



Phylogenie und Taxonomie der Gattung *Cinnamomum*: Was die Studie über die Pflanzen, aus denen Zimt gewonnen wird, verdeutlicht

Dr. A. Colonnese¹, R. Panzironi²

¹ Nutrition Biologist, Latina, Italy

² Independent Researcher, Latina, Italy

1. ABSTRACT

Die Studie von Yang und Kollegen untersuchte die evolutionären Beziehungen zwischen zahlreichen Pflanzen der Lauraceae, der botanischen Familie, zu der die Gattung *Cinnamomum* gehört. Die Ergebnisse zeigen, dass der Name *Cinnamomum* Gruppen umfasste, die nicht alle eng miteinander verwandt sind, und unterstützen eine präzisere Klassifizierung. Die Zusammenfassung der Autoren beschreibt eine Studie zur Phylogenie, also zur Rekonstruktion der evolutionären Beziehungen zwischen Organismen, die am *Cinnamomum*-*Ocotea*-Komplex der Lauraceae durchgeführt wurde. Die Forscher verglichen DNA-Sequenzen aus dem Plastom, dem genetischen Erbe des Chloroplasten, das an der Photosynthese beteiligt ist, sowie zwei genetische Marker: *nrITS* und *psbA-trnH*. Der Vergleich umfasste 38 vollständige Plastome, 324 *nrITS*-Sequenzen und 238 *psbA-trnH*-Sequenzen. Die Analysen identifizierten fünf große evolutionäre Gruppen. Die Arten der Alten Welt, die damals *Cinnamomum* zugeordnet wurden, bildeten keinen einzigen Zweig: Die Sektion *Camphora* erwies sich als nahe verwandt mit *Sassafras*, während die Sektion *Cinnamomum* eine Nähe zur afrikanischen Gattung *Kuloa* aufwies. Die Autoren ergänzten die genetischen Daten zudem durch sichtbare Merkmale der Blätter, Knospen und Blüten. Auf der Grundlage der gesamten Beweislage engten sie *Cinnamomum* im engeren Sinne ein und übertrugen 18 asiatische Arten in die Gattung *Camphora*. Dieses Ergebnis verbessert die botanische Fachsprache, die zur Beschreibung aromatischer Pflanzen nützlich ist. Es ermöglicht jedoch nicht, die in einer Zimtpackung enthaltene Art ohne eine direkte Analyse des Materials mit Sicherheit zu bestimmen.

VIDEO ARTICLE



ARTICLE INFORMATION

Received: October 26, 2026

Revised: October 26, 2026

Accepted: October 26, 2026

Published: October 2026

DOI 10.5281/zenodo.placeholder

KEYWORDS

filogenesi e tassonomia del genere *Cinnamomum*
genere *Cinnamomum*
Lauraceae
specie di *Cinnamomum*
origine botanica della cannella
classificazione botanica della cannella

MISSION

LIFE Science Hub – Journal of Science entstand mit dem Ziel, wissenschaftliches Wissen zugänglich zu machen, ohne auf methodische Strenge, Qualität der Quellen und Verlässlichkeit der Inhalte zu verzichten. Die Zeitschrift fördert die Verbreitung von Wissen in den Gesundheits-, Ernährungs-, Medizin- und Langlebigkeitswissenschaften und schlägt so eine Brücke zwischen der Welt der Forschung und der Gesellschaft.

Durch Artikel, Übersichtsarbeiten, vertiefende Beiträge und Expertenbeiträge stärkt das Journal die evidenzbasierte Medizin und Wissenschaft, fördert eine korrekte Interpretation wissenschaftlicher Daten und tritt Fehlinformationen entgegen. Jeder Inhalt wird mit dem Ziel entwickelt, die Komplexität der Forschung in verständliche, nützliche und anwendbare Informationen zu übersetzen, wobei die Grundsätze von Genauigkeit, Transparenz und wissenschaftlicher Unabhängigkeit unangetastet bleiben.

Frei von politischen, industriellen und kommerziellen Einflüssen versteht sich die Zeitschrift als maßgeblicher und unabhängiger redaktioneller Raum, der der Förderung der wissenschaftlichen Kultur, der beruflichen Weiterbildung und dem Wachstum des Gesundheitsbewusstseins in der Bevölkerung gewidmet ist.



2. WAS DIESE UNTERSUCHUNG ANALYSIERT HAT

Die Untersuchung bewertete, ob die Gattung *Cinnamomum*, die Arten umfasst, die für ihre aromatischen Rinden und Öle bekannt sind, einer einzigen evolutionären Gruppe entspricht. Einfach ausgedrückt haben die Autoren überprüft, ob Pflanzen mit ähnlichen Namen und Merkmalen tatsächlich eine enge gemeinsame Geschichte teilen. Sie verglichen DNA-Sequenzen aus Chloroplasten und Zellkernen mit beobachtbaren Merkmalen wie der Blattanordnung, der Knospenstruktur und mikroskopischen Details der Blattepidermis. Die phylogenetischen Analysen nutzten drei Datensätze: 38 Plastome, 324 nrITS-Sequenzen und 238 psbA-trnH-Sequenzen. Die nrITS-Region ist ein Bereich der nukleären DNA, der nützlich für den Vergleich nahe verwandter Arten ist; psbA-trnH hingegen ist ein Abschnitt der Chloroplasten-DNA. Die Verwendung mehrerer Marker reduziert das Risiko, die Klassifizierung auf ein einziges genetisches Signal zu stützen, beseitigt jedoch nicht die Unsicherheiten, die durch unvollständige Probenahmen oder komplexe evolutionäre Geschichten entstehen.

3. WELCHE ERGEBNISSE GEHEN AUS DER STUDIE HERVOR

Das Hauptergebnis ist, dass die asiatischen und australasiatischen Arten, die damals unter *Cinnamomum* zusammengefasst wurden, nicht als ein einziger evolutionärer Zweig erschienen. Die Sektion *Camphora* stand *Sassafras* näher, während die Sektion *Cinnamomum* näher mit der afrikanischen Gattung *Kuloa* verwandt war. Dies bedeutet, dass der traditionelle Name unterschiedliche evolutionäre Linien umfasste, nicht jedoch, dass die Pflanzen keine gemeinsamen Merkmale aufweisen. Die Analysen auf Basis von nrITS, allein oder in Verbindung mit psbA-trnH, ergaben fünf große Gruppen. Die Daten zu den Blättern lieferten zusätzliche Unterstützung: Die beiden Gruppen unterschieden sich in der Außenwand der Epidermiszellen. Die Autoren erkannten daher *Cinnamomum* in einem engeren Sinne an und übertrugen 18 Arten auf *Camphora*, einschließlich 15 neuer nomenklatorischer Kombinationen. Dies ist ein taxonomischer Vorschlag,

der auf verfügbaren Daten basiert, und kein Maßstab für die Qualität, das Aroma oder die Sicherheit des kommerziellen Zimts.

4. WARUM DIESE STUDIE RELEVANT IST

Eine korrekte botanische Identifizierung ist der Ausgangspunkt, um präzise über die Pflanzen sprechen zu können, aus denen Zimt gewonnen werden kann. Wenn verschiedene Arten mit demselben Gattungs- oder Handelsnamen bezeichnet werden, wird es schwieriger, botanische Beschreibungen, die chemische Zusammensetzung und im Labor untersuchte Materialien miteinander zu vergleichen. Die Studie von Yang und Kollegen trägt daher dazu bei, die Grenzen zwischen den Arten und Gattungen der Lauraceae klarer zu definieren. Der praktische Nutzen liegt vor allem in der Klassifizierung. Die Phylogenie ermöglicht es, sichtbare Ähnlichkeiten mit der Evolutionsgeschichte in Verbindung zu bringen, wodurch vermieden wird, Pflanzen nur deshalb als gleichwertig zu betrachten, weil sie aromatische Blätter oder ähnlich verwendete Rinden besitzen. Eine aktualisierte Klassifizierung identifiziert jedoch nicht automatisch die Art eines Gewürzpulvers: Für dieses Ergebnis sind dokumentarische Informationen oder direkt auf die Probe angewandte Analysemethoden erforderlich.

5. GRENZEN DER STUDIE UND WAS SIE NICHT BEWEIST

Die Studie nutzte die zum Zeitpunkt der Analyse größte verfügbare Stichprobe für die Gruppe, jedoch lagen nicht für alle Arten dieselben genetischen Daten vor. Insbesondere fehlten Plastome von *Kuloa*. Aus diesem Grund können die tieferen Verwandtschaftsverhältnisse, die aus der Chloroplasten-DNA abgeleitet wurden, von den Ergebnissen der Kern-DNA abweichen. Die Autoren weisen selbst darauf hin, dass einige Beziehungen innerhalb der beiden Hauptsektionen ungeklärt bleiben. Die Ergebnisse belegen nicht, dass alle früheren Bezeichnungen nutzlos waren, noch dass eine Art, die zu *Camphora* übertragen wurde, ihre biologischen Eigenschaften verliert. Sie zeigen auch nicht auf, welche Art in einem bestimmten Lebensmittel, Extrakt oder Nahrungsergänzungsmittel enthalten ist. Die Taxonomie beschreibt Verwandtschaftsverhältnisse und wissenschaftliche



Namen; sie legt für sich genommen keine ernährungsphysiologischen Eigenschaften, gesundheitlichen Auswirkungen oder Merkmale des verkauften Produkts fest.

6. UNABHÄNGIGE BESTÄTIGENDE NACHWEISE

Eine anatomische Analyse von 48 Arten hat die Auffassung gestärkt, dass die beiden asiatischen Linien auch über die DNA hinaus unterschieden werden können. Gang und Kollegen beobachteten, dass spezifische Details der Blattepidermis, also der obersten Blattschicht, den beiden phylogenetischen Gruppen folgten [1]. Dies ist eine indirekte, aber konvergente Bestätigung: Das Modell bestand aus Blättern botanischer Arten, nicht aus kommerziellen Produkten. Die Einschränkung besteht darin, dass ein anatomisches Merkmal allein nicht die gesamte Evolutiongeschichte rekonstruieren kann. Yang und Kollegen untersuchten daraufhin zwei Proben von *Cinnamomum quizhouense* mittels Plastom und Morphologie. Beide fielen in die Gruppe *Camphora*, was die Übertragung der Art auf *Camphora quizhouensis* stützt [2]. Dieser Nachweis ist für diese Art direkt, reicht jedoch nicht aus, um alle 2022 vorgeschlagenen Neuklassifizierungen zu verifizieren. Eine Arbeit aus dem Jahr 2025 verglich Plastome und nukleare ribosomale DNA bei 72 Taxa der Lauraceae, von denen 35 *Camphora* und *Cinnamomum* zugeordnet werden konnten. Die nukleare DNA unterschied monophyletische Gruppen, also Zweige mit einem exklusiven gemeinsamen Vorfahren, die mit der Trennung der beiden Gattungen übereinstimmen [3]. Die Unterstützung ist signifikant, doch die Autoren selbst berichten von Unterschieden zwischen den genetischen Signalen.

7. WIDERSPRÜCHLICHE BELEGE

Nicht alle Analysen rekonstruieren die Beziehungen zwischen diesen Gruppen auf dieselbe Weise. Rohde und Kollegen untersuchten neotropische Arten anhand molekularer Daten sowie floraler Merkmale und ordneten eine Gruppe von Pflanzen, die zuvor *Cinnamomum* zugeordnet waren, der Gattung *Aiouea* zu [4]. Die Arbeit bestätigt, dass die alte Abgrenzung von *Cinnamomum* problematisch war, schlägt jedoch eine Anordnung der amerikanischen Gruppe vor, die

sich von der in der Studie von Yang unterscheidet. Der Unterschied betrifft vor allem die Probenahme und die Position der Zweige, nicht die Verwendung der Phylogenie zur Überarbeitung der Namen. In einer früheren Studie an nur einem Plastom von *Cinnamomum camphora* hatten Li und Kollegen *C. camphora* in der Nähe von *Cinnamomum verum* innerhalb derselben Gattung platziert [5]. Dieses Ergebnis steht im Widerspruch zur späteren Abtrennung von *Camphora*, beruht jedoch auf einem wesentlich engeren Vergleich. Es wurden keine direkt widersprüchlichen Belege identifiziert, die über diese Unterschiede in der Topologie und Probenahme hinaus von ausreichender Relevanz wären; dies beweist nicht das Fehlen gegenteiliger Ergebnisse.



8. QUADRO COMPARATIVO E SINTESI DELLE EVIDENZE

Die folgenden Untersuchungen helfen dabei zu bewerten, inwieweit der taxonomische Vorschlag durch unabhängige Daten gestützt oder eingeschränkt wird.

Quadro comparativo

Publikation	Modell und Daten	Hauptergebnis	Bezug zur Studie von Yang
Gang et al., 2021 [1]	48 Arten; Mikroskopie der Blattepidermis	Zwei epidermale Typen entsprechen den Hauptgruppen	Indirekte morphologische Bestätigung
Yang et al., 2023 [2]	Zwei Proben einer Art; Plastom und Morphologie	Die untersuchte Art fällt in die Camphora-Gruppe	Direkte Bestätigung für eine Neuklassifizierung
Xu et al., 2025 [3]	72 Taxa; Plastome und nukleare ribosomale DNA	Nukleare DNA unterscheidet Camphora und Cinnamomum	Bestätigung mit Unterschieden zwischen den Markern
Rohde et al., 2017 [4]	Neotropische Arten; molekulare Daten und Blüten	Übertragung neotropischer Arten zu Aiouea	Teilweise abweichende Topologie
Li et al., 2019 [5]	Ein Plastom von Cinnamomum camphora	Nah verwandt mit Cinnamomum verum in derselben Gattung	Ergebnis durch begrenzte Stichprobengröße eingeschränkt

9. SINTESI EDITORIALE E CONCLUSIONI

REDAKTIONELLES FAZIT

Die Studie von Yang und Kollegen aus dem Jahr 2022 zeigt, dass die Klassifizierung der Pflanzen, die traditionell zur Gattung *Cinnamomum* gezählt werden, eine präzisere Betrachtung erfordert. Durch den Vergleich von 38 vollständigen Plastomen sowie Hunderten von nukleären und chloroplastidären genetischen Markern identifizierten die Autoren getrennte Evolutionslinien und schlugen vor, *Camphora* als eigenständige Gattung für 18 asiatische Arten anzuerkennen. Die wichtigste Erkenntnis ist, dass äußere Ähnlichkeiten, wie aromatische Blätter oder die Rinde, nicht immer ausreichen, um die botanische Verwandtschaft zu definieren. Unabhängige Studien zu den Blättern und der DNA einzelner Arten stützen diese Revision, während andere Analysen zeigen, dass sich die genaue Position einiger Gruppen je nach verwendetem genetischen Marker und der Anzahl der berücksichtigten Arten ändern kann. Die differenzierte Schlussfolgerung lautet, dass die Taxonomie der Gruppe zwar geklärt wurde, aber weiterhin in Bewegung bleibt. Für den im Handel erhältlichen Zimt ersetzt der Gattungsname nicht die direkte Identifizierung der Art.

Aggiornato al 26/10/2026. Questo contenuto riflette una sintesi divulgativa delle evidenze scientifiche al momento della pubblicazione e non sostituisce il parere medico.

10. TRANSPARENZ UND WISSENSCHAFTLICHE VERANTWORTUNG

Künstliche Intelligenz wurde ausschließlich als Hilfsmittel zur redaktionellen und dokumentarischen Unterstützung eingesetzt. Sämtliche Inhalte, Interpretationen, Literaturangaben und Schlussfolgerungen wurden vom Autor geprüft, überarbeitet und freigegeben, der die volle wissenschaftliche Verantwortung dafür übernimmt.

Das Manuskript wurde zudem vor der Veröffentlichung einem unabhängigen Peer-Review-Verfahren unterzogen.

Um größtmögliche Transparenz zu gewährleisten, ist die vollständige Chronologie des Artikels, einschließlich der Daten von Einreichung, Überarbeitung, Annahme und Veröffentlichung sowie der Angaben zum Peer-Review-Verfahren, auf der eigenen Seite zur Artikelhistorie verfügbar.

11. RIFERIMENTI BIBLIOGRAFICI

- [1] Leaf epidermal micromorphology defining the clades in *Cinnamomum* (Lauraceae)
Gang et al., 2021
PhytoKeys
DOI: <https://doi.org/10.3897/phytokeys.182.67289>



- [2] **Plastome Phylogeny and Taxonomy of
Cinnamomum guizhouense (Lauraceae)**

Yang et al., 2023

Forests

DOI: <https://doi.org/10.3390/f14020310>

- [3] **Phylogeny of Camphora and Cinnamomum
(Lauraceae) Based on Plastome and Nuclear
Ribosomal DNA Data**

Xu et al., 2025

International Journal of Molecular Sciences

DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms26031370>

- [4] **Neither Phoebe nor Cinnamomum – the
tetrasporangiate species of Aiouea (Lauraceae)**

Rohde et al., 2017

TAXON

DOI: <https://doi.org/10.12705/665.6>

- [5] **The complete chloroplast genome of
Cinnamomum camphora (L.) Presl., a unique
economic plant to China**

Li et al., 2019

Mitochondrial DNA Part B

DOI: <https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1640083>