

Koordination der polaren Gruppe an das Übergangsmetall zur Desaktivierung des Katalysators geführt haben. Studien solcher Elementarschritte können also zur rationalen Planung eines Polymerisationskatalysators beitragen. Dies ist sicher ein guter Weg für die Zukunft!

Das Buch kann allen an der Polymerisationskatalyse interessierten Wissenschaftlern sehr empfohlen werden. Wegen seiner interdisziplinären Thematik ist es für Polymerchemiker, Organometallchemiker, Katalytiker und Kolloidwissenschaftler gleichermaßen interessant. Studierenden im Hauptstudium kann die Lektüre aufgrund der didaktisch sehr guten Einleitungen in den jeweiligen Kapiteln ebenfalls von Nutzen sein. Ein gelungenes und sehr aktuelles Werk!

Birgit Driess-Hölscher
Institut für Technische Chemie und
Chemische Verfahrenstechnik
Universität Paderborn

stehen. Die neue Herausforderung lautet, den Fluss der genetischen Information vom Genom (der Gesamtheit aller Gene eines Organismus) über das Transkriptom (die Population aller Transkripte, mRNAs) zum Proteom (der Gesamtheit aller von einem Genom codierten Proteine) zu analysieren. In der Praxis bedeutet das, die Genexpression und ihre Regulation auf mRNA- und Proteinebene quantitativ zu verfolgen. Mit dem Zusammenspiel dieser funktionellen Genomik und der sich ausschließlich auf die Genprodukte, Proteine, und ihre Interaktionen konzentrierenden Proteomik ist nichts weniger als die Hoffnung verknüpft, den Sequenztext unseres Genoms (und anderer Genome) lesen und verstehen und die zellulären Funktionen des jeweiligen Organismus in unserer Sprache vollständig beschreiben zu können. Komplexität und Umfang dieses Unterfangens werden deutlich, wenn man bedenkt, dass allein im Fall des menschlichen Genoms mehrere zehntausend Gene und womöglich mehrere hunderttausend Proteinzustände identifiziert, korreliert und verstanden werden müssen.

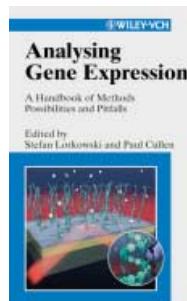
Forscherinnen und Forscher, die sich von dieser Herausforderung angezogen fühlen, können schon jetzt auf ein ausgereiftes Arsenal an Methoden für die funktionelle Genomanalyse zurückgreifen. Das methodische Spektrum reicht von eher klassischen Techniken für die Expression und Präparation von mRNA und Proteinen über Techniken zur Handhabung und Manipulation von Proben im Mikro- und Nanomaßstab, z.B. für die Hochdurchsatz-Analyse, bis hin zu den verschiedensten Analysetechniken wie Hybridisierungen, elektrophoretischen und chromatographischen Trennungen, optischer Detektion, MRI (Magnetresonanz-Bildgebung) oder PET (Positronen-Emissions-Tomographie). Die thematische Breite erfordert nicht nur aktuelle Kenntnisse der Molekularbiologie, sondern ebenso ein gesundes Interesse an teilweise komplexen physikalischen oder physikalisch-chemischen Techniken. Nicht ganz einfach ist zudem, auf diesem schnell expandierenden Forschungsgebiet den Überblick zu bewahren und geeignete Methoden für die Beantwortung eigener Fragestellungen zu finden.

Das Handbuch *Analysing Gene Expression*, herausgegeben von Stefan Lorkowski (Universität Münster) und Paul Cullen (Ogham GmbH, Münster) ist in diesem Fall ein idealer Ratgeber: Die beiden Herausgeber und (Co-)Autoren zahlreicher Kapitel haben mit viel Liebe zum Detail ein enorm umfangreiches Kompendium der funktionellen Genomanalyse aus den Beiträgen von insgesamt fast 200 Autoren zusammengestellt. Das zweibändige Werk hat teilweise Lehrbuchcharakter und beginnt mit einer guten Einführung in die Grundlagen der Genexpression, d.h. der Transkription, Post-Transkription, Translation und Post-Translation. Die folgenden fünf Kapitel befassen sich mit den Techniken zur Probenpräparation für die Genexpressionsanalyse, Methoden für die Analyse der mRNA-Expression sowohl im „normalen“ Labormaßstab als auch im Hochdurchsatz, Methoden für die Analyse der Proteinexpression sowie der Expressionsanalyse *in situ* und *in vivo*. Es liegt auf der Hand, dass durch die funktionelle Genomanalyse eine enorme Datenflut produziert wird, die in geeigneter Form gehandhabt und bearbeitet werden muss. Das siebte Kapitel behandelt deshalb in angemessener Breite aktuelle Bioinformatikansätze und ihre Anwendung.

Jedes Kapitel des Handbuchs ist mit einer umfangreichen Sammlung an Referenzen versehen, die den Kenntnisstand bis zum ersten Halbjahr 2002 widerspiegelt und auch dem zunehmenden Einfluss des Internets als Informationsquelle Rechnung trägt. Viele übersichtliche, teils farbige Graphiken illustrieren die beschriebenen experimentellen Anordnungen und Vorgehensweisen und ergänzen den Text sinnvoll. Die Herausgeber haben das Buch zudem mit einem ausgesprochen detaillierten Inhaltsverzeichnis versehen, das den schnellen Zugang zu interessierenden Themen, oftmals auch ausgehend von Akrymen, ermöglicht. *Analysing Gene Expression* bietet zuverlässige Information für Neueinsteiger, aber auch für Profis und ist auf jeden Fall ein Gewinn!

Susanne Brakmann
Institut für Zoologie
Universität Leipzig

Analysing Gene Expression



A Handbook of Methods, Possibilities and Pitfalls. Band 1 und 2. Herausgegeben von Stefan Lorkowski und Paul Cullen. Wiley-VCH, Weinheim 2003. 954 S., geb. 249.00 €.—ISBN 3-527-30488-6

Im April 2003 haben die Staatschefs von sechs Nationen die vollständige Sequenzanalyse des menschlichen Genoms in einer gemeinsamen Presseerklärung bekannt gegeben [<http://www.dhgp.de/media/press/pm-joint-proclamation.html>]. Fast exakt 50 Jahre nach der Veröffentlichung der Molekülstruktur der Desoxyribonucleinsäure durch James Watson und Francis Crick haben wir nun den Sequenztext aus mehr als drei Milliarden Buchstaben öffentlich zugänglich vorliegen und sind doch weit davon entfernt, ihn zu ver-