

Originalarbeiten

Untersuchungen zum mikrobiellen Purinabbau

B.M. Grohs und B. Kunz

Institut für Lebensmitteltechnologie, Universität Bonn

Study on microbial purine degradation

Zusammenfassung: 27 Mikroorganismen wurden auf ihre Fähigkeit zum Abbau extrazellulärer Purine als alleinige Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequellen untersucht. Dieser Test umfaßte neben den freien Purinbasen Adenin, Guanin, Xanthin, Hypoxanthin und Urat deren Verbindungen 5'-AMP, 5'-GMP, 5'-XMP und 5'-IMP sowie DNA und RNA. Allgemein betrachtet war nur eine begrenzte Zahl von Mikroorganismen zur Metabolisierung der genannten Substanzen befähigt. Im Vergleich mit den übrigen Spezies wies *Paracoccus denitrificans* das größte Substratspektrum auf, das sowohl die freien Basen als auch die Mononukleotide umfaßte. Die Polymere DNA und RNA wurden jedoch nicht abgebaut.

Summary: 27 microorganisms were tested for their ability to degrade extracellular purines as sole sources of carbon, nitrogen, and energy. Beside adenine, guanine, xanthine, hypoxanthine, and urate as free purine bases, this test included 5'-AMP, 5'-GMP, 5'-XMP, and 5'-IMP, as well as DNA and RNA as purine compounds. Generally, only a limited number of microbial species was capable of metabolizing the substances named above. Compared to the other species, *Paracoccus denitrificans* showed the greatest substrate spectrum, including the free bases as well as the mononucleotides. However, the polymers DNA and RNA were not degraded.

Schlüsselwörter: Gicht – Nahrung – Purinabbau – Mikroorganismen

Key words: Gout – nutrition – purine degradation – microorganisms

Einleitung

Viele Nahrungsmittel enthalten natürlich vorkommende Substanzen, die bei Überschreiten bestimmter Konzentrationen den menschlichen Organismus schädigen können. Während die schädigende Eigenschaft einiger Stoffe (z.B. die der Gifte) in deren chemischer Struktur begründet ist (1, 2), hängt der Effekt anderer von bestimmten Vorbedingungen ab. Zu der letztgenannten Stoffen gehören die Purine und deren Verbindungen, da Urat als Endprodukt des menschlichen Purinstoffwechsels Gicht auslösen kann (2).

Gicht wird sowohl aufgrund erblicher Stoffwechselstörungen als auch aufgrund von Krankheit hervorgerufen (5). In diesen Fällen führen die verstärkte Produktion oder re-

Abbreviation Index:

5'-AMP:	5'-Adenosinmonophosphat
5'-GMP:	5'-Guanosinmonophosphat
5'-XMP:	5'-Xanthosinmonophosphat
5'-IMP:	5'-Inosinmonophosphat
DNA:	Desoxyribonucleinsäure
RNA:	Ribonucleinsäure

duzierte Exkretion von Harnsäure zu deren Akkumulation in Blut und Plasma. Nach Genuß purinreicher Lebensmittel kann die Harnsäurekonzentration einen alters- und geschlechtsspezifischen Grenzwert überschreiten und Natriumurat aufgrund seiner geringen Wasserlöslichkeit in Form von Kristallen ausfallen. Diese Kristalle rufen Entzündungen hervor, welche sich als akute Gichtanfälle manifestieren. Als Langzeitfolge können chronische Gicht und Gichtniere auftreten (5).

Zur Therapie der Gicht ist neben der Gabe von Medikamenten in jedem Fall die Einhaltung einer purinarmen Diät angezeigt. Bereits an Gicht erkrankte Menschen könnten dieser relativ strengen Behandlung entgehen, indem sie grundsätzlich Kost mit einem geringen Puringehalt zu sich nehmen. Dies schränkt jedoch die Lebensqualität der Kranken ein, da beispielsweise die Gastronomie eine solche Nahrung kaum berücksichtigt. Aus diesem Grunde wäre es wünschenswert, purinreduzierte diätetische Lebensmittel zur Ernährung Gichtkranker zur Verfügung zu haben.

Heute gibt es verschiedene Möglichkeiten, die Konzentration potentiell schädlicher Substanzen in Lebensmitteln zu reduzieren. So wird beispielsweise Nitrat aus Karottensaft mikrobiell durch *Paracoccus denitrificans* entfernt (3). In Analogie hierzu würde der Einsatz von Mikroorganismen eine interessante Möglichkeit zur Reduktion hoher Purinkonzentrationen darstellen.

In dem Kontext der potentiellen Nutzung von Mikroorganismen zur Reduzierung erhöhter Purinkonzentrationen ist deren Stoffwechsel bezüglich der genannten Substanzen von Bedeutung. Es ist bekannt, daß die meisten Mikroorganismen über Enzyme verfügen, die sie zur Metabolisierung von Purinverbindungen befähigen, welche intrazellulär z.B. bei der Zellerneuerung anfallen (7). Diese Eigenschaft bedeutet jedoch nicht, daß sie ebenfalls extrazellulär vorliegende Purine als alleinige Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequelle nutzen. Untersuchungen zu diesem Thema sind nur in geringem Umfang vorhanden und legen in der Regel Ergebnisse bezüglich des Abbaus weniger Purine oder bei Anwesenheit weiterer Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequellen vor (7).

Aufgrund des geringen Umfangs an umfassender Information zum Thema des mikrobiellen Abbaus extrazellulärer Purine ist als Voraussetzung zur potentiellen Nutzung von Mikroorganismen in dem genannten Bereich der Lebensmitteltechnologie zunächst die Frage zu klären, welche Mikroorganismen grundsätzlich zum Abbau von Purinbasen und deren Verbindungen befähigt sind. So wurden in die Untersuchung sowohl ein möglichst breites Mikroorganismen- und Purinspektrum einbezogen als auch die Purine als alleinige Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequelle eingesetzt. Das Spektrum der Mikroorganismen umfaßte neben verschiedenen Bakteriengruppen (z.B. lebensmittelrelevante Bakterien, bodenständige Bakterien, weitere grampositive und -negative Bakterien) auch Hefen und Schimmelpilze. Als Purine wurden die Basen Adenin, Guanin, Xanthin, Hypoxanthin und Urat sowie als deren Verbindungen 5'-AMP, 5'-GMP, 5'-XMP, 5'-IMP, DNA und RNA ausgewählt. Darüber hinaus wurden zur Vermeidung möglicher Inhibitionsphänomene niedrige Purin- und Biomassekonzentrationen eingesetzt. Die Ergebnisse zu der beschriebenen Fragestellung sind in diesem Artikel dargestellt.

Material und Methodik

Mikroorganismen

Die in der Untersuchung verwendeten Mikroorganismen sind in der Tabelle 1 aufgeführt.

Tab. 1. Mikroorganismen

Mikroorganismus	Stamm	
<i>Acinetobacter spec. (Acinetobacter)</i>	LBT	118
<i>Alcaligenes eutrophus (A. eutrophus)</i>	H	16
<i>Amycolata autotrophica (A. autotrophica)</i>	DSM	43042
<i>Bacillus subtilis (B. subtilis)</i>	DSM	1970
<i>Brevibacterium linens (B. linens)</i>	DSM	20158
<i>Candida utilis (C. utilis)</i>	DSM	2361
<i>Comamonas acidovorans (C. acidovorans)</i>	DSM	1621
<i>Corynebacterium bovis (C. bovis)</i>	DSM	20582
<i>Enterococcus durans (E. durans)</i>	DSM	20633
<i>Escherichia coli (E. coli)</i>	K	12
<i>Fusarium moniliforme (F. moniliforme)</i>	LBT	201
<i>Lactococcus lactis subsp. lactis (L. lactis)</i>	DSM	20250
<i>Lactococcus lactis subsp. diacetylactis (L. diacetylactis)</i>	WS	1686
<i>Lactobacillus curvatus (L. curvatus)</i>	LBT	110
<i>Micrococcus varians (M. varians)</i>	LBT	111
<i>Paracoccus denitrificans (P. denitrificans)</i>	LBT	114
<i>Pediococcus pentosaceus (P. pentosaceus)</i>	LBT	112
<i>Penicillium chrysogenum (P. chrysogenum)</i>	LBT	202
<i>Pseudomonas putida (P. putida)</i>	LBT	115
<i>Pseudomonas putida (P. putida)</i>	LBT	116
<i>Pseudomonas putida (P. putida)</i>	LBT	117
<i>Saccharomyces cerevisiae (S. cerevisiae)</i>	LBT	200
<i>Staphylococcus carnosus (S. carnosus)</i>	LBT	113
<i>Species isolated from garden soil</i>	LBT	P 1
<i>Species isolated from garden soil</i>	LBT	P 2
<i>Species isolated from garden soil</i>	LBT	P 7
<i>Species isolated from garden soil</i>	LBT	P 8

IFMG: Institut für Mikrobiologie, Göttingen

DSM : Deutsche Sammlung für Mikroorganismen, Braunschweig

LBT : Institut für Lebensmitteltechnologie, Bonn

IFMB: Institut für Mikrobiologie und Biotechnologie, Bonn

WS: Bakteriologisches Institut, TU München, Weihenstephan

Medien

Die folgenden Medien wurden unter Zugabe von 20 g Agar zur Kultivierung der Mikroorganismen eingesetzt:

Medium 1

5 g Hefeextrakt, 5 g Trypton, 5 g Hirn-Herz-Infusion, 5 g Malzextrakt, 5 g Glucosemonohydrat, 1 000 ml Aqua dest.

Medium 2

10 g Fleischextrakt, 10 g Trypton, 10 g Pepton, 1 g Hefeextrakt, 1 g Glucosemonohydrat, 1 000 ml Aqua dest.

MRS-Bouillon (de Man, Rogosa, Sharpe)

50 g MRS-Bouillon, 1 000 ml Aqua dest.

Nutrient Broth (modifiziert)

5 g Pepton, 3 g Fleischextrakt, 5 g Casaminoacids, 1 g Hefeextrakt, 1 ml Tween 80, 1 000 ml Aqua dest.

Zur Anreicherung purinverwertender Bakterien sowie zu allen weiteren Untersuchungen wurde folgendes Medium eingesetzt:

Medium 3

1,6 g di-Kaliumhydrogenphosphat, 0,4 g Kaliumdihydrogenphosphat, 0,5 g Magnesiumsulfatheptahydrat, 0,05 g Calciumchlorid, 0,01 g Eisen(II)-sulfatheptahydrat, 1 000 ml Aqua dest.

Das Medium wurde mit den entsprechenden Purinkonzentrationen supplementiert.

Chemikalien und Lösungen

a) *Purine*: Die Purinbasen sowie die 5'-Mononukleotide wurden als 100x Stammlösung mit einer Konzentration von 25 mM in 0,1 N Natriumhydroxid gelöst. Im Falle von DNA und RNA betrug bei gleicher Aufbereitung die Summe der Purin- und Pyrimidinbasen ungefähr 25 mM. Die Lösungen wurden filtersterilisiert.

b) *Neßlers Reagenz*: 6 g Quecksilberchlorid und 7,5 g Kaliumiodid wurden in jeweils 50 ml Aqua dest. gelöst und vereinigt. Unter Rühren wurden ungefähr 6,5 g Kaliumiodid zugesetzt, bis daß sich das Präzipitat aus Quecksilberiodid aufgelöst hatte. Nach Zugabe von 20 g Natriumhydroxid wurde die Lösung mit Aqua dest. auf 250 ml aufgefüllt.

c) *Urease Lösung*: 20.000 IU Urease wurden in 40 ml Aqua dest gelöst.

Anzucht der Mikroorganismen

Alle Mikroorganismen wurden auf Agarplatten unter Verwendung der im folgenden genannten Medien, Temperaturen und Inkubationszeiten angezogen:

Medium 1, 30°C, 2 Tage:

Acinetobacter, *A. eutrophus*, *B. subtilis*, *B. linens*, *C. utilis*, *C. acidovorans*, *E. coli*, *M. varians*, *P. denitrificans*, *P. pentosaceus*, *P. putida* 115, *P. putida* 116, *P. putida* 117, *S. cerevisiae*, *S. carnosus*, P1, P2, P7, P8

Medium 1, 30°C, 4 Tage:

A. autotrophica, *E. durans*, *F. moniliforme*, *L. lactis*, *L. diacetylactis*, *P. chrysogenum*

MRS, 30°C, 4 Tage:

L. curvatus

Nutrient Broth, 30°C, 2 Tage:

C. bovis

Nach der Anzucht wurde etwas Biomasse in 0,9 % Natriumchloridlösung suspendiert. Mit dieser Suspension wurden die Medien 1 % beimpft und für 48 Stunden bei 30 °C auf einem Rotationsschüttler inkubiert.

Isolierung purinabbauender Mikroorganismen aus Gartenerde

Zur Anreicherung purinverwertender Mikroorganismen wurde das Medium 3 mit 25 mM Adenin bzw. Guanin als alleinige Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequelle supplementiert. Die Basen wurden ohne vorhergehende Lösung in Natriumhydroxid zugesetzt, der pH-Wert auf 7 eingestellt und die Suspensionen autoklaviert. 50 ml Medium wurde mit 10 ml 5 g Gartenerde enthaltender 0,9 % Natriumchloridlösung versetzt. Ein Teil der Gartenerde wurde vor Benutzung pasteurisiert. Alle Erdsuspensionen wurden bei 30 °C für 48 Stunden auf einem Rotationsschüttler inkubiert. Sodann wurde

frisches Medium mit 5 ml Mikroorganismensuspension inokuliert und inkubiert. Der letztgenannte Schritt wurde wiederholt. Nach der Anreicherung wurden die Mikroorganismen durch Ausplattieren auf Agrarplatten mit Medium 1 und 2 während mehrerer Passagen isoliert. Unter dem Aspekt der Koloniemorphologie wurden acht Bakterienstämme für die weiteren Untersuchungen ausgewählt. Aus diesen wurden drei Stämme als *P. putida*, Biotyp A, bzw. ein Stamm als *Acinetobacter spec.* identifiziert.

Bestimmung von Ammoniak und Harnstoff

Zur qualitativen Bestimmung der Ammoniak- und Harnstoffproduktion der Mikroorganismenkulturen wurde zunächst die Biomasse durch Zentrifugation abgetrennt (Biofuge A, Heraeus Sepatech, 14.000 UPM, 5 min, 20°C). Sodann wurden zur Analyse des Ammoniaks 200 µl Kulturlösung mit 800 µl Aqua dest. und 100 µl Neßlers Reagenz versetzt und vermischt. Nach 10minütiger Inkubation bei 20°C wurde die Extinktion bei einer Wellenlänge von 420 nm abgelesen (Novaspec II, Pharmacia). Zur Analyse des Harnstoffs wurde vor Zugabe von Neßlers Reagenz 10 µl Ureaselösung zur Freisetzung des gebundenen Ammoniaks zugesetzt und 10 min bei 20°C inkubiert. Alle Probenextinktionen wurden mit denen von Standards verglichen, welche entweder kein Purin und/oder keinen Mikroorganismus enthielten. Sodann wurde die von den Mikroorganismen gebildete Ammoniak- und Harnstoffkonzentration qualitativ beurteilt und als „freigesetztes Ammoniak“ angegeben.

Ergebnisse und Diskussion

In den Tabellen 2 und 3 sind die Ergebnisse bezüglich des mikrobiellen Abbaus extrazellulärer Purine als alleinige Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequellen dargestellt. In dem vorliegenden Versuch wurden Basen- und Mononukleotidkonzentrationen von 250 µM eingesetzt sowie DNA- und RNA-Konzentrationen, deren Purin- und Pyrimidinkonzentration summarisch ungefähr 250 µM entsprach. Die Stärke des Purinabbaus wurde qualitativ anhand des freigesetzten Ammoniaks und Harnstoffs bewertet, da diese die Endprodukte des mikrobiellen Purinabbaus darstellen.

Bei allgemeiner Betrachtung fällt auf, daß generell nur eine begrenzte Zahl von Mikroorganismen zur Verwertung extrazellulärer Purine als alleinige Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequelle befähigt war.

So bauten ausschließlich acht Mikroorganismenstämme alle freien Purinbasen ab, während die übrigen Stämme nur eine oder wenige dieser Substanzen verwerteten. Da die meisten Mikroorganismen über die Enzyme zum intrazellulären Purinmetabolismus verfügen (7) und daher zur Verstoffwechselung der Purinbasen in der Lage sein sollten, kann die Theorie aufgestellt werden, daß diese entweder die genannten Stoffe nicht als alleinige Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequelle verwerten können oder nicht über die Carrier zu deren Aufnahme verfügen. Im Falle der Milchsäurebakterien und der übrigen lebensmittelrelevanten Bakterien ist der erstgenannte Grund mit großer Wahrscheinlichkeit die Ursache für das fehlende Vermögen zur Purinverwertung, da diese Mikroorganismen aufgrund ihres beschränkten Stoffwechsels auf Komplexmedien angewiesen sind (6). Im Gegensatz hierzu könnten beide angegebenen Gründe die Ursache für das Fehlen des Purinabbaus bei den Hefen, Schimmelpilzen und der meisten grampositiven Bakterien (mit der Ausnahme von *A. autotrophica*) sein.

In diesem Zusammenhang ist eine weitere Besonderheit auffällig. Unter den acht Mikroorganismenstämmen, die alle freien Purinbasen nutzten, zählen sieben zu den

gramnegativen bodenständigen Bakterien. Zu diesen gehören *P. denitrificans*, *P. acidovorans*, *A. eutrophus* sowie die drei *P. putida*-Stämme und *Acinetobacter*. Für diese Besonderheit könnte es zwei Gründe geben. Zum einen besteht die Möglichkeit, daß diese Bakterien aufgrund des wechselnden Substratangebots in ihrem ursprünglichen Habitat über einen anpassungsfähigeren Stoffwechsel verfügen als die übrigen Mikroorganismen. Andererseits könnten die nach der Lösung in Natriumhydroxid als Salze vorliegenden Purine in den periplasmatischen Spalt aufgenommen, dort konzentriert und in Folge im Vergleich mit den übrigen Mikroorganismen einer vollständigeren Nutzung unterworfen worden sein.

Unter den acht Bakterienstämmen, die zur Verwertung der Purinbasen befähigt waren, baute nur *P. denitrificans* alle 5'-Mononukleotide ab. Dies führt zu der Annahme,

Tab. 2. Abbau der freien Purinbasen durch verschiedene Mikroorganismen ermittelt anhand des freigesetzten Ammoniaks

Mikro- organismus	Purin				
	Adenin	Guanin	Xanthin	Hypoxanthin	Urat
<i>A. autotrophica</i>	+	+	+	+	+
<i>B. subtilis</i>	-	-	-	-	-
<i>B. linens</i>	-	+	-	-	+
<i>C. bovis</i>	-	-	-	-	-
<i>E. durans</i>	-	-	-	-	-
<i>L. curvatus</i>	-	-	-	-	-
<i>L. lactis</i>	-	-	-	-	-
<i>M. varians</i>	-	-	-	-	+
<i>P. pentosaceus</i>	-	-	-	-	-
<i>S. carnosus</i>	-	-	-	-	-
<i>S. diacetylactis</i>	-	-	-	-	-
<i>Acetobacter</i>	+	+	+	+	+
<i>A. eutrophus</i>	+	+	+	+	+
<i>C. acidovorans</i>	+	+	+	+	+
<i>E. coli</i>	-	-	-	-	-
<i>P. denitrificans</i>	+	+	+	+	+
<i>P. putida</i> 115	+	+	+	+	+
<i>P. putida</i> 116	+	+	+	+	+
<i>P. putida</i> 117	+	+	+	+	+
<i>C. utilis</i>	-	-	-	-	-
<i>S. cerevisiae</i>	-	-	-	-	-
<i>F. moniliforme</i>	+	+	-	-	-
<i>P. chrysogenum</i>	-	-	-	-	-
P1	+	-	-	-	-
P2	-	-	-	-	-
P7	-	-	-	-	-
P8	-	-	-	-	-

- : keine bzw. geringe Ammoniakkbildung
 + : deutlich erkennbare Ammoniakkbildung
 ++ : ausgeprägte Ammoniakkbildung
 +++ : sehr starke Ammoniakkbildung

daß die übrigen sieben entweder nicht über die Carrier zur Aufnahme der Mononukleotide verfügen oder die Enzyme Nukleotidase und Nukleosidase nicht als Exoenzym produzieren, welche sie zur extrazellulären Lösung der N-glykosidischen Bindung der Mononukleotide, zur Freisetzung der Purinbasen und folglich zu deren Verwertung befähigen würden.

Neben *P. denitrificans* war nur ein weiterer Stamm zum Abbau einer größeren Zahl von 5'-Mononukleotiden befähigt. Es handelte sich hierbei um den Schimmelpilz *F. moniliforme*. Die übrigen 19 Mikroorganismen verwerteten die Mononukleotide nur in geringem Umfang. Dies ist jedoch mit großer Wahrscheinlichkeit die Folge des geringfügigen Abbaus der Purinbasen, da viele an der Umsetzung der Purinbasen beteiligten Enzyme ebenfalls bei der Verstoffwechselung der Mononukleotide eine Rolle spielen.

Im Gegensatz zu den freien Purinbasen und den 5'-Mononukleotiden wurden DNA

Tab. 3. Abbau der purinhaltigen Verbindungen durch verschiedene Mikroorganismen ermittelt anhand des freigesetzten Ammoniaks

Mikro- organismus	Purinhaltige Substanz					
	AMP	GMP	XMP	IMP	DNA	RNA
<i>A. autotrophica</i>	—	—	—	—	—	—
<i>B. subtilis</i>	—	—	—	—	—	—
<i>B. linens</i>	—	+	—	—	—	—
<i>C. bovis</i>	—	—	—	—	—	—
<i>E. durans</i>	—	—	—	—	—	—
<i>L. curvatus</i>	—	—	—	—	—	—
<i>L. lactis</i>	—	—	—	—	—	—
<i>M. varians</i>	—	—	—	—	—	—
<i>P. pentosaceus</i>	—	—	—	—	—	—
<i>S. carnosus</i>	—	—	—	—	—	—
<i>S. diacetylactis</i>	—	—	—	—	—	—
<i>Acetobacter</i>	—	—	—	—	—	—
<i>A. eutrophus</i>	—	—	—	—	—	—
<i>C. acidovorans</i>	—	—	—	—	—	—
<i>E. coli</i>	+	—	—	—	—	—
<i>P. denitrificans</i>	+	++	++	++	—	—
<i>P. putida 115</i>	—	—	—	—	—	—
<i>P. putida 116</i>	—	—	—	—	—	—
<i>P. putida 117</i>	—	—	—	—	—	—
<i>C. utilis</i>	—	—	—	—	—	—
<i>S. cerevisiae</i>	—	—	—	—	—	—
<i>F. moniliforme</i>	++	++	—	++	+	+
<i>P. chrysogenum</i>	—	—	—	—	—	—
<i>P1</i>	—	—	—	—	—	—
<i>P2</i>	—	—	—	—	—	—
<i>P7</i>	—	—	—	—	—	—
<i>P8</i>	—	—	—	—	—	—

— : keine bzw. geringe Ammoniakkbildung
 + : deutlich erkennbare Ammoniakkbildung
 ++ : ausgeprägte Ammoniakkbildung
 +++ : sehr starke Ammoniakkbildung

und RNA von den Bakterien und Hefen nicht als alleinige Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequellen verwertet. Unter den Schimmelpilzen nutzte nur *F. moniliforme* in geringem Umfang DNA und RNA. Dies legt die Annahme nahe, daß viele Mikroorganismen zwar über die Möglichkeit zum Abbau der Purinmonomere verfügen, nahezu alle Mikroorganismen jedoch im Abbau der Purinpolymere DNA und RNA eingeschränkt sind, da diese weder als Ganzes zur Verstoffwechselung aufgenommen werden können noch entsprechende Enzyme wie DNase, RNase und Nukleotidase und Nukleosidase als Exoenzyme abgegeben werden, die eine Zerlegung der Polymere in solche Bruchstücke ermöglichen, die wiederum von den Mikroorganismen zu nutzen sind.

Betrachtet man die gewonnenen Ergebnisse unter dem Aspekt eines potentiellen Einsatzes von Mikroorganismen zur Reduktion der Purinkonzentration in Lebensmitteln, so zeigt sich, daß unter allen untersuchten Mikroorganismen *P. denitrificans* sich hierfür besonders eignet. Er weist das größte purinische Substratspektrum auf, das sowohl alle Purinbasen als auch die 5'-Mononukleotide umfaßt. Lediglich die Purinpolymere DNA und RNA werden von diesem Bakterium nicht abgebaut. Zwar ist dieser Mikroorganismus bisher bezüglich seines Purinstoffwechsels relativ wenig untersucht (7), aber viele seiner übrigen Stoffwechseleigenschaften (u.a. die Fähigkeiten zur Denitrifikation, Wasserstoffoxidation, Methylophilie und Nutzung verschiedener Verbindungen als Kohlenstoff- und Energiequellen (4)), sind bekannt. Darüber hinaus wurde er bereits im Lebensmittelbereich zur Entfernung von Nitrat aus Karottensaft (3) und bei zur Herstellung fermentierter Wurst mit erniedrigtem Nitritgehalt eingesetzt (3). Auch ergaben sich bei der toxikologischen Untersuchung eines mit *P. denitrificans* DSM 65 behandelten Karottensafts keine negativen Ergebnisse (3). Aufgrund der genannten Aspekte sind somit seitens der Toxikologie kaum Einwände gegen eine Verwendung dieses Bakteriums zur Reduktion des Puringehalts in Lebensmitteln zu erwarten. Jedoch sind bis zum Erreichen dieses Zieles noch weitere Untersuchungen insbesondere bezüglich der Reduktionskinetik, der möglicherweise auftretenden Nebenprodukte sowie des Einflusses der Lebensmittelbestandteile auf den Purinabbau zu ermitteln.

Literatur

1. Davidson S, Passmore R, Brock F, Truswell AS (1979) Human nutrition and dietetics. Churchill Livingstone, Edinburgh London New York
2. Kasper H (1985) Ernährungsmedizin und Diätetik, 5. überarbeitete Auflage. Urban & Schwarzenberg, München Wien Baltimore
3. Kerner M, Mayer-Miebach E, Rathjen A, Schubert H (1988) Verringerung des Nitratgehalts pflanzlicher Lebensmittel – Verfahrenskonzepte bei Verwendung immobilisierter Mikroorganismen. Zeitschrift für Lebensmitteltechnologie und Verfahrenstechnik 7:564–570
4. Krieg NR, Holt GJ (Hrsg) (1984) Bergey's manual of systematic bacteriology, Vol 1. Williams & Wilkins, Baltimore Hong Kong London Sydney
5. Mertz DP (1983) Gicht, Grundlagen, Klinik und Therapie, 4. überarbeitete Auflage. Georg Thieme Verlag, Stuttgart New York
6. Schlegel GH (1985) Allgemeine Mikrobiologie, 6. überarbeitete Auflage. Georg Thieme Verlag, Stuttgart New York
7. Vogels GD, van der Drift C (1976) Degradation of purines and pyrimidines by microorganisms. Bacterial Reviews 40, 2:403–468

Eingegangen 19. Januar 1993
akzeptiert 6. Januar 1994

Für die Verfasser:

Dipl. Biol. Birgit M. Grohs, Institut für Lebensmitteltechnologie, Universität Bonn, Römerstraße 164, 53117 Bonn