



Wege durch ein metabolisches Netzwerk

Biochemiker (und nicht nur diese) erinnern sich sicherlich an die von Boehringer vor einigen Jahren vertriebenen Poster, die ein riesiges Stoffwechsel-Netzwerk zeigen. Dieser sehr beeindruckende, aber komplizierte Plan ermöglicht es dem Betrachter zu verstehen, was in einer Zelle vor sich geht. Leider war dies aber nur jenen nützlich, die für eine sehr lange Zeit auf dem Laborflur stehen konnten, ohne von der Nachtwache aufgeschreckt zu werden.

Heutzutage ermöglicht das Internet einen wesentlich bequemeren Zugang und die interaktive Darstellung dieser reichhaltigen Menge an Informationen. Als ein exzellentes Beispiel erlaubt es die Biokatalyse/Bioabbau-Datenbank der Universität von Minnesota (UM-BBD) sehr leicht herauszufinden, was mit – vorrangig xenobiotischen – Molekülen während ihrer Umsetzung durch Mikroorganismen passiert. Obwohl nur ein kleiner Teil der vollständigen Stoffwechselwege gezeigt ist, enthält sie immer noch eine Fülle an Daten (derzeit:

108 Stoffwechselwege, 735 Reaktionen, 658 Verbindungen, 453 Enzyme, 295 Mikroorganismen, 49 organische funktionelle Gruppen, 73 Reaktionen von Naphthalin-1,2-dioxygenasen, 108 Reaktionen von Toluoldioxygenasen).

Zur Entwicklung dieser Datenbank<sup>[1]</sup> hat eine große Zahl von Wissenschaftlern beigetragen, die sich mit dem Abbau von Verbindungen durch Mikroorganismen beschäftigen. Sie wird durch Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Universität von Minnesota gepflegt, die von einem internationalen wissenschaftlichen Beratungsgremium unterstützt werden. Dies gewährleistet auch, dass Aktualisierungen und neue Stoffwechselwege (Vorschläge und Beiträge sind willkommen!) geprüft werden, bevor sie in die Datenbank aufgenommen werden. Das Ziel der UM-BBD ist die Bereitstellung von Informationen über mikrobielle enzymkatalysierte Reaktionen, die für die Biotechnologie von Bedeutung sind. An der Universität von Minnesota wird sie auch zur Ausbildung von fortgeschrittenen Studierenden genutzt.

Glücklicherweise enthält die Datenbank nicht nur schematische Darstellungen eines Stoffwechselweges (Abbildung 1). Vielmehr kann jede Verbindung angeklickt werden, sodass ein spezifischer und schneller Zugang zu allen beteiligten Reaktanten und detaillierten Informationen zu den chemischen Eigenschaften jedes Metaboliten gegeben ist; folglich können die Chemi-

From p-Xylene to p-Methylbenzyl alcohol

Graphic (3k) of the reaction.

Medline reference  
Shaw JP, Harayama S *Eur J Biochem* (1992) 209(1): 51-61.

Search Medline titles for **xylene monooxygenase**.  
6 citations on Feb. 27, 2001.

```

p-Xylene
  |
  | 1/2 O2
xylene
  |
  | /
monooxygenase |
  | 1.14.13.- | Search GenBank, 8 hits on Nov. 03, 2000.
  |
  | ExPASy
  |
  | v
p-Methylbenzyl alcohol
    
```

Generate a pathway starting from this reaction.

[p-Xylene] [BBD Main Menu]

Abb. 2. Wie p-Xylol abgebaut wird.

ker zufrieden gestellt werden. Für Biologen, Enzymologen und Biochemiker möglicherweise spannender ist der Zugang zu den entsprechenden Enzymen, unzähligen Informationen über diese (Sequenz, Verfügbarkeit, Eigenschaften usw.), verwandte Biokatalysatoren und auch die produzierenden Mikroorganismen.

Es macht auch sehr viel Spaß, mit dieser Website zu arbeiten, da der Nutzer verschiedene Zugänge zu Stoffwechselwegen hat, z. B. durch ein Pull-down-Menü oder durch Anklicken der Metapathway-Karte (Abbildung 1), die alle zu detaillierten Hintergrundinformationen führen (Abbildung 2). Mit Links zu Medline, GenBank oder ExPASy und anderen ist ein schneller Zugang zu noch mehr Daten inklusive Literaturstellen, Pdf-Dateien oder Proteinstrukturen gewährleistet.

Da diese Webseite einen extrem interaktiven und hochaktuellen Zugang zu Informationen darstellt, kann ich sie wärmstens für ergiebige Entdeckungen empfehlen. Mehr noch: Ich ermuntere alle Wissenschaftler, die biochemische Stoffwechselwege erforschen, zu dieser Datenbank beizutragen oder basierend auf diesem Ansatz neue Internetseiten zu entwickeln.

Uwe Bornscheuer  
Universität Greifswald

[1] L. B. M. Ellis, C. D. Hershberger, E. M. Bryan, L. P. Wackett, *Nucl. Acids Res.* 2001, 29, 340–43.

Für weitere Informationen besuchen Sie:  
<http://umbbd.ahc.umn.edu/>

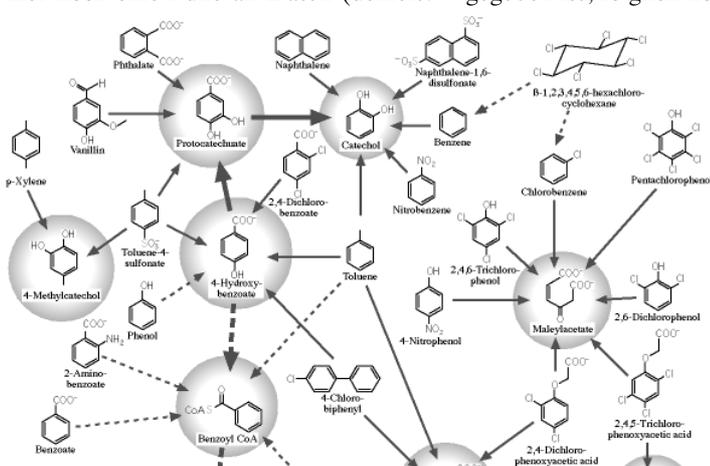


Abb. 1. Ein Teil der Metapathway-Karte.