



Die Phosphorylation-Site-Datenbank – ein wertvolles Werkzeug für Biologen und Biochemiker?

„Knowledge Management“ ist eines der am häufigsten bemühten Schlagworte in Wissenschaft und Wirtschaft. Es ist daher erfreulich im WWW auf Seiten zu stoßen, deren Ursprung offensichtlich der Wille war, vorhandenes Wissen so aufzubereiten und zugänglich zu machen, dass ein effektives Nutzen dieses Wissens möglich wird. In der modernen Wissensgesellschaft ist es weniger ein Problem Informationen zu bekommen. Schwieriger ist es die richtigen Informationen auszuwählen ohne lange suchen zu müssen oder dabei das Rad neu zu erfinden.

Auf der Einstiegsseite der Phosphorylation Site Database (Abbildung 1) finden sich zunächst einige allgemeine Informationen über den Zweck der Site, die Verfasser, sowie die Prinzipien, nach denen Einträge in die Datenbank aufgenommen werden. Unter der Auflistung der möglichen Suchoptionen findet die eigentliche „Search Page“. Für Anfänger sicherlich interessant sind die Links am Fuß der Seite, z. B. zur Protein Kinase Resource. Die Auswahl der

Suchfelder in der Eingabemaske (Abbildung 2) lässt erkennen, dass die Autoren mit Anfragen verschiedener Nutzergruppen gerechnet haben. Gesucht werden kann nach dem Proteinnamen, dem Namen des entsprechenden Gens, einer Nummer aus anderen Datenbanken (GenBank, SwissProt oder PIR), der Sequenz, an der ein Protein phosphoryliert wird, sowie der phosphorylierten Aminosäure und nach bibliographischen Daten. Sehr sinnvoll und bei ersten Recherchen äußerst hilfreich ist die Hilfe, die mit dem rechts jedes Eingabefeldes platzierten Fragezeichen aufgerufen werden kann.

Die vorgesehene Eingrenzung auf entweder Archaea oder Bacteria ist bei den bisher vorhandenen 79 Einträgen noch nicht von geschwindigkeitsbestimmender Bedeutung. Allerdings ist die spätere Umstrukturierung einer Datenbank bekanntermaßen recht diffizil, sodass diese Voraussicht sinnvoll ist. Ist man bei der Suche fündig geworden, werden die Ergebnisse recht übersichtlich angezeigt. Sehr praktisch sind die eingebauten Links mit denen man (in einem neuen Fenster) direkt auf den entsprechenden Eintrag z. B. in der SwissProt-Datenbank zugreifen kann (und auch auf die Einträge in den anderen genannten Datenbanken). Auch bei der Literaturangabe findet sich ggf. ein Link zur Originalpublikation. Sicher ist der Fokus dieser Site für weite Teile der Scientific Community zu speziell. Mit der fortschreitenden Erkenntnis, wie wichtig Phosphorylierungsprozesse für die Funktion von Organismen ist, ist jedoch damit zu rechnen, dass ein derartig sortierter Datenbestand auf zunehmendes Interesse stoßen wird.

Interessantes förderte das Ausprobieren des Feldes „New Entries Since“ zutage. Leider sind seit März 2001 keine neuen Einträge mehr hinzugekommen.

Da das Resultat einer Datenbankrecherche immer nur so gut sein kann wie der zugrunde liegende Datenbestand, bleibt daher zu hoffen, dass die Autoren die vorhandenen 79 Einträge ergänzen oder durch geeignete Eingabemasken die Erweiterung des Da-

Abbildung 2. Eingabemaske für Recherchen in der Phosphorylation Site Database.

tenbestandes durch Externe ermöglichen. Letztere Möglichkeit könnte dieser sicher interessanten Datenbank etwas mehr Leben einhauchen und den Bekanntheitsgrad steigern.

Das Ziel der Autoren, den Zugang zu Informationen über phosphorylierte Proteine zu vereinfachen, kann als erreicht betrachtet werden. Der gegenwärtige Umfang der Datenbank ist in Anbetracht der enormen Zahl phosphorylierter und phosphorylierender Proteine und Peptide jedoch viel zu gering, um diese Site als ein wichtiges Werkzeug einzustufen. Eine Vergrößerung des Datenbestandes ist geboten, fraglich bleibt, wer diese durchführen soll. Berücksichtigt man die gewaltigen Forschungsanstrengungen auf dem Gebiet der Phosphorylierungen, würde diese Arbeit einer einzelnen Person oder Gruppe bald über den Kopf wachsen. Die Dateneingabe durch verschiedene Forschergruppen ist auch mit Problemen behaftet. Vonnöten wäre ein System wie es bei Proteinstrukturen und deren Hinterlegung in der PDB angewandt wird. Fazit: Eine gute Idee, aber ohne weitere Anstrengungen wird diese Site auch genau das bleiben.

Herbert Waldmann und Lars Kissau
Max-Planck-Institut für molekulare
Physiologie, Dortmund

Für weitere Informationen besuchen Sie:
<http://vigen.biochem.vt.edu/xpd/xpd.htm>
oder nehmen Sie Kontakt auf mit
psite@vt.edu

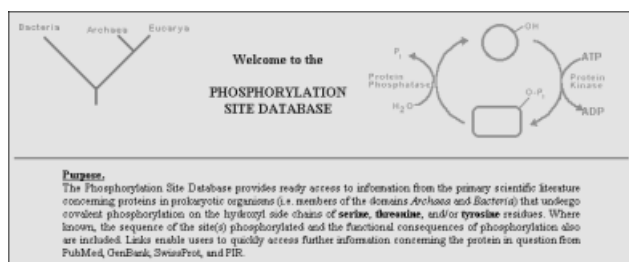


Abbildung 1. Ausschnitt aus der Homepage der Phosphorylation Site Database.