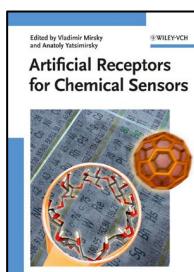


RECENZE



Mirsky Vladimir M.,
Yatsimirsky Anatoly (eds.):
**Artificial Receptors
for Chemical Sensors**

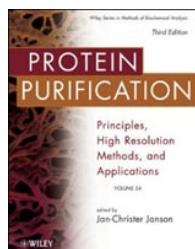
Vydal Wiley-VCH Weinheim,
1. vydání, 2011, 470 stran, pevná
vazba, 202 obrázků (33 barevných),
cena 138,- Euro.
ISBN-13: 978-3-527-32357-9

Unikátní knížka, která přináší systematický (i když ne vyčerpávající) přehled o designu umělých receptorů je příručkou, která je bezesporu někde na špiči důležitosti pro rozvoj soudobé chemie a souvisejících disciplín. Velmi podrobně se zabývá metodikou vývoje umělých syntetických receptorů, jejich chemosensitivitou i provedením důležitých experimentů. Pokud se týče různých druhů syntetických receptorů, kniha se snaží o široký přehled, zahrnuje jejich syntézu, zakotvení na površích i kvantitativní data popisující jejich vlastnosti. Třetí část knihy je orientována na receptorová pole pro umělé nosy a jazyky. Appendix přináší souborná data o mnoha umělých receptorech. Více napoví názvy hlavních částí knihy: Why artificial receptors? General aspects of design and operation of artificial receptors. Molecular receptors. Receptors formed by polymers or organized molecule groups. Quantitative affinity data on artificial receptors.

Rozpoznaní a vazba jedné sloučeniny na druhou na známém principu zámku a klíče jsou jednou z hybných aktivit v našem světě a jednou z podstat života. Přírodu designované typy však mohou být obměňovány i synthetizovány jako důmyslně navržené funkční molekuly a systémy, které mohou detegovat, rozpozнат určité děje či entity, vydat o tom zprávu (signál) a spustit další předem zvolený chemický či fyzikální děj. Tato příručka (téma „kuchařka“) ukazuje jak na to.

Autoři, Vladimir M. Mirsky je profesor na Lausitz University of Applied Sciences, Senftenberg, Německo a Anatoly K. Yatsimirsky profesorem na National Autonomous University of Mexico v Mexico City. Oba jsou předními odborníky v oboru supramolekulární chemie.

Pavel Drašar

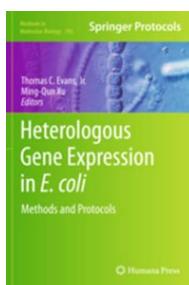


Jan-Christer Janson:
**Protein Purification:
Principles, High Resolution
Methods, and Applications**

Vydal John Wiley & Sons, Inc. 2011,
3. vydání. 548 stran, pevná vazba,
cena 100,2,- Euro.
ISBN: 978-0471746614

Třetí vydání navazuje na více než dvacetiletou tradici snahy o popsání aktuálních metod v purifikaci proteinů. V porovnání s druhým vydáním z roku 1998 došlo ke kompletnímu přepracování řady kapitol i přidání kapitol nových, se zaměřením na aktuální bouřlivý vývoj na poli využití proteinů. Kromě neustávajícího využití proteinů ve farmaceutickém průmyslu je třeba vyzdvihnout i aplikace vycházející ze sekvenace lidského genomu. Kniha začíná krátkým přehledem extrakčních technik proteinů, přehledem frakcionačních technik včetně obvyklých frakcionačních strategií a popisem vhodných technik sledování průběhu frakcionace. Velkou část knihy zabírá oddíl chromatografie jako základní techniky separace proteinů. Kromě úvodu do teorie chromatografie obsahuje tato část devět samostatných kapitol, detailně popisujících jednotlivé typy chromatografií, od gelové filtrace přes chromatografií na měničích iontů až po afinitní chromatografické techniky. Každá z kapitol obsahuje obecný popis principu techniky a dále výčet faktorů, ovlivňujících separaci. Závěrem je většinou uvedeno několik příkladů konkrétní aplikace dané chromatografické metody. Krátkým intermezzem je oddíl, věnovaný membránovým separacím, renaturaci proteinů z inkusních tělisek *E. coli* a purifikaci PEGylovaných proteinů. Následuje oddíl o využití elektroforézy při separaci proteinů. Detailně jsou popsány jednotlivé elektroforézy v gelu, imobilizovaných pH gradientech, dále pak 2D elektroforéza, zmíněny jsou i techniky eluce proteinů a transferu na membránu (blot). Závěrečná kapitola oddílu se zabývá kapilárními elektroforetickými separacemi. Posledním oddílem celé knihy je nastínění použití moderních automatizovaných systémů pro proteinové purifikace. Dosud rozsáhlá publikace popisuje srozumitelnou formou jak základy běžně používaných technik, tak vysoce specializované aplikace. Na jednu stranu nepopisuje nic extrémně nového a inovativního, na druhou stranu nevynechává nic ze základů, je proto dle mého názoru cenným příspěvkem do knihovny řady výzkumných i pedagogických pracovníků.

Jan Lipov

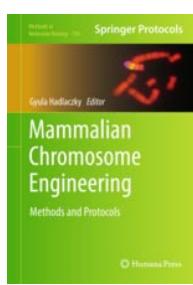


Evans Jr., Thomas C.,
Xu Ming-Qun (ed.):
**Heterologous Gene Expression
in *E. coli* - Methods
and Protocols**

Vydal Humana Press, 2011, vydání
první, 310 stran, pevná vazba,
cena 95,- Euro.
ISBN 978-1-61737-966-6

Ideálem expresního systému je vysoká a snadná produkce za nízkou cenu, a to i proteinů vyžadujících post-translační modifikace, špatně rozpustných či membránových proteinů. Tradičním organismem pro rekombinantní produkci proteinů je bakterie *Escherichia coli*. Hlavním cílem kolektivu autorů je podat přehled metod, umožňujících produkci „problematických“ proteinů pomocí tohoto nejjednoduššího systému. V první části se autoři zabývají možnostmi zvýšení rozpustnosti produkovaných proteinů, a to buď tzv. harmonizací kodonů, nebo připojením kotvy, zvyšující rozpustnost. Diskutováno je i použití chapéronů, a to jak pro zvýšení výtěžku rozpustného proteinu, tak pro zvýšení sekrece vznikajícího proteinu do periplasmatického prostoru (výhodné zejména pro proteiny se strukturně důležitými disulfidickými můstky). V několika kapitolách je popsáno specifické značení proteinů, ať již fluorescenčním značením pomocí Sfp synthasy nebo připojením fluorescenčně značeného peptidu na C-konec studovaného proteinu využitím ligace katalyzované inteinem. Spojování kratších úseků pomocí tzv. nativní chemické ligace je popsáno na přípravě glykoproteinů. Orientaci v nepřeberném množství komerčně dostupných systémů usnadní kapitola, shrnující jednotlivé kmeny *E. coli*, promotory a využívané mutace produkčních kmenů. Zapojení neobvyklých aminokyselin do struktury proteinu je popsáno pomocí synthetasy lantibiotik (antimikrobiální peptidy, produkované Gram pozitivními bakteriemi). V závěru knihy najdeme i protokol pro detekci interakcí proteinů v bakteriích pomocí systému rekonstituce proteinu i popis mutagenese genu pomocí TDEM, tedy mutagenese výměnou basí řízenou transposony. Jako u všech dílů série „Methods“ je teoretický úvod krátký, hlavní těžiště spočívá v detailním protokolu včetně seznamu materiálu, nechybí ani ukázky konkrétní purifikace, dokumentované obrázky příslušných gelů. Kniha je psána přehledně, přináší popis řady technik, které mohou významně snížit počet problematických kroků při přípravě studovaného proteinu. Lze ji proto směle doporučit pro každého, kdo se v rámci své vědecké práce zabývá produkcí rekombinantních proteinů či peptidů pomocí *E. coli*.

Jan Lipov



Gyula Hadlaczky (ed.):
**Mammalian Chromosome
Engineering: Methods
and Protocols**

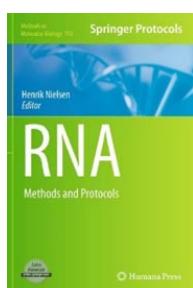
Vydal Humana Press, c/o Springer
Science+Business Media, New York
2011. Pevná vazba, 257 stran, cena
\$119 (Amazon); 94,95 € (Springer)
ISSN 1064-3745
ISBN 978-1-61779-098-0

Titul „Mammalian chromosome engineering“, jehož název by se dal volně převést jako „Cílená manipulace savčích chromosomů“, je dalším příspěvkem do řady „Methods in Molecular Biology™“ nakladatelství Humana Press. Knihy vydávané v této edici řadě poskytují jak stručné teoretické uvedení do dané problematiky formou souhrnných přehledů, tak protokoly popisující relevantní experimentální techniky. Vyvážený přístup k teorii a praxi oboru byl dodržen i v tomto případě.

Obsahové kniha pokrývá celou škálu témat od manipulace s minichromosomy, extrachromosomálními vektory a transposonovými systémy, až po přípravu a práci se syntetickými chromosomy a *de novo* vytvořenými chromosomovými systémy. Kniha je členěna do 15 kapitol, z nichž nadpoloviční většinu tvoří laboratorní protokoly. Tyto kapitoly sledují klasické členění protokolu: po stručném úvodu do dané problematiky uvádějí seznam potřebného materiálu a vybavení, až nakonec přejdou k popisu samotného provedení experimentu. Poslední část, nazvaná poznámky, obsahuje užitečné rady a tipy nutné k úspěšnému provedení experimentu, upozorňuje na možná úskalí či nabízí řešení možných problémů vyskytujících se během experimentu. Protokoly jsou poměrně bohatě doprovázeny obrazovým materiálem znázorňujícím používané vybavení, očekávané výsledky či dokumentující vyhodnocení dat. Kapitoly obsahující souhrnný přehled poskytují základní uvedení do současného stavu poznání manipulace s jednotlivými elementy genomu (extrachromosomální exprese, exprese využívající minichromosomy a „sleeping beauty“ transpozony), včetně jejich využití v medicínském výzkumu a proteinovém inženýrství. Tyto přehledy jsou ve většině případů psány jasným a stručným stylem. Uvedený citační aparát je dostatečně bohatý pro dohledání dalších informací v případě zájmu.

Závěrem je možno říci, že zmiňovaná kniha je vhodný zdroj informací nejen pro výzkumníky pracující v oblasti genetiky savců, ale je i kvalitním zdrojem informací pro ostatní, kteří by rádi získali přehled o současném stavu poznání v této specifické oblasti.

Zita Purkrlová



**Henrik Nielsen (ed.):
RNA: Methods and Protocols**

Vydal Humana Press 2011, 329 stran, 53 ilustrací.
Cena 109,95,- Euro.
ISBN 978-1-58829-913-0
e-ISBN 978-1-59745-248-9

Novým příručkem v knižní sérii *Methods in Molecular Biology* (703) nakladatelství Humana Press, jejím cílem je publikace uceleného souboru metod a pracovních protokolů pokrývající vybrané odvětví téma molekulární biologie, nese prostý název - *RNA*, s podtitulem *Methods and Protocols*. Dlouhou dobu byla v popředí zájmu výzkumníků DNA spolu s mRNA (kódující proteiny), rRNA a tRNA. Ovšem zjištění, že téměř polovina maturované mRNA není použita pro translaci a že téměř 30% lidského genomu tvoří intronové sekvence, přivedly tyto nekódující (m)RNA do popředí vědeckého zájmu. Editor předkládané knihy Henrik Nielsen, Ph.D. výběrem obsahu knihy reflekтуje tento vývoj.

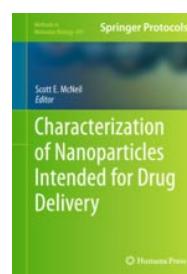
Kniha je rozdělena do dvou částí. Úvodní kapitola první části patří obecnému přehledu o biologii RNA včetně struktury promotorů a transkripčních jednotek. Cílem knihy je být manuálem pro začínající RNA biology, a tedy hned po obecném úvodu následuje kapitola pojednávající o specifikách práce s RNA. Následující kapitoly se zabývají problematikou syntézy molekul RNA pomocí *in vitro* transkripce s využitím bakteriofágových promotorů, nebo izolace intaktních polyadenylovaných RNA pomocí LNA (T) oligonukleotidů. Tato metoda využívá skutečnosti, že LNA nukleotidy (*z ang. locked nucleic acid*) – bicyklické analogy nukleotidů, jsou schopné vázat komplementární báze s vysokou afinitou. Exprese genu může být zásadním způsobem ovlivněna nekódujícími úseků na 3' nebo na 5' konci. V kapitole 8 je popsána metoda RACE (*z ang. rapid amplification of cDNA ends*) umožňující rychlé získání cDNA. Bioinformatika je pro biology téměř nepostradatelná a jejímu využití v molekulární biologii je v knize věnován velký prostor. V kapitole 5 jsou popsány základy práce s genomovými databázemi *Ensembl* a *UCSC*, které umožňují sekvenční analýzu transkripčních jednotek. Struktura molekul RNA resp. její strukturní elementy mají zásadní vliv na její funkci, a nalézáme je jak v mRNA, tRNA, tak v snRNA nebo snoRNA. V kap. 6 je podán zevrubný výčet webově dostupných aplikací umožňujících analýzu struktury a konsenzuálních motivů v RNA. Závěr první části je věnován dnes velmi populární metodě RNA interference s využitím vlásenkových RNA, a také její validaci pomocí kvantitativní PCR.

Molekuly mRNA jsou neustále asociovány s různými proteiny, ať jsou to faktory podílející se na regulaci transkripce nebo sestihu, které významným způsobem regulují jejich funkci. Druhá část knihy je věnována právě popisu interakce mRNA s proteiny. V kap. 16 je popsán model

post-transkripčního operonu (PTO), jako soubor mRNA kódujících příbuzné proteiny, které jsou regulovány RNA vazebními proteiny nebo nekódujícími RNA na post-transkripční úrovni. Tento model je využíván při analýze výsledků získaných pomocí metody RIP-Chip, která kombinuje imunoprecipitaci RNA vazebních proteinů s analýzou získaných RNA pomocí technologie DNA čipů. Další kapitoly popisují izolaci ribonukleoproteinových částic nebo charakterizaci protein-RNA interakce pomocí elektroforetických metod. Závěrečné kapitoly jsou věnovány izolaci polysomů ze sacharózového gradientu s následnou extrakcí RNA a problematice miRNA. Použití DNA čipů nebo sekvenční analýza jsou technologicky i časově náročné. Poslední kapitola diskutuje využití komerčních firem při jejich realizaci.

Jednotlivé kapitoly mají logické uspořádání. Po krátkém úvodu do problematiky následuje přehled potřebného materiálového vybavení, vlastní postup a nakonec doplňující poznámky. Kombinace klasických a moderních přístupů a metod činí z předkládané knihy pomocníka jak pro začínající molekulární biologie, tak pro zkušené výzkumníky.

Martin Švěda



**McNeil, Scott E. (ed.):
Characterization
of Nanoparticles Intended
for Drug Delivery**

Vydal Humana Press 2011, 1. vydání.
269 stran, 67 ilustrací, 7 v barvě, cena
94,95,- Euro.
ISBN 978-1-60327-197-4

Kniha je věnována aktuální problematice využití nanočastic pro lékařské účely. Poskytuje dobrou základní orientaci v tomto moderním odvětví a dává čtenáři přehled o základních přístupech při klasifikaci nanočastic a možných rizicích při jejich aplikaci. Každá kapitola obsahuje krátký úvod a detailní protokol včetně seznamu nutného materiálu pro jeho realizaci. Užitečné jsou také rady pro předcházení možným nezdarům.

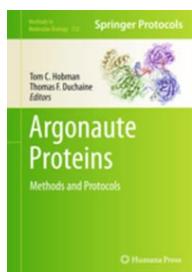
Nejprve jsou představeny různé kategorie nanočastic a jsou rozebrána kritéria jejich posuzování. Pozornost se krátce soustředí i na bezpečnostní aspekty využití nanočastic a možná legislativní omezení jejich při jejich použití. Kniha poskytuje návod, jakými vlastnostmi je nutno se zabývat, aby produkt vyhověl jak hlediska možnosti výroby, tak z bezpečnostního a environmentálního hlediska při jeho aplikaci.

Další kapitoly poskytují návod, jak charakterizovat nanočasticice, aby bylo dosaženo jejich optimálního využití. Jsou zde uvedeny konkrétní postupy pro určování fyzikálních i biologických vlastností různých typů nanočastic. Z fyzikálních vlastností jsou popsány možnosti posouzení velikosti a povrchových vlastností s využitím metod zahrnujících např. hmotnostní spektrometrii, rentgenovou mi-

kroanalýzu, elektronovou mikroskopii anebo mikroskopii atomárních sil. Jsou uvedeny i speciální případy, jako např. stanovení volného gadolinia, jehož cheláty slouží pro pozorování častic ve tkáních zobrazením pomocí magnetické resonance. Nechybí zde ani kapitoly věnované pozorování nanočastic přímo ve tkáních, včetně protokolu pro fixaci vzorku a přípravu ultratenkých řezů pro elektronovou mikroskopii, ať skenovací nebo transmisní. Další část je orientována na problematiku sterility nanočastic a posuzování jejich kontaminace, ať již přímo mikroorganismy nebo jimi produkovanými toxiny. Navíc jsou zde probrány i aspekty imunitní odpovědi a možných hemolytických účinků nanočastic.

Kniha představuje komplexní návod pro charakterizaci nanočastic pro cílení léčiv, včetně kritických pohledů na možná úskalí. Velká část je věnována právě posuzování vhodnosti nanočastic pro lékařské využití. Dá se říci, že kniha poskytne velmi dobrý přehled o možnostech preklinické charakterizace nanočastic, jak studentům, tak vědeckým pracovníkům zaměřeným na tuto oblast.

Tomáš Ruml



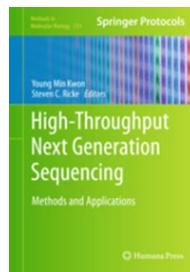
Hobman, Tom C.; Duchaine, Thomas F. (ed.):
Argonaute Proteins: Methods and Protocols

Vydal Humana Press 2011, 1. vydání, 344 stran, 65 ilustrací, 2 v barvě, cena 109,95,- Euro.
ISBN 978-1-61779-045-4

Molekulární biologie je v poslední době významně ovlivněna rozvojem aplikací siRNA. Možnosti využití této metody zasahují nejen do základního výzkumu, ale stále více proliferují i do výzkumu klinického. Přes masivní rozvoj metod založených na použití malých RNA molekul pro umlčování genů, není mechanismus tohoto procesu detailně objasněn. Už dnes je však nesporné, že jeho katalyzátorem je skupina proteinů; Argonautů. Ty jsou konzervovány napříč eukaryotickými organismy i některými archeabakteriemi. Tyto RNA-vazebné proteiny využívají malé RNA k umlčení exprese genů z mRNA. Kniha: *Argonaute Proteins: Methods and Protocols*, poskytuje výzkumníkům aktuální a poměrně detailní přehled metod použitých ke studiu Argonaut proteinů. Je třeba zdůraznit, že toto je hlavní poslání knihy a čtenář zde nenajde souhrnný přehled poznatků týkajících se vlastností a mechanismu jejich působení. Ovšem pro ty, kteří se chtějí zabývat studiem této zajímavé skupiny proteinů, bude kniha velmi dobrým společníkem, neboť je zaměřena na metody pokrývající velké spektrum materiálu od *in vitro* systémů, přes kvasinky až k vyšším eukaryotům. Kapitoly jsou opatřeny krátkým úvodem do specifické problematiky, obsahují seznam materiálu pro provedení příslušné metod, detailní protokoly a navíc rady pro předcházení možným nezdarům.

Krátké nahlédnutí do obsahu kapitol naznačuje, že jsou zde popsány metody od purifikace Argonaut proteinů, přes biochemické analýzy jejich endogenních komplexů, mapování jejich interakcí a aktivity RISC komplexu, zahycování Argonaut proteinů na oligonuklotidových maticích. Nechybí zde ani pokročilejší metody, jako „live cell imaging“ Argonaut proteinů v lidských buňkách nebo vytvoření indukovatelné myší buněčné linie, deficentní na Argonaut proteinu. Do výčtu metod dále patří např. imunoprecipitace Piwi speciální skupiny Argonaut proteinů tzv. Piwi proteinů, exprimovaných v zárodečných buňkách. Tečkou za celou knihu je kapitola týkající se pSILAC analýzy (Stable isotope labeling by amino acids in cell culture) změn genové exprese v důsledku působení miRNA.

Tomáš Ruml



Kwon Young Min, Ricke Steven C. (ed.):

High-Throughput Next Generation Sequencing: Methods and Applications

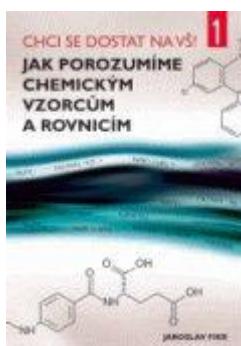
Vydal Humana Press 2011, 1. vydání, 308 stran, 40 ilustrací, 5 v barvě, cena 94,95,- Euro
ISBN 978-1-61779-088-1

Překotný rozvoj sekvenačních metod cílený především na vysokokapacitní sekvenování celých genomů, označovaný jako sekvenování příští generace “the next generation sequencing”, umožnuje rychlé získání informací o komplexních molekulárních procesech v biologických systémech. Vzhledem k automatizaci se tyto metody staly nezbytným pomocníkem molekulárních biologů. Kniha: „*High-Throughput Next Generation Sequencing: Methods and Applications*“ seznamuje čtenáře s nejnovějšími poznatkami v tomto oboru. Jsou zde akcentovány aplikace sekvenačních metod na mikroorganismy a mikrobiální společenstva, ale popsáne metody je možno zobecnit na jakékoli živé organismy. Kapitoly jsou opatřeny krátkým úvodem do specifické problematiky, obsahují seznam materiálu pro provedení příslušných metod, detailní protokoly a navíc rady pro předcházení možným nezdarům. Lze předpokládat, že kniha bude užitečným rádcem studentů a odborníků, kteří chtějí aplikovat metody vysokokapacitního sekvenování v mikrobiologii a příbuzných oborech, u nichž je relevantní komplexní informace o mikroorganismech přítomných v určitém vzorku.

První část, věnovaná sekvenování genomů, zahrnuje kapitoly týkající se zjišťování rozdílů mezi genomy příbuzných mikrobiálních kmenů, umožňující např. detegovat získané faktory virulence či sekvence zodpovědné za rezistence k antibiotikům. Pyrosekvenování je mocným nástrojem pro studium mikrobiální diversity, již je věnována pozornost v několika kapitolách. Je zde popsána možnost sekvenování celých genomů nekultivovatelných bakteri-

ích. Tato metoda, poskytující informaci o přítomnosti mikroorganismů v dané lokalitě, je jedním z velkých přínosů nových sekvenačních metod, neboť se udává, že až 99 % mikroorganismů vyskytujících se na Zemi, není možné kultivovat běžnými technikami. Jsou popsány možnosti izolace DNA z půdních vzorků pro metagenomické studie, včetně krátkého návodu pro bioinformatické analýzy. Neméně přínosná je i další část knihy, věnovaná komplexní analýze genové exprese, tedy sekvenování transkriptomu. Navíc jsou zde popsány metody analýzy bakteriální siRNA a virové miRNA. Kniha je doplněna i nástinem strategie přípravy genomových knihoven pro sekvenování.

Tomáš Ruml



Jaroslav Fík Jak porozumíme chemickým vzorcům a rovnicím

Vydal Barrister & Principal 2010.

V minulém roce vydalo nakladatelství Barrister & Principal už po třech letech podruhé publikaci „*Jak porozumíme chemickým vzorcům a rovnicím*“. Její autor, Jaroslav Fík, ji deklaruje jako repetitorium anorganické a organické chemie pro maturanty a doporučuje ji i učitelům a vysokoškolským studentům. Publikace obsahuje v rozsahu 200 stran 7 kapitol. Jsou to: 1. Periodická soustava prvků, 2. Názvosloví anorganické chemie, 3. Rovnice v anorganické chemii, 4. Názvosloví organické chemie, 5. Rovnice v organické chemii, 6. Literatura, 7. Rejstřík.

V tiráži knihy nejsou sice uvedeni lektori, autor však jmenuje 23 (slovy dvacetří) lektorů a recenzentů, kterým děkuje za práci, kterou přispěli ke zlepšení textu.

K prvnímu vydání jsme v časopise Biologie, chemie, zeměpis 17, 142 (2008) (V. Flemr, F. Liška, P. Kašpar) zveřejnili naše dojmy z publikace s tím, že je třeba případně čtenáře varovat před touto lajdácky sesmolenou příručkou. Autor zřejmě toto naše varování špatně pochopil, protože v úvodu druhého vydání nám děkuje za připomínky. V dalším textu k nim však přihlíží velmi spoře.

V anorganické části tohoto druhého vydání opět uvádí neexistující sloučeniny (HPO_3 , $H_4P_2O_6$, BH_3 , H_2Po , H_2TeO_4 a další), opět má problém se vzorcem oxidu fosforečného, který pro jistotu alternuje jako P_4O_{10} a P_2O_5 , stále má problém s definicí první a druhé ionizační energie, dosud se nepoučil od alchymistů z doby před tisíciletím, kteří věděli, na rozdíl od autora, že kyselina solná (*aqua salis*) a kyselina dusičná (*aqua fortis*) jsou silné kyseliny (*fortis = silný*). To, že je kyselina chloristá mimořádně silnou kyselinou, by se autor mohl dočít v každé dobré středoškolské učebnici. A dalo by se pokračovat.

Autor přidává další otřesné důkazy o nepochopení chemie. Např. na str. 17 schopnost elektropozitivních kovů sám se oxidovat a nekovů sám se redukovat, k čemu potom redox rovnice, když stačí ox a red? Na str. 53 jsou

v elektronových strukturních vzorcích $Ca(OH)_2$ a H_3PO_4 vyznačeny kovalentní vazby mezi kationtem vápníku a hydroxidovým aniontem v silném hydroxidu vápenatém a demonstrováno nepochopení funkčních skupin v kyselině fosforečné; za takovou neznalost se na dobré vysoké škole student v prvním semestru už dále nezkouší. Psát na str. 55 o molekulárním fluoridu thionylu, fluoridu sulfurylu a chloridu-disfluoridu fosforitěm jako o smíšených solích vyžaduje značnou dávku chemické otrlosti a ignorance. Pozoruhodné je také pravidlo o počtu atomů vodíku a kyslíku v molekule oxokyseliny. Pokud se autorovi podaří napsat správné elektronové strukturní vzorce kyselin H_3PO_2 , H_3PO_3 a H_3PO_4 a podívá se do tabulek na sílu kyselin, snad dojde ke správnému závěru. A zase by se dalo pokračovat.

Z organické části publikace vychází nejlépe kapitola o organickém názvosloví. Zato kapitola Rovnice v organické chemii je napsána dost nešťastně. Ve snaze uvést přehled hlavních typů reakcí, koncretizovat je na hlavních typech sloučenin a uvést i jejich osobitě pojatý mechanismus vytvořil ve skutečnosti jakousi „organickou brambořáčku“. Aspoň několik ukázků nešťastně či nevhodně zvolených příkladů: Co si odnese student z reakčního schématu, ve kterém je toluen oxidován manganitanem drasel-ným jednou na kyselinu benzoovou, podruhé na benzaldehyd, jestliže nejsou uvedeny v reakčním schématu i vedlejší anorganické produkty reakce? Uvádět srážecí reakci acetylenu se stříbrnými a měďnými solemi jako elektrofilní substituci je poněkud nestandardní přístup. Autor patrně neprozuměl indukčním a mezomerním efektům substituentů na aromatické jádro a jejich vlivu na regioselektivitu a rychlosť elektrofilní substituce. Výsledkem je příklad přípravy 3-nitrotoluenu methylací nitrobenzenu. Neví, že nitrobenzen je natolik desaktivován při elektrofilní substituci, že se při Friedelových-Craftsových reakcích používá dokonce jako rozpouštědlo. Autor ztotožňuje a směšuje pojmy. Jako např. hydrogenaci a redukci do té míry, že v některých reakčních schématech redukcí ketonů uvádí současně vodík a komplexní hydrid, nebo oxidaci vyjádřenou symbolicky „O“ ztotožní s dehydrogenací. Zásaditá hydrolyza esterů není reakcí zvratnou. Správný název je hexan-1,6-diyldisokyanát. Je toho mnohem více. Zásadní výhradu je nutno vznést ke způsobu psaní vzorců. Vzorců, ve kterých jsou kovalentní vazby spojeny atomy, které tuto vazbu netvoří je více, než je možné akceptovat.

Zdá se, že k vydání titulu s dostatečným komerčním potenciálem postačí mít dostatek asertivity, vypůjčit si atraktivní název knihy svého bývalého učitele (a přiznat to až po upozornění recenzentů 1. vydání), na obálku publikace umístit marketinkové heslo „Chci se dostat na VŠ!“ a publikaci si vynachválit, vyjmenovat nadstandardní počet lektorů a recenzentů a najít si vydavatele.

Závěrem ještě dodáváme, že nám vadí jakékoli spojování našich jmen s tímto chemickým škvárem. Vrcholem držosti je použití posledních vět z odsuzujícího a varovného posudku V. Flemra z roku 2008 jako motta pro stejně špatné, ne-li horší vydání v roce 2010.

Vratislav Flemr a František Liška