

Correlation Tables for the Structural Determination of Organic Compounds. Von *M. Pestemer*. Verlag Chemie, GmbH, Weinheim 1975. 1. Aufl., VI, 157 S., geb. DM 98.—.

Das Buch besteht aus zwei Seiten Text (englisch und deutsch), der Rest sind Tabellen. Im Text wird die Unsatigungs- oder Ringzahl *R* eingeführt, nach der die Verbindungen geordnet sind. Die Tabellen enthalten Summen- und Strukturformel der jeweiligen Verbindung sowie die Wellenzahl, $\log \epsilon$ und die Wellenlänge der gemessenen Absorptionsbanden. Es sind etwa 2300 organische Verbindungen aufgeführt (Heteroatome: N, O, S, P und Halogene).

Dieses Tabellenwerk hat den Vorteil, daß es überschaubar und übersichtlich gegliedert ist. Für Organiker wäre es sicher leichter zu handhaben gewesen, wenn *R* einfacher definiert worden wäre (z. B. bei ungeladenen Systemen: $R = \text{Anzahl der Doppelbindungen} + \text{Ringe}$).

Wie bei allen kurzen Tabellenwerken ist die Auswahl der Verbindungen willkürlich. Man findet z. B. keine Angaben über Phenylazid, Benzotropone oder Chlornaphthaline. Einige Alkylazide (S. 24 und 41) werden falsch als Triazinine formuliert.

Ein niedrigerer Preis wäre wünschenswert.

Rolf Gleiter [NB 295]

Comprehensive Biochemistry. Vol. 29 B: Comparative Biochemistry. Molecular Evolution, Teil 2. Herausgegeben von *M. Florkin* und *E. H. Stotz*. Elsevier Scientific Publication Comp., Amsterdam 1975. 1. Aufl., XII, 284 S., zahlr. Abb. u. Tab., geb. \$ 34.60.

Die Entwicklungsgeschichte der Lebensformen hat durch den Übergang von der beschreibenden zur messenden Biologie eine neue Dimension gewonnen. Die Verfeinerung der Methoden hat es weiterhin ermöglicht, auch die molekularen Strukturen in den entwicklungsgeschichtlichen Vergleich einzubeziehen. Mikroorganismen sind ohne Zweifel die ältesten Erdbewohner; sie haben bis heute mindestens 10^{12} Generationen hinter sich, also eine sehr große Zahl von Mutationsmöglichkeiten ausprobieren können, um den auf der Erde gebotenen Lebensraum optimal zu nutzen. Im Gegensatz zu Algen, Protozoen und Pilzen haben sie dabei nicht so sehr morphologische Variationen als selektive Stoffwechselfähigkeiten und biochemische Mechanismen entwickelt.

Der erste Abschnitt dieses Bandes gibt einen Überblick über die aus der vergleichenden Biochemie der Bakterien für die molekulare Evolution zu ziehenden Schlüsse. *J. deLey* und *K. Kesters* beschreiben auf etwa 70 Seiten und unter Zitierung von nahezu 250 Literaturstellen in übersichtlicher Weise die Vorstellungen über die Evolution von freilebenden zu hochgradig parasitären Formen, die Herkunft der Mitochondrien und Chloroplasten und die Beziehung zwischen Desoxyribonucleinsäuren der verschiedenen Spezies, wie sie vergleichend-analytische Daten erschließen lassen. Die Entwicklung kata- und anaboler Fähigkeiten, eines wohl-adaptierten Energiehaushalts und von Kontrollmechanismen, um diese Abläufe zu koordinieren, sind weiterhin zur Zeit gut überschaubare Beispiele der metabolischen Evolution, zu denen noch Vergleiche der bakteriellen Cytochrome, der Eisen-Schwefel-Proteine und der Gram-Charakteristika auf molekularem Niveau hinzukommen.

M. Florkin stellt, unter Nutzung der in Band 29 A gelegten systematischen Koordinaten samt deren komplizierter Nomenklatur, die Entwicklung der Biochemie der Tiere in einem umfangreichen, auf über 400 Zitate gestützten Essay dar. Hierbei werden zunächst die Wechselbeziehungen zwischen Milieu und biochemischem Individuum diskutiert, sodann phylogenetische Stammbäume aus Aminosäure-Sequenzen entwickelt

und schließlich die physiologisch-chemische Entwicklung bei Tieren an Beispielen erörtert, die sich zum Teil auch mit den historischen Ausführungen des Autors in Band 30 decken. Nach Festlegung funktionsgerecht normierter Aminosäure-Bausteine wird der Proteinsynthese-Mechanismus für den Aufbau von Strukturproteinen, Enzymen, Hormonen, Trägerproteinen und Immunglobulinen adaptiert, sodann werden die Enzyme wiederum für die einzelnen Zyklen optimiert und diese ihrerseits für die gegebenen Umwelten diversifiziert. Solche schwungvollen Verallgemeinerungen sind nie ohne schwerwiegende Ausnahmen möglich, die den kritischen Betrachter zu spezifischem Nachdenken und, womöglich, zum Forschen und damit eventuell zu neuen Erkenntnissen anregen mögen.

Das letzte Kapitel, ebenfalls von *M. Florkin*, befaßt sich auf knapp 20 Seiten (75 Zitate) in einer vorwiegend historisierenden Beschau mit den Ideen und Versuchen auf dem Gebiet der präbiontischen Entwicklung, wobei den heute attraktiven physikochemischen Modellen gebührender Raum gegeben ist.

Dieser Band, mit dem sich das Werk^[*] seinem Ende wieder um einen Schritt genähert hat – allerdings unter Aufbietung der Arbeitskraft eines einzelnen – ist nicht nur „comprehensive“, sondern durchaus fast überall auch „comprehensible“ und ist sowohl interessante Lektüre als auch breite und nicht nur aufzählende Sichtung des heutigen Wissens über die molekulare Evolution, ohne sich in zu enge Spezialisierung zu verrennen. Der Band ist in gewohnter Weise und seinem Preis entsprechend ausgestattet.

L. Jaenicke [NB 292]

Chemical Applications of Pattern Recognition. Von *P. C. Jurs* und *T. L. Isenhour*. John Wiley & Sons, New York–London 1975. 1. Aufl., VII, 184 S., zahlr. Tab., geb. £ 8.25.

Der Leser von analytischen Zeitschriften wird feststellen, daß in zunehmendem Maße Publikationen erscheinen, in denen aus der Informatik stammende Arbeitstechniken angewendet werden. Eine dieser Methoden ist *pattern recognition*, eine Bezeichnung, die man allerdings nicht so ganz zutreffend mit *Muster-Erkennung* übersetzen kann. Verwendet wird das Verfahren in der Chemie im allgemeinen, wenn es um die Identifizierung von Substanzen in einer Dokumentation von Substanz-Eigenschaften (meistens spektroskopische Daten) geht.

Jurs und *Isenhour* geben in ihrem Buch einen Überblick über die Grundlagen des *pattern recognition* und das, was man damit in der Chemie machen kann. Als „chemische Kriterien“ verwenden sie u. a. Massenspektren, IR-Spektren sowie elektrochemische Informationen, zum Teil auch Kombinationen von z. B. Massenspektren, IR-Spektren, Siedepunkten und Schmelzpunkten. An recht umfangreichem Substanz-Material zeigen sie weiter, zu welchen Ergebnissen man dabei kommt. Jedes Kapitel endet mit einer Literatur-Übersicht.

Für den Chemiker wäre ein Buch über *pattern recognition*, geschrieben in einer ihm verständlichen Form und adjustiert an seinen gedanklichen Vorstellungen, unzweifelhaft eine nützliche Sache, denn zumindest der Analytiker wird in absehbarer Zeit gezwungen sein, sich mit den Grundlagen dieses Verfahrens und seinen Anwendungsmöglichkeiten vertraut zu machen. Die Autoren haben jedoch sehr weitgehend die Diktion der Informatik beibehalten, so daß das Buch zumindest für den im deutschsprachigen Raum ausgebildeten Chemiker nur sehr schwer lesbar ist. Aber auch eine andere Problematik zeigt sich wieder einmal: Für den Chemiker längst Triviales wird in einer von der Informatik geprägten Darstellung für ihn wieder unverständlich!

Egon Fahr [NB 299]

[*] Vgl. Angew. Chem. 87, 750 (1975).