

Das „Alphabet“ der Aminosäuren ist „optimal und vorgegeben“

Die 20 kanonischen Aminosäuren sind unverzichtbare Bausteine aller Organismen. Die Wahrscheinlichkeit für die Entstehung dieser Kombination von Aminosäuren durch ungerichtete Vorgänge erweist sich als verschwindend gering. Einmal mehr zeigt sich, dass die molekulare Grundausstattung der Lebewesen ein sehr starkes Schöpfungsindiz darstellt. Evolutionstheoretische Spekulationen über ihre Entstehung täuschen darüber nicht hinweg.

Peter Borger & Boris Schmidt Gall

Seit über 20 Jahren wissen wir, dass der genetische Code optimal ist, um schädlichen Auswirkungen von zufälligen Mutationen entgegenzuwirken. Der Code ist so konstruiert, dass zufällige Mutationen in der DNA in der Regel nur geringfügige Auswirkungen auf die Funktion des codierten Proteins haben (FREELAND 2000). Obwohl die Minimierung von Fehlern ein deutliches Zeichen für Voraussicht und damit für intelligentes Design ist, wird diese Konstellation wie üblich ohne nähere Begründung der natürlichen Selektion zugeschrieben. Vor einigen Jahren haben Wissenschaftler anhand von Computersimulationen festgestellt, dass auch der Satz von 20 Aminosäuren, der in allen Lebewesen vorkommt, optimal beschaffen ist (ILARDO 2015; SCHMIDTGALL 2015).

Alles Leben, von Blaualgen über Blauwale bis hin zu Blaumeisen, verwendet einen fast universellen Satz von 20 Aminosäuren zur Konstruktion von Proteinen. Die durch DNA-Triplets codierten Aminosäuren haben jeweils einzigartige Eigenschaften, die über die Faltung der durch sie aufgebauten Proteine bestimmen. Schon lange beschäftigte Wissenschaftler die Frage, wie es zur Bildung des kanonischen Aminosäuresatzes kam. Ausgehend von der evolutiven Weltansicht kann nicht angenommen werden, dass die kanonischen Aminosäuren die einzigen Aminosäuren sind, die in der hypothetischen Uruppe existierten. Es muss gemäß den Prinzipien der Evolutionslehre Tausende Varianten von diesem Molekültyp gegeben haben. Die Variation betrifft dabei die Gestalt der Seitenkette der Aminosäuren, während der für diese Moleküle typische Aufbau aus einer Aminogruppe und einer Carboxy-Einheit unverändert bleibt.

Entstehung des kanonischen Aminosäuresatzes

Kürzlich hat das oben erwähnte internationale und interdisziplinäre Team, das am Earth-Life

Science Institute (ELSI) am Tokyo Institute of Technology tätig ist, erneut über den kanonischen Satz der Aminosäuren berichtet. Die Wissenschaftler erfassten die grundlegenden Bausteine der Biologie modellmäßig und stellten fest, dass sie möglicherweise besondere Eigenschaften aufweisen, aus denen die heutige Auswahl an Aminosäuren verständlich wird (ILARDO 2019). Sie nehmen an, dass der kanonische Satz während der allerersten Phase der Evolution standardisiert worden sein muss; vor dem Erscheinen des letzten gemeinsamen Vorfahren allen Lebens. Sie postulieren, dass kleinere Aminosäuresätze nach und nach erweitert wurden, als die Organismen neue Fähigkeiten zum Korrektur Lesen und Codieren entwickelten. Während also ILARDO et al. (2015) nach ihrer ersten Studie von der nahezu perfekten Beschaffenheit des Aminosäure-Satzes berichteten, war es im Rahmen der aktuellen Studie (ILARDO et al. 2019) das Ziel, einen hypothetischen Weg zur Entwicklung dieses Satzes aufzuzeigen.

Nach ihren Simulationsergebnissen sind Millionen Arten von Aminosäuren möglich – jede mit ihren eigenen charakteristischen chemischen Eigenschaften. Es ist allgemein bekannt, dass es die chemischen Eigenschaften der Aminosäuren sind, die den Proteinen ihre einzigartigen biologischen Eigenschaften und Funktionen verleihen. Das Team hat berechnet, wie groß die Anzahl von Aminosäure-Sätzen mit vergleichbaren Eigenschaften wie der kanonische Satz ist, im Vergleich zur Anzahl von irgendwelchen zufälligen Mengen von Aminosäuren. Dabei ergab sich, dass nur etwa eine von einer Milliarde zufälliger Mengen chemische Eigenschaften hat, die so ungewöhnlich verteilt sind wie diejenige der in der Natur vorkommenden kanonischen Aminosäuren.

Das Team stellte dann die Frage, wie frühere, kleinere codierte Sätze in Bezug auf ihre chemischen Eigenschaften ausgesehen haben könnten und wie sie zur Bildung des kanonischen Satzes geführt haben könnten. Das Team modellierte

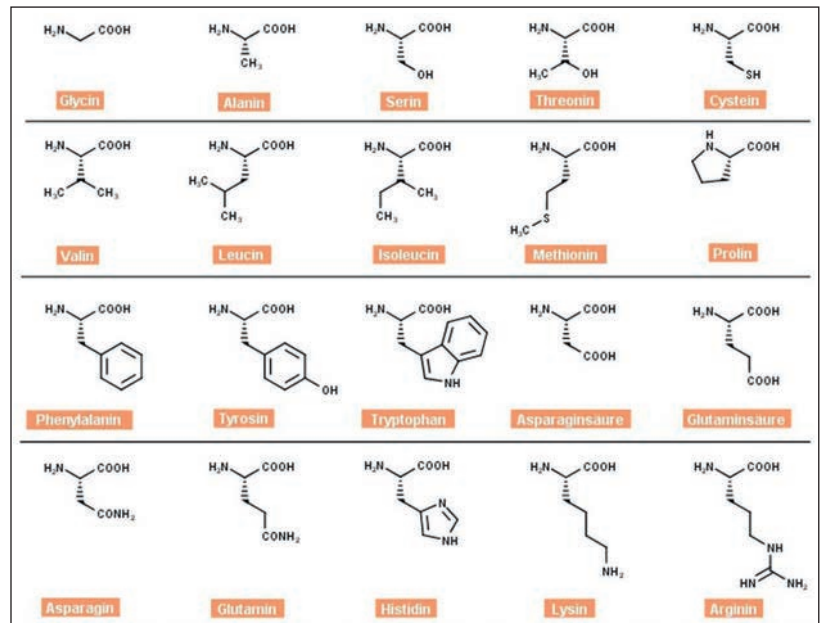
Nur eine von einer Milliarde möglichen Kombinationen weist die chemischen Eigenschaften wie der kanonische Aminosäuresatz auf.

die möglichen Wege zur Herstellung einer Kombination von 3–20 Aminosäuren mit Hilfe einer speziellen Datenbank von 1913 strukturell verschiedenen Aminosäuren. Die Wissenschaftler fanden heraus, dass es 10^{48} Möglichkeiten gibt, Sätze von 20 Aminosäuren herzustellen. Zum Vergleich: Es gibt nur etwa 10^{19} Sandkörner auf der Erde und nur etwa 10^{24} Sterne im gesamten Universum (Science Daily 2019).

Da diese Zahl so groß ist, verwendeten ILARDO et al. statistische Methoden, um den Anpassungswert der kombinierten physikalisch-chemischen Eigenschaften des tatsächlich gegebenen Aminosäure-Satzes mit denen von Milliarden von Zufallssätzen von drei bis 20 Aminosäuren zu vergleichen. Sie schlussfolgerten aus ihren Modellrechnungen, dass der kanonische Satz möglicherweise während der Evolution aufgrund seiner einzigartigen adaptiven chemischen Eigenschaften selektiv konserviert wurde, da er die Erzeugung optimal gefalteter Proteine ermöglicht, was wiederum Organismen, die diese Proteine produzieren, lebensfähiger macht.

Evolutionäres Storytelling statt Erklärungen

Es fällt auf, dass die Autoren um ILARDO keine wirkliche Erklärung für die erstaunliche Beobachtung liefern, dass es sich bei dem kanonischen Satz der Aminosäuren um die bestmögliche Zusammenstellung aus einer fast unendlichen Zahl an Möglichkeiten handelt. Stattdessen enthält der Artikel das übliche und obligatorische evolutionäre Storytelling in Form von Mutmaßungen und unbegründeten Behauptungen. Die Wissenschaftler stellten fest, dass selbst hypothetische zufällig erzeugte Sätze, die nur eine oder mehrere kanonische Aminosäuren enthielten, die Proteinfaltung verbesserten. Es war jedoch äußerst schwierig, Sätze zu finden, die die gleichen einzigartigen chemischen Eigenschaften wie das kanonische Sortiment aufweisen. Die Forscher glauben, dass „jedes Mal, wenn eine kanonische Aminosäure entdeckt und im Laufe der Evolution in den biologischen Baukasten eingegliedert wurde, diese unter einer Vielzahl von Alternativen einen ungewöhnlichen Anpassungswert lieferte, und dass jeder selektive Schritt so zur Fixierung und schließlich zum modernen Satz beigetragen haben könnte“ (Science Daily 2019). Dabei übergehen sie aber, dass jedes Mal,



wenn dies passiert sein sollte, der Proteincodex und/oder der Translationsmechanismus neu geschrieben werden musste, um die neue Aminosäure einzugliedern.

Die Forscher spekulieren, ausgehend von ihren Computersimulationen, dass sich das entwickelnde Leben ungeachtet der großen Vielfalt der Ausgangspunkte am Ende auf einen ähnlichen Satz von Aminosäuren zubewegen könnte. Da dieses Modell auf den unveränderlichen physikalischen und chemischen Eigenschaften der Aminosäuren selbst basiert, könne dies bedeuten, dass sogar außerirdisches Leben dem modernen Leben auf der Erde sehr ähnlich sein könnte. Co-Autor Rudrarup BOSE, der am Max-Planck-Institut für molekulare Zellbiologie und Genetik in Dresden tätig ist, bemerkt weiter: „Leben ist vielleicht nicht nur eine Reihe von zufälligen Ereignissen. Vielmehr kann es einige universelle Gesetze geben, die die Evolution des Lebens bestimmen“ (Science Daily 2019). Weisen die Daten wirklich darauf hin? Zeigen sie nicht vielmehr, dass nicht nur das Universum und die Naturgesetze auf das Leben abgestimmt sind, sondern dass auch die Biologie alle Merkmale eines intelligenten Designs aufweist?

Abb. 1 Die kanonischen 20 Aminosäuren, die in den Proteinen aller Lebewesen verwendet werden.

Literatur

- FREELAND SJ, KNIGHT RD, LANDWEBER LF & HURST LD. (2000) Early fixation of an optimal genetic code. *Mol. Biol. Evol.* 17, 511–518.
- ILARDO M, BOSE R et al. (2019) Adaptive properties of the genetically encoded amino acid alphabet are inherited from its subsets. *Sci. Rep.* 9:12468.
- ILARDO M, MERINGER M et al. (2015) Extraordinarily adaptive properties of the genetically encoded amino acids. *Sci. Rep.* 5: 9414.
- Science Daily (2019) Scientists find biology's optimal 'molecular alphabet' may be preordained. <https://www.sciencedaily.com/releases/2019/09/190910080017.htm>
- SCHMIDTGALL B (2015) Ist das Alphabet der Aminosäuren perfekt? *Stud. Integr. J.* 22, 118.