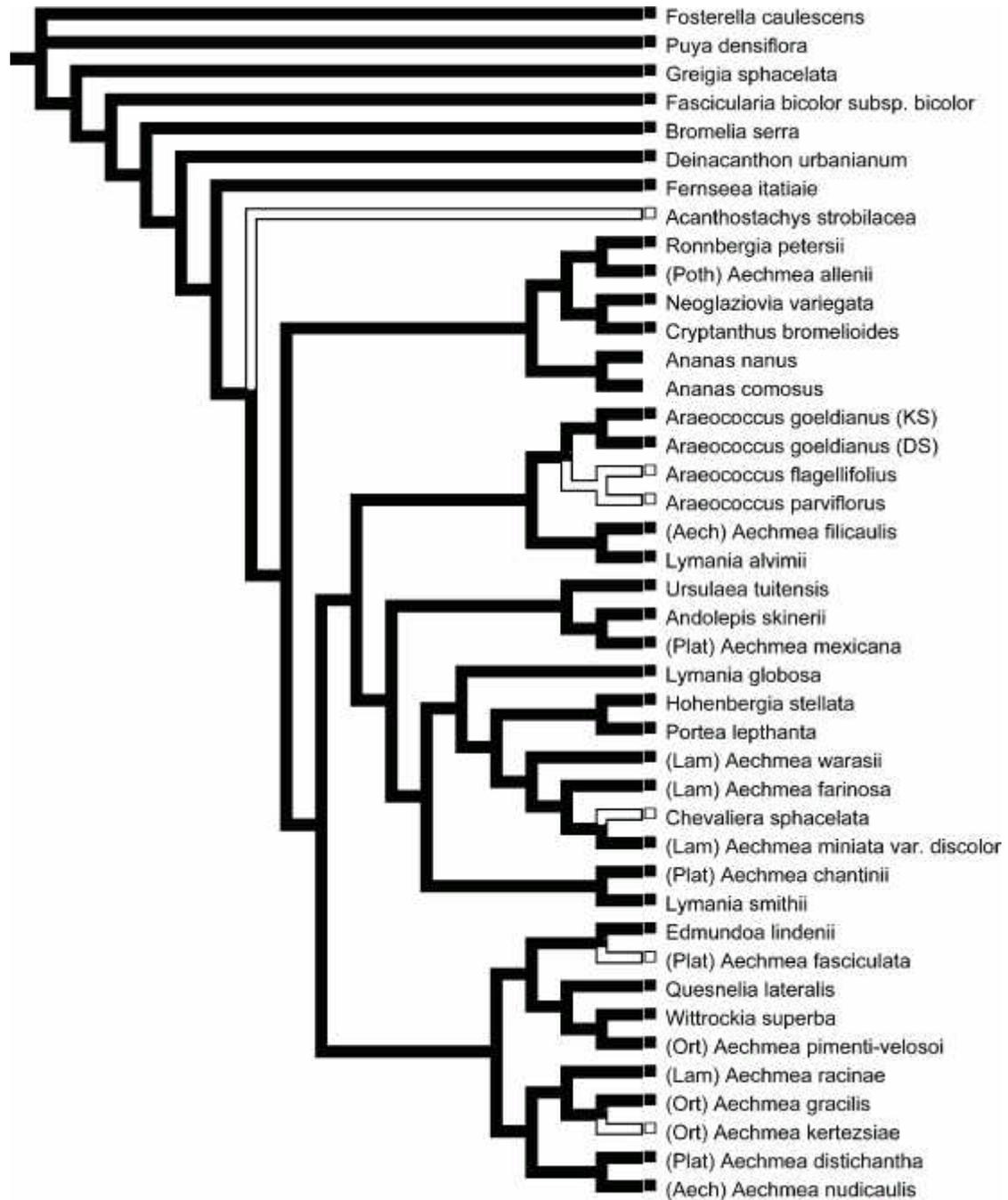
Merkmal 8, Epigyne Röhre. Weiß: fehlend, Schwarz: vorhanden.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



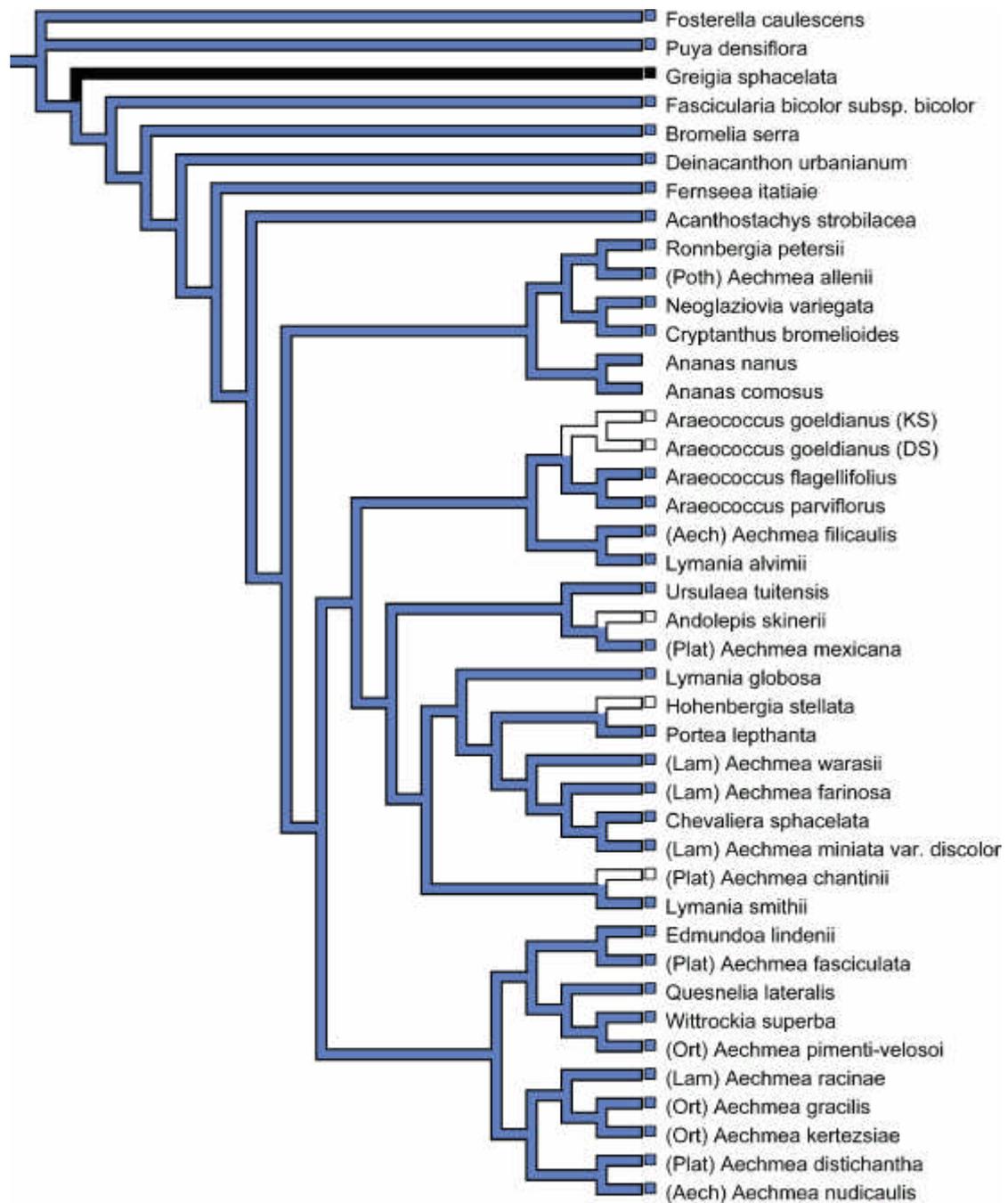
Merkmal 9, Lage der Fruchtknoten. Weiß: oberständig, Schwarz: unterständig.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



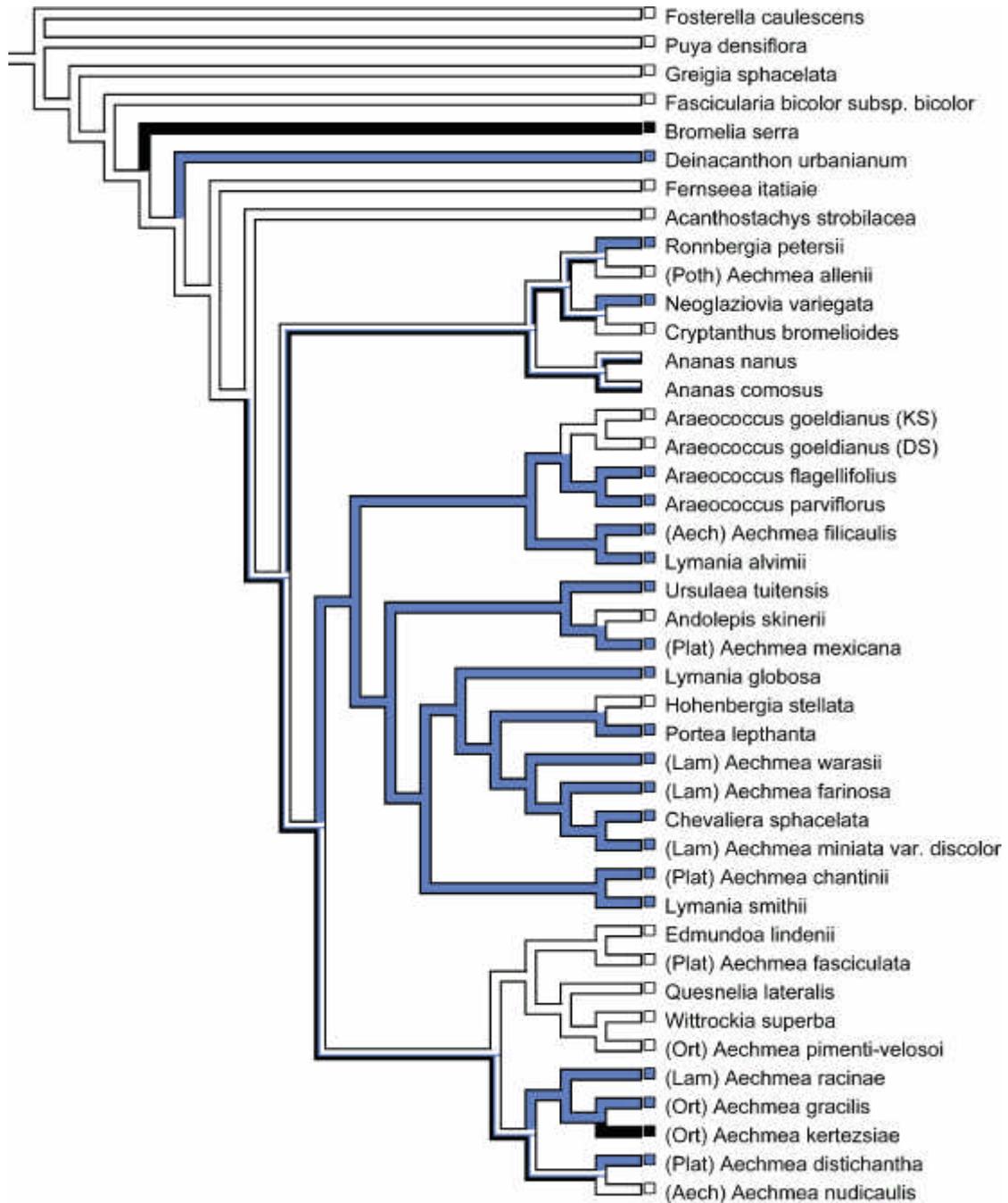
Merkmal 10, Länge der Fruchtknoten (mm). Weiß: < 2,25, Schwarz: ? 2,25 - < 32,5

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



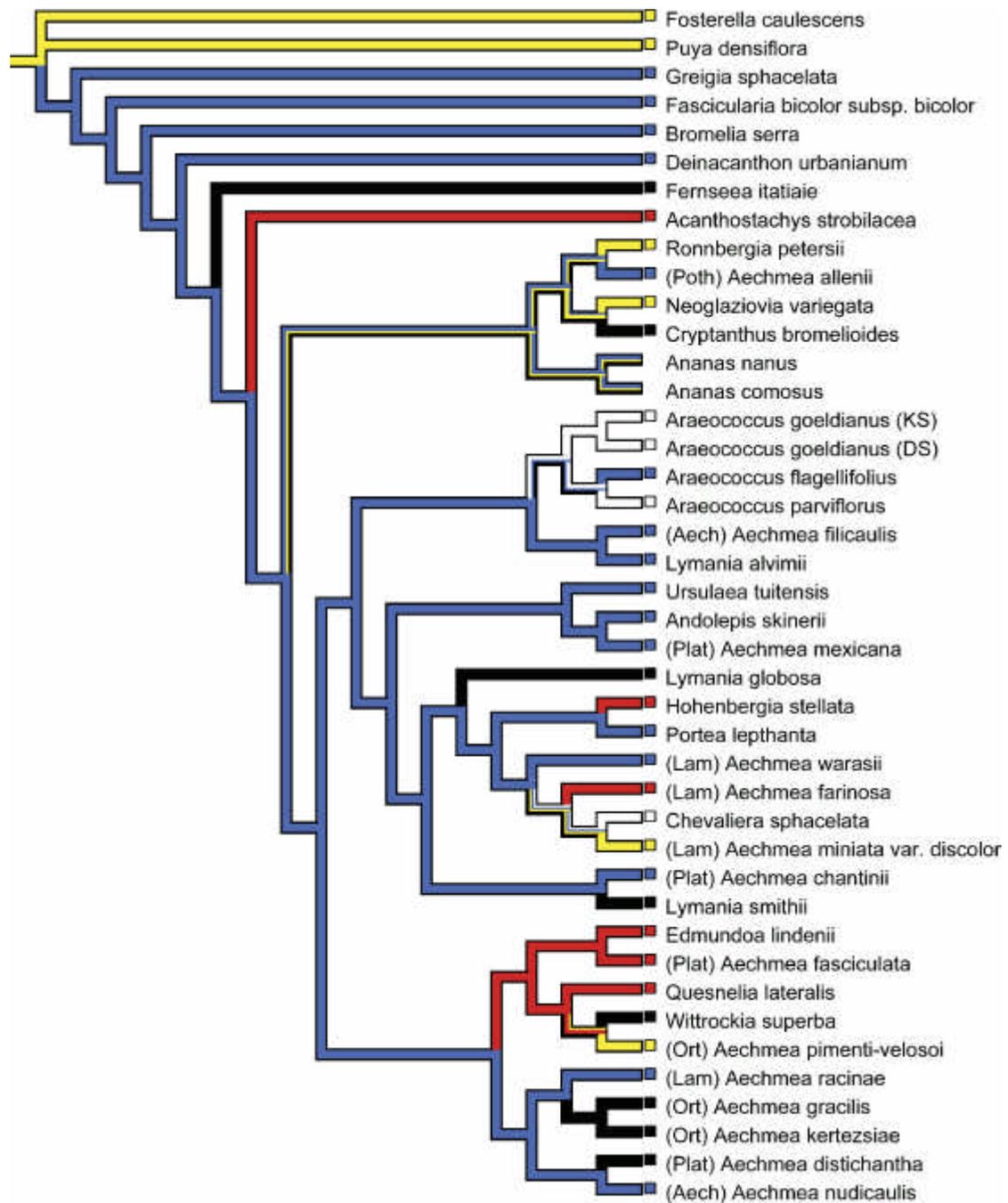
Merkmalszustand 11, Länge/Breite des Fruchtknotens (mm). Weiß: < 0,9, Blau: { ? 0,9 , < 3,2}, Schwarz: ? 3,2.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



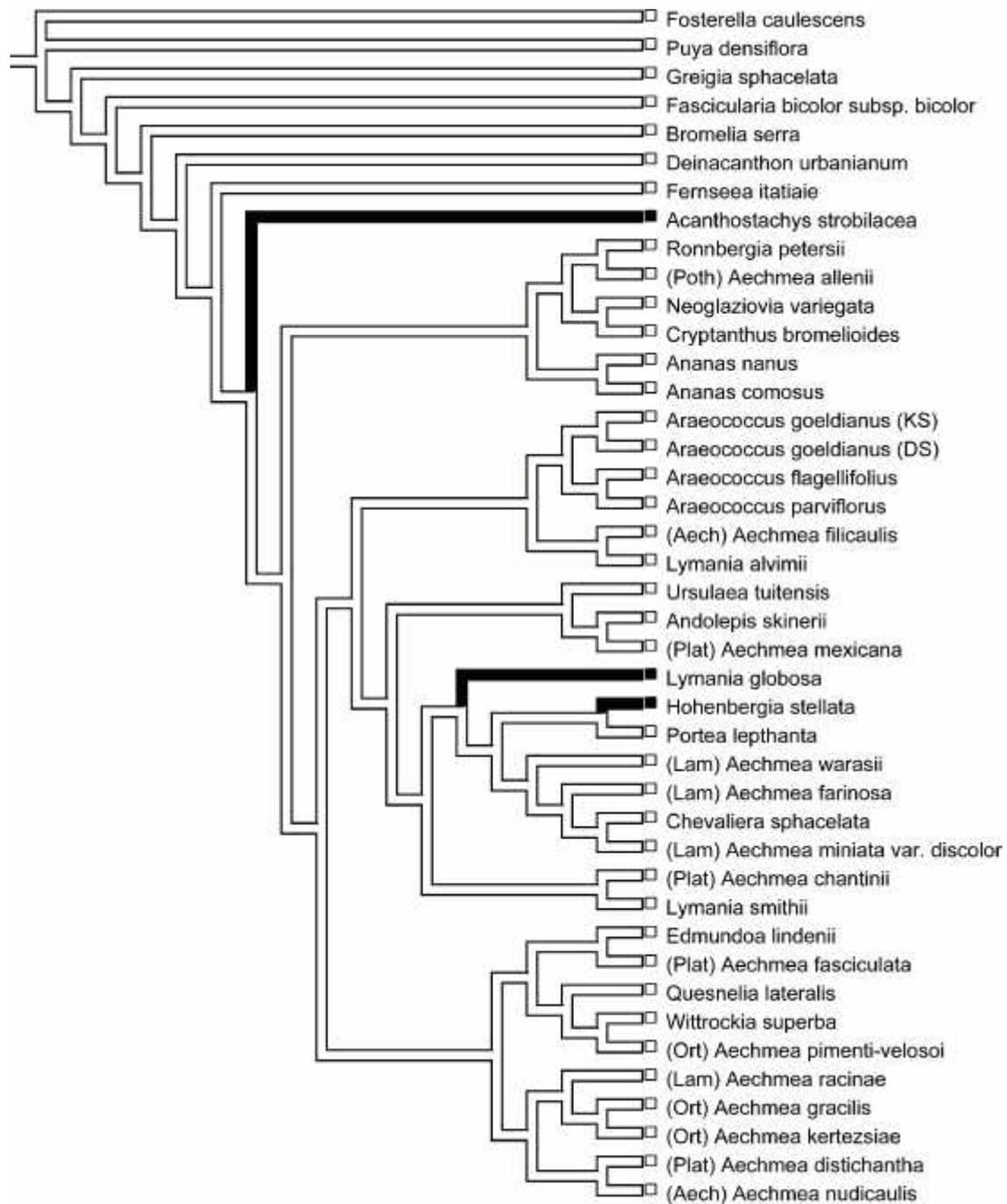
Merkmal 12, Fruchtknotenform im Querschnitt. Weiß: dreieckig, Blau: radiär, Schwarz: viereckig.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



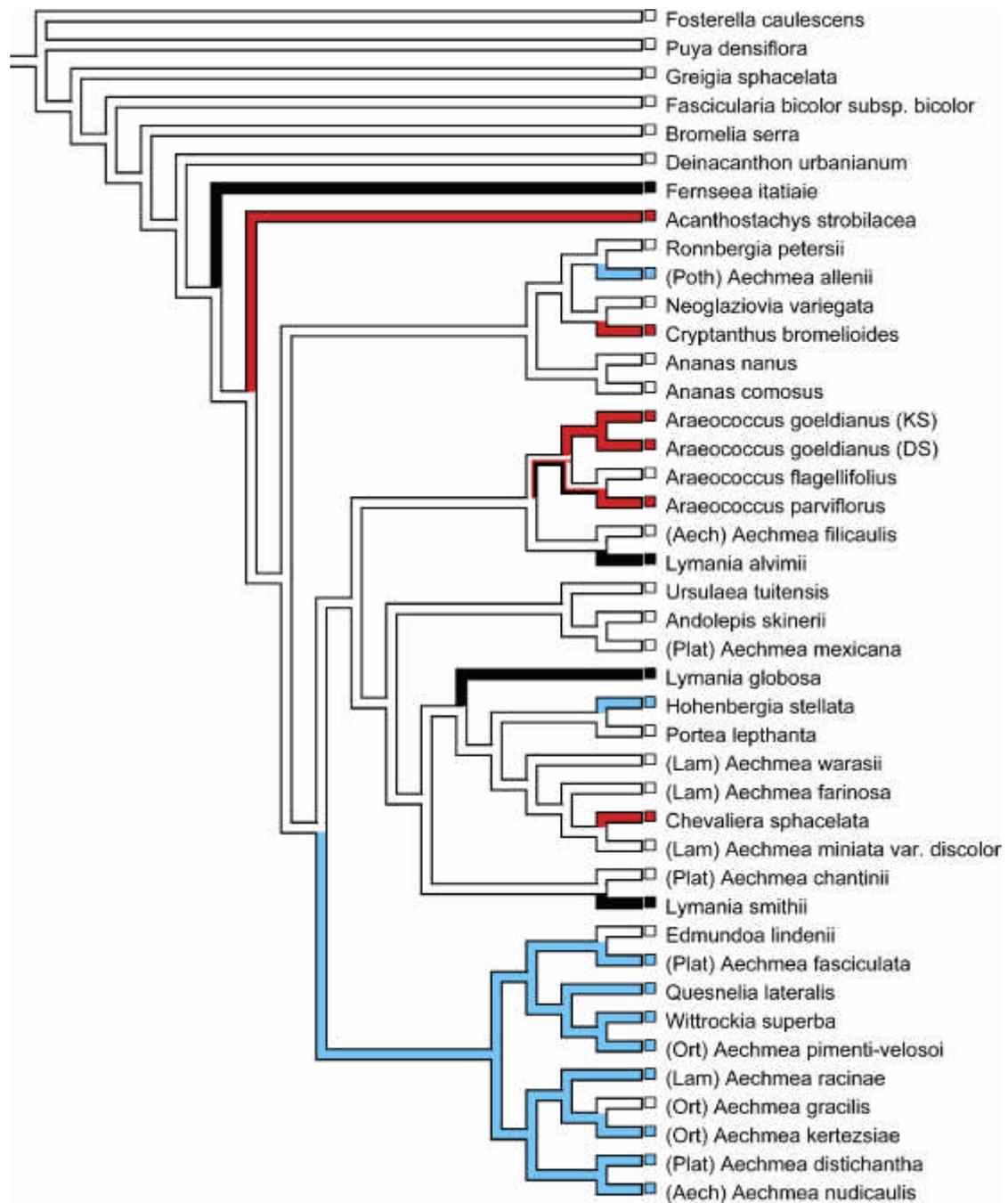
Merkmalszustand 13, Fruchtknoten im Längsschnitt, Grundrissform. Weiß: rundlich, Blau: elliptisch, Gelb: eiförmig, Rot: umgekehrt eiförmig, Schwarz: rechteckig.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



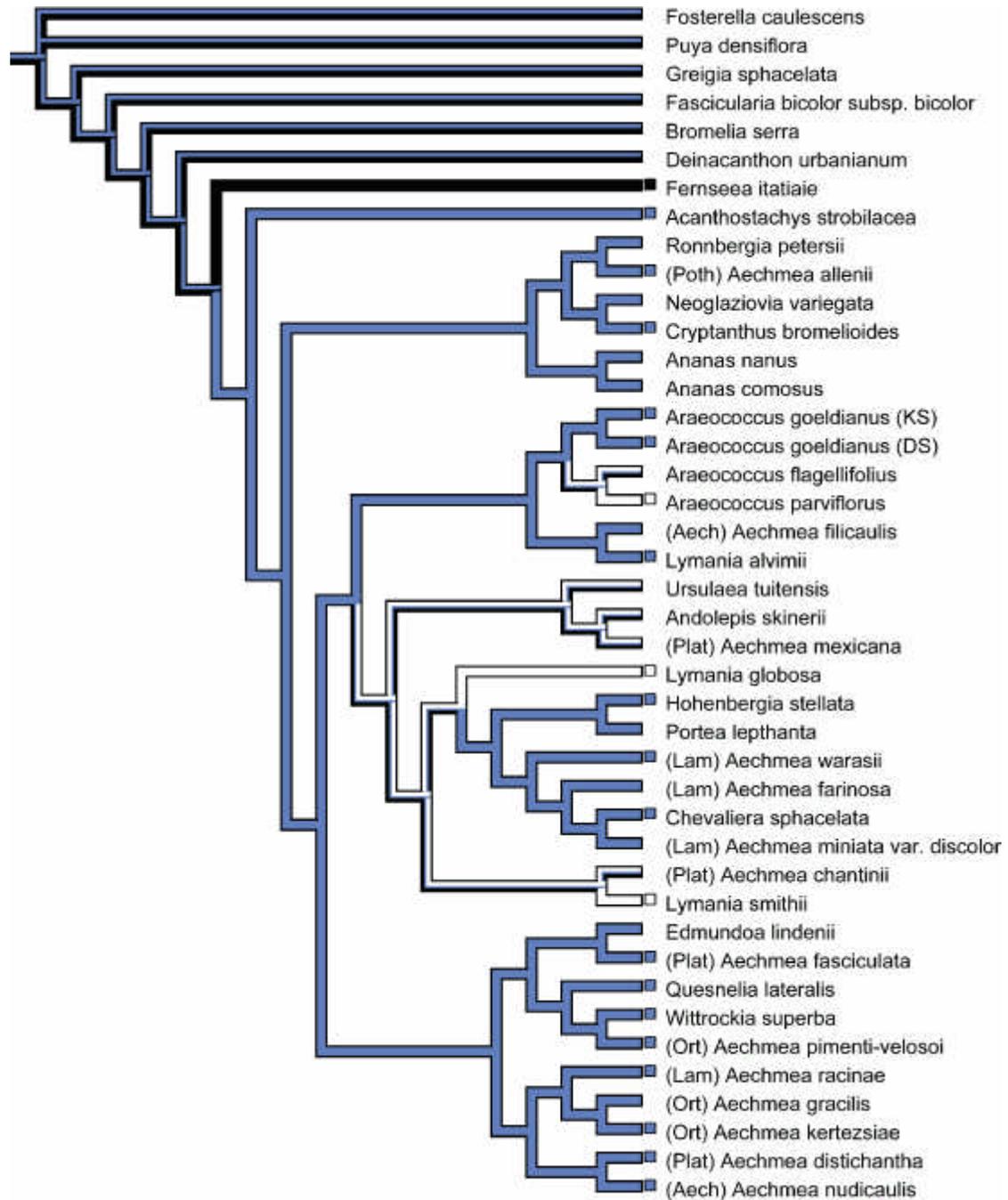
Merkmal 14, Fruchtknoten, Flügel. Weiß: fehlend, Schwarz: vorhanden.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



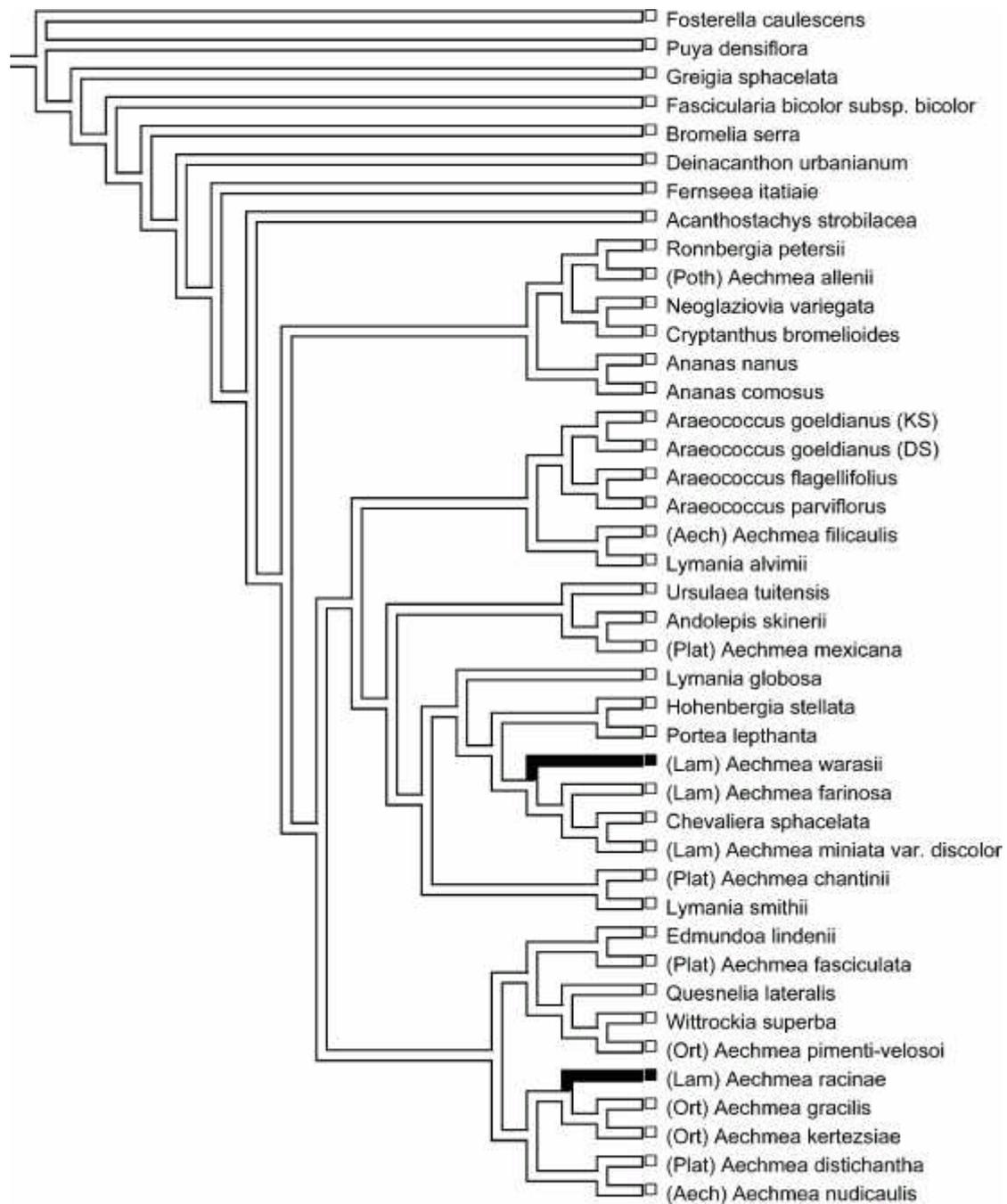
Merkmalszustand 15, Fruchtknotenrinnen. Weiß: Rinnen fehlend, Blau: Septalrinnen, Rot: Fruchtfachrinnen, Schwarz: sowohl Septal- als auch Fruchtfachrinnen.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



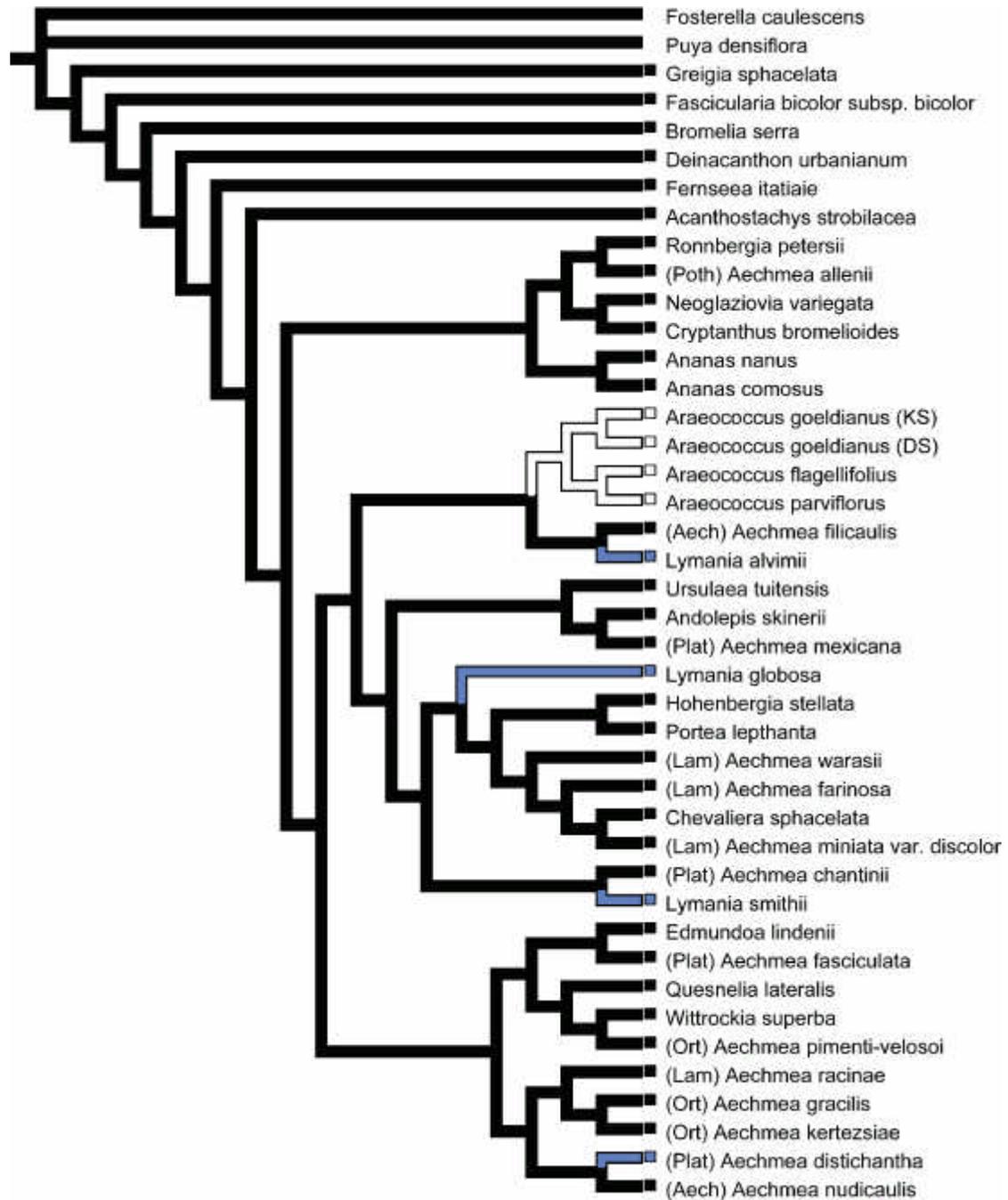
Merkmal 16, Tiefe der Fruchtknotenrinnen. Weiß: tiefe Rinnen, Blau: flache Rinnen, Schwarz: tiefe und flache Rinnen.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



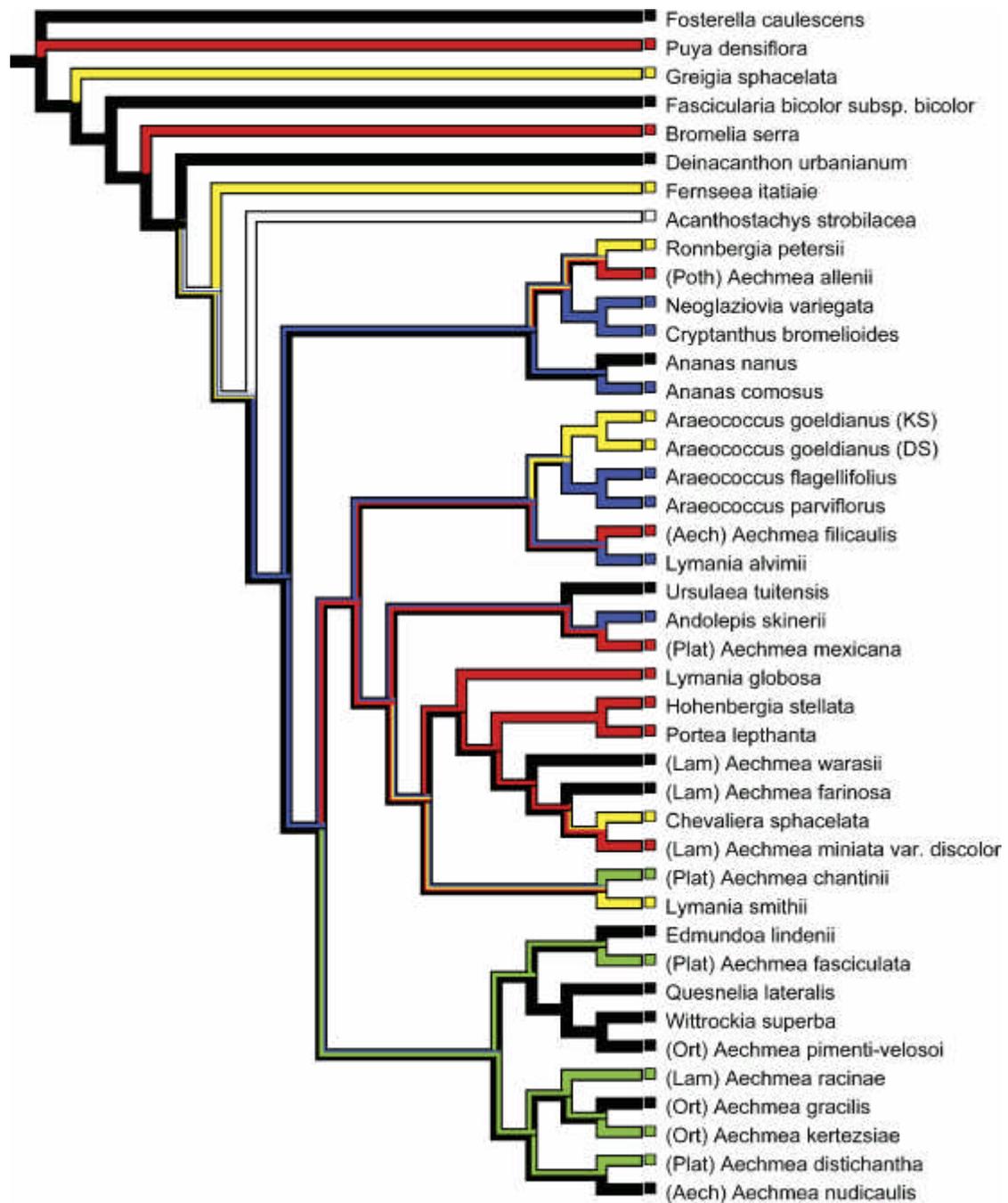
Merkmal 17, Fruchtknotenwarzen. Weiß: fehlend, Schwarz: vorhanden.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



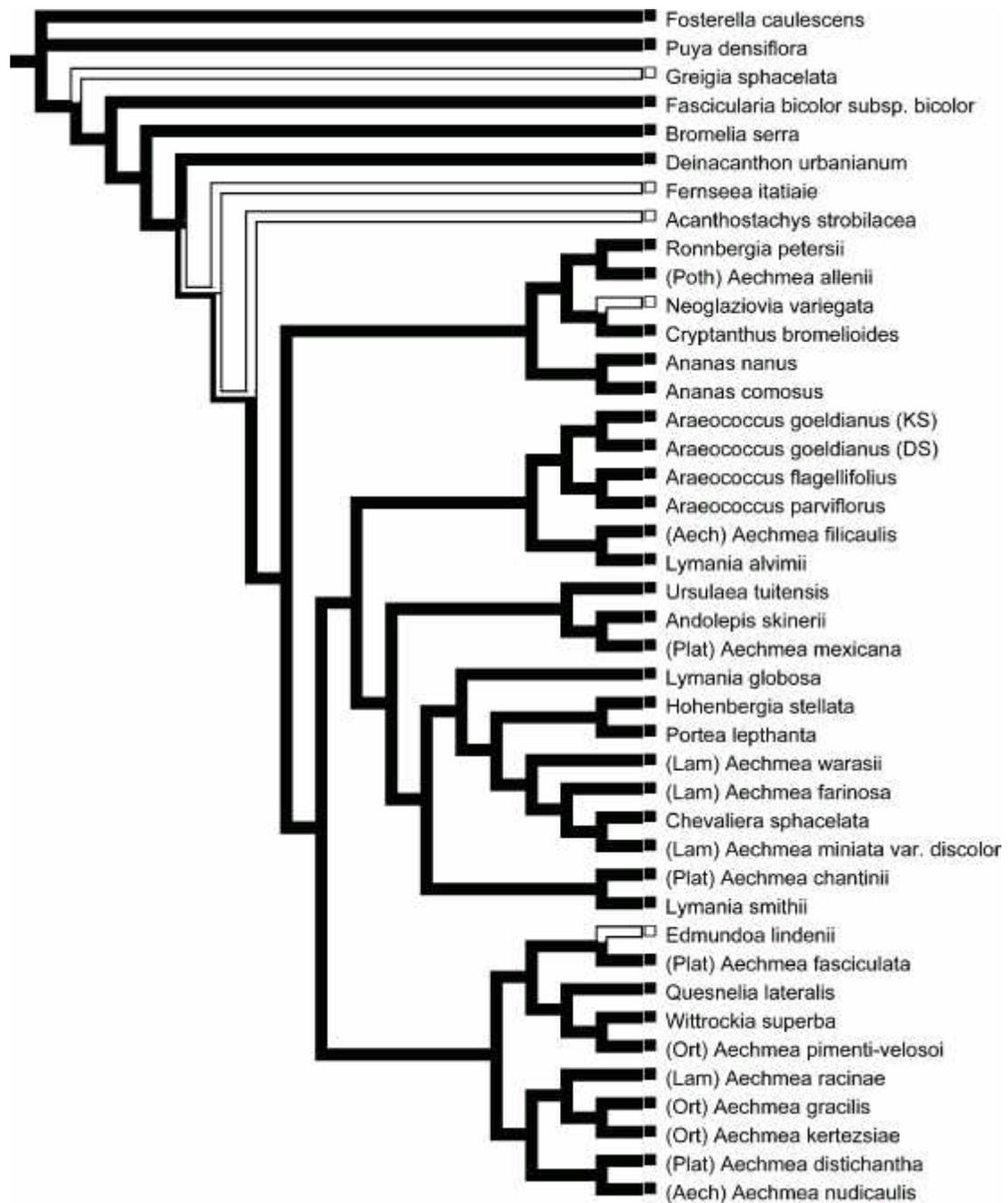
Merkmal 18, Höhe der Septalnektarien (mm). Weiß: < 0,5, Blau: { ? 0,5 , <1,5 }, Schwarz: ? 1,5.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



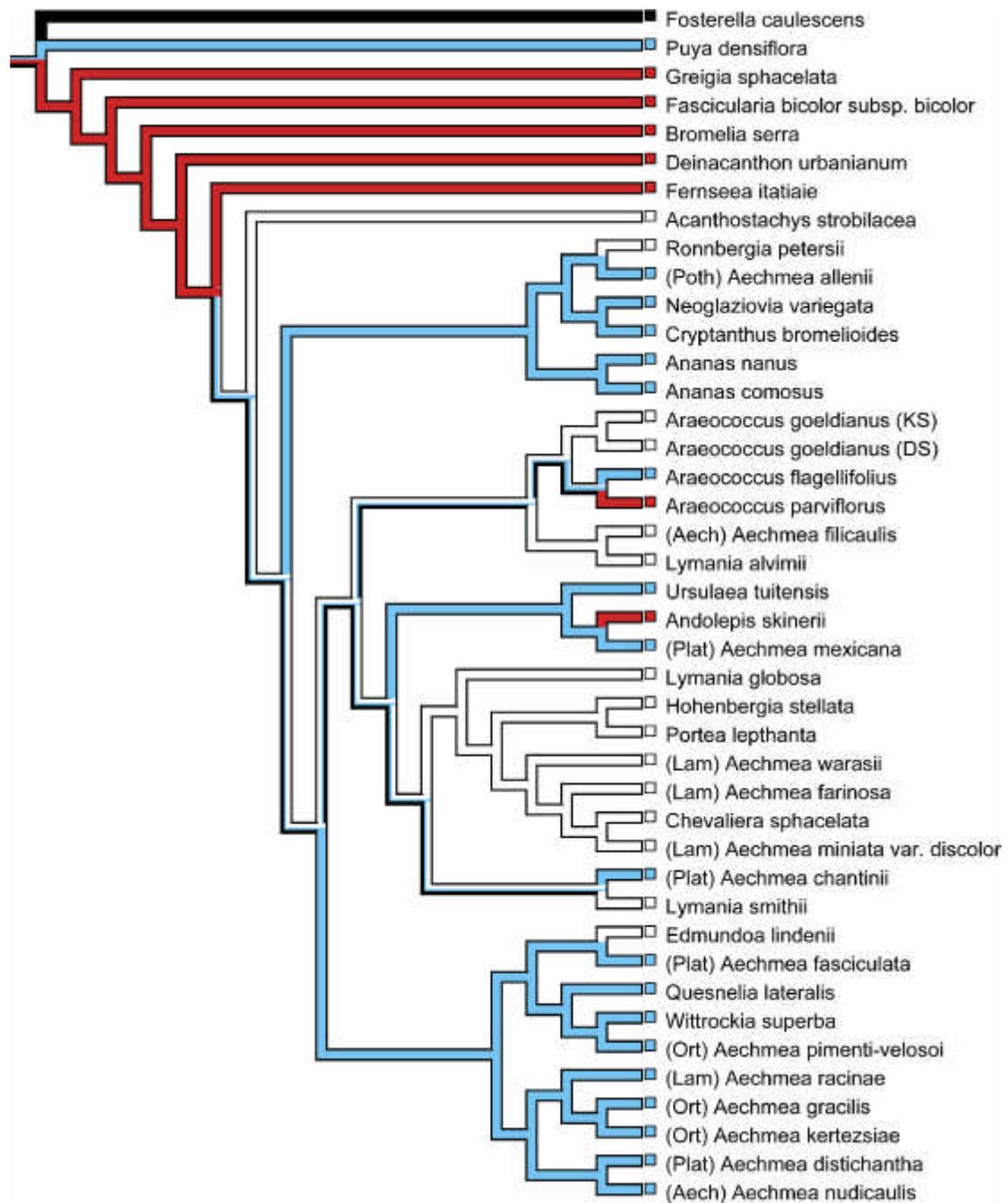
Merkmal 19, Samenanlagen pro Fruchtfach. Weiß: 2, Blau: 4-9, Hellblau: 10-15, Grün: 16-29, Gelb: 30-40, Schwarz: > 40.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



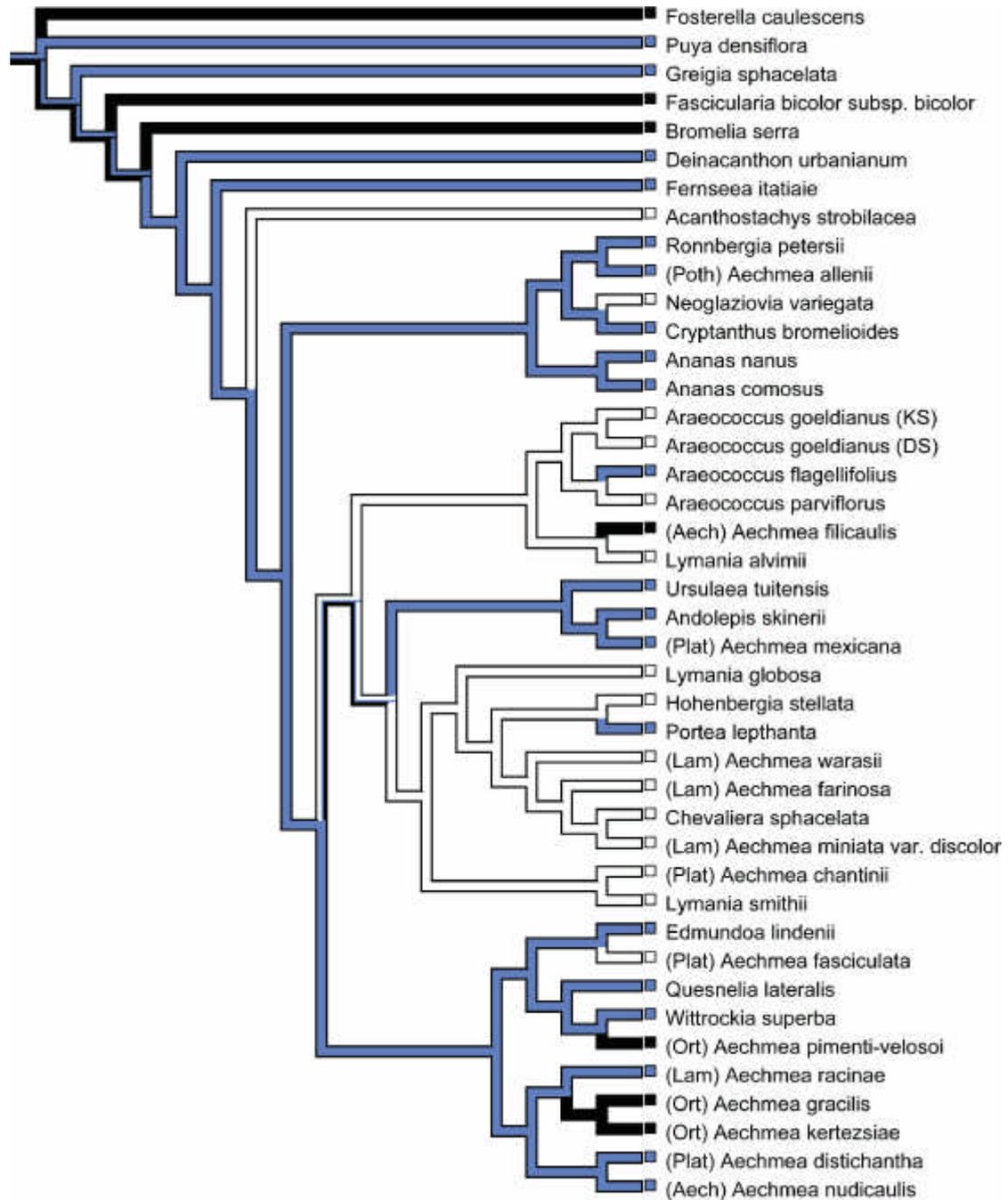
Merkmal 20, Samenanlagen-Verteilungsdichte pro Fruchtfach. Weiß: locker, Schwarz: gedrängt.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



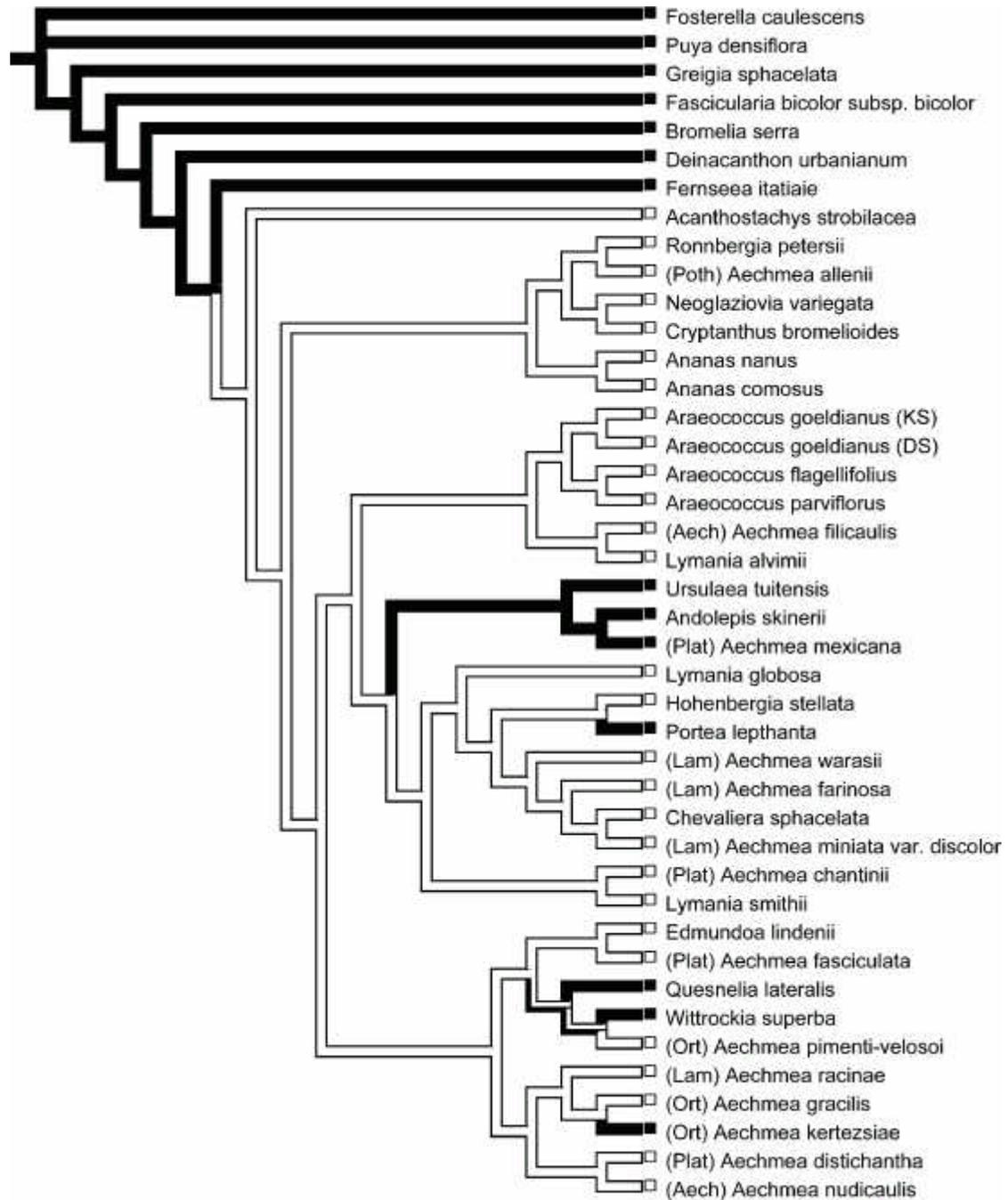
Merkmal 21, Samenanlagen, Orientierung. Weiß: apotrop, Blau: heterotrop, Rot: waagrecht, Schwarz: epitrop.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



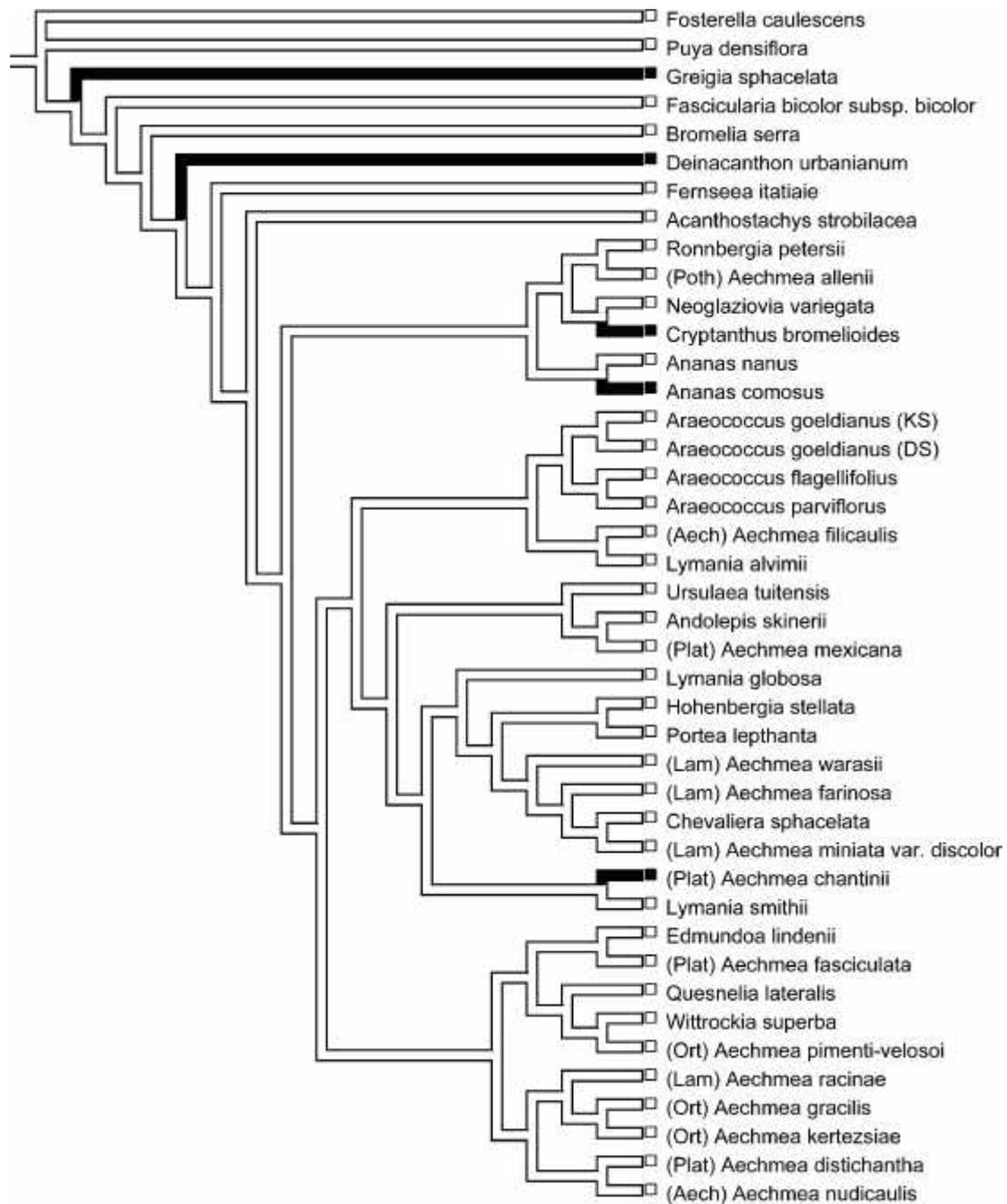
Merkmal 22, Lage der obersten Samenanlagen im Fruchtfach. Weiß: apikal, Blau: subapikal, Schwarz: zentral.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



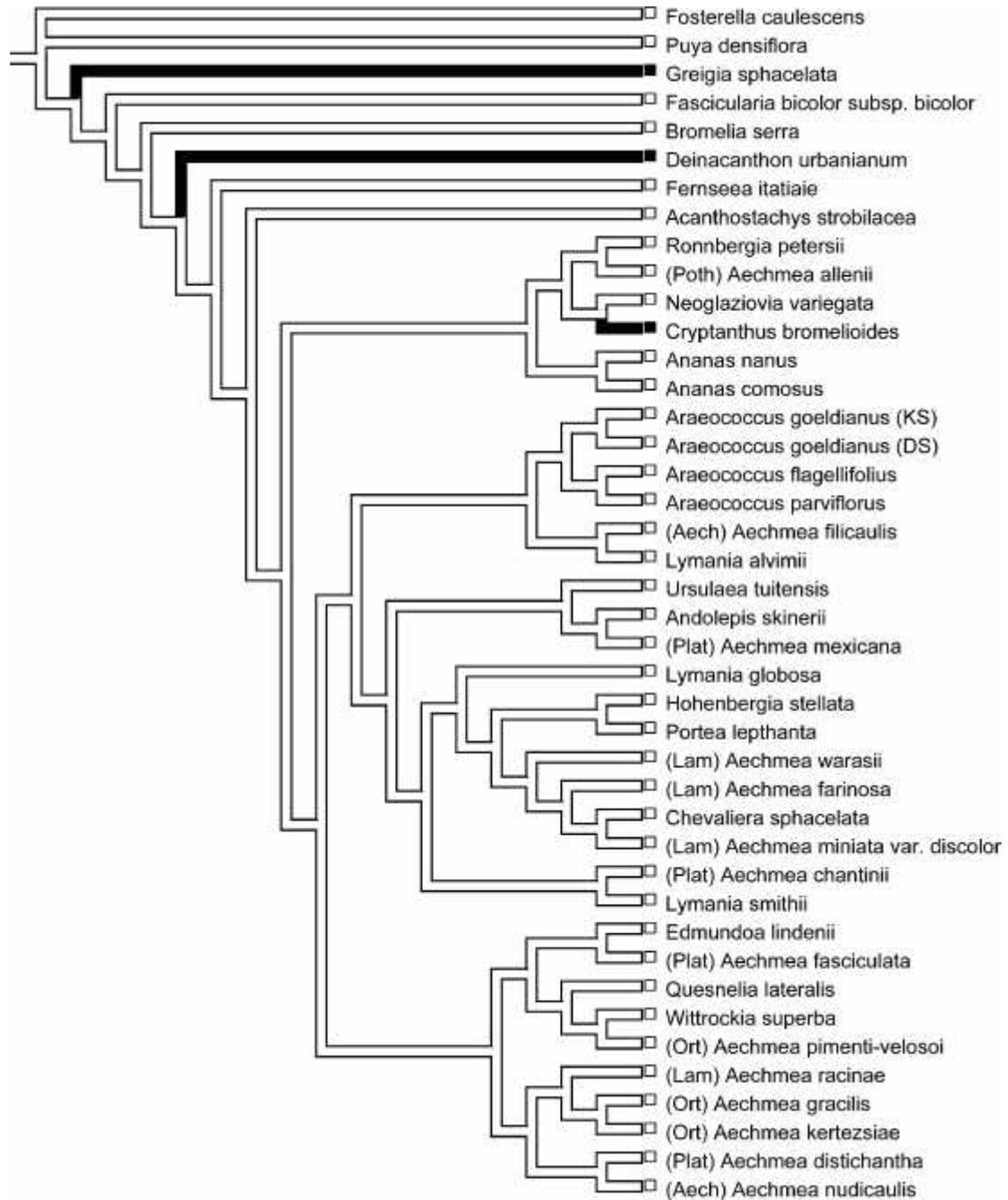
Merkmal 23, Samenanlagen, Bedeckung der Fruchtknotenachse. Weiß: < 70%, Schwarz: > 70%.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



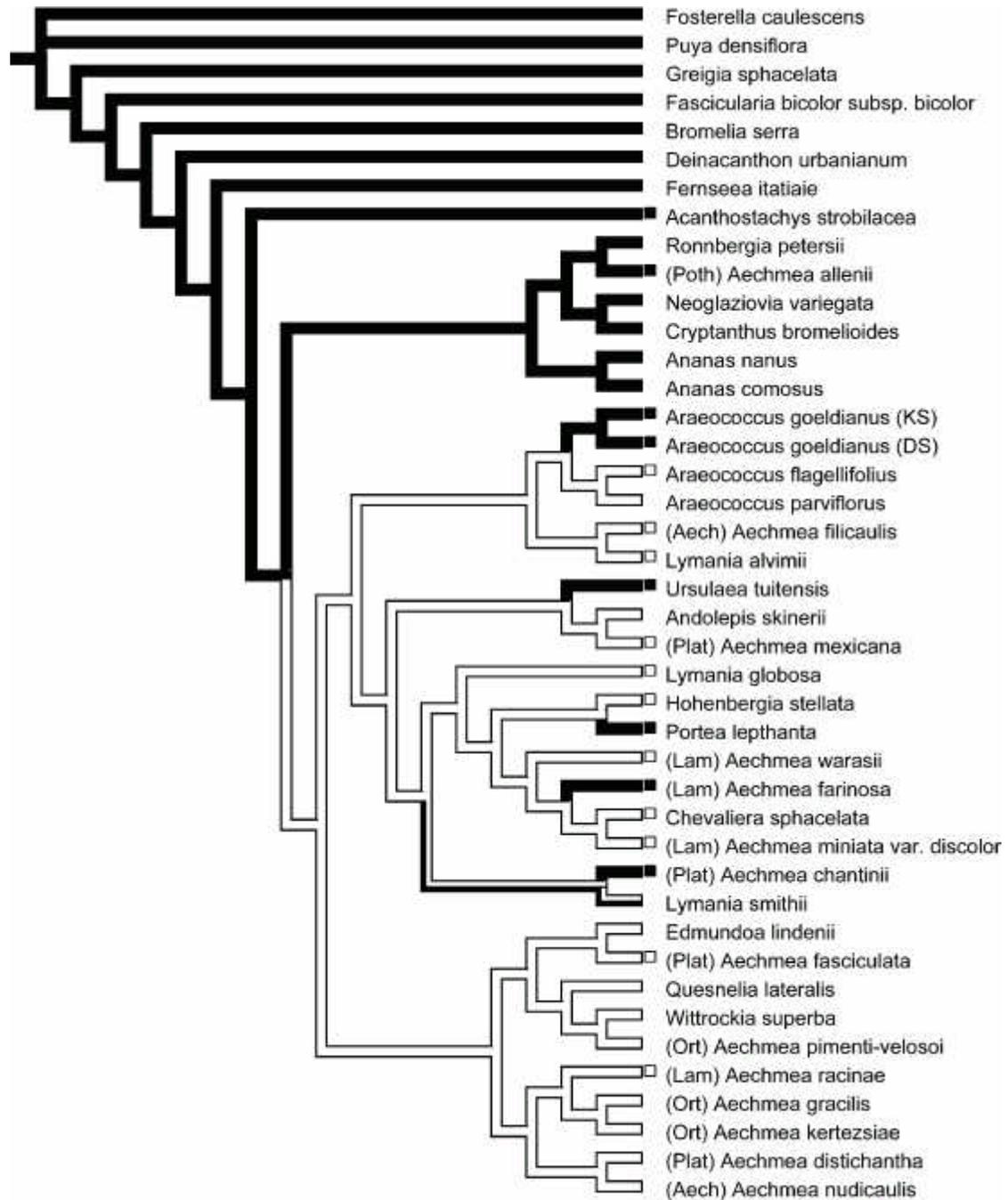
Merkmal 24, SA-Länge (μm). Weiß: < 500, Schwarz: ? 500.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



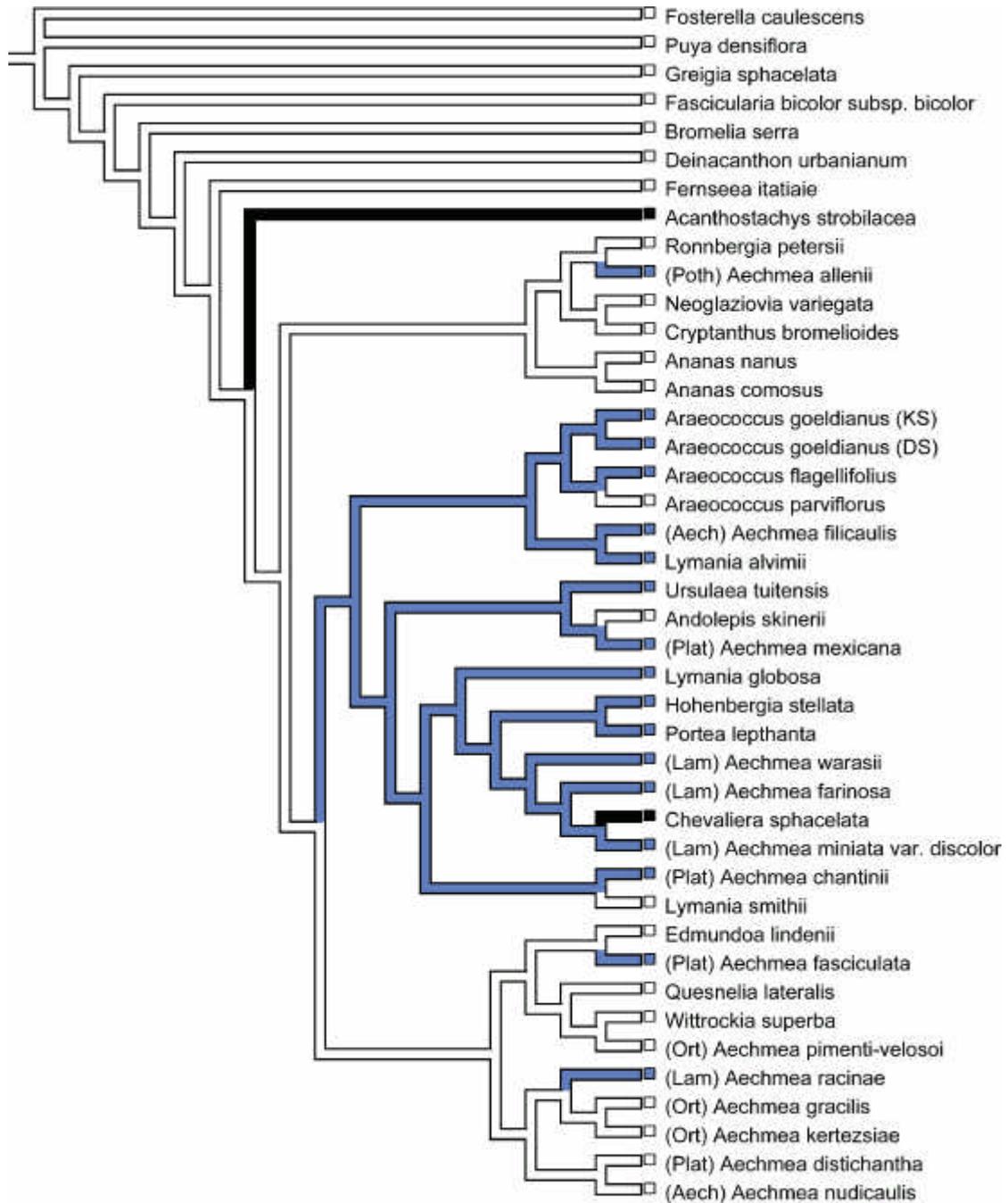
Merkmal 25, SA- Breite (μm). Weiß: < 462, Schwarz: ? 462.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



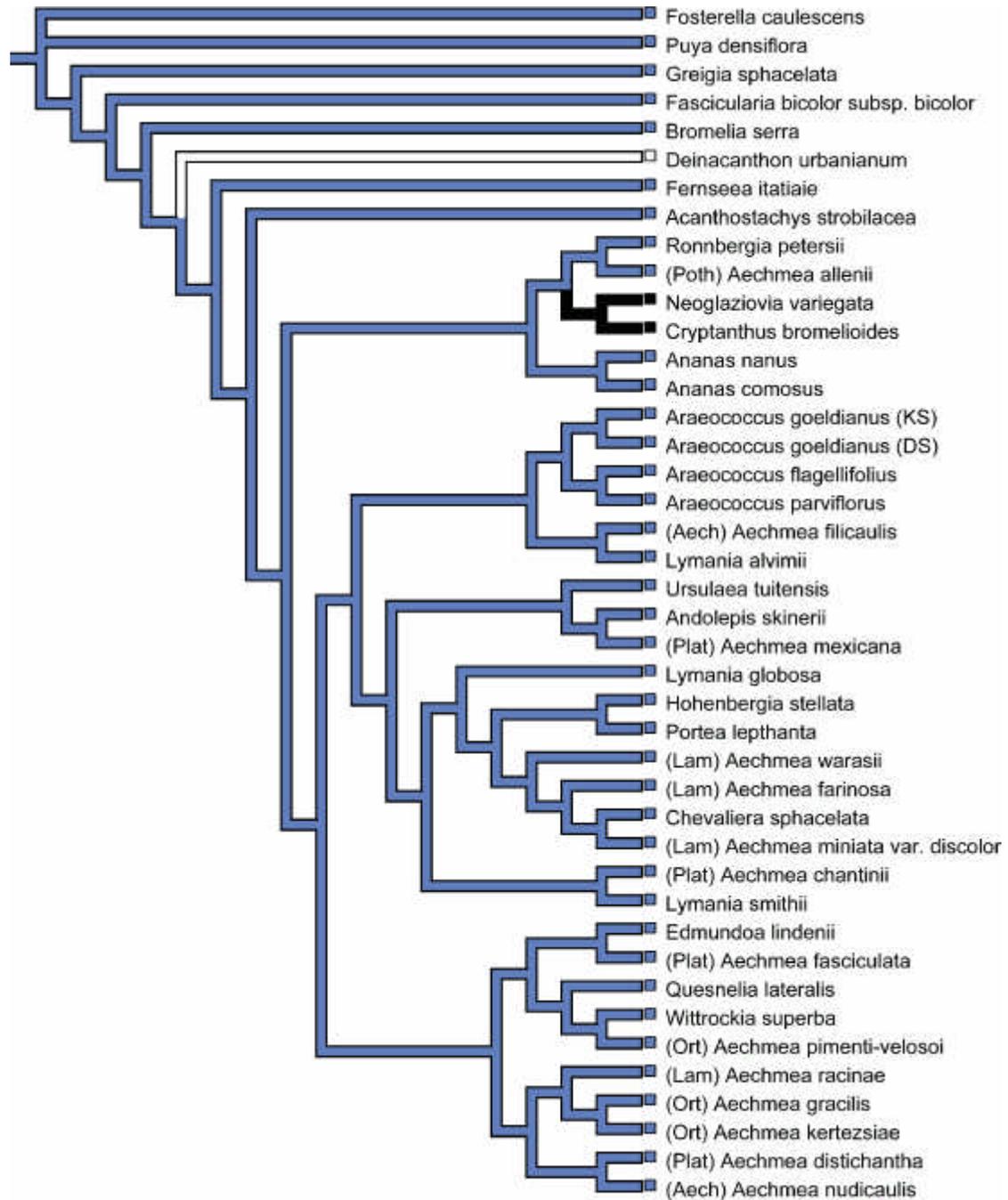
Merkmal 26, Samenanlagenanhängselform. Weiß: gerade, Schwarz: gebogen.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



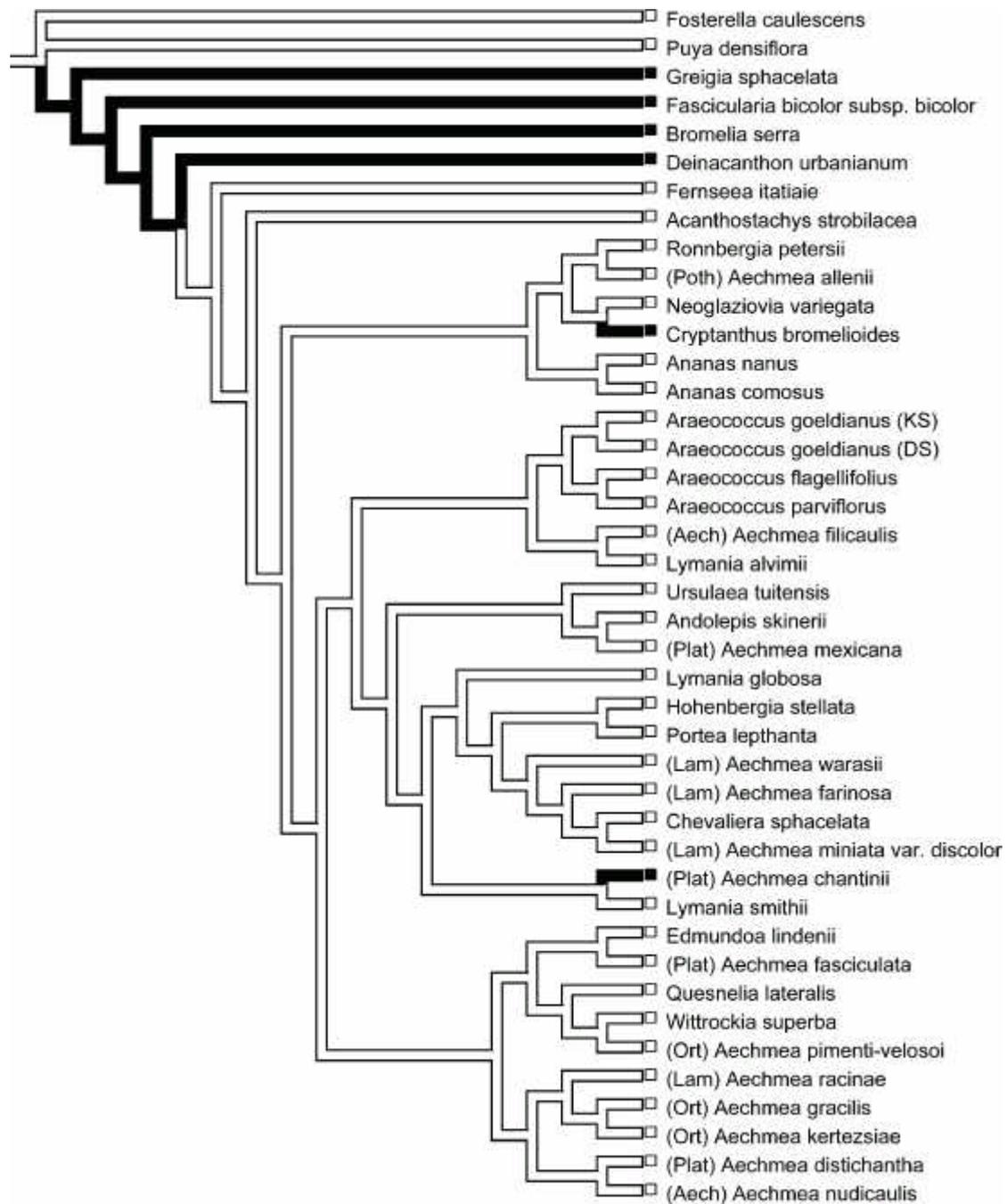
Merkmal 27, SA-Anhängsel, Länge (µm). Weiß: 0, Blau: 45 - 500, Schwarz: > 700.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



Merkmalszustand 28, Funikulus, Breite (µm). Weiß: 0, Blau: > 0,0 < 125, Schwarz: ? 125.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



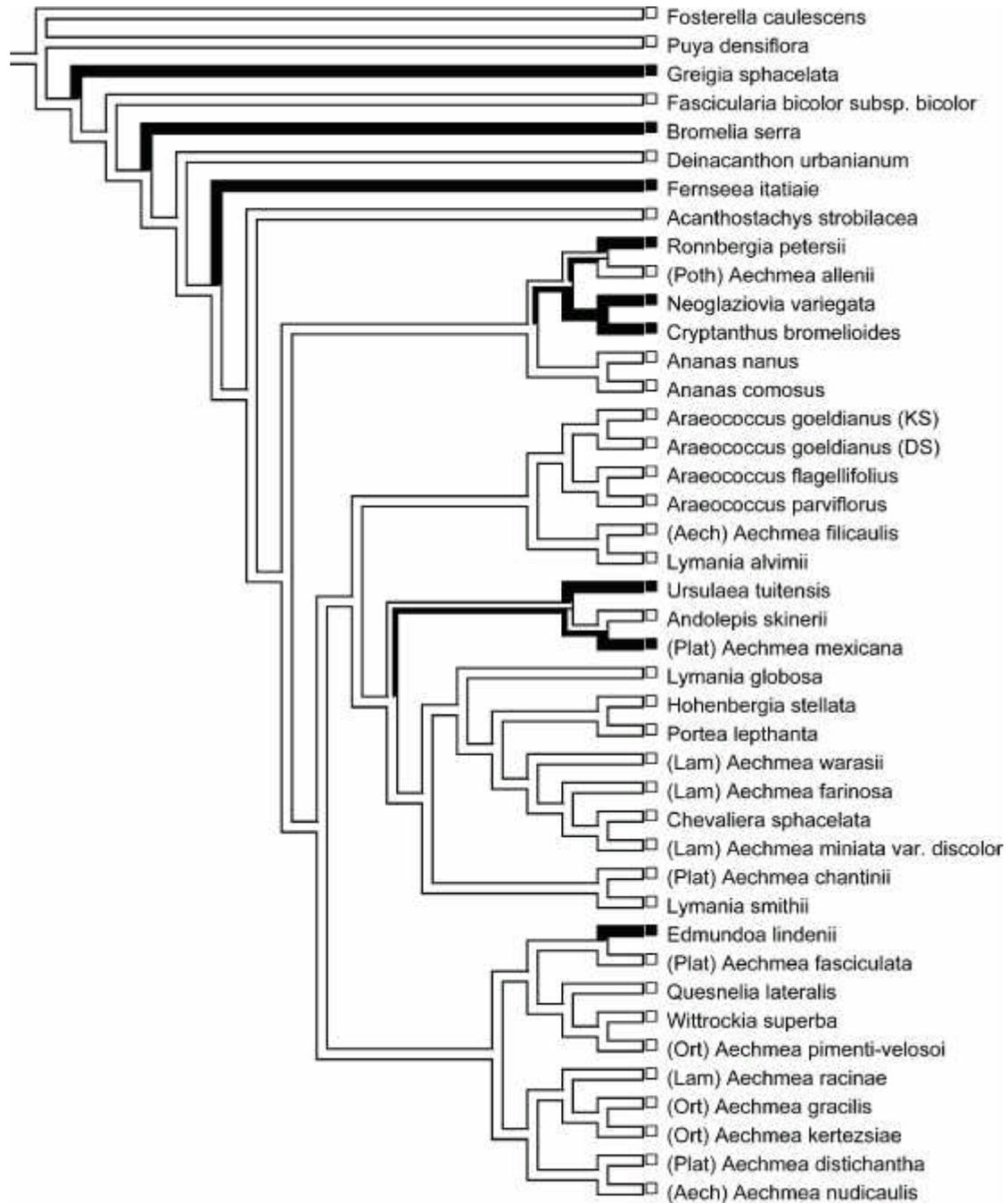
Merkmal 29, Mikropyle, Länge (µm). Weiß: < 105, Schwarz: ? 105.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



Merkmal 30, Dicke des inneren Integumentes in Höhe der Nucellusapex (μm). Weiß: < 8,2, Schwarz: \geq 8,2.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



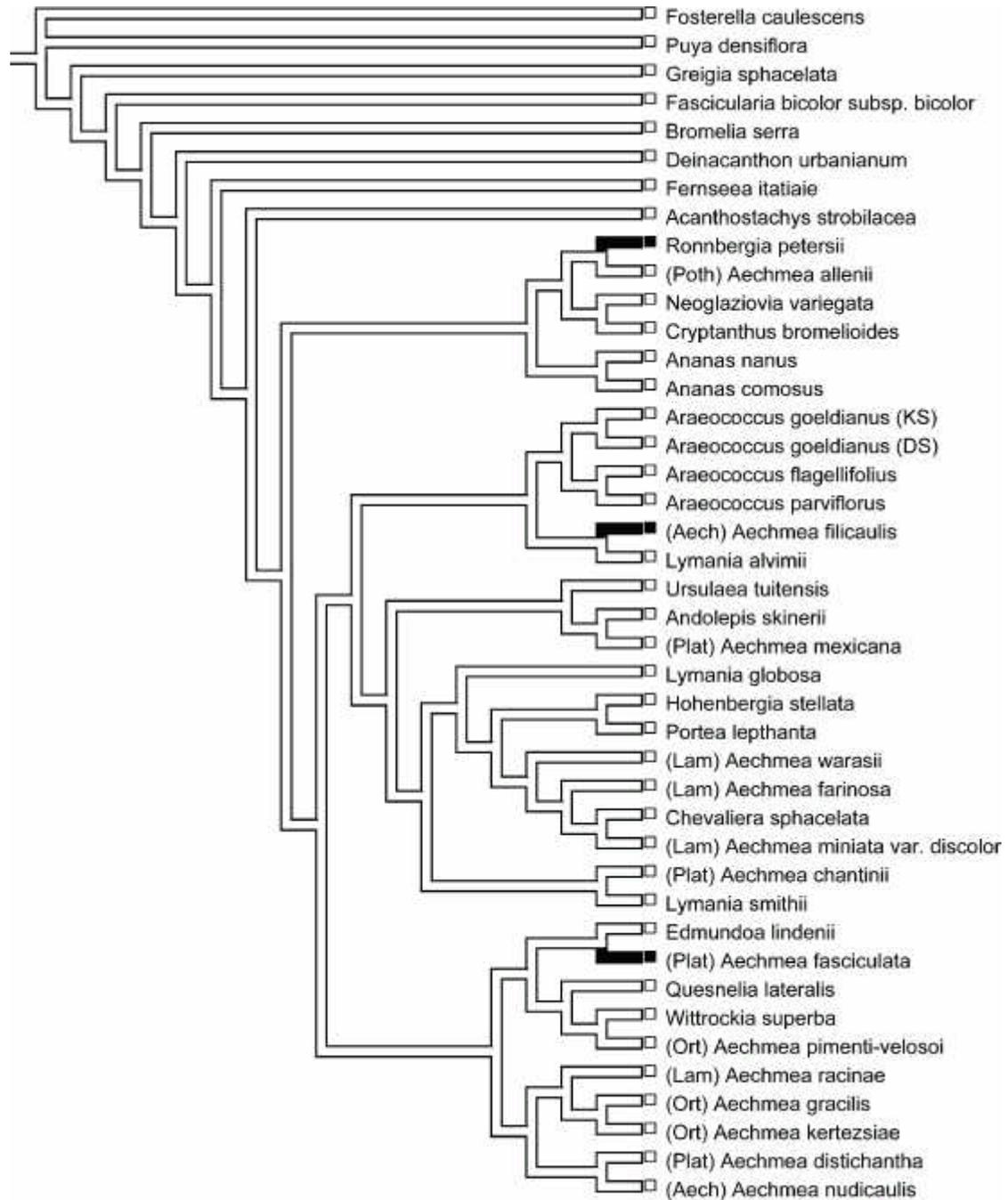
Merkmal 31, Gesamtdicke der Integumente (µm). Weiß: < 30 , Schwarz: ? 30.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza et al.(2007) beruhen.



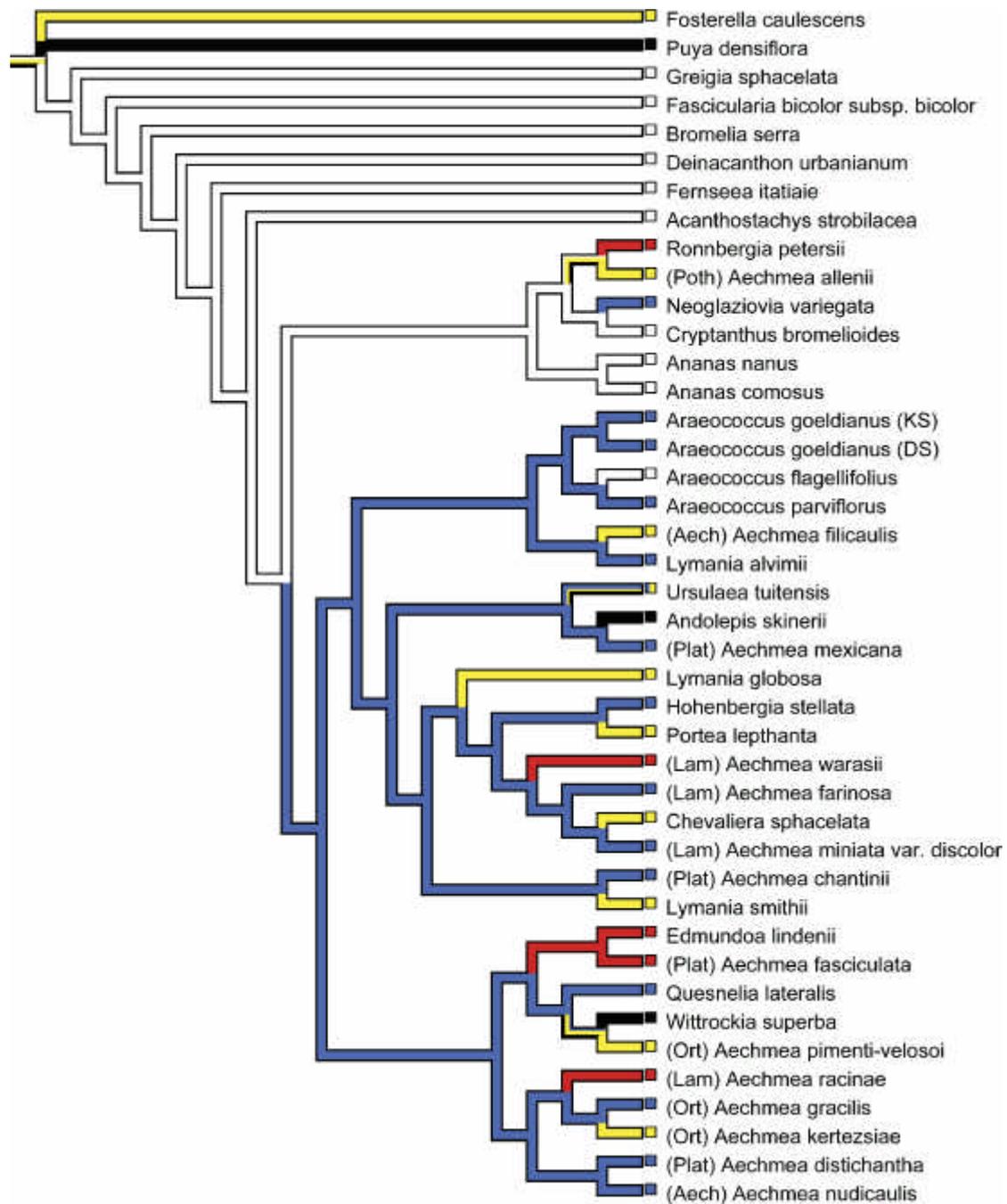
Merkmal 32, Nucellus, Länge (µm). Weiß: < 270, Schwarz: ? 270.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



Merkmal 33, Nucellus, Länge/Breite (μm). Weiß: < 2,3, Schwarz: ? 2,3.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



Merkmal 34, Zahl der Furchen auf jeder Plazentahälfte. Weiß: fehlend, Blau: eins, Hellblau: zwei, Grün: drei, Gelb: vier.

Anhang A10: Graphische Repräsentationen der Verteilung morphologischer Merkmalszustände auf Topologien, die auf der Analyse einer kombinierten Matrix molekularer Daten von SCHULTE *et al.* (2005) sowie von DeSouza *et al.* (2007) beruhen.



Merkmal 35, Placentazellenbreite (μm). Weiß: < 13 , Schwarz: ≥ 13 .

Lebenslauf

Name Rhinaixa Victoria Duque- Thüs
Geburtsdatum 26.08.1970
Geburtsort Caracas, Venezuela
Staatsangehörigkeit Deutsch
Familienstand Verheiratet mit Dr. Holger Thüs
Wohnort 23A Hopton Road, London SW16 2EH, United Kingdom

Schulische Ausbildung

1976-1982 Grundschule „República de Venezuela“
1982-1987 Liceo „Pedro Emilio Coll“
1987 Bachiller en Ciencias

Universitätsausbildung

1990- 1997 Studium der Biologie: Universidad Central de Venezuela (U.C.V.), Facultad de Ciencias, Escuela de Biología. Hauptfach Allgemeine Botanik, Nebenfächer Ökologie und Meeresbiologie.
November 1995-Oktober 1996 Thema der praktischen Abschlussarbeit (11 Monate):
“Estudio Ontogenético de los apéndices seminales en tres especies de Bromeliaceae (*Aechmea lasserii* L.B.Sm., *Guzmania mucronata* Mez, *Vriesea platynema* Gaudich.) del Parque Nacional “Henri Pittier”.
Betreuer: Prof. Dr. M. Escala, Prof. Dr. Alfonso Cardozo
November 1996 Abschluss der Prüfungen zum „Licenciado en Biología“
18. Juli 1997 Verleihung des Titels „Licenciado en Biología“.
Oktober 1998- März 1999 Sprachkurs in Deutsch am Goethe Institut Mannheim, finanziert durch ein DAAD-Stipendium.
08.04.-25.05. 1999 Teilnahme an Vorlesungen zur Botanik an der Universität Frankfurt
Februar 2001- Teilnahme an einem Praktikum zur Molekularbiologie der Gefäßpflanzen an der Universität Mainz, (Prof. Dr. Kadereit).
April 2001 Schulung zur HEMA- Einbettung von Pflanzenmaterial an der Universität Heidelberg, (AG Prof. Dr. Leins, Frau Vogt).
29.10.2001- 31.10.01 Anfertigung der Dissertation an der Universität Frankfurt.
25.05.1999 - 2008

Berufserfahrung

September 1997-Oktober 1998 Universitätsdozentin für Umwelterziehung, an der Universidad Nueva Esparta, Caracas. Preis “20 de Septiembre” als beste Nachwuchsdozentin.
November 1997-Oktober 1998 Angestellte Botanikerin, Abteilung für Öffentlichkeitsarbeit. Betreuerin der Lebenssammlung der Bromelien für die Fundación Instituto Botánico de Venezuela.
Januar 2009 Datenbankpflege in der Sektion für Bryologie des Botany Departments am Natural History Museum, London.

Sprachen

Spanisch (Muttersprache).
Deutsch (mündlich und schriftlich sehr gut).
Englisch (mündlich und schriftlich sehr gut).
Italienisch (einfaches Unterhaltungsniveau).
Portugiesisch (einfaches Unterhaltungsniveau).
Hindi (Grundkenntnisse).

EDV-Kenntnisse

Programme: Word, Excel, PowerPoint, Access, Adobe Illustrator, Adobe Photoshop, Adobe InDesign, Adobe Acrobat Professional, BioEdit, TreeView, Statistica 6.0, PAUP 4.0, Mesquite, SPSS.