

Buchbesprechung/Book Review

PCR Mutation Detection Protocols

Second Edition

Editors: Bimal D.M. Theophilus, Ralph Rapley

Springer Verlag Heidelberg 2011

ISBN 978-1-60761-946-8

Preis: € 101,60

Das englischsprachige Buch „PCR Mutation Detection Protocols“ aus der Reihe „Methods in Molecular Biology“ gehört zu der Sammlung der Springer Protocols, die für ihre Anwenderfreundlichkeit bekannt sind. Die Herausgeber Bimal D.M. Theophilus und Ralph Rapley offerieren nicht nur dem interessierten Wissenschaftler, sondern auch jeglichem Anwender eine informative Zusammenstellung grundlegender molekulargenetischer Techniken. In der zweiten Ausgabe von 2011 wurde das Spektrum um einige neue Methoden erweitert, wie zum Beispiel die MLPA (Multiplex Ligation Dependent Probe Amplification). Die insgesamt 19 Unterkapitel wurden von Autoren verfasst, die ausgewiesene Experten auf dem jeweiligen Fachgebiet sind. Das Buch besticht durch seine einfachen und teils übersichtlichen Darstellungen. Problematisch ist zum Teil der Verzicht auf eine mehrfarbige Darstellung, sodass manche Grafiken schwer zu interpretieren sind. Positiv hervorzuheben ist jedoch die gute didaktische Strukturierung. Das Werk ist eine Sammlung von nützlichen Protokollen, die als Laborhandbuch in jedem molekulargenetischen arbeitenden Laboratorium Verwendung finden könnte. Das Spektrum reicht dabei von verschiedenen grundlegenden und weiterführenden PCR-Techniken über Hybridierungsverfahren bis hin zur Mutationsdetektion mittels automatisierter DNA-Sequenzierung nach Sanger-Verfahren. Jedes Kapitel beginnt mit einer Zusammenfassung (Abstract), die eine kurze Übersicht der Technologie und ihre Anwendungsmöglichkeiten beschreibt. Das anschließende

Protokoll gliedert sich in Einführung, Material und Methoden, Anmerkungen und Referenzen. In der Einführung finden sich die wichtigsten Informationen zu der jeweiligen Methodik. Der sich angliedernde praktische Teil beinhaltet eine lückenlose Übersicht über die benötigten Materialien, die im klar strukturierten Methodenteil Verwendung finden sollen. Durch die detaillierte Beschreibung der Vorgehensweise ist es auch weniger routiniertem Laborpersonal möglich, komplexe molekulargenetische Verfahren nachzuvollziehen und anzuwenden. Unterstützt wird der Methodenteil durch Anmerkungen, die dem Anwender auch bei auftretenden Problemen bzw. bei der Optimierung der Verfahren Hilfestellung leisten. Schlussendlich bieten die Referenzen die Möglichkeit, sich tiefergehend mit der Methodik zu befassen. Jedes Kapitel kann durch die Übersichtlichkeit und klare Strukturierung somit für sich alleine stehen.

Auch wenn das Buch eine umfangreiche Zusammenstellung von verschiedenen Techniken zur Mutationsdetektion liefert, fällt auf, dass eine der wichtigsten Methoden nicht berücksichtigt wurde. Bereits seit 2007 revolutioniert Next Generation Sequencing (NGS) die gesamte Molekulargenetik. Dass diese Methode keine Erwähnung findet, ist eine deutliche Schwäche des Buches und könnte manchen Leser an der Aktualität zweifeln lassen.

Zusammenfassend ist das Buch eine übersichtliche Sammlung detaillierter, grundlegender Protokolle, die nach wie vor die Basis in jedem molekulargenetischen Laboratorium, unabhängig von der wissenschaftlichen oder diagnostischen Ausrichtung, darstellt. Auch wenn nicht alle innovativen Techniken berücksichtigt wurden, ist es dennoch besonders für Einsteiger in die praktische Labortätigkeit zu empfehlen.

Christoph Marschall, Karin Mayer,
Hanns-Georg Klein (Martinsried)