

Für Sie gelesen



Molekulare Biotechnologie. Konzepte und Methoden

Wiley-VCH, Weinheim; 2004
834 S., 110.– Fr.
ISBN: 3-527-30992-6
Michael Wink (Hrsg.)

Das vorliegende Lehrbuch enthält 38 Kapitel, die von der Zellbiologie über ein «Kleines Einmaleins der Firmengründung» bis zum Marketing alles umfassen, was im Umfeld der Biologie in den letzten Jahren «trendy» erschien. Es handelt sich um ein mit der heissen Nadel genähtes Sammelsurium von Beiträgen äusserst unterschiedlicher Qualität. Eine Anschaffung kann niemandem empfohlen werden, obwohl das im Jahr 2004 erschienene Buch offenbar erfolgreich ist, denn eine englische Auflage soll noch diesen Herbst in die Läden kommen.

Die ersten sechs Kapitel des Buches sind eine kurze Einführung in Biochemie, Molekularbiologie, Zellbiologie und Evolutionsbiologie. In einem zweiten Teil werden in 14 Kapiteln verschiedene «Standardmethoden der molekularen Biotechnologie» erläutert. Diese umfassen die Proteinreinigung, die Massenspektrometrie von Proteinen, diverse molekularbiologische Methoden, Klonierungsverfahren, die Expression rekombinanter Proteine, Patch-Clamp-Techniken, Zellzyklusmessungen, mikroskopische Techniken sowie Laseranwendungen. Im dritten und umfangreichsten Teil werden «Schwerpunktthemen der molekularen Biotechnologie» behandelt. Dazu zählen Genomik, Proteomik, Wirkstoffforschung, molekulare Diagnostik, rekombinante Antikörper, genetisch veränderte Mäuse, Pflanzenbiotechnologie und Biokatalyse. Der vierte Teil schliesslich widmet sich in sechs Kapiteln den «wirtschaftlichen Perspektiven der molekularen Biotechnologie». Die Fülle an Informationen wird durch ein jeweils 50seitiges Glossar und ein Register sowie ein

mehrseitiges Abkürzungsverzeichnis gebündelt.

Das Vorwort des Herausgebers sagt unter anderem, dass ein Lehrbuch für den in Heidelberg während der vergangenen fünf Jahre aufgebauten Studiengang «Molekulare Biotechnologie» geschaffen werden soll. Mehrere Probleme des Buches werden bereits im Vorwort genannt, so etwa, dass es keinen Versuch gibt, die Darstellungsweise der Kapitel zu vereinheitlichen. Zum Beispiel sind alle sechs Kapitel zu den molekularbiologischen Standardmethoden zusammen weniger umfangreich als der Artikel zur Bioinformatik oder jener zur Genomik allein. Der Grund ist vermutlich darin zu suchen, dass die Autoren der Kapitel nach dem Permutationsverfahren zu einigen «Erstautorschaften» kommen. Oft enthalten die Beiträge eine extrem hohe Dichte an neuen Fachtermini. Es werden fast keine Experimente beschrieben, sondern nur Tatsachen präsentiert. Diese Fakten brechen unvermittelt über den/die Leser/in herein. So wird etwa auf Seite 25 der Begriff «Proteindomäne» mit einer Abbildung des src-Proteins und seinen Kinase-, SH2- und SH3-Domänen erläutert. Allerdings erfährt man weder, was das src-Protein noch was eine Kinase ist, ganz zu schweigen von den Abkürzungen «SH2» und «SH3». Dieselbe Abbildung wird ohne Querverweis auf Seite 387 nochmals gezeigt. Immerhin wird jetzt erwähnt, dass das «Onkoprotein src [...] Sarkome verursacht». Die Information, dass das Protein dafür bestimmte Mutationen enthalten muss, wird dem/der Leser/in jedoch vorenthalten. Für jede/n, der diese Proteinstruktur immer noch nicht gesehen hat, wird sie noch zweimal in identischer Form in den Farabbildungen wiedergegeben. Die Literaturangaben zwischen den verschiedenen Kapiteln schwanken zwischen «überhaupt keine» und «sieben Seiten Ori-

nalarbeiten». Dabei wird kaum auf Internetressourcen verwiesen.

Im Kapitel über molekulare Diagnostik findet sich unter anderem auf Seite 486 eine hanebüchene Darstellung der Heterozygotenfrequenz und der Erkrankungshäufigkeit bei einer autosomal-rezessiv vererbten Krankheit (zystische Fibrose). Bei einer falschen Heterozygotenfrequenz von 1:60 wird eine ebenso falsche Krankheitshäufigkeit von 1:600 angegeben. Auf Seite 554 beträgt die Krankheitshäufigkeit dann plötzlich 1:2500. Ein Querverweis zwischen beiden Stellen existiert nicht. Obwohl in diesem Kapitel zahlreiche technische Neuentwicklungen beschrieben werden, sind sie nur die Hälfte wert, wenn die (alten) Grundlagen nicht präsent sind – im vorliegenden Fall die Mendelschen Vererbungsregeln und das Hardy-Weinberg-Gesetz. Es wird ferner behauptet, dass die Familienanalyse (wobei nicht erklärt wird, was das ist) bei der Identifikation von Risikoallelen wie den Thrombophilierisikoallelen für das Faktor-V-Leiden «versagt». Peinlich allerdings, dass eine Kopplungsanalyse von wesentlicher Bedeutung für die Identifikation dieses wichtigsten erblichen Thromboseerisikofaktors war (Bertina RM, et al. Mutation in blood coagulation factor V associated with resistance to activated protein C. *Nature*. 1994;369:64–7). Der Begriff der «genetischen Beratung» wird nirgends erwähnt.

Und in dieser Weise könnte ich noch lange fortfahren. Trotz vieler wertvoller Informationen, die darin enthalten sind, lässt sich das Buch definitiv nicht empfehlen. Der Satz: «Wenn mehr gelesen würde, würde weniger geschrieben!», ist vom Herausgeber offensichtlich nicht beherzigt worden.

Dr. phil. II Martin Hergersberg, Aarau