

**Genetics.** — *De mendelistische verklaring van de erfelijkheid door polymere factoren in haar beteekenis voor ons inzicht in de zelfstandigheid en de gebondenheid van de afmetingen van de zaden van Phaseolus vulgaris.* By G. P. FRETTS. (Communicated by Prof. J. BOEKE.)

(Communicated at the meeting of June 28, 1947.)

De studie van de erfelijkheid, door kruising van eenige eigenschappen van twee zuivere lijnen van Phaseolus vulgaris bracht mee, dat nagegaan werd, in welken vorm de polymerietheorie hier voor de verklaring van de erfelijkheid dienst kon doen. Ik onderzocht de volgende eigenschappen, waarvan ik door uitgebreide onderzoekingen van de niet-erfelijke variabiliteit de gemiddelden vaststelde.

	I-lijn	II-lijn
lengte	150 <sup>1)</sup>	110
breedte	90	80
dikte	60	70
gewicht	55 <sup>2)</sup>	45
LB-index	60	70
LD-index	40	60
BD-index	70	85

We zien, dat er tusschen de lengten van de boonen van de I-lijn en van de II-lijn een groot verschil is; het verschil tusschen de breedten is kleiner, dat tusschen de dikten is ook kleiner en in omgekeerde richting. De boonen van de I-lijn zijn lang, breed en dun, die van de II-lijn zijn kort, minder breed en dik. In den loop van het onderzoek heb ik met het oog op de verschillende grootte der verschillen van de afmetingen van de boonen van de I-lijn en de II-lijn verschillende vormen van polymerie overwogen. De verschillende grootte van dit verschil moet in de erfelijkheidsformule van de boonen tot uitdrukking komen.

1. Met het oog op het veel grootere verschil van de lengten van de boonen van de I-lijn en de II-lijn dan van de breedten, respect. de dikten, nemen we een aantal polymere factoren aan, die alle 3 afmetingen hebben; bv. 3, dus  $L_1, L_2$  en  $L_3, B_1, B_2$  en  $B_3, D_1, D_2$  en  $D_3$ , en bovendien een tweede aantal polymere factoren, die alleen aan de lengte toekomen, bv. eveneens 3, dus  $L_4, L_5$  en  $L_6$ . Op grond van onze kennis van de gemiddelden en de variatiebreedte van de afmetingen kunnen we de grens tusschen

<sup>1)</sup> Afmetingen in 0.1 mm.

<sup>2)</sup> Gewicht in cg.

de lengte van de boonen van de I-lijn en de II-lijn op 13.0 mm stellen en bepalen, dat de lengtefactoren  $L_1—L_3$  de lengte doet toenemen van 13.1—15.5 mm, terwijl door de werking van de factoren  $L_4—L_6$  de lengte-toeneming der boonen van de I-lijn boven de 15 mm verklaard wordt. De werking van de factoren  $L_1—L_3$  voor de lengte valt samen met een evenredige werking van de factoren  $B_1—B_3$  voor de breedte en van de factoren  $D_1—D_3$  voor de dikte. Door deze voorstelling wordt dus rekening gehouden met het veel grootere verschil der lengten van de boonen van de I-lijn en de II-lijn dan van de breedten en de dikten. Ter vereenvoudiging van het betoog en van de schrijfwijze vatten we de lengtefactoren  $L_1—L_3$  samen als  $L_1, L_4—L_6$  als  $L_2, B_1—B_3$  als  $B$  en  $D_1—D_3$  als  $D$ ;  $L_1$  is dus gelijkwaardig met  $B$  en met  $D$  en we schrijven de formule voor de boonen van de I-lijn als  $L_1 L_2 B D$  en die van de II-lijn als  $l_1 l_2 b D$ . Volgens deze voorstelling hebben we bij kruising te doen met het tetrahybride schema. De op elkaar volgende generaties maken een overwegend intermediairen indruk.

De hypothese van de erfelijkheid door polymere factoren in dezen vorm leidt tot moeilijkheden. Na kruising kunnen in volgende generaties verschillende nieuwe genencombinaties ontstaan; bv. van de lengte  $l_1 l_1 L_2 L_2$ . In dit geval ontbreken de genen voor de lengte van 13.1—15.5 mm, terwijl de genen voor de lengtevermeerdering van 15.6 mm aanwezig zijn. Het is duidelijk, dat we hier een onbestaanbaarheid voor ons hebben. We moeten aan de hypothese een anderen vorm geven.

1b. Iedere L-factor geeft eenzelfde vermeerdering van de lengte, de lengtefactoren kunnen voor elkaar in de plaats treden, de 2 aantallen der lengtefactoren,  $L_1—L_3$  en  $L_4—L_6$  zijn identiek. We nemen aan, dat bij de boonen met de formule  $l_1 l_1 L_2 L_2$  op een oogenblik in den groei de  $L_2$ -genen hun lengtevermeerdering op dezelfde wijze geven als bij boonen met de form.  $L_1 L_1 l_2 l_2$  de  $L_1$ -genen. Ook moet het levensproces van den groei, dus de werking van de groeistof, het mogelijk maken, dat bij de boonen met de formule  $l_1 l_1 L_2 L_2$ , de  $L_2$ -genen hun werkzaamheid zullen kunnen volbrengen, evenzeer als bij de boonen met de form.  $L_1 L_1 L_2 L_2$ .

Bij de splitsing ontstaan er volgens deze hypothese boonen met de form.  $L_1 L_2 B D$ , d.z. boonen met de factoren  $L_1, L_2, B$  en  $D$  (in homozygoten en heterozygoten vorm) en boonen met de form.  $L_1 l_2 B D$  of  $l_1 L_2 B D$ , d.z. boonen met de factoren  $L_1$  of  $L_2, B$  en  $D$  (in homo- en heterozygoten vorm). Er ontstaat hier dus een klasse boonen met een zeer groote lengte, een matig groote breedte en een matig groote dikte en een klasse boonen met een matig groote lengte en eveneens een matig groote breedte en een matig groote dikte. Het onderzoek levert geen bevestiging van deze aaneming (tab. 1 en 2): de boonen met de grootste lengte hebben ook de grootste breedte en de grootste dikte. We moeten echter met de duiding van dit resultaat voorzichtig zijn. Er is naast de erfelijke een zeer groote niet-erfelijke variabiliteit.

Het is de vraag, of in ons  $F_2$ -materiaal de erfelijke variabiliteit, als ze

zou verschillen van de niet-erfelijke, tot uitdrukking kon komen. Alleen door individueel voortkweken is de erfelijke variabiliteit aan te toonen (vgl. ook de regelmatige kromme van het materiaal eener boonen-populatie van JOHANNSEN). Toch aanvaarden we deze hypothese 1b niet en gaan de mogelijkheid van de volgende hypothese na.

2. We nemen een even groot aantal erfactoren aan voor het verschil van de lengten, de breedten en de dikten van de boonen van de I- en de II-lijn. Hierbij geeft een factor voor de lengte een relatief veel grotere toeneming van de lengte dan een factor voor de breedte van de breedte en een factor voor de dikte van de dikte.

Met deze hypothese is in overeenstemming, dat we in het materiaal van onze  $F_2$ -zaadgeneratie van 1933 vinden, dat onder boonen met alle 3 groote afmetingen de boonen met de grootste lengte ( $L_1 L_2$ ) ook veelal de grootste breedte en de grootste dikte hebben en dat van boonenopbrengsten, die een groot aantal boonen met een zeer groote lengte bevatten ( $L_1 L_2 B D$ ) de gemiddelde breedte en de gemiddelde dikte groter zijn dan van de boonen-opbrengsten met een groot aantal boonen met een minder groote lengte ( $L_1 B D$ ; zie tab. 1). Uit onze hypothese vloeit voort,

TABEL 1. De gemiddelde afmetingen, het gemiddelde gewicht en de gemiddelde indices van boonenaantallen in de klassen 1a met de form.  $L_1 L_2 B D$  en 1b met de form.  $L_1 B D$  der classificatie volgens het gewijzigde tetrahybride schema voor een drietal boonenopbrengsten van de  $F_3$ -zaadgeneratie van 1934.

	Kl. 1a, form. $L_1 L_2 B D$ Pl. 272, n = 33			Kl. 1b, form. $L_1 B D$ Pl. 268, n = 67			Kl. 1b, form. $L_1 B D$ Pl. 274, n = 58		
	M	Gr. Var.	Kl. Var.	M	Gr. Var.	Kl. Var.	M	Gr. Var.	Kl. Var.
L	166	181	156	147	155	135	141	155	131
B	102	103	95	91	97	86	91	98	86
D	71	79	67	71	76	66	70	75	66
Gew.	85	106	72	66	81	56	63	73	53
LB	62	68	58	62	68	59	65	71	58
LD	43	47	39	48	53	43	50	56	45
BD	70	77	63	77	83	67	77	85	68

dat als we een groot aantal  $L B D$ -boonen indeelen volgens stijgende lengteklassen (tab. 2), we zullen vinden, dat met stijgende lengte, ook de gemiddelde breedten en de gemiddelde dikten der op elkaar volgende klassen zullen stijgen. Dit vinden we inderdaad.

Het resultaat van tab. 2 berust niet alleen op erfelijke variabiliteit; integendeel, er is ook een groote niet-erfelijke variabiliteit. De erfelijke, naast de niet-erfelijke variabiliteit blijkt, als we de erfelijkheid als correlatie berekenen van twee op elkaar volgende generaties. We vinden voor de correlatie, berekend met de form. van BRAVAIS, van de lengte der boonen van de  $F_3$ - en de  $F_2$ -generatie van 1934 en 1933,  $r = + 0.44 \pm 0.09$ , voor die van 1935 en 1934,  $r = + 0.42 \pm 0.1$ . Voor de breedte en voor de dikte vinden we een slechts zeer kleine positieve correlatie. In het materiaal van zuivere lijnen, met dus alleen niet-erfelijke variabiliteit, vinden we deze

TABEL 2. Boonen met een groote lengte, een groote breedte en een groote dikte ( $L_1 L_2 B D$  en  $L_1 B D$ ) van de  $F_2$ -zaadgeneratie van 1933 gerangschikt volgens stijgende lengteklassen.

Lengteklasse	Gem. breedte	Gem. dikte	Aantal boonen	Gem. breedte	Gem. dikte	Aantal boonen	Gem. breedte	Gem. dikte	Aantal boonen
	Na I $\times$ II-kruisingen Kasmateriaal n = 67			Na I $\times$ II- en II $\times$ I-kruis. Buitenmateriaal n = 141			Het geheele materiaal n = 269		
131—135 <sup>1)</sup>	—	—	0	89.22	70.56	9	89.22	69.44	9
136—140	86.5	68.0	4	88.36	69.67	33	88.18	69.39	39
141—145	87.38	68.88	16	90.72	70.05	42	89.42	69.58	69
146—150	88.05	70.16	19	90.78	70.36	36	89.15	69.79	78
151—155	88.74	69.89	19	93.07	70.36	14	90.06	69.53	47
156—160	89.2	69.2	5	92.43	71.14	7	90.95	69.80	20
151—165	89.3	73.3	3	—	—	—	90	72.83	6
166—170	91	72	1	—	—	—	91	72	7

<sup>1)</sup> In 0.1 mm.

correlatie niet. Zoo vinden we voor de lengte van de boonen van de I-lijn van 1937 en haar uitgangs-(ouder-)boonen van 1936,  $r = + 0.08 \pm 0.1$ . De erfelijke variabiliteit moet ook blijken uit de selectie. Uit de vergelijking van  $F_3$ -materiaal van 1934 met zijn  $F_2$ -uitgangsmateriaal blijkt de regressie (1937, fig. 11): er is hier eenige selectie mogelijk. In materiaal van zuivere lijnen, bv. van de I- en de II-lijn, is de regressie volkomen (1934, fig. 1—7 en deze meded. fig. 1).

De hypothese 2 voor de erfelijkheid van de afmetingen der boonen, waartoe we door onze kruisingsonderzoekingen komen, houdt dus in, dat de drie afmetingen een even groot aantal erfactoren hebben. D.w.z. dat bij den groei steeds tegelijk een factor voor de lengte, de breedte en de dikte werkzaam zijn (als „aanwezig” of „afwezig”). Hieruit zien we de mate van gebondenheid en zelfstandigheid van de afmetingen. De studie van den groei en van de variabiliteit (1938—1941) leerden ze ons reeds. Hier, bij de studie van de kruisingen, treft ze ons opnieuw: het mendelisme leert ons een groote mate van zelfstandigheid der afmetingen kennen bij de uitsplitsingen, doch we zien nu, volgens hypothese 2, dat niet aparte genenparen voor een der afmetingen voorkomen: altijd zijn er factoren voor de lengte, de breedte en de dikte tegelijk werkzaam. Dit resultaat voert ons weer tot de opvatting, dat de boon in grootte en vorm een eenheid is, een binnenste heeft; er is een regulerend principe voor de afmetingen, dat vorm en grootte van de boon bepaalt, de werking der genen leidt.

Waar we aannemen, dat de polymere factoren voor ieder der afmetingen in een even groot aantal aanwezig zijn en steeds een factor voor de lengte, een voor de breedte en een voor de dikte tezamen bij den groei werkzaam zijn, — en elkaars werkzaamheid reguleeren —, zou het kunnen zijn, dat steeds een factor voor de lengte, een voor de breedte en een voor de dikte in eenzelfde chromosoom gelegen zijn. Deze mogelijkheid kan door onderzoek op koppeling worden nagegaan.

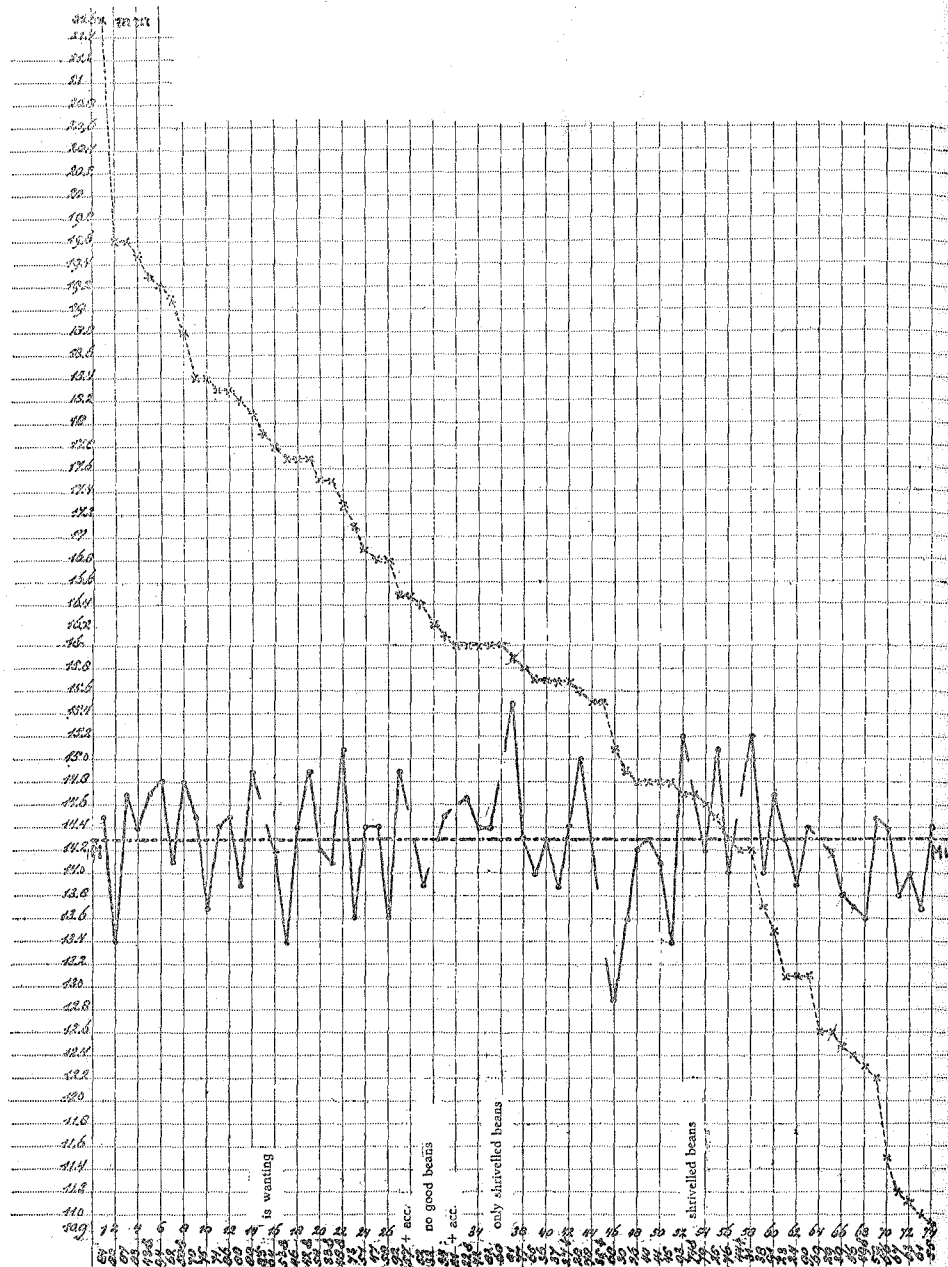


Fig. 1. I-lijn 1936. De lengte van 62 van 74 uitgezaaide uitgangsoonen van de boonenopbrengst van de I-lijn van 1935 en de gemiddelde lengten van hun boonenopbrengsten van 1936. Op de horizontale is de nummering van de boonen aangegeven volgens dalende lengte; er onder zijn de nrs van de boonen aangegeven in de volgorde, waarin ze uitgezaaid zijn. Eenige nrs zijn uitgevallen, doordat enkele boonen niet zijn opgekomen, of de plant verongelukt, gestorven, of verloren gegaan is, of geen goede boonenopbrengst opgeleverd heeft. Op de verticale is de lengte der boonen in mm aangegeven. Gestippelde lijn: lengte van de uitgangsoonen; getrokken lijn: gemiddelde lengte der boonenopbrengsten; gestreept en gestippeld: horizontale ter hoogte van de gemiddelde lengte van alle boonenopbrengsten.

Een moeilijkheid van de hypothese 2 is, dat ze niet zonder meer algemeen geldig is. Hoe moeten we de genen kiezen bij de kruising van bv. boonen van de I-lijn met de boonen van een zuivere lijn, waarvan de lengte minder groot is dan die van boonen van de I-lijn, doch grooter dan die van de II-lijn? Verschillende kruisingen stellen verschillende eischen voor de toeneming der afmetingen door een gen. De volgende hypothese behoudt het voordeel van hypothese 2, dat er voor de 3 afmetingen een even groot aantal genen is, doch verbindt er aan, dat de genen eenzelfde toeneming der afmetingen geven.

3. Het mendelistisch gezichtspunt brengt mee, dat we bij het opstellen van mendelistische formules de konsekwentie van het mendelisme aanvaarden, die eischt, dat als we 2 variëteiten kruisen, die in enkele eigenschappen verschillen, ieder van die 2 variëteiten de genen moet hebben (als aanwezig of als afwezig) voor al deze eigenschappen. In het geval van de afmetingen der boonen moeten we aannemen, dat van de twee elkaar geheel vreemde boonenrassen, de I- en de II-lijn, de I-lijn de genen voor alle polymere factoren van de II-lijn bezit (als „afwezig”) en de II-lijn die van de I-lijn (eveneens als „afwezig”). We schrijven daarom de formule van de boonen van de I-lijn als  $L_1 L_2 L_3 L_4 L_5 L_6 d_1 d_2 d_3 d_4 d_5 d_6$  en die van de II-lijn als  $l_1 l_2 l_3 l_4 l_5 l_6 D_1 D_2 D_3 D_4 D_5 D_6$ . De mogelijkheid der kruising — mendelistisch opgevat — vooronderstelt deze situatie. We kunnen daarom — in mendelistischen zin — de kruising van de boonen van de I-lijn en de II-lijn nog als volgt zien. We behoeven, om het zooveel grootere verschil der lengten van de boonen van de I- en de II-lijn dan van de breedten en de dikten, in formule te brengen, niet aan te nemen, dat er evenveel L-genen als B- en D-genen zijn en dat de lengte-vermeerdering door het L-gen belangrijk grooter is dan door het B-gen en het D-gen, doch kunnen ook aannemen, ten 1e, dat een L-gen een relatief even groote toeneming van de lengte geeft als het B-gen van de breedte en het D-gen van de dikte, dat ten 2e er een even groot aantal L-genen als B- en D-genen is, doch dat ten 3e eenige B- en D-genen, zoowel in de I-lijn als in de II-lijn alleen als  $b b$  en  $d d$ , dus als „afwezig” voorkomen. Bij onze aanneming van 6 L-factoren en 3 B- en 3 D-factoren wordt de formule voor de boonen van de I-lijn dan  $L_1 L_2 L_3 L_4 L_5 L_6 B_1 B_2 B_3 b_4 b_5 b_6 d_1 d_2 d_3 d_4 d_5 d_6$  en die voor de II-lijn  $l_1 l_2 l_3 l_4 l_5 l_6 D_1 D_2 D_3 d_4 d_5 d_6$ . De formule voor  $F_1$ -boonen is dan  $L_1 l_1 L_2 l_2 L_3 l_3 L_4 l_4 L_5 l_5 L_6 l_6 B_1 b_1 B_2 b_2 B_3 b_3 b_4 b_5 b_6 D_1 d_1 D_2 d_2 D_3 d_3 d_4 d_5 d_6$  en in de  $F_2$ -generatie zal er een klasse boonen zijn met  $L_1 L_2 L_3 L_4 L_5 L_6 B_1 B_2 B_3 b_4 b_5 b_6 d_1 d_2 d_3 d_4 d_5 d_6$  (in homozygoten en heterozygoten vorm) in de formule en ook een klasse met  $L_1 L_2 L_3$  (of  $L_4 L_5 L_6$ ),  $B_1 B_2 B_3$  en  $D_1 D_2 D_3$  (in homozygoten en heterozygoten vorm) in de formule. De eenvoudigere schrijfwijze, waarbij we het aantal polymere factoren, dat alle 3 afmetingen hebben, voor de lengte door  $L_1$  voorstellen en het aantal, dat alleen de lengte heeft door  $L_2$  — in de breedte en de dikte zijn overeenkomstige breedte- respect. diktefactoren „afwezig” — is overzichtelijker. Volgens deze vereenvoudigde schrijf-

wijze is de formule voor de boonen van de I-lijn  $L_1 L_1 L_2 L_2 B_1 B_1 b_2 b_2 d_1 d_1 d_2 d_2$  en die voor boonen van de II-lijn  $l_1 l_1 l_2 l_2 b_1 b_1 b_2 b_2 D_1 D_1 d_2 d_2$  en de formule van de  $F_1$ -kruisingsboonen is dan  $L_1 l_1 L_2 l_2 B_1 b_1 b_2 b_2 D_1 d_1 d_2 d_2$ .

In deze formule van 6 factorenparen zijn er 4 in heterozygoten en 2 in homozygoten vorm. In de  $F_2$ -generatie is er dus splitsing van 4 factoren: de splitsing verloopt volgens het tetrahybride schema. (Volgens de hypothese 2 is er splitsing volgens het trihybride schema.) En we treffen er een klasse boonen bij aan, die zeer lang, matig breed en matig dik zijn en een 2e klasse boonen, die matig lang, matig breed en matig dik zijn.

Deze klassen ontstaan bij volledige dominantie van de groote over de kleine afmetingen; van de boonen van de I- en de II-lijn vinden we slechts een onvolledige dominantie. Ook werkt de zeer groote niet-erfelijke variabiliteit storend (blz. 800). Het is de vraag, of het met behulp van statistische methoden mogelijk zal zijn, om de hypothesen 2 en 3, die, volgens deze hypothesen, in  $F_2$  verschillend samengestelde boonenopbrengsten geven, aan ons materiaal te toetsen. Door individueel voortkweken (blz. 800), — en dit is belangrijk —, kan het voorkomen van  $L_1 L_2 B_1 b_2 D_1 d_2$  en van  $L_1 l_2 B_1 b_2 D_1 d_2$  varianten, d.i. van erfelijke variaties met een zeer groote lengte, een matig groote breedte en een matig groote dikte ev. van erfelijke variaties met een matig groote lengte en eveneens een matig groote breedte en matig groote dikte worden vastgesteld, en dus de beslissing over de hypothesen 2 en 3 bereikt worden. Een voordeel van de hypothese 3 is, dat ze algemeen voor de erfelijkheid van de afmetingen van boonen van zuivere lijnen toepassing kan vinden. Het schijnt me toe, dat de erfelijkheid van den hoofdvorm (afmetingen en indices) bij den mensch ook volgens deze hypothese de beste verklaring vinden kan. We kunnen voor de verklaring van de erfelijkheid van afmetingen naast de werking van polymere factoren ook nog nevenwerkingen van andere genen aannemen.

*Samenvatting.* De erkenning van de gebondenheid van de afmetingen bij den groei, door het reguleerende principe, bleek tot grondslag genomen te kunnen worden voor de mendelistische verklaring van de erfelijkheid door polymere factoren van de afmetingen en het gewicht van de boonen van ons onderzoek. We nemen aan, dat er een even groot aantal genen voor het grootteverschil van alle 3 afmetingen is, die ieder eenzelfde grootte-toeneming geven, zoowel dus voor de lengte, de breedte, als de dikte. Steeds werken bij den groei een gen voor de lengte, een voor de breedte en een voor de dikte samen en ze zijn in eenzelfde chromosoom gelegen. Bij de door ons onderzochte zuivere lijnen I en II is voor de lengte in de I-lijn het heele aantal aangenomen factoren in den dominant homozygoten vorm aanwezig, voor de breedte is een kleiner aantal aanwezig, evenals voor de dikte in de II-lijn.

*Samenvatting.* In deze mededeeling wordt de mendelistische verklaring van de erfelijkheid door polymere factoren besproken in haar beteekenis voor ons inzicht in de zelfstandigheid en de gebondenheid van de afmetingen van de zaden van *Phaseolus vulgaris*.

De schrijver bestudeerde de erfelijkheid bij de kruising van boonen van 2 zuivere lijnen. De boonen van de I-lijn zijn lang, breed en dun, die van de II-lijn zijn kort, smal en dik. Het verschil van de lengten van de boonen van de I- en de II-lijn is veel grooter dan dat van de breedten en de dikten; van de dikten is het verschil in omgekeerde richting. De formules zijn dus  $LLBBdd$  en  $llbbDD$  voor de oudervormen en  $L_1 l_1 B_1 b_1 D_1 d_1$  voor de  $F_1$ -boonen.

Er worden achtereenvolgens een 4-tal hypothesen opgesteld (1, 1a, 2 en 3). Schr. aanvaardt hypothese 3. Om het zooveel grootere verschil van de lengten van de boonen van de I- en de II-lijn dan van de breedten en de dikten in de formules uit te drukken, wordt bij hypothese 3 aangenomen, dat er een even groot aantal polymere factoren voor de lengte, de breedte en de dikte zijn, die ieder een even groote toeneming van de lengte, de breedte en de dikte geven. Bovendien wordt aangenomen, dat deze polymere factoren voor de lengtevermeerdering aanwezig zijn in den homozygoten dominanten vorm, dus als  $LL$ , terwijl van de factoren voor de breedte-, resp. de diktevermeerdering er eenige in den homozygoten recessieven vorm aanwezig zijn dus als  $bb$  en  $dd$ .

Als 6 polymere factoren worden aangenomen en als ter vereenvoudiging van de schrijfwijze de 3 factoren van de eerste groep, die alle 3 afmetingen in den homozygoten dominanten vorm hebben als  $L_1 L_1$ ,  $B_1 B_1$  en  $D_1 D_1$  geschreven worden en die van de 2de groep als  $L_2 L_2$ ,  $b_2 b_2$  en  $d_2 d_2$ , dan krijgen we voor de boonen van de I- en van de II-lijn de volgende formules  $L_1 L_1 L_2 L_2 B_1 B_1 b_2 b_2 d_1 d_1 d_2 d_2$  en  $l_1 l_1 l_2 l_2 b_1 b_1 b_2 b_2 D_1 D_1 d_2 d_2$  en voor  $F_1$ -boonen is dan de formule  $L_1 l_1 L_2 l_2 B_1 b_1 b_2 b_2 D_1 d_1 d_2 d_2$ . We zien, dat we in deze formule met 4 heterozygote factorenverbindingen te doen hebben. De kruising verloopt dus volgens het tetrahybride schema.

De beteekenis van deze hypothese is, dat bij de werkzaamheid van de genen, dus bij den groei, steeds een factor voor de lengtetoeneming, een voor die van de breedte en een voor die van de dikte, tegelijk werkzaam zijn. We hebben bij vroegere onderzoekingen van den groei en de variabiliteit gevonden, dat er een zekere mate van zelfstandigheid en van gebondenheid is van de afmetingen. Bij de hypothese 3 is deze gebondenheid en zelfstandigheid ook in de erfelijkheid, die hier de mendelistische erfelijkheid is, verwerkelijk. Het ligt voor de hand om aan te nemen, dat steeds een factor voor de lengte, een voor de breedte en een voor de dikte in hetzelfde chromosoom gelegen zijn. De studie van de splitsing biedt de mogelijkheid, om de hypothese nader te toetsen.

*Summary.* In this communication the mendelian interpretation of heredity by polymere factors is given in its value for our opinion of the measure of independance of the dimensions of the seeds of *Phaseolus vulgaris*.



The author studied the heredity with the crossing of beans of 2 pure lines. The beans of the I-line are long, wide and thin, those of the II-line are short, narrow and thick. The difference of the lengths of the beans of the I- and the II-line is much larger than that of the breadths and the thicknesses; the latter is in inverted direction. The formulas of the parent forms are  $LLBBdd$  and  $llbbDD$  and of the  $F_1$ -beans  $L_1l_1B_1b_1D_1d_1$ .

Four hypotheses are successively drawn up (1, 1a, 2 and 3). The author accepts hypothesis 3. There is here an equal number of polymere factors for the length, the breadth and the thickness and the increase of the length that a factor for the length gives is relatively as great as the increase of the breadth that a factor for the breadth gives and the increase of the thickness by a factor for the thickness.

All polymere factors for the increase of the length are in the homozygous and dominant form ( $LL$ ); some factors for the increase of the breadth are in the homozygous and dominant form ( $BB$ ), other of these factors are in the homozygous recessive form ( $bb$ ); the same is true for the factors for the thickness ( $DD$  and  $dd$ ). The much greater difference of the lengths of the beans of the I- and the II-line than of the breadths and the thicknesses is taken into consideration in this way.

According to hypothesis 3 the formulas for the beans of the I-line and of the II-line are written as  $L_1L_1L_2L_2B_1B_1b_2b_2d_1d_1d_2d_2$  and  $l_1l_1l_2l_2b_1b_1b_2b_2D_1D_1d_2d_2$ , in which  $L_1$ ,  $B_1$  and  $D_1$  represent the polymere factors of the 1st group of factors and  $L_2$ ,  $B_2$  and  $D_2$  those of the 2nd group. The formula of  $F_1$ -beans is  $L_1l_1L_2l_2B_1b_1b_2b_2D_1d_1d_2d_2$ . We see that 4 factors in the heterozygous form occur in this formula. It is a cross of the tetrahybrid scheme.

The sense of this hypothesis is, that a factor for the increase of the length, a factor for the increase of the breadth and a factor for the increase of the thickness are always active at the same time. We found with earlier investigations of the growth and of variation of beans, that the dimensions are dependent of each other in some degree; there is a compensational growth, a principle of regulation. The principle of regulation is also realized in the mendelian heredity, as it is expressed in hypothesis 3. It is obvious to assume that a factor for the length, a factor for the breadth, and a factor for the thickness always lie in the same chromosome.

#### LITERATURE.

- G. P. FRETS. Die Erbllichkeit der Bohnendimensionen und des Bohnengewichts bei *Phaseolus vulgaris*. I. *Genetica* 16, p. 45, 1934. Id. *Genetica* 19, p. 156, 1937. Dimension and Form with the growth of the seeds of *Phaseolus vulgaris* I and II. *Proc. Ned. Akad. v. Wetensch., Amsterdam*. Vol. 41, N<sup>o</sup>. 3 and 4, p. 324 and 431 (1938). — Id. A second group of observations regarding Dimensions and Form etc. Id. Vol. 42, N<sup>o</sup>. 2, p. 224 (1939). — Id. Afmeting en vorm bij den groei van boonen. *Handel. Nat. en Geneesk. Congres, Utrecht 1941*, p. 147. — Id. Over afmetingen en vorm en de waarde van natuurwetenschappelijk onderzoek. *De Gids*, Juli 1946, blz. 22.

*Anatomy. — Variation- and correlationcoefficient.* By A. DE FROE, J. HUIZINGA and J. VAN GOOL. (Communicated by Prof. M. W. WOERDEMAN.)

(Communicated at the meeting of June 28, 1947.)

#### Introduction.

In anthropology it has gradually become customary to study mass-phenomenons with the help of statistical methods.

It is very remarkable that, among anthropologists there are two groups which regarding statistics are taking up very extreme positions.

On the one side a group, which following KARL PEARSON is actually prospering in composing an ever more refined and subtler, statistical apparatus and which thereby uses the anthropological facts merely as paradigmata to its mathematical theories: the biometrical group.

On the other side a group of anthropologists, which opposes the use of statistics or applies some out of date or superficial methods to save appearances and who are actually looking down with contempt upon the mathematical caprices of their colleagues.

This latter group may be found among the investigators in palaeontology and praehistory wherein up to now no mass-phenomenons have occurred. Our point of view now is, that reflecting the essentials of anthropology we find both groups entirely in the wrong.

In the first place anthropology is a biological science, not a mathematical one. Essential are the biological facts, their ordination and interpretation. In statistical-operation of anthropological data the biological outlook should never be disregarded.

On the other hand, the anthropologist is examining large groups of people. He has to ordinate the yielded data and also this ordination actually is a statistical one.

Statistics are to the anthropologist nothing else but the ordination and allowable simplification of the obtained data.

The anthropologist of today should therefore apply statistical methods on his obtained stock of facts.

Our opinion is, that with respect to this problem, the task of the anthropologist is not yet finished.

It is our conviction that the anthropologist ought to test the used statistical methods for tolerance, efficiency and usefulness.

One of the methods that can be applied is to make use of different methods and to compare the results afterwards. Problems will arise such as could not have been anticipated beforehand and which possess a great instructive value to the anthropologist in making him perceive pitfalls constantly that would have remained hidden through superficial application.