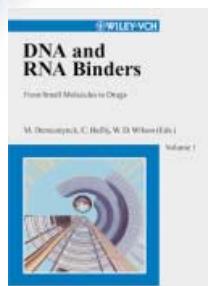


**DNA and RNA Binders**

From Small Molecules to Drugs.
Band 1 + 2.
Herausgegeben von Martine Demeunynck, Christian Bailly und W. David Wilson. Wiley-VCH, Weinheim 2003. 754 S., geb., 349.00 €.— ISBN 3-527-30595-5

Die drei Herausgeber aus Frankreich und den USA haben eine interessante Sammlung von Beiträgen über kleine Moleküle, die an Nucleinsäuren anlaagern und mit ihnen reagieren, zusammengestellt. Die Autoren dieser Beiträge sind 27 Experten, die das facettenreiche Gebiet der Nucleinsäure-Ligand-Wechselwirkungen kompetent beschreiben.

Um es gleich vorwegzunehmen: Die Lektüre dieses zweibändigen Werks hat mir Freude gemacht. Die 25 Kapitel sind voneinander unabhängig und können als eigenständige Aufsätze gelesen werden. Die Qualität der Abbildungen, wie auch das gesamte Layout des Werkes, fällt angenehm auf. Der erste Band beginnt mit einer leserwerten Einleitung, in der die Geschichte dieses Forschungsgebiets dargestellt wird. In den folgenden drei Kapiteln werden Wechselwirkungen von kleinen Molekülen mit RNA beschrieben. Dieser Teil des Buchs enthält einen sorgfältig verfassten Abschnitt über Bleomycin. Hier werden unter anderem beobachtete Zielstrukturen vorgestellt und der Mechanismus der RNA-Spaltung sowie die Bedeutung von RNA-Zielmolekü-

len erörtert. Die Ausführungen über Wechselwirkungen von Nucleinsäuren mit Metallopeptiden und Bis(salicylidene)ethylendiamin-Komplexen in zwei weiteren Kapiteln sind manchmal etwas zu detailliert und für Nichtspezialisten schwer verständlich. Zwei faszinierende Beiträge befassen sich mit der Ladungsübertragung in Nucleinsäuren und dem damit verbundenen elektrochemischen Nachweis von DNA-DNA- und DNA-Protein-Wechselwirkungen. Ein Kapitel ist dem wichtigen Tumorthérapeutikum Cisplatin gewidmet, wobei auch die Auswirkungen der Änderung der chemischen Struktur auf die Bindung an DNA und auf die biologische Wirksamkeit diskutiert werden. Die Verwendung von „abasic site targeting drugs“ als potenzielle Sensitzern in der Krebstherapie und von makrocyclischen Verbindungen wird sehr instruktiv behandelt, d.h. so einfach und detailliert wie nötig. Ein Bericht über Triplex- und Quadruplex-Strukturen sowie spezifische Liganden zur Inhibition der Telomerase schließt Band 1 ab und legt gleichzeitig die Grundlage zum Verständnis der ersten beiden Kapitel von Band 2.

Im ersten Beitrag von Band 2 werden Liganden für G-Quartette vorgestellt, während im zweiten Kapitel eine etwas phänomenologische Beschreibung von Liganden für die Triplexhelix folgt. Die große Klasse der an die kleine Furche bindenden Verbindungen wird in zwei Kapiteln abgehandelt, wobei vor allem Polyamide und dikationische Carbazole sowie deren Analoga im Mittelpunkt des Interesses stehen. Nicht weniger als vier Kapitel sind Wirkstoffen gewidmet, die mit DNA-Topoisomerasen wechselwirken. Der Leser erhält hier aufschlussreiche Informationen über diese potente Antibiotika und Antitumorwirkstoffe. In den restlichen vier Beiträgen werden

**■ Integrative Klinische Chemie und Laboratoriumsmedizin**

Pathophysiologie · Pathobiochemie · Hämatologie

Herausgegeben von Harald Renz

2003. XVI, 688 Seiten. 316 Abb. 238 Tab. Geb. € 49,95 [D] / Fr 80,— / approx. US\$ 55.00 ISBN 3-11-017367-0

Dieses Buch fasst den prüfungsrelevanten Stoff der Laboratoriumsmedizin, Klinischen Chemie und Hämatologie, sowie Pathobiochemie und Pathophysiologie in komprimierter Form zusammen. Es ist somit eine Synthese aus Grundlagenwissen und klinischer Anwendung gelungen, wie sie die neue Approbationsordnung fordert. Die pathophysiologischen und biochemischen Grundlagen der wichtigsten Erkrankungen werden mit ihren Differenzialdiagnosen dargestellt. Dem Leser werden laboratoriumsmedizinische Strategien aufgezeigt, um jeweils moderne Diagnostikkonzepte, Behandlungen und Verlaufskontrollen entwickeln zu können.

Aus dem Inhalt:

Grundlagen der Laboratoriumsmedizin · Molekular-medizinische Methoden · Aminosäuren und Proteine · Kohlenhydratstoffwechsel · Fettstoffwechsel · Elektrolyt- und Wasserstatus · Säure-Basenstatus · Endokrinologie · Hämatologie: Erythrozyten und Leukozyten · Hämostaseologie · Immunsystem · Infektionsdiagnostik · Malignes Wachstum · Gastrointestinaltrakt · Leber und Galle · Kreislauf · Herz · Niere und ableitende Harnwege · Atmung · Knochen, Binde- und Stützgewebe · Mitochondriale Energiestoffwechsel · Nervensystem · Vitamine und Spurenelemente · Therapeutisches Drug-Monitoring · Toxikologie

Bitte bestellen Sie bei Ihrem Buchhändler oder direkt beim Verlag. Preisänderung vorbehalten.



de Gruyter
Berlin · New York

www.deGruyter.de

WALTER DE GRUYTER GMBH & CO. KG ·
Genthiner Straße 13 · 10785 Berlin
Telefon: +49-(0)30-2 60 05-0 · Fax: +49-(0)30-2 60 05-251
E-Mail: wdg-info@deGruyter.de

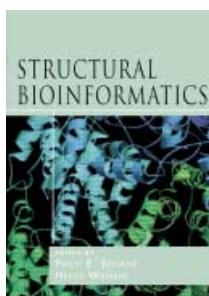
Agentien wie Endiine, Ecteinascidine, Azinomycine und Pyrrolobenzodiazepine behandelt, die an DNA anlagern.

Es war das Ziel der Herausgeber, dem Leser einen Überblick über den derzeitigen Forschungsstand auf dem Gebiet der Nucleinsäure-Wirkstoff-Wechselwirkungen zu geben, wobei die wichtigsten Wirkstoffklassen berücksichtigt werden sollten. Dies ist sehr gut gelungen, obwohl meines Erachtens die Darstellung der Kohlenhydrat-Nucleinsäure-Wechselwirkungen im Besonderen und der Wechselwirkungen mit RNA im Allgemeinen etwas knapp ausgefallen ist. Dennoch ist es den Herausgebern gelungen, eine wertvolle Sammlung interessanter und nützlicher Beiträge zusammenzustellen, die das Gebiet aus verschiedenen Blickwinkeln, einschließlich der Chemie, Biophysik und Pharmakologie, beleuchten. Ich bin glücklich, dieses Werk in meiner Bibliothek zu haben.

Oliver Seitz
Max-Planck-Institut für molekulare
Physiologie
Dortmund

DOI: [10.1002/ange.200385976](https://doi.org/10.1002/ange.200385976)

Structural Bioinformatics



Herausgegeben von Philip E. Bourne und Helge Weissig. John Wiley & Sons, Hoboken 2003. 649 S., Broschur, 165.00 €.—ISBN 0-471-20200-2

Was ist Bioinformatik? Diese im ersten Kapitel des von Philip E. Bourne und Helge Weissig herausgegebenen Multiautorenbuches *Structural Bioinformatics* gestellte Frage ist alles andere als trivial, zumal der Begriff erst um 1987 von Hwa A. Lim in der frankophonen Sprechweise „Bioinformatique“ ins Spiel gebracht wurde. Unter dem Eindruck der „Large-Scale“-Genomsequenzierungsprojekte verstehen viele

Bioinformatiker mittlerweile unter Bioinformatik immer noch gängige Prozeduren wie Sequenzanalyse, -vergleich und -annotation; also all das, was man in der Informatik spöttisch als elementare Zeichenkettenoperationen zusammenfassen könnte. *Structural Bioinformatics* räumt mit diesem Scheuklappenblick auf die Bioinformatik auf. Als eine Sammlung von Übersichtsartikeln über die vielen Facetten der Bioinformatik, die sich mit den 3D-Strukturen biologischer Makromoleküle befassen, richtet es sich vor allem an strukturbiologisch interessierte Biochemiker und Molekularbiologen.

In den Kapiteln 2–7 werden die Grundlagen der Strukturen biologischer Makromoleküle sowie der Methoden zu ihrer Aufklärung vermittelt. Besonders nützlich ist das ausgezeichnete Kapitel über Nucleinsäurestrukturen, das weit über übliche Lehrbuchdarstellungen hinausgeht, in denen nur A-, B- und Z-Helix vorgestellt werden. Leider ist dagegen das Kapitel über die informationstechnischen Aspekte der kristallographischen Strukturanalyse recht schwach, weil es profunde Kenntnisse der Proteinkristallographie voraussetzt, die bei einem solchen Buch nicht erforderlich sein sollten. Die folgenden Kapitel über NMR-Spektroskopie und Elektronenmikroskopie sind weitaus besser gelungen, da die Autoren hier experimentelle Besonderheiten der jeweiligen Methoden für den Laien hervorheben. Nach einigen eher technisch orientierten Kapiteln über Formate und Strukturen der 3D-Strukturinformationen beinhaltenden Datenbanken folgen in der zweiten Hälfte des Buches hervorragende Abschnitte über Strukturvergleiche, Proteinklassifikationen (SCOP, CATH), die Qualitätskontrolle von Proteinstrukturen und Homologiemodellierung. Diese Kapitel machen den eigentlichen Wert dieses Buches aus, da anerkannte Experten zumeist sehr aktuelle, in die Tiefe gehende Übersichten geliefert haben, die durch viele Literaturhinweise bereichert wurden.

Nach der Lektüre dieses Buches kann man sich nicht ganz dem Eindruck entziehen, dass „neue Kleider Leute machen“. Was als „Structural Bioinformatics“ manchmal etwas hochtrabend eine neue Herangehensweise an die Analyse der Proteinstruktur und ihre

Beziehung zur biologischen Funktion suggeriert, war unter Proteinkristallographen und Bio-NMR-Spektroskopikern oft schon Allgemeingut, lange bevor es den Fachausdruck „Bioinformatik“ überhaupt gab. Dennoch ist mir eine Zusammenstellung wie in *Structural Bioinformatics* weder in anderen Bioinformatik-Lehrbüchern noch in strukturbiologischen Kompendien begegnet. Von besonderem aktuellem Interesse wären die bioinformatischen Probleme der Strukturgenomik gewesen, die leider nur kurz im letzten Kapitel gestreift werden. Allerdings fällt es schwer, alle im raschen Umbruch befindlichen Teilgebiete in Buchform aktuell zu erfassen. Was diesem Buch fehlt, um es auch als Lehrbuch einsetzen zu können, ist ein mehr didaktischer Fokus. Algorithmen oder Basiskonzepte fehlen in vielen Kapiteln oder sind nur unzureichend eingeführt. So wird beispielsweise „Threading“, eine Technik zur Erkennung von Proteinfaltungsmotiven und zur Validierung von Modellstrukturen, auf Seite 533 in Form einer Vielzahl von Literaturzitaten eingeführt, ohne dass der unerfahrene Leser die Kernidee dieser Methode, die Entwicklung und Verwendung stark vereinfachter, empirischer Kraftfelder, zuvor vermittelt bekommt. Vorteilhaft für den Nachschlagewert dieses Buches wäre ein gemeinsamer Anhang gewesen, der die besprochene Software, Internetadressen und andere Quellen mit Bezug auf die jeweiligen Kapitel und nach Themengebieten sortiert auflistet.

Dessen ungeachtet gehört dieses sehr gute Buch in das Regal eines jeden strukturbiologisch interessierten Biochemikers oder Bioinformatikers: Ersteren erspart es die Mühe, brandaktuelle Übersichtsartikel über spezielle Gebiete wie Proteinklassifikation, -qualitätskontrolle usw. zusammenzusuchen, während viele Bioinformatiker durch eine Erweiterung ihrer oft auf eindimensionale Sequenzen beschränkten Perspektive auf die fantastische 3D-Welt der Proteine Inspiration finden werden.

Lars-Oliver Essen
Fachbereich Chemie
Universität Marburg