

Zusammenfassung

Viele Mikroorganismen sind in der Lage, aromatische Verbindungen als alleinige Kohlenstoff- und Energiequelle zu nutzen. Die Anwendung dieses Abbaupotentials zur Entgiftung von halogenierten aromatischen Verbindungen stellt eine Möglichkeit zur Reinigung von kontaminierten Böden dar. Einige Mikroorganismen sind in der Lage, halogenierte Dibenzofurane und halogenierte Dibenzo-p-dioxine teilweise abzubauen. Dabei hängt die Abbauleistung stark von der Anzahl und vom Substitutionsmuster der Halogene ab. Hochsubstituierte Dibenzofurane und Dibenzo-p-dioxine werden dabei nicht abgebaut. Es ist aber bekannt, dass einige Bakterienstämme mono- und teilweise dihalogenierte Dibenzofurane und Dibenzo-1,4-dioxine abbauen. Es wird deshalb versucht, hochsubstituierte Dibenzofurane und hochsubstituierte Dibenzo-1,4-dioxine auf einem vorgeschalteten elektrolytischen Weg in wenig halogenierte Verbindungen umzuwandeln und erst dann das resultierende Produktgemisch durch Bakterien weiter abzubauen. Dabei sind die Produktgemische nach der Elektrolyse, die Abbauprodukte und Zwischenstufen beim Bakterienabbau wenig untersucht, und die Anreicherung möglicherweise noch giftigerer Substanzen ist nicht ausgeschlossen. Aus diesem Grund sollte der bakterielle Abbau von synthetisierten Modellverbindungen durch Bakterien des Stammes *Sphingomonas* näher untersucht und mögliche Metaboliten und Abbauewege identifiziert werden.

In der vorliegenden Arbeit wurden Modellsubstrate einerseits direkt dem bakteriellen Abbau ausgesetzt, andererseits aber auch Elektrolysate und extrahierte Bodenproben dem bakteriellen Abbau unterzogen. Die vorliegende Arbeit zeigt erstmalig, dass Bakterien des Stammes *Sphingomonas* sp. RW1 in der Lage sind, synthetisch hergestelltes 2,4,8-Trichlordibenzofuran und 2,7-Dichlordibenzofuran teilweise zu dechlorieren und daraus eine Stoffklasse (halogenierte 4H-Chromen-4-one) zu bilden, die sich im Bakterienextrakt anreichert und deren Toxizität und weiterer Metabolismus noch nicht aufgeklärt sind. Diese Arbeit zeigt erstmalig den Abbau eines mit Chlor substituierten Benzol-Ringes des Dibenzofurans. Es wurden weiterhin erstmalig Metabolite vom Abbau eines Trichlordibenzofurans nachgewiesen und identifiziert, was die Leistung von *Sphingomonas* sp. RW1 zum Abbau halogener Aromaten belegt.

Weiterhin wurde versucht, die HPLC/MS als Analysenmethode zur Identifizierung polarer nichtflüchtiger Verbindungen einzusetzen, was aber aufgrund der geringeren Empfindlichkeit als bei GC/MS-Kopplung äußerst schwierig erschien.

Die Identifizierung der in der vorliegenden Arbeit beschriebenen Abbauprodukte basiert auf deren Isolierung und spektroskopischen Charakterisierung und auf Synthese von Vergleichsverbindungen. Für die Strukturaufklärung isolierter Metabolite kommen vor allem massenspektroskopische und NMR-spektroskopische Verfahren zum Einsatz.

Die im Verlauf der vorliegenden Arbeit durchgeführten präparativen Arbeiten umfassen die Synthese von Modellsubstraten und Vergleichssubstanzen zur

Identifizierung von Stoffwechselprodukten. Dabei wurden Synthesewege genutzt, die eine Anreicherung von toxischen Nebenprodukten weitgehend ausschließt, indem die Halogensubstituenten erst im letzten Syntheseschritt eingeführt werden. Als Modellsubstrate wurden neben substituierten Dibenzo-1,4-dioxinen vor allem substituierte Dibenzofurane hergestellt, für die jeweils selektive Synthesewege beschrieben werden. Bei den synthetisierten Vergleichsverbindungen handelt es sich überwiegend um Derivate des 4*H*-Chromen-4-ons und deren Synthesevorstufen.