

Anmeldelse

Genetikbogen B+A – genetik, genteknologi og evolution

Af Jesper Ruggaard Mebus

Biofag nr. 5 september 2014

Medlemsblad for Foreningen af Danske Biologer

Det er en bog man bliver i godt humør af at læse. Den har alt vi underviser og skal undervise i med, hvorved det er den mest moderne og opdaterede genetikbog man kan få fat i til gymnasialt undervisningsbrug. I forhold til den tidligere "Genetikbogen" er der tale om en fuldstændig omskrivning af kapitlerne og det er gjort med et nutidigt sprogbrug, som er læsevenligt for gymnasieelever, selvom det er vanskeligt stof med mange fremmedord.

De specielle nyskabelser er kapitlerne om "genregulering, epigenetik og kræft", "stamceller" og "slægtskab, bioinformatik og biodiversitet" ligesom der helt naturligt er et glimrende afsnit der dækker Hardy-Weinberg-loven på en måde som er nutidig. Hidtil har vi selv måtte finde materiale i ældre lærebøger eller selv skrive os frem til det, men et redaktionelt gennearbejdet afsnit om Hardy-Weinberg-loven har været savnet, og produktet i denne bog er rigtigt godt.

Kapitlet om genregulering og epigenetik og kræft er ofte emner inden for SRP og har nu fået et selvstændigt forklarende kapitel, hvilket er rigtigt godt i forhold til at det er temaer som eleverne finder rigtigt spændende og gerne vil vide mere om. Det samme kan siges om kapitlet om stamceller som også behandles fint. Som "indledning" til bioinformatikkapitlet er der et kapitel der følger det humane genomprojekt til dørs og problematiserer mange af de ting vi har fundet, men ikke helt fundet ud af endnu. Beskrivelsen af teknikkerne til at finde ud af dette er gode og illustrative, og jeg synes, at når man læser kapitlet bliver man pirret i sin nysgerrighed.

Kapitlet om Bioinformatik er grundigt i sin gennemgang af hvordan man tegner stamtræer og beregner genetiske afstande (selvom det er lidt black-box-agtigt). Man skal anvende computerkraft for at gøre det, men regneeksemplet med en afstandsmatrice gør at man i hånden vil kunne skitsere et stamtræ ud fra en afstandsmatrice, og det er en glimrende øvelse til at forstå bioinformatikkens arbejdsmetode. De anvendelsesorienterede aspekter (find bestandsstørrelser af dyr i en sø i en halv liter søvand, og hvor mange pattedyr er der i en regnskov, hvis man undersøger en igle?) er sjove og perspektiverende.

Illustrationerne er fremragende (som sædvanligt) og kommer på rette sted i bogen. Henvisningerne til figurerne er på samme side som illustrationerne. Det eneste jeg undrer mig over er undulaterne på forsiden, og så er der sneget sig en unøjagtighed ind på side 163, hvor artsnavn skal erstattes med artsepitet. Det første er bare en tanke og det andet er til at leve med i en ellers fremragende skrevet bog.

Man kan ikke lade være med at tænke på, at genetik er et emne der på de 11 år, der er gået mellem de to genetikbøger, har været i en rivende udvikling. Essensen af denne udvikling er kommet med i denne flotte bog, og det er gjort med en fin balance mellem elevernes niveau og den faglige formidling. Den skal have min varmeste anbefaling.

[Link til Biofag og FaDB](#)