

Systeme der Kohlenhydratverwertung von Bakterien

Von Kurt Wallenfels^[*]

Die Verwertung von Kohlenhydraten des Nährmediums als Kohlenstoffquelle für das Wachstum von Bakterien ist genabhängig reguliert. Es bestehen Regelkreise, durch welche aktiver Transport, d. h. Anreicherung entgegen dem Konzentrationsgefälle, Chemotaxis sowie die primäre Umwandlung in metabolisierbare Monosaccharide oder deren Derivate autokatalytisch verstärkt werden, je nachdem, welches stoffliche Signal vom Nährmedium ausgeht. Bestuntersuchtes Beispiel ist das Lac-System von *E. coli*, das die Verwertung von natürlichen β -Galactosiden – Lactose oder 2-R- β -Galactosylglycerin – optimiert.

Galactosylglycerin wirkt auf *E. coli* chemotaktisch und wird unabhängig vom Lac-Operon in die Zelle transportiert, wo es durch Wechselwirkung mit dem Lac-Repressor das Lac-Operon induziert, so daß die Synthese der von diesem abhängigen Proteine 10^3 - bis 10^4 -fach verstärkt wird. – Lactose muß erst durch die Basalaktivität der β -Galactosidase in Allolactose (6- β -Galactosylglucose) umgewandelt werden, welche den Induktor bildet. Lactose wird dann von der vom Lac-Operon abhängigen Lac-Permease transportiert.

Der Regelkreis kann durch Mutation in einem der Gene, welche die Bildung des Repressors, der Lac-Permease, der β -Galactosidase oder der Galactosylglycerin-Permease codieren, „aufgeschnitten“ werden, so daß sich das Wachstumsverhalten der Kultur ändert (Arbeiten mit *B. Müller-Hill* und *W. Boos*).

[*] Prof. Dr. K. Wallenfels
Lehrstuhl Biochemie, Chemisches Laboratorium der Universität
78 Freiburg, Albertstraße 21

Bei *Aerobacter aerogenes* ist die Verwertung von Hochmolekularen wie Stärke oder Pullulan von einem Enzym (Pullulanase) abhängig, das die 1,6-Bindungen in diesen Substraten hydrolysiert. Dieses Enzym ist an der Außenseite der Zellhülle lokalisiert und dient der Bildung von α -1,4-verknüpften Maltosacchariden, welche – vermutlich aktiv – in die Zelle aufgenommen werden. Ihre Umwandlung in metabolisierbare Monomere erfolgt durch Phosphorolyse oder Hydrolyse. Die *Aerobacter*-Phosphorylase wurde als einheitliches Protein isoliert und nach Molekulargewicht, pH-Optimum, Aminosäurezusammensetzung und Pyridoxalphosphatgehalt als eng verwandt mit Phosphorylase der Eukaryonten gefunden. Die Bakterienphosphorylase baut auch das Reservepolysaccharid der Bakterien (*Aerobacter*-Glykogen) ab, während sie Säugerglykogen kaum verändert. Die Hydrolyse der Malto-oligo- und -polysaccharide sowie der 1,6-Verzweigungen von Grenzdextrinen des Bakterienglykogens wird von zwei Amylasen sowie einer 1,4- und 1,6-spezifischen Glucosidase bewerkstelligt, die durch den Kunstgriff der „Substratverfremdung“ getrennt werden konnten. Die beiden Amylasen lassen sich unterscheiden, indem die eine Fraktion (230000 Dalton) *o*-Nitro- α -phenylglucosid, die andere (35000 Dalton) *o*-Nitrophenyl- α -maltosid spaltet, während das dritte Enzym (86000 Dalton) Maltose, Isomaltose, Saccharose, Maltotriose und vermutlich andere α -Glucosyloligosaccharide des Amylopektin- und Pullulanabbaus als Substrate annimmt. Das Regulationssystem für die bakterielle Verwertung von Stärke und ähnlichen Polysacchariden als Kohlenstoffquelle des äußeren Mediums oder der inneren Reserve ist entsprechend der größeren Zahl der beteiligten Enzyme sicher wesentlich komplexer als das Lac-System (Arbeiten mit *H. Bender*, *P. Földi*, *G. Kurz*, *D. Linder*).

[Kolloquium im Biochemischen Institut der Universität Kiel, am 19. Dezember 1974] [VB 380]

RUNDSCHAU

Reviews

Referate ausgewählter Fortschrittsberichte und Übersichtsartikel

Umwandlungen der Ribosomenstruktur erörtert *A. S. Spirin*. Die Dissoziation des Ribosoms in zwei ungleiche Teile erwies sich als allgemeines Bauprinzip und scheint für die ungestörte Funktion wesentlich zu sein. An den beiden Bruchstücken wurden Teilfunktionen des Ribosoms untersucht. Die Auffaltung bei niedriger Magnesiumionenkonzentration, die zur Erniedrigung des Sedimentationskoeffizienten und zur Erhöhung der Viskosität führt, ermöglichten das Studium der Anordnung der ribosomalen Proteine und ihrer Beziehung zur ribosomalen RNA. Der reversible Zerfall von ribosomalen Partikeln bei hohen Alkalimetallchloridkonzentrationen erlaubte die selektive Abspaltung bestimmter Proteine. Aus den Spaltstücken ließen sich durch spontane Reassoziierung Teilribosomen aufbauen. [Structural Transformations of Ribosomes (Dissocia-

tion, Unfolding and Disassembly). *FEBS Lett.* 40, S38–S47 (1974); 183 Zitate]

[Rd 757 –R]

Schwingungsstrukturen in Elektronenspektren von Koordinationsverbindungen behandelt eine Übersicht von *C. D. Flint*. Wenn solche Schwingungsstrukturen beobachtet werden, dann kann man wegen anderer Auswahlregeln Schwingungsfrequenzen erhalten, die im IR- und Ramanspektrum nicht beobachtbar sind. Damit wird die Normalkoordinatenanalyse der betreffenden Komplexe vereinfacht, da zur Beschreibung des Kraftfeldes weniger Näherungen eingeführt werden müssen. [Vibronic Spectra of Coordination Compounds. *Coord. Chem. Rev.* 14, 47–66 (1974); 45 Zitate]

[Rd 760 –H]

Über die Biochemie von Hypoglycin berichtet *K. L. Manchester*. Diese Aminosäure (β -(Methylenecyclopropyl)alanin), die in den Früchten einiger Pflanzen vorkommt, ist toxisch und führt in geringen Dosen zum Erbrechen, in höheren über eine Hypoglykämie schließlich zum Tode. Es werden Herstellung, Reinigung und chemische Reaktionen der Aminosäure beschrieben. Die Wirkung auf den Stoffwechsel besteht in der Hemmung