

BAUER, K. & SCHREIBER, A. 1996. Primate Phylogeny from a Human Perspective. XII + 176 pp., 24 fig., 32 tab., broschiert, Fr. 132.50. – Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, Jena, New York. ISBN 3-437-30788-5.

In einer Zeit, wo DNA- und Proteinsequenzierung zu täglich angewendeter Routine geworden sind, fragt man sich vielleicht, was denn eine «alte» immunologische Technik bei der Lösung phylogenetischer Probleme noch zu suchen habe. Die vorliegende Monographie enthält eine grössere Studie, in der mittels der immunologischen CDA-Methode (Comparative Determinant Analysis) die wichtigsten menschlichen Plasmaproteine analysiert und mit den homologen Proteinen anderer Primaten (5 Sp. Menschenaffen, 4 Sp. Altwelt-, 2 Neuwelt- und 6 Halbaffen) sowie den nächst verwandten Flughunden (2 Sp.) und Fledermäusen (3 Sp.) verglichen werden. In einer Vergleichsstudie werden auch die Paarhufer untersucht. Die Resultate der vergleichenden Determinanten-Analyse wurden phylogenetisch bezüglich molekularem Verwandtschaftsgrad und zeitlichem Evolutionsverlauf ausgewertet. Sie umfassten mit 69 Proteinen bzw. Genen etwa 0,1% der im menschlichen Genom vorhandenen Strukturgene, die ihrerseits rund 3% der menschlichen DNA ausmachen. Die Methode erlaubte es, die Anzahl der Proteindeterminanten der menschlichen Homologen zu bestimmen und in einer relevanten Probe alle etablierten Mutationen zu zählen, welche die menschlichen Proteine von den Homologen der anderen untersuchten Arten trennen. Damit konnten die Evolutionsraten der meisten untersuchten Proteine ermittelt werden. Zudem wurde gezeigt, dass die CDA-Methode auch im Zeitalter der Sequenzanalysen für phylogenetische Untersuchungen wertvoll ist, besonders was den zeitlichen und apparativen Aufwand betrifft. Welcher phylogenetisch interessierte Forscher würde schon die Geduld aufbringen, 69 Proteine zu sequenzieren? In zweifelhaften Fällen wurde CDA durch Immunoelktrophorese ergänzt. Die direkte Beziehung der CDA zwischen beobachteten Reaktionsmustern, Determinantenstrukturen und phylogenetischen Mutationen erlaubt Schlüsse bezüglich eines molekularen Uhr-Konzepts. CDA hat auch einen raschen Zugang zu den Daten einer statistisch relevanten Anzahl genetischer Loci.

– Die Primatenreihe abnehmender Verwandtschaft ergab die folgende Sequenz: Mensch – Schimpanse – Gorilla – Orang-Utan – Gibbon – Altweltaffen – Neuweltaffen – Lemuren – Loris. Die beiden untersuchten Schimpansenarten *Pan troglodytes* und *Pan paniscus* zeigten keinerlei Unterschiede.

MEY, J., SCHMIDT, R. & ZIBULLA, ST. (Hrsg.) 1995. Streitfall Evolution – Kontroverse Beiträge zum Neodarwinismus. 204 S., 35 Abb., broschiert, Fr. 48.–. – S. Hirzel Verlag, Stuttgart.

Die Sammlung von 10 Aufsätzen mit Argumenten für und gegen die neodarwinistische Evolutionstheorie gibt eine allgemeinverständliche Übersicht, wobei in den Texten vorausgesetzte Fachausdrücke in einem Glossar am Schluss des Bandes erklärt werden. Leider sind Für und Wider nicht ausgewogen; den Evolutionsgegnern wird zuviel Platz eingeräumt. Allgemein wird auch die Populationsgenetik zu wenig und die Chaostheorie überhaupt nicht berücksichtigt. Der Beitrag von R.W. KAPLAN gibt eine Gesamtschau der Neodarwinistischen Theorie, die primär auf Mutation, Rekombination und Selektion als evolutiven Kräften beruht. H.E.A. SCHENK fügt dieser Dreierheit das Konzept der Endozytobiologie bei, die das Prinzip der Endosymbiosebildung als entscheidenden Mechanismus in der Evolution höherer Organisationsstufen der Zellen (Kompartimente wie Mitochondrien und Chloroplasten aus endosymbiontischen Bakterien bzw. Blaualgen) und Organismen betrachtet. W. SCHWEMMLER liefert dazu einen holistischen Ansatz der Evolution vom Urknall über die Bildung von Korpuskeln, Atomen, Molekülen, Entstehung des Lebens und der ersten Zellen bis zur komplexen Euzyte durch Endosymbiose. Diese drei Aufsätze geben eine so gute Übersicht über die heutigen Lehrmeinungen zur Evolutionstheorie, dass sich die Anschaffung des Werks für interessierte Nichtspezialisten schon dafür lohnt. Die Ausführungen werden ergänzt durch die kritischen Aufsätze von V. MOOSBRUGGER über Koevolution (Blütenpflanzen/Insekten) und J. MEY über Soziobiologie (Verhalten), die beide nicht problemlos darwinistisch erklärt werden können, sowie P. BOHLEY (Entstehung des Lebens), der meint, dass einige der Hypothesen kaum je überprüfbar sein werden. Mit z.T. bemerkenswerten Argumenten gegen den Neodarwinismus stellen sich entschieden B. VOLLMERT (Problem der Ursuppe), S. SCHERRER (Höherentwicklung von Bakterien) und W. E. LÖNNIG (Pflanzen und rekurrente Variation) sowie der Theologe U. BAUMANN. Dazu ist zu sagen: Der Neodarwinismus ist, wie jede Theorie, laufend zu revidieren, wird aber durch das blosses Aufzeigen von Unerklärtem nicht widerlegt. Die Theorie abzulehnen, weil sie den Zufall einbezieht, ist ebenso abwegig, wie die Quantentheorie deswegen für falsch zu halten. Auch vergessen die Gegner, dass in jedem Genom evolutionäre Gene dazu beitragen, dass das Wechselspiel von Mutation und Selektion nicht eine Folge reiner Zufälle ist.