



## BioCyc – Genom und Stoffwechsel

BioCyc ist die systematische Erweiterung eines Konzeptes, das 1992 ins Leben gerufen wurde: EcoCyc. Da die funktionelle und biochemische Charakterisierung von Proteinen der primären Informationsbeschaffung und Annotation durch die modernen Hochdurchsatzmethoden der Sequenzierung und die Bioinformatik naturgemäß hinterherhinkt, wird die Frage nach der Verlässlichkeit der Daten immer wichtiger. Umso erfreulicher ist die Tatsache, dass die Kuratoren dieses Projektes an der grundlegenden Fokussierung auf verlässliche Literaturdaten festgehalten haben. Es mag daher auf den ersten Blick enttäuschend sein, wenn auf eine Stichwortsuche kein entsprechender Eintrag gefunden wird. Doch wie die behutsame Erweiterung von EcoCyc dokumentiert, wird bei dieser Datenbank besonders auf Informationstiefe

und -qualität gesetzt. BioCyc ist letztlich eine übergeordnete Site für EcoCyc, die auf die Implementierung neuer Genome zielt, deren Daten bisher jedoch größtenteils aus Bioinformatik-Quellen stammen und erst im Laufe der Zeit in das Gesamtkonzept hineinwachsen müssen.

Die übersichtliche Eingangsseite (Abbildung 1) hält einen virtuellen Rundgang durch das System, Download-Optionen für die Software, vielfältige Suchoptionen und einige Links bereit, die jedoch praktisch alle mit EcoCyc assoziiert sind. Die Suchoptionen umfassen die übliche BLAST-Suche mit diversen Suchalgorithmen und eine Stichwortsuche, die mit sinnvollen Optionen verfeinert werden kann, z. B. der Suche nach bestimmten Verbindungen, EC-Nummern oder Reaktionen. Eine entsprechende Hilfe ist lediglich für die Suchfunktion und den „ExpressionViewer“ verfügbar, doch sind die meisten Optionen selbsterklärend, sodass die Datenbank auch ohne die virtuelle Einführung sofort genutzt werden kann.

Sehr gut ist der hierarchische Aufbau der Datenbank, mit dem man sich Schritt für Schritt in die Details einarbeiten kann. So bietet die Unterteilung in detaillierte und weniger detaillierte Darstellungsstufen der Stoffwechselwege dem Nutzer die Möglichkeit, die Informationstiefe individuell zu wählen. Die grafische Darstellung der Site könnte jedoch verbessert werden, viele der Informationen sind schwer zu lesen. So wäre es z. B. bei der Darstellung der Genomkarten wünschenswert, dass das entsprechende Gen beim Überfahren der Karte mit dem Mauszeiger nicht nur als kaum sichtbarer Schriftzug am unteren Rand des Fensters erscheint, sondern als eigenes Fenster an der Stelle, an der sich der Mauszeiger befindet.

Nach Aussage der Autoren enthält die Datenbank alle verfügbaren Informationen zum Genom, zu den Stoffwechselwegen und den Regulationsmechanismen in *E. coli*, die vier Mal jährlich auf den neuesten Stand

gebracht werden.<sup>[1]</sup> Zudem werden alle Daten über Operone, Promotoren und Terminatoren sowie Transkriptionsfaktoren und deren Bindestellen abgedeckt. Ferner sind die Interaktionen beispielsweise zwischen Transkriptionsfaktoren und den entsprechenden Liganden über eine Suchfunktion zugänglich. Auf diese Weise lassen sich interzelluläre Wechselwirkungen und Regulationsmechanismen nachvollziehen und Verknüpfungen zwischen Genom, „Proteom“ und „Transkriptom“ herstellen. Ein sinnvolles Werkzeug dafür ist die Darstellung von Expressionsdaten aus Mikroarray-Experimenten, die als konfigurierbare Expressionskarte Vergleiche zwischen verschiedenen Organismen oder die zeit- oder nährstoffabhängige Analyse der Expressionsmuster erlaubt.

Konzeptionell beruht BioCyc auf einer PathwayTools-Software, die von Sun Microsystems unterstützt wird. Die PathwayTools können auch lokal installiert werden, das bietet durch die offene Software-Architektur die Möglichkeit zur Optimierung durch den Benutzer und zur Erweiterung der Datenbank um zusätzliche Genomdaten.

Insgesamt bietet die Website ein wertvolles Werkzeug, um ein tieferes Verständnis für die Regulation intrazellulärer Prozesse zu entwickeln und um neue Stoffwechselwege und ihre Regulationsmechanismen zu evaluieren. Darüber hinaus könnte die Suchfunktion nach Verbindungen und den korrespondierenden Enzymen ein interessantes Werkzeug zur Diversifizierung von Produktspektren der kombinatorischen Biosynthese werden. Diese Werkzeuge sind bislang erst bei *E. coli* voll funktionsfähig, und es bleibt abzuwarten, wie sich die Einbindung weiterer Genome in Zukunft gestalten wird.

Ralf Petri, Claudia Schmidt-Dannert  
University of Minnesota, St. Paul (USA)

[1] P. D. Karp, M. Arnaud, J. Collado-Vides, J. Ingraham, I. T. Paulsen, M. H. Saier, Jr. *ASM News* **2004**, 70, 25.

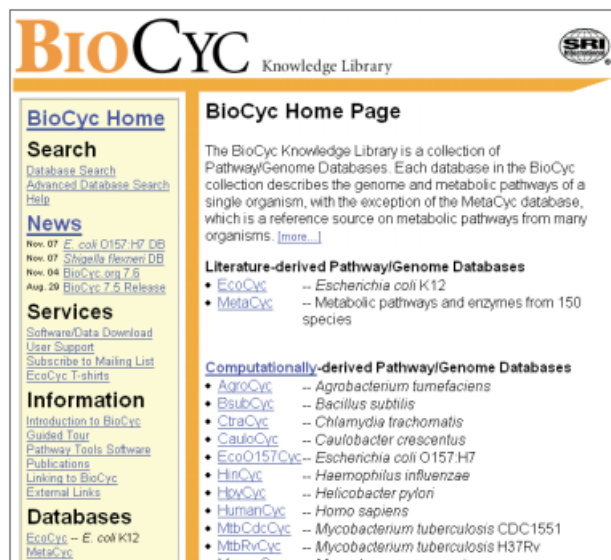


Abbildung 1. Eingangsseite von BioCyc.

Für weitere Informationen besuchen Sie <http://www.biocyc.org/> oder nehmen Sie Kontakt auf mit [biocyc-support@ai.sri.com](mailto:biocyc-support@ai.sri.com)