

gern. Dem Herausgeber ist es gelungen, durchweg führende Fachleute aus den jeweiligen Disziplinen zu gewinnen.

Kapitel 1 behandelt die Synthese und Charakterisierung von klassischen vernetzten Vinylpolymeren, den in organischen Synthesen am häufigsten eingesetzten synthetischen makromolekularen Trägern. Schwerpunkte liegen auf der Beschreibung der Molekülstruktur, der Porosität und der physikalischen und physikochemischen Eigenschaften. Vorgestellt werden außerdem Methoden zur Charakterisierung der Morphologie und moderne Techniken zur Analyse von Reaktionen an polymeren Trägern.

Kapitel 2 gibt einen Überblick über trägergebundene Reagentien und Kollektoren für mehrstufige organische Synthesen, insbesondere von Substanzbibliotheken und Naturstoffen. Gegenstand von Kapitel 3 sind organische Festphasensynthesen, die in den letzten Jahren zu einer wichtigen Methode zur Herstellung von niedermolekularen Verbindungen und Naturstoffen entwickelt wurden. Da die Fixierung an den polymeren Träger ein Schlüsselschritt von Synthesestrategien ist, beschäftigt sich dieser Beitrag zunächst mit unterschiedlichen Typen von Linkern. Anschließend werden Reaktionen an fester Phase vorgestellt, wobei auf einige repräsentative Synthesen von Heterocyclen und Naturstoffen näher eingegangen wird. Biokatalysen an polymeren Trägern werden später in Kapitel 10 beschrieben – hier liegt der Schwerpunkt auf enzymatisch labilen Linkern.

Immobilisierte Katalysatoren und ihre Anwendung in der organischen Synthese sind die Themen in Kapitel 4. Zunächst werden diverse feste Träger, einschließlich anorganischer und löslicher Träger, für die Fixierung von Katalysatoren vorgestellt. Beschrieben werden ausgewählte Festphasenkatalysatoren, vor allem immobilisierte chirale Katalysatoren. Nur sehr knapp oder überhaupt nicht erwähnt werden Systeme wie mikroverkapselte Katalysatoren, in Dendriten verankerte Festphasenkatalysatoren, durch Sol-Gel-Verfahren hergestellte Katalysatoren und organisch-anorganische Hybridkatalysatoren. Umfassenderes zu diesen Themen findet sich in einer Übersicht

von J. A. Gladysz (*Chem. Rev.* **2002**, *102*, 3215). In diesen ersten vier Kapiteln stehen die klassischen polymeren Träger und ihre Verwendung in organischen Synthesen im Mittelpunkt. Grundsätzlich gibt es für solche Materialien in der organischen Synthese zwei Anwendungsmöglichkeiten: als Träger für Reagentien, Kollektoren und Katalysatoren (Kapitel 2 und 4) oder als Träger für die Reaktanten (Kapitel 3).

Die Kapitel 5–13 widmen sich neuen polymeren Trägern, die aus den konventionellen Harzkügelchen hervorgegangen sind. Flüssigphasenverfahren greifen auch heute noch meist auf Reaktionsbedingungen zurück, die in der organischen Chemie gut etabliert sind. So beruht die Produktreinigung häufig auf einer makroskopischen Eigenschaft, z.B. bei Fällungen oder bei der Nanofiltration. Auf die Anwendung solcher Verfahren für lösliche polymergebundene Katalysatoren und Reagentien in organischen Synthesen wird in Kapitel 5 eingegangen. Über die micellare Katalyse unter Verwendung von amphiphilen Blockpolymeren oder sternförmigen Polymeren wird in Kapitel 6 berichtet. Kapitel 7 beschäftigt sich mit dendritischen polymeren Trägern und ihren Hybriden mit Harzen. In erster Linie werden hoch beladene dendritische Polymerstrukturen, ihre Isolierung aus Reaktionsgemischen und ihre Anwendungen in organischen Synthesen und Katalysen diskutiert.

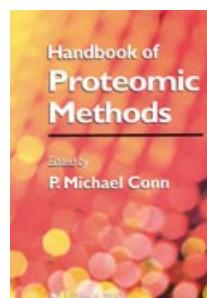
Metathesebasierte Polymere sind Gegenstand der Kapitel 8 und 10, wobei die umfassende Darstellung des Themas beeindruckt. Aktuelle Synthesen von als Träger genutzten Ppropfpolymeren sind das Thema von Kapitel 9. Die Herstellung und die Eigenschaften von definierten Oberflächenschichten, selbstorganisierten Monolagen und Polymerbüsten werden hier eingehend beschrieben. Das knappe, aber informative Kapitel 12 behandelt Techniken zur Analyse und Optimierung von organischen Festphasenreaktionen. Das Buch schließt mit einem Kapitel über polymere Membranen, wobei in erster Linie ihr Einsatz in Bioreaktoren erörtert wird.

Polymeric Materials in Organic Synthesis and Catalysis ist das erste Buch zum Thema Synthese und Charakterisierung von funktionalisierten Polyme-

ren und deren Anwendungen in der organischen Synthese und Katalyse. Was es speziell so wertvoll macht, sind die Kompaktheit der Beiträge und die enorme Zahl an aktuellen Literaturverweisen (bis 2003). Es ist vor allem für Wissenschaftler aus dem Forschungsbereich geeignet, aber auch Neulingen und Studenten der Chemie, Medizin und Biochemie, die sich für Anwendungen funktionalisierter Polymere in der Katalyse, organischen Synthese, kombinatorischen Chemie und Biochemie interessieren, ist es zu empfehlen.

Qing-Hua Fan
Laboratory of Molecular Recognition and Selective Synthesis
Center of Molecular Science
Institute of Chemistry
Chinese Academy of Sciences
Beijing (China)

Handbook of Proteomic Methods



Von P. Michael Conn. Humana Press, Totowa 2003. 510 S., geb., 135.00 \$.—ISBN 1-58829-340-8

Das *Handbook of Proteomic Methods* vermittelt einen Überblick über den aktuellen Stand der Proteomanalytik, wobei alle Themen, die allgemein als wichtig und grundlegend gelten, umfassend behandelt werden. Neben den etablierten Methoden werden vor allem neuere Entwicklungen beschrieben. Ein derartiges Buch ist angesichts des rasch zunehmenden Interesses an der Proteomanalytik sehr willkommen.

Das Buch ist in vier Abschnitte gegliedert, die alle zentralen Themen der Proteomanalytik abdecken: „General Techniques“, „Post-translational Modifications, Variants, and Isoforms“, „Spe-

cific Systems“ und „Data Analysis“. Die Beiträge sind von führenden Experten verfasst und liefern entweder detaillierte Versuchsprotokolle oder beschränken sich auf die Darstellung entscheidender Aspekte mit ausführlichem Verweis auf die Literatur. Zahlreiche Autoren stammen aus dem Bereich Biotechnologie, da viele der in der Proteomanalytik angewandten Techniken hier ihren Ursprung haben. Der Inhalt des Buchs lässt sich anhand des Stichwort- und des Inhaltsverzeichnisses leicht erschließen.

Die ersten 13 Kapitel behandeln allgemeine Techniken und herkömmliche Methoden wie die zweidimensionale Gelektrophorese, aber auch neuere Anfärbetechniken zur quantitativen und qualitativen Visualisierung von Proteinen werden besprochen. Unter anderem wird die häufig praktizierte Kombination unterschiedlicher Techniken ausführlich diskutiert. Die mehrdimensionale Proteinidentifizierung (MudPIT) wird detailliert dargestellt, auch auf Analysestrategien wird eingegangen. Häufige Verfahren zur Proteinidentifizierung sind die Tandem-Massenspektrometrie (MS/MS) von Peptidfragmenten und das Peptidmassen-Fingerprinting, wobei eine Variante dieser Technik, bei der isotopenmarkierte Aminosäuren eingesetzt werden (SILAA), in einem eigenen Kapitel behandelt wird. Die weiterentwickelte Variante SILAC, bei der isotopenmarkierte Aminosäuren in Zellkulturen eingesetzt werden, wird nicht besprochen und sollte in einer eventuellen Zweitaufage berücksichtigt werden.

Die ^{18}O -Markierung ist eine äußerst nützliche Technik für quantitative Studien, besonders angesichts des aktuellen Trends zur Identifizierung von Strukturen mit Biomarkern. Stewart et al. berichten in diesem Zusammenhang umfassend über Anwendungen von ^{18}O -Markierungen, wobei auch die Interpretation kinetischer Daten diskutiert und die Effizienz von Markierungen beurteilt werden. Zwar wird jedes Verfahren schematisch dargestellt, eine detailliertere Betrachtung einschließlich einer genauen Beschreibung posttranskriptionaler Modifikationen und diagnostischer Ansätze wäre in Anbetracht des komplexen Themas aber hilfreich gewesen. Die Autoren stellen richtigerweise fest,

dass für die Auswertung der riesigen Datenmengen entsprechende Software notwendig ist und verweisen auf einen Tagungsband und eine Website, die allerdings kaum von Nutzen sind.

Ein Beitrag über die Modifizierung von Chip-Oberflächen zur Isolierung und Identifikation von Proteinen befasst sich in erster Linie mit der SELDI-ProteinChip-Technologie. Weitere Beiträge beschäftigen sich mit Strategien zur Chip-basierten Antikörperisolierung und mit Aspekten der In-silico-Proteomik. Vorgestellt werden aussagekräftige Freie-Energie-Modelle zur Beschreibung von Protein-Protein-Wechselwirkungen am Beispiel von Ligand-Rezeptor-Komplexen.

Informationen über Typ und Position posttranskriptionaler Modifikationen in Proteinen und Peptiden sind entscheidende Faktoren bei der Untersuchung biologischer Funktionen. Allerdings bereitet die Instabilität einiger Modifikationen Probleme bei massenspektrometrischen Studien, sodass man an anderen Methoden zur Bestimmung der relevanten Daten sehr interessiert ist. Fünf Kapitel befassen sich mit diesem Thema, das für die Regulierung biologischer Systeme von größter Bedeutung ist. In zwei Beiträgen wird über Glycosylierungen berichtet, wobei die Autoren offenbar voraussetzen, dass der Leser leicht auf experimentelle Protokolle zugreifen kann. Die Analytik von Proteinmodifikationen, z.B. durch Ubiquitinierung und Glycosylierung, sowie die Interpretation von Massenspektren werden nicht in dem erwarteten Protokollartigen Format behandelt. Der Schwerpunkt dieser Beiträge liegt vielmehr auf der Voraussage der Zusammensetzung von Glycosylierungsprodukten. Die Größe der Kohlenhydratgruppen und die Mikroheterogenität in Proteinen und Peptiden machen die Identifizierung und Analytik von Glycosylierungsprodukten zu einer schwierigen Aufgabe. Aktuelle Ansätze beruhen auf dem Einsatz von Glycanasen und hochempfindlichen Analysetechniken, sodass man diesen Techniken durchaus ein Kapitel hätte widmen können.

Ein weiteres Kapitel beschäftigt sich mit der Identifizierung und Charakterisierung des Phosphoproteoms. Dieser Beitrag beschränkt sich auf die Diskussion neuerer Techniken zur Anreiche-

rung von Phosphopeptiden, nämlich der Affinitätschromatographie mit immobilisierten Metall-Ionen (IMAC) und der zweidimensionalen Trennung mit anschließender Kapillarelektrophorese (CE). Klassische Trennverfahren wie die Ionenaustauschchromatographie werden außerdem in einem Beitrag über Trennungen von Proteinvarianten behandelt. Viele praktische Hinweise finden sich in einem Beitrag über computergestützte Strategien zur Charakterisierung von Proteinisoformen, allerdings wäre dieses Kapitel besser im Abschnitt über Datenanalyse untergebracht. In diesem Buchabschnitt ist der Mangel an Protokollen zur Durchführung von Versuchen besonders auffällig.

Im zehn Kapitel umfassenden dritten Abschnitt werden spezielle Systeme, vom Tiermodell bis zu klinisch relevanten Modellen, vorgestellt, wobei angesichts der Datenfülle nur wenige, aber gut ausgewählte Beispiele behandelt werden. Ein Beitrag befasst sich mit der alleinigen Anwendung der Positronen-Emissions-Tomographie (PET) von Protein-Protein-Wechselwirkungen, anzumerken wäre aber, dass auch die Kopplung von bildgebenden Verfahren mit massenspektrometrischen Methoden hätte diskutiert werden sollen. Die Imaging-Massenspektrometrie findet eine verbreitete Anwendung in der klinischen Forschung und in der Diagnostik, allerdings konzentriert sich das Kapitel über Strategien in der klinischen Diagnostik zu sehr auf die Anwendung der ProteinChip-Technologie. Die fehlende Diskussion anderer wichtiger Methoden hinterlässt hier eine Lücke. In der diagnostischen Proteomanalytik werden große Anstrengungen unternommen, um für klinische Studien intaktes Gewebe für die Analyse mit Biomarkern zu erhalten. Eine entsprechende Methode zur Untersuchung von Gewebeproben mit sehr guten Prognoseeigenschaften – die bildgebende matrixunterstützte Laserdesorptions-Ionisations-Massenspektrometrie – wird leider nicht erwähnt.

In den letzten sechs Kapiteln werden Fragen der Datenanalyse behandelt. Der Bereich der Bioinformatik ist, gemessen an den Fortschritten in anderen Bereichen der Proteomanalyse, weniger gut entwickelt, aber dennoch enorm wichtig für die Proteomforschung.

Es ist eine echte Herausforderung, ein umfassendes Handbuch über ein Forschungsgebiet zu verfassen, das derart rasche Fortschritte verzeichnet wie die Proteomanalytik. Zu bemängeln wäre, dass zu häufig auf die Literatur verwiesen wird, statt ausführliche expe-

rimentelle Vorschriften zu geben. Zur Einführung in die Thematik ist das Buch nicht geeignet, vielmehr richtet es sich an Wissenschaftler, die bereits über grundlegende Kenntnisse massenspektrometrischer Methoden und von

Proteinreinigungstechniken in der Proteomanalytik verfügen.

Evelyn W. Wang, Matthew S. Bogyo
Stanford University School of Medicine
Stanford, CA (USA)

