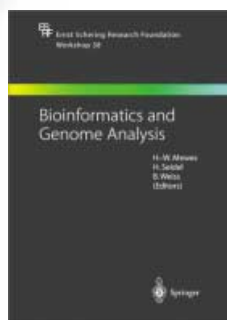




Bioinformatics and Genome Analysis



Herausgegeben
von **Hans-Werner
Mewes, Bertram
Weiss und Henrik
Seidel**. Springer-
Verlag, Heidel-
berg 2002.
296 S., geb.
80,20 €.—ISBN
3-540-42893-3

Bioinformatics and Genome Analysis ist eine Sammlung von Vorträgen, die 2001 anlässlich des Ernst Schering Foundation Workshops 38 in Berlin gehalten wurden. Es ist also kein Lehrbuch zu diesem Thema, sondern wendet sich an „scientists and researchers working in bioinformatics and genome analysis world-wide“ und ist in der Tat vollgepackt mit „heißen“ Themen.

Der Autorenkreis besteht aus namhaften Wissenschaftlern aus den verschiedensten Spezialbereichen wie der experimentellen funktionellen Genomik oder der, zumindest zurzeit, extrem theoretisch wirkenden Systembiologie (die als der Versuch, kinetische Modelle auf den gesamten Organismus zu übertragen, bezeichnet werden könnte). Das Spektrum biologisch-medizinischer Themen erstreckt sich von Krebsgenen über Proteinwechselwirkungen bis hin zur Arzneimittelentwicklung. Den Herausgebern ist es hoch anzurechnen, dass sie vielversprechende Themen wie Membranen, metabolische Netzwerke und Glycosylierung, die gegenwärtig weniger intensiv erforscht werden, nicht übergangen haben. Vermutlich weil ein bis jetzt klares Konzept fehlt, um in großem Umfang Daten

experimentell gewinnen zu können, die wir in unser postgenomisches Gesamtbild einfließen lassen können, wurden diese Gebiete in Zusammenfassungen nach Art der vorliegenden häufig übersehen. Ein Mangel an Daten bedeutet auch, dass die Zuverlässigkeit von vorhersagenden Bioinformatikmethoden schwer beurteilt werden kann – umso mehr ein Grund, das Interesse für diese kommenden Herausforderungen zu schüren. Dass bei dem Workshop die Diskussion sehr unterschiedlicher Themen angestrebt worden war, zeigt sich auch bei der Auswahl der Autoren: zu ihnen gehören Biologen verschiedener Fachrichtungen, Computerwissenschaftler, Mathematiker, Statistiker und andere mehr.

Wie bereits erwähnt, ist dieses Buch nicht für Neulinge auf dem Gebiet konzipiert. Allerdings bieten einige Kapitel eine sehr instruktive Übersicht über das entsprechende Thema; sie richten sich damit an eine breite Leserschaft. Besonders Kapitel 1, in dem A. Reis das positionelle Klonen sehr anschaulich erklärt, gefällt in dieser Beziehung. In Kapitel 2 stellt G. van Heijne gut verständlich die Bedeutung der Membranproteine heraus und gibt einen umfassenden Überblick über die aktuellen, aus der Sequenz abgeleiteten Vorhersagemethoden für Merkmale von integralen Membranproteinen. T. Werner erläutert in Kapitel 4 die Rolle von Genpromotorsequenzen und entsprechende Vorhersagemethoden, während R. Gupta, L. J. Jensen und S. Brunak in Kapitel 13 Überlegungen zur Proteinglycosylierung anstellen. Der Beitrag von J. van Helden, L. Wernisch, D. Gilbert und S. J. Wodak (Kapitel 12) über die Darstellung und Diskussion metabolischer Pfade mithilfe der Graphentheorie unterscheidet sich von den vorgenannten, insofern das Thema sehr eng gefasst und neu ist und sich zudem noch in der Entwicklung befindet. Trotzdem wird versucht, ein breiteres Publikum für dieses Forschungsgebiet zu interessieren. In Kapitel 8 beschreiben L. Brive und R. Abagyan den Einsatz von „protein modeling“ auf unterschiedlichen Stufen der Arzneimittelentwicklung. Anders als die bisher erwähnten Autoren, die über das jeweilige Thema sehr umfassend berichten, stellen sie vor allem eigene Methoden vor und erwäh-

nen kaum die anderer Gruppen. Aber dies ist angesichts des breit gefassten Themas verständlich, und das Kapitel zählt sicherlich zu den leicht zugänglichen Übersichtsartikeln, obgleich der Titel „Computational Structural Proteomics“ etwas verwirrend ist. Bezeichnend für die unterschiedliche Terminologie (oder sind es Missverständnisse?) in den einzelnen Fachdisziplinen, besonders was die Verwendung von Modewörtern betrifft, ist die Tatsache, dass der Begriff „Proteomics“ in den Kapiteln 8–10 nicht weniger als drei unterschiedliche Bedeutungen erhält: Einmal wird er vom klassischen Proteom abgeleitet, das als Gesamtheit der Proteine einer Zelle unter bestimmten Bedingungen definiert ist (Kapitel 9). Dann wird der Begriff in Kapitel 10 ausgeweitet, und zu der Gesamtheit der Proteine wird jedes Protein gezählt, dessen Expression in vitro induziert werden kann (unter Missachtung seines natürlichen subzellulären Standorts und möglicherweise falsch vorhergesagten Genbahnen im Falle von Eukaryoten). In Kapitel 8 schließlich bezeichnet „Proteomics“ die Gesamtheit der vorhergesagten Proteine in einem Genom (a priori, d.h. ohne die experimentelle Bestätigung, dass die infrage kommenden Gensequenzen tatsächlich exprimiert werden). Lediglich die Autoren in Kapitel 9 nehmen sich die Zeit, den Begriff ausführlich zu definieren. Die sich hier bietende Möglichkeit, die präzise Verwendung allgemeiner Fachtermini zu erörtern, wurde leider nicht genutzt.

Andere Kapitel sind Übersichtsartikel über aktuelle Forschungsbereiche. Diese Beiträge sind sehr nützlich für Experten auf dem jeweiligen Gebiet und erfordern fortgeschrittene Kenntnisse und Erfahrung in der Fachsprache. Der umfassende Beitrag über die neuesten Entwicklungen in der experimentellen Proteomik von M. Gentzel, T. Köcher, W. Wilm (Kapitel 9) ist für Nicht-Bioinformatiker vermutlich eine willkommene Abwechslung, denn er ist der einzige, dessen Thema nicht unter dem Aspekt computergestützter Interpretation oder Vorhersage behandelt wird – solide experimentelle Techniken werden beschrieben. Für Bioinformatiker ist eine detaillierte Beschreibung der Technik, die ihnen die Daten liefert, anhand derer sie ihre Analysen durch-

führen, von erheblichem Nutzen. Leider werden die stark technikorientierten Ausführungen viele Bioinformatiker vor größere Probleme stellen. In zwei weiteren Kapiteln werden Kombinationen aus experimentellen Erkenntnissen und theoretischen Überlegungen vorgestellt. Das eine, Kapitel 6, ist ein Bericht von N. Friedman und N. Kaminski über aktuelle Methoden zur Informationsgewinnung aus Mikroarray-Studien mit Schwerpunkt auf der Krebsforschung. Das andere, von V. Schächter verfasste Kapitel 10, verbindet einen Übersichtsartikel über die experimentellen Strategien zur Beurteilung, ob zwei Proteine mit einem weiteren wechselwirken oder nicht, mit einer Diskussion von Vorhergesagtemethoden.

Die übrigen Kapitel des Buchs sind Forschungsberichte, in denen die Autoren ihre eigenen computergestützten theoretischen Methoden vorstellen. In einigen Fällen scheinen die Techniken gut ausgearbeitet zu sein, und auch ein Nachweis der Wirksamkeit ist aufgeführt, in anderen Fällen werden interessante Vorschläge und Ideen für die Zukunft unterbreitet und erörtert. Leser, die auf diesem Gebiet Neulinge sind, müssen sich bewusst sein, dass die Erforschung des praktischen Werts und der Anwendbarkeit dieser Methoden erfahrenen Experten überlassen bleibt. Themen wie das Auffinden funktionell verbundener Gene aus der Sequenz (Kapitel 3; G. Kolesov, H.-W. Mewes, D. Frishman) oder aus den Expressionsdaten (Kapitel 5; R. Sharen, R. Elkon, R. Shamir – ein besonders gut strukturiertes Kapitel über die eigene „clustering“-Methode), der Vergleich von Proteinstrukturen (Kapitel 7; R. Taylor) sowie Modellierung ganzer Zellen (Kapitel 11; H. V. Westerhoff, W. M. Getz, H. W. van Verseveld, J.-H. S. Hofmeyr, J. L. Snoep) werden behandelt.

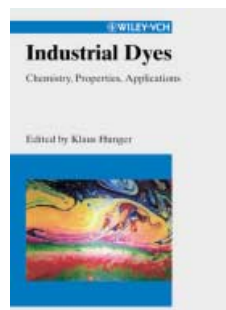
Angesichts eines solch facettenreichen Spektrums von Themen und Autoren wäre dieses Buch sicherlich für einen größeren Leserkreis geeignet, wenn die Herausgeber strengere Vorgaben hinsichtlich der Breite und des Stils der Ausführungen sowie des Ausmaßes der Verwendung von gebietsspezifischer Fachsprache gemacht hätten. Unter diesen Gesichtspunkten fehlt es dieser Beitragssammlung an Zusammenhalt. Zugegeben zeichnet dies wahrscheinlich

ein ziemlich realistisches Bild eines der größten Probleme (neben den wissenschaftlichen) einer effektiven Forschung in Schnittstellenbereichen, nämlich der Kommunikationsschwierigkeiten. Alles in allem jedoch werden die in diesem vielschichtigen Forschungsgebiet erfahrenen Leser die Kapitel als individuelle Beiträge zu schätzen wissen und sie, wie auch ich, mit Freude lesen.

Dietlind L. Gerloff

Institute of Cell & Molecular Biology
University of Edinburgh (Großbritannien)

Industrial Dyes



Chemistry,
Properties,
Applications.
Herausgegeben
von Klaus Hunger.
Wiley-VCH, Wein-
heim 2003. 660
S., geb. 199.00
€.—ISBN 3-527-
30426-6

Größere Zusammenfassungen über Farbstoffe, die industriell von Interesse sind, finden sich relativ selten. Nur im „Ullmann“ erhält man unter verschiedenen Stichwörtern Zugang zu wichtigen Farbstoffklassen. Es ist deshalb sehr begrüßenswert, dass jetzt eine Monographie über technisch relevante Farbstoffe erschienen ist, die es sich zum Ziel gesetzt hat, einen aktuellen Überblick zu geben und den Einstieg in die oft unübersichtliche Patentliteratur zu ermöglichen. Klaus Hunger, als Mitautor der *Industrial Organic Pigments* bestens bekannt, hat zusammen mit 18 Coautoren, vorwiegend Farbstoffchemikern aus der Industrie, den Versuch unternommen den derzeitigen Stand der Farbstoffchemie aus industrieller Sicht darzustellen.

Herausgekommen ist ein umfangreiches Buch mit 660 Seiten, das in acht Kapitel gegliedert ist. Nach einem kurzen Überblick, in dem die Farbstoffklassifizierung, die wirtschaftliche Bedeutung (hier hätte man sich aktuellere Zahlen gewünscht) und Aspekte

der Produktion (leider zu kurz, zu allgemein) behandelt werden, stellt ein Autorenteam im 2. Kapitel auf ca. 100 Seiten die wichtigsten Chromophortypen vor. Ein überaus sinnvolles Vorgehen, weil sich auf diese Weise die riesige Vielfalt der kommerziell interessanten Farbstoffe auf eine begrenzte Anzahl von Grundchromophoren zurückführen lässt. Allerdings ist dies den einzelnen Autoren unterschiedlich gut gelungen. In manchen Beiträgen wird die Vielfalt einfach abgebildet, und dem Leser werden zu viele Details präsentiert. Manchmal erscheint auch die Einteilung der Chromophore rätselhaft. Kationische Farbstoffchromophore und Aryl-methanfarbstoffe werden als zwei unterschiedliche Chromophorklassen behandelt: Da sind Überschneidungen natürlich programmiert.

Im 3. Kapitel werden, gegliedert nach Anwendungen, die wichtigsten Farbstoffklassen wie Reaktiv-, Dispersions-, Säure-, Direkt- oder Schwefelfarbstoffe vorgestellt. Bei jedem Farbstofftyp findet man die relevante Chemie einschließlich der Syntheserouten und, sehr hilfreich, eine Liste der wichtigsten kommerziellen Farbstoffe mit Struktur und CI-Nummer. Auf diese Weise findet sich der Leser rasch zurecht und kann sich über die Handelsfarbstoffe in den einzelnen Anwendungsfeldern informieren. Leider wurde diese Einteilung nicht konsequent durchgehalten. Neben den anwendungsbezogenen Farbstoffklassen finden sich im selben Kapitel Beiträge, die sich auf Chromophore beziehen, z. B. über Anthrachinon-, Metallkomplex- oder Naphthochinonfarbstoffe. Dadurch kommt es zu unnötigen Wiederholungen. Anthrachinoide Dispersionsfarbstoffe werden z. B. gleich zweimal abgehandelt. Küpenfarbstoffe werden nicht in einem separaten Beitrag, sondern bei den anthrachinoiden Farbstoffen beschrieben. Die Anwendungstechnik von Textilfarbstoffen wird in einem eigenen Kapitel diskutiert, womit die Bereiche Chemie und Anwendung auseinandergerissen werden. Dies hat zur Folge, dass Zusammenhänge zwischen Farbstoffstrukturen und anwendungstechnischen Eigenschaften nicht deutlich genug herausgearbeitet werden können. Beispielsweise wird der Einfluss von Strukturva-