

been eradicated because Danish pig farmers are strong opponents of allowing wild populations” (p. 353).

The atlas section is followed by articles on late glacial and post-glacial mammals in Denmark, on management aspects and on the general distribution, as well as on mammals inhabiting islands. For those users of this book who do not speak the Danish language, a highly useful section can be found after the main text: English summaries of all chapters and descriptions of species

help the reader to appreciate this beautifully printed and produced book. More than 21 pages of references and an index of mammalian species (more than seven pages) make the information supplied in this fine book readily accessible.

Peter Langer
Giessen, Germany

peter.langer@anatomie.med.uni-giessen.de

doi:10.1016/j.mambio.2008.02.004

Knoop, V.; Müller, K.: Gene und Stammbäume. Ein Handbuch zur molekularen Phylogenetik, Elsevier/Spektrum Akademischer Verlag, München (2006). X + 310pp., zahlreiche Tabellen und Schwarzweißabbildungen, €29.50, kartoniert, ISBN-10:3827416426

Die biologische Systematik hat durch den Einzug molekulargenetischer Methoden in den letzten Jahren eine ungeahnte Renaissance erfahren, und auch, wenn manch einer – nicht ganz zu Unrecht – kritisiert, daß die klassischen Methoden der Morphologie des öfteren zu wenig berücksichtigt würden, so sind die Leistungen der molekularen Phylogenetik doch unbestritten. Gerade in der Säugetierkunde hat sie faszinierende Perspektiven eröffnet, liegt doch jetzt erstmals eine fundierte Systematisierung der höheren Taxa der Mammalia („Ordnungen“) vor und scheint doch das Rätsel um die phylogenetische Stellung der Wale nun zugunsten der Flußpferde als rezente Schwestergruppe gelöst. Grundkenntnisse zu den Methoden, Möglichkeiten und Grenzen der molekularen Phylogenetik sind mittlerweile für jeden an Säugetiersystematik Interessierten unentbehrlich. Der Klappentext dieses Buches behauptet, eine Lücke in der vorhandenen Literatur zur molekularen Systematik und Phylogenetik zu schließen und gleichzeitig dem Laien wie dem Fortgeschrittenen mit Einstieg in die Materie bzw. deren Vertiefung zu dienen – und nichts weniger leisten die beiden Bonner Autoren auf den folgenden ca. 300 Seiten in zehn Kapiteln, die

zunächst eine kurze Übersicht über Genetik, Evolution und Systematik geben und sodann *in medias res* gehen. Der Leser erfährt alles Wissenswerte über Datenbanken und Software, über die unterschiedlichen baumgebenden Verfahren (Parsimonie, Distanzverfahren, Maximum Likelihood und Bayesianische Ansätze) sowie über Vorzüge und Schwachpunkte der einzelnen Methoden. Jedes Kapitel schließt mit Empfehlungen zur weiteren Lektüre. Das Buch ist in einem angenehm zu lesenden Stil verfaßt und sehr intelligent, d. h. den Text sinnvoll bereichernd und erklärend, illustriert. In bester angloamerikanischer Lehrbuchtradition ist das Buch eines, das nicht über die alltägliche Praxis hinweg theoretisiert, sondern eines, das man mit seinen Daten in der Hand benutzen kann. Es liefert stets theoretische Hintergründe, um dann sogleich praktische Hinweise zu geben. Die gängigsten Phylogenie-Programme sind z. T. Analyseschritt für Analyseschritt erläutert und mit Screenshots unterlegt, wodurch in der Tat ein Handbuch entsteht. „Gene und Stammbäume“ kann jedem Anfänger wärmstens empfohlen werden, und auch der etwas versiertere Nutzer wird hier schnell Antwort auf viele seiner Fragen erhalten. Die lediglich knapp 30 Euro sind in jedem Fall gut investiertes Geld.

Frank E. Zachos
Kiel, Germany
fzachos@zoologie.uni-kiel.de

doi:10.1016/j.mambio.2007.11.003