



**Die Reise unserer Gene**  
**Eine Geschichte über uns und unsere Vorfahren**  
 Johannes Krause mit  
 Thomas Trappe

288 S., Propyläen, 3. Aufl., 2019.  
 HC mit SU, 22,00 €.

ISBN: 9783549100028

Auch als E-Book erhältlich

DOI: 10.1007/s12268-020-1384-4  
 © Springer-Verlag GmbH 2020

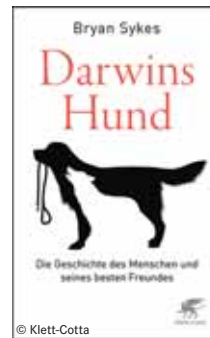
■ *Die Reise unserer Gene* beschreibt die wichtigsten Wanderungsbewegungen von Menschen in den letzten 600.000 Jahren anhand von DNA-Analysen. Der Erstautor, Johannes Krause, war an vielen dieser Arbeiten selbst beteiligt, zuerst als Postdoc im Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig und jetzt als Direktor am Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte in Jena. Deswegen schafft er es auch, die technischen Schwierigkeiten der DNA-Analyse aus fossilen Fundstücken sehr anschaulich zu beschreiben und aus den Unterschieden der DNA-Sequenzen in den verschiedenen Fundstücken die variierenden Wanderungsbewegungen der Menschen vor allem in Europa darzustellen – von den Neandertalern und den Denisova-Menschen, später von den Jägern und Sammlern, den Ackerbauern und Viehzüchtern und dem Einbruch der Reitervölker aus der Pontischen Steppe.

Interessante Aspekte sind dabei auch Fragen, wie die verschiedenen Populationen in der jeweiligen Zeit miteinander umgegangen sind: Gab es kriegerische Ausein-

andersetzungen sowie Verletzungen, und welcher Population gehörten die Opfer an? Oder kam es zu Vermischungen der Populationen, und wie war dann später der Anteil der mitochondrialen DNA, die durch Frauen übertragen wird, und des Y-Chromosoms, das durch Männer weitergegeben wird? Eine Vielzahl von spannenden Fragen, die Johannes Krause eingängig beantwortet.

Zur besseren Illustration der Wanderungsbewegungen beginnt jedes Kapitel mit einer Karte; außerdem gibt es am Ende des Buches ein Literaturverzeichnis. Zusätzlich gibt der Autor auch Hinweise auf Krankheitserreger (z. B. die Pest), deren DNA an den Skeletten noch nachgewiesen werden kann. Zusammen mit Hinweisen auf kulturelle Entwicklungen wie Schrift und Sprache ergibt das insgesamt ein tolles Buch. Wenn da nicht eine andere Sache wäre: Der Autor versucht, Wissenschaft und die aktuelle Debatte über Migration zusammenzubringen. Der „erhobene Zeigefinger“ des Max-Planck-Direktors an einigen Stellen des Buches wirkt auf mich nicht nur überflüssig, sondern störend. Jeder Leser kann das auf seinem eigenen Hintergrund sicherlich selbst bewerten. Und ein Zweites hat mich beim Lesen etwas irritiert: das Hervorheben der eigenen Leistungen bei der Analyse einzelner Aspekte. Ich hätte mir bei der Darstellung etwas mehr Abstraktion gewünscht. Dennoch: Ich habe das Buch mit Gewinn gelesen und bin auf neue Entwicklungen auf dem Gebiet der Paläo- und Archäogenetik gespannt!

Jochen Graw,  
 Unterschleißheim,  
 jochen.graw@tum.de



**Darwins Hund**  
**Die Geschichte des Menschen und seines besten Freundes**  
 Bryan Sykes

319 S., Klett-Cotta, 2. Aufl., 2020.

HC + SU, 22,00 €.

ISBN: 978608964486

Auch als E-Book erhältlich

DOI: 10.1007/s12268-020-1385-3  
 © Springer-Verlag GmbH 2020

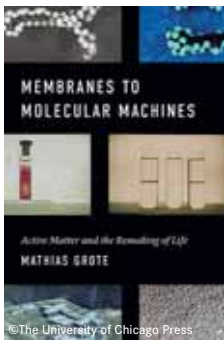
■ *Darwins Hund* erinnert von seinem Titel her natürlich an „Schrödingers Katze“ – ich vermute, das ist in der deutschen Übersetzung so beabsichtigt, denn der englische Originaltitel *The Wolf Within* gibt die zentrale These des Autors Bryan Sykes wesentlich besser wieder, dass nämlich der Hund vom Wolf abstamme.

Der Autor – ein emeritierter englischer Humangenetiker – versteht es dabei hervorragend, in einer leichten und sehr verständlichen Sprache komplexe Zusammenhänge der Evolutionsgenetik darzustellen. Wie nebenbei wird darauf hingewiesen, dass das Genom des Hundes bereits 2005 entschlüsselt wurde. Darauf aufbauend erläutert der Autor sehr anschaulich, dass sich alle Hunderassen auf den Wolf zurückführen lassen. Den Ursprung sieht er dabei in einer Jagdgemeinschaft von Wölfen und Menschen vor 20.000–30.000 Jahren. Aus dem Vergleich mitochondrialer DNA-Sequenzen von verschiedenen Hunderassen aus der ganzen Welt leitet der Autor ab, dass die Domestizierung des Wolfes nur einmal erfolgte, und zwar in Ostasien.

Unter genetischen Gesichtspunkten ist es dann sehr spannend zu sehen, welche Probleme sich bei der (In)Zucht der einzelnen Hunderassen ergeben: Rezessive Mutationen führen zu verschiedenen Krankheiten, die auch typisch für die jeweiligen Rassen sind. Beispielsweise leiden Dalmatiner unter einem zu hohen Harnsäurespiegel, dessen Ursache eine Punktmutation im *SLC2A9*-Gen ist. Dieses Gen liegt in der Nähe eines anderen Gens, das für die charakteristischen Fellflecken der Dalmatiner verantwortlich ist – und wegen dieser Kopplung tragen die Dalmatiner die *SLC2A9*-Mutation. Aber auch Bulldoggen und Russische Schwarze Terrier tragen diese Mutation. Der erhöhte Harnsäurespiegel führt bei Hunden, wie auch beim Menschen, zu Gicht. Dieser Bezug zur Humangenetik, den der Autor an solchen Stellen sofort herstellt, gehört für mich zu den spannendsten Abschnitten in diesem Buch. Weniger interessant fand ich dagegen die zusammengefassten Interviews mit verschiedenen Hundebesitzern und ihren Beziehungen zu ihren Hunden – aber das ist natürlich Geschmackssache.

Insgesamt ist *Darwins Hund* ein interessantes und leicht lesbares Buch zur Evolution des Hundes, seiner Aufspaltung in die verschiedenen Rassen und die genetischen Hintergründe für die jeweiligen Merkmale – lesenswert!

Jochen Graw,  
 Unterschleißheim,  
 jochen.graw@tum.de



**Membranes to Molecular Machines**  
**Active Matter and the Remaking of Life**  
**Mathias Grote**

286 S., The University of Chicago Press, 2019. HC, 42,33 €.

ISBN: 9780226625157  
 Auch als PDF erhältlich

DOI: 10.1007/s12268-020-1386-2  
 © Der Autor 2020

■ Es ist nicht nur zeitlich ein langer Weg von Friedrich Köhlers Harnstoffsynthese – die die Vitalismus-Theorie trotzdem nicht beendete – bis zu dem neuen (alten) Forschungsgebiet der Synthetischen Biologie. Noch in den 70er-Jahren des letzten Jahrhunderts waren teleologische Ideen weiterhin präsent, wie beispielsweise in Jaques Monods *Zufall und Notwendigkeit* diskutiert.

Mathias Grote hat nun in seinem bemerkenswerten Buch über Membranen und molekulare Maschinen überzeugend dargelegt, dass biologische Prozesse allein aus den Eigenschaften ihrer Komponenten und Strukturen erklärt werden können. Als Fallbeispiel beschreibt er detailliert die Entdeckung und Bedeutung des Membranproteins Bakteriorhodopsin nicht nur anhand der Literatur, sondern auch nach persönlichen Interviews mit wichtigen Protagonisten dieses so wichtigen Forschungsgebietes. Dieses relativ einfache Membranprotein bietet entscheidende Vorteile, die die Forschung und Methodenentwicklung nicht nur auf dem speziellen Gebiet dieser Licht-getriebenen Protonenpumpe vorantrieben, sondern auch

andere Forschungsgebiete entscheidend beeinflussten. So wurden z. B. Infrarot- und Kernspinresonanz(NMR)-Spektroskopie in der Analyse von Bakteriorhodopsin eingesetzt und weiterentwickelt. Entscheidend sind auch die elektronenmikroskopischen Untersuchungen um N. Unwin und R. Henderson, die ein neues Verständnis von Membranen und Membranproteinen ermöglichten.

Auch weitere beschriebene Durchbrüche machen das Buch von Mathias Grote so lesenswert und unterhaltsam. Die ersten Beobachtungen von D. Oesterhelt über die Purpormembran sind ein sehr schönes Beispiel dafür, dass „Beware of the Unaware“ zu neuen Erkenntnissen führt, die über das Erwartete hinausgehen. Die Arbeit von E. Racker und W. Stoeckenius über die Licht-getriebene Synthese von ATP in Vesikeln, die Bakteriorhodopsin und ATP-Synthase enthalten, war nicht nur für die chemiosmotische Theorie von P. D. Mitchell entscheidend. Diese Experimente waren auch ein sehr frühes Beispiel für das Gebiet der Synthetischen Biologie.

Mathias Grote hat in seinem Buch von den Anfängen der Membranbiologie bis zur Entwicklung von Biochips einen großen inhaltlichen und philosophischen Bogen gespannt. Es ist nicht nur für Studierende und angehende Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler geeignet, sondern bietet auch für Lehrende eine exemplarische Quelle von Informationen über die Anfänge eines kleinen Forschungsgebietes, das später zu neuen unvorhergesehenen methodischen und konzeptionellen Entwicklungen geführt hat. ■

Martin Engelhard,  
 Max-Planck-Institut für molekulare Physiologie, Dortmund,  
 martin.engelhard@mpi-dortmund.mpg.de

\* Funding Open Access funding provided by Project DEAL.



**Chlamydia Biology**  
**From Genome to Disease**  
**Ming Tan, Johannes H. Hegemann und Christine Sütterlin (Hrsg.)**

482 S., Caister Academic Press, 2020. SC, £ 199,00.

ISBN: 9781912530281  
 Auch als E-Book erhältlich

DOI: 10.1007/s12268-020-1405-3  
 © Die Autorin 2020

■ Chlamydien sind perfekte Parasiten. Sie machen es sich in ihrer intrazellulären Nische in Epithelzellen verschiedener Schleimhäute bequem, unbehelligt vom Immun-Radar ihrer Wirte. Nur ab und zu stören (unzureichend verstandene) Prozesse den trügerischen Frieden. Es kommt zu Entzündungsreaktionen mit entsprechenden Krankheitsbildern. Infektionen mit *Chlamydia trachomatis* zählen heute zu den weltweit am weitesten verbreiteten Geschlechtskrankheiten und sind ein häufiger Grund für weibliche Unfruchtbarkeit. Dementsprechend groß ist das Interesse der klinischen und Grundlagenforschung an diesen kleinen Erregern.

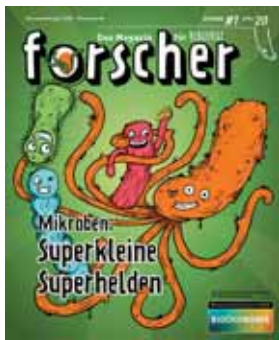
Schon acht Jahre nach Erscheinen des letzten großen Reviewbandes (*Chlamydiales*, ASM Press) fanden die drei Herausgeber genug Neues und Berichtenswertes, um einen aktuellen Band im britischen Verlag Caister Academic Press vorzulegen. Wieder reicht das sorgfältig ausgewählte Spektrum der Themen von der Klinik der chlamydialen Human-, aber auch Tierinfektionen über die Mechanismen der intrazellulären

Etablierung der Chlamydien und der Immunabwehr der Wirtszellen bis hin zu praktisch orientierten Kapiteln über Tiermodelle und Impfstoffentwicklung. Die rasanteste Entwicklung mit Auswirkungen auf die gesamte Chlamydienforschung gab es in den letzten Jahren auf den Gebieten *Genetics* (Etablierung von Transformationsmethoden) und *Genomics* (NGS und Sequenzanalyse), die jeweils mit einem Kapitel vertreten sind. Für begrüßenswert halte ich die Behandlung neuer, interessanter Themen wie chlamydiale Zellteilung sowie Chlamydien und Mikrobiota, für entbehrlich das Kapitel über den umstrittenen Virulenzfaktor CPAF.

Das neue Konzept der Herausgeber, jedes Kapitel von Autorentams aus unterschiedlichen Forschungseinrichtungen mit individuellen Sichtweisen bearbeiten zu lassen, ist sehr gut aufgegangen. So geben die meisten Kapitel einen vielseitigen, gut und aktuell recherchierten, aber auch in sich kohärenten Einblick in ein Themengebiet, der zum Weiterlesen in der Originalliteratur anregt und befähigt. Das Buch als Ganzes sei Forschungsstudierenden und Doktorand/inn/en als Einstiegshilfe in die Welt der Chlamydiologie und Wissenschaftler/inne/n als aktuelle Orientierungshilfe empfohlen. ■

Christiane Schnee,  
 Friedrich-Loeffler-Institut Jena,  
 Christiane.Schnee@fli.de

\* Funding Open Access funding provided by Project DEAL.



## forscher

### Das Magazin für Neugierige

Herausgeber: Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), Projektteam Wissenschaftsjahr 2020 – Bioökonomie, Berlin IDEE Redaktionelle Konzeption und Umsetzung: Magdalena Hamm, Susan Schädlich, Wissen für Kinder: mit Unterstützung von Anja Garms und Michael Stang  
Kostenlos

DOI: 10.1007/s12268-020-1407-1  
© Springer-Verlag GmbH 2020

■ „Großartige Winzlinge“, so betitelt das Magazin *forscher* seine aktuelle Ausgabe für Acht- bis Zwölfjährige. Anschaulich erklären die Autorinnen und Autoren, dass Mikroben wichtig sind: „Allein in und auf deinem Körper leben Billionen von Bakterien. Kein Grund, dich zu schütteln – die Winzlinge tun dir nichts, die allermeisten Mikroben sind für uns Menschen überaus nützlich.“ Im Mittelpunkt stehen neben den bekannten Nahrungsmittel-, Waschmittelenzym- und Antibiotika-produzenten auch unbekanntere Mikroorganismen sowie ihre vielfältigen Aufgaben im menschlichen Körper: „Eigentlich sind wir mehr Mikrobe als Mensch“.

Die jungen Leserinnen und Leser sind zu Besuch im Amsterdamer „Mikrobenzoo“ und beobachten einen Schleimpilz. Der Kasten „Lecker, Mikroben!“ beschreibt die Arbeit von Hefepilzen und Milchsäurebakterien. Auch ein Abstecher zu einem Labor, das Plastik-fressende Bakterien züchtet, ist dabei. Die Rubrik „Superkleine Superhelden“ versammelt die von der VAAM gekürten „Mikroben des Jahres“ *Halobacterium* und *Magnetospirillum* sowie den Energie-produzierenden *Geobacter* und die Antibiotika-herstellenden

Streptomyceten. Spannend ist zudem die Blaualge *Spirulina*, der beispielsweise Weingummschlümpfe ihre blaue (Lebensmittel-)Farbe verdanken.

Weitere spannende Beiträge bereichern das sehr gelungene, vom Bundesministerium für Bildung und Forschung herausgegebene Heft, etwa zur Forschung an Bodenlebewesen und über eine Welpenmumie, die ein ausgestorbenes Exemplar zwischen Hund und Wolf verkörpert. Zum Selbermachen gibt es eine Anweisung zur Herstellung von Bioplastik. Verschiedene bunte Meldungen, Rätsel und natürlich eine aktuelle Seite zu Corona ergänzen den Mikroben-Schwerpunkt im „Magazin für Neugierige“.

Der Aufforderung, mehr mikrobielle Bildung in die Gesellschaft zu bringen (s. VAAM-Seiten „Literacy-Hinweis“/„Mikrobielle Bildung“) kommt diese Zeitschriftenausgabe in vorbildlicher Weise nach. Wie bei der „Sendung mit der Maus“ lernen hier Eltern, Lehrer/innen und sogar Mikrobiolog/inn/en noch Neues.

Das Heft kann hier bestellt oder heruntergeladen werden:

<http://www.forscher-online.de/magazine/>.

Anja Störiko,  
Hofheim am Taunus,  
[anja@stoeriko.de](mailto:anja@stoeriko.de)

\* Open Access: Dieser Artikel wird unter der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz veröffentlicht, welche die Nutzung, Vervielfältigung, Bearbeitung, Verbreitung und Wiedergabe in jeglichem Medium und Format erlaubt, sofern Sie den/die ursprünglichen Autor(en) und die Quelle ordnungsgemäß nennen, einen Link zur Creative Commons Lizenz beifügen und angeben, ob Änderungen vorgenommen wurden. Die in diesem Artikel enthaltenen Bilder und sonstiges Drittmaterial unterliegen ebenfalls der genannten Creative Commons Lizenz, sofern sich aus der Abbildungslegende nichts anderes ergibt. Sofern das betreffende Material nicht unter der genannten Creative Commons Lizenz steht und die betreffende Handlung nicht nach gesetzlichen Vorschriften erlaubt ist, ist für die oben aufgeführten Weiterverwendungen des Materials die Einwilligung des jeweiligen Rechteinhabers einzuholen. Weitere Details zur Lizenz entnehmen Sie bitte der Lizenzinformation auf <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de>.



## International PhD Program in Biomedicine

The University of Tübingen, Germany, has an open call for fully funded PhD student positions. We are looking for highly motivated graduates holding a Master's degree to join our recently funded DFG Research Training Group

### cGMP: From Bedside to Bench (GRK 2381)

aiming to gain critical new insights into cGMP's role in cancer, cardiovascular diseases, and neurological disorders.

We offer an exceptional research and educational environment:

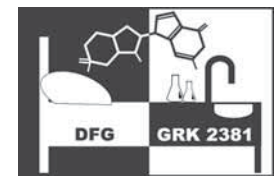
- **Multidisciplinary projects** covering biochemistry, biophysics, cell signaling, neurobiology, pharmacology, physiology
- **State-of-the-art technologies** including transgenic mouse models and advanced bio-imaging
- **Structured qualification program** with workshops, summer schools, soft skill courses, conferences, optional internships in the pharmaceutical industry
- **Strong international networking** including internships in Boston (e.g. at Harvard Medical School)

### How to Apply:

<https://uni-tuebingen.de/en/141767>



**Application Deadline:**  
July 15,  
2020<sup>1</sup>



<sup>1</sup> Disabled candidates will be given preference over other equally qualified applicants. The University seeks to raise the number of women in research and teaching and urges qualified women to apply.



Rudolf-Virchow-Zentrum der Universität Würzburg

## Doktorandenstelle (m/w/d)

Neue Methoden in der Strukturbioogie

*Wie können wir alle Kristallstrukturen von biologischen Makromolekülen verbessern? Können wir so mehr biologische Erkenntnisse gewinnen? Wieso können wir einige Strukturen gar nicht lösen?*  
Falls Sie in Ihrer Doktorarbeit zu diesen Fragen forschen wollen, bewerben Sie sich bei uns!

### Wir bieten:

- 36 Monate Voll- oder Teilzeit (TV-L)
- Spannendes, interdisziplinäres Projekt
- Aktuelle Methoden, wie Machine Learning
- International vernetztes Team
- Graduiertenschule mit Reisestipendien u.v.m.

### Ihr Profil:

- M.Sc. oder vergleichbarer Abschluss
- Erfahrung in statistischer Datenauswertung
- Mindestens eine Programmiersprache
- Grundkenntnisse in Biochemie oder Strukturbioogie

Haben wir Ihr Interesse geweckt? Mehr Infos auf:

[www.thorn-lab.de](http://www.thorn-lab.de)

(Zu unserer Arbeit finden Sie auch den Artikel „Coronavirus Structural Task Force“ in dieser Ausgabe)