

Fortsetzung von Seite 30

struktion quantitativ zu erlauben, welche die exakte Topologie des Gesamtstammbaumes enthüllt. Das kann dann häufig zu einer neuen, z.B. engeren Auffassung von systematischen Einheiten führen, die unter Umständen in der Hierarchie neu bewertet werden müssen, wie durch REEB et al. mit den *Acarosporaceae* (nunmehr *Acarosporomycetidae*) geschehen.

Es würde zu weit führen, wichtige Schlussfolgerungen beider Arbeiten hier im Detail zu kommentieren. Für den an der Diversität der Ascomyceten interessierten Floristen wird vor allen

die geringe Zahl der in die Untersuchungen einbezogenen Arten unbefriedigend sein. Aus oben genannten Gründen wird dies vorerst ein wesentlicher Mangel systematischer Revisionen auf der Basis molekularer Daten bleiben. Da die molekulare Stammbaumanalyse jedoch inzwischen den Kinderschuhen entwachsen ist, sind ihre Ergebnisse auch für das Studium evolutionär gewachsener ökologischer Zusammenhänge unverzichtbar geworden. Die beiden referierten Artikel sind daher sehr lesenswerte Beiträge zur modernen Ascomyceten-Systematik.

Dr. VEIKO KRAUß, Leipzig

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Boletus - Pilzkundliche Zeitschrift](#)

Jahr/Year: 2005

Band/Volume: [28](#)

Autor(en)/Author(s): Krauß Veiko

Artikel/Article: [Literaturhinweis Fortsetzung von Seite 30 48](#)