

Ist das Alphabet der Aminosäuren perfekt?

Gewöhnlich dient ein Alphabet dazu, Sprache schriftlich festzuhalten. Ein geeignetes Alphabet ist dann gegeben, wenn durch die Kombination der Einzelbuchstaben jedes Wort der betreffenden Sprache aufgeschrieben werden kann. In Analogie dazu werden die 20 in der Natur vorkommenden Bausteine der Proteine üblicherweise als Aminosäure-Alphabet bezeichnet. Allerdings sind die Eigenschaften eines „molekularen Bausteinsatzes“ für den Aufbau biologischer Funktionseinheiten deutlich komplexer als diejenigen für den Buchstabensatz einer Sprache. Zudem sind die chemischen Eigenschaften der biologischen Funktionseinheiten direkt abhängig von denjenigen der Einzelbausteine. So können die Effizienz eines Enzyms und der Substratraum (Bandbreite der chemisch umgesetzten Molekülarten) durch Variation einer einzi-

gen Aminosäure signifikant verändert werden. Daher ist es sowohl aus Sicht der Evolutionslehre als auch der Schöpfungslehre eine naheliegende Frage, ob das bis auf wenige Ausnahmen universelle Aminosäurealphabet optimal ist.

Mit dieser Fragestellung befasste sich vor kurzem die Forschungsgruppe um ILARDO (2015). Dazu wurde anhand von Computersimulationen eine große Zahl (10^8) zufällig zusammengestellter Sätze von jeweils 20 Aminosäuren (aus einem „Reservoir“ von 1913 alternativen Aminosäuren) mit dem natürlichen Aminosäurealphabet verglichen. Als Kriterium für die Güte dieser molekularen Sätze wurde die Abdeckung einer möglichst großen Bandbreite bezüglich der drei chemischen Eigenschaften Größe (Volumen), Ladung und Hydrophobie (Wasserabweisung) herangezogen. Dabei ergab sich, dass nur sechs der 10^8 (hundert Millionen) Aminosäuresätze hinsichtlich aller drei Eigenschaften

(chemischer Raum) die 20 kanonischen Aminosäuren übertrafen. Weitere Untersuchungen dieser sechs Aminosäuresätze zeigten jedoch, dass sie bezüglich der energetischen Größe ΔH_f (Bildungsenthalpie) kostspieliger sind als der kanonische Satz der Aminosäuren. Das bedeutet, dass für ihre Herstellung aus den chemischen Elementen mehr Energie aufgewendet werden muss als im Fall des natürlichen Satzes an Aminosäuren. Zudem geht aus den Strukturen hervor, dass die Aminosäuren der theoretisch besseren Aminosäure-Sätze generell chemisch labiler sind als die 20 kanonischen Aminosäuren, sodass es mehr als fraglich ist, ob sie unter geologischen Bedingungen eine lange Verweildauer hätten. Die Autoren folgern aus den angeführten Befunden, dass das universelle Alphabet der 20 proteinogenen Aminosäuren aus einer viel größeren Zahl an Aminosäuren durch natürliche Auslese hervorgegangen sei. Darüber hinaus behaupten sie im Einklang mit dem Prinzip minimaler schrittweiser Veränderungen nach DARWIN'scher Lesart, dass die Aminosäuren allmählich das Aminosäure-Alphabet erweitert hätten, bis der aktuelle Satz vorlag.

Allein die Tatsache, dass die Ausführungen im diskutierten Artikel auf Computersimulationen beruhen und keinerlei experimentelle Verifikation vorliegt, lässt die Argumentation bezüglich der Entwicklung des kanonischen Aminosäure-Satzes wenig überzeugend erscheinen. Vor diesem Hintergrund ist es überraschend, mit welcher Sicherheit und Häufigkeit von „Beweisen“ der evolutiven Einflussnahme auf die Herausbildung des Aminosäure-Alphabets gesprochen wird. Sehr gewagt wirkt auch die Behauptung, dass die im Artikel angeführten alternativen Aminosäuren tatsächlich plausible Bausteine von Organismen darstellen könnten. Ein chemisch geschultes Auge erkennt ohne experimentelle Überprüfung, dass viele der gewählten Aminosäuren dafür bei weitem zu labil wären.

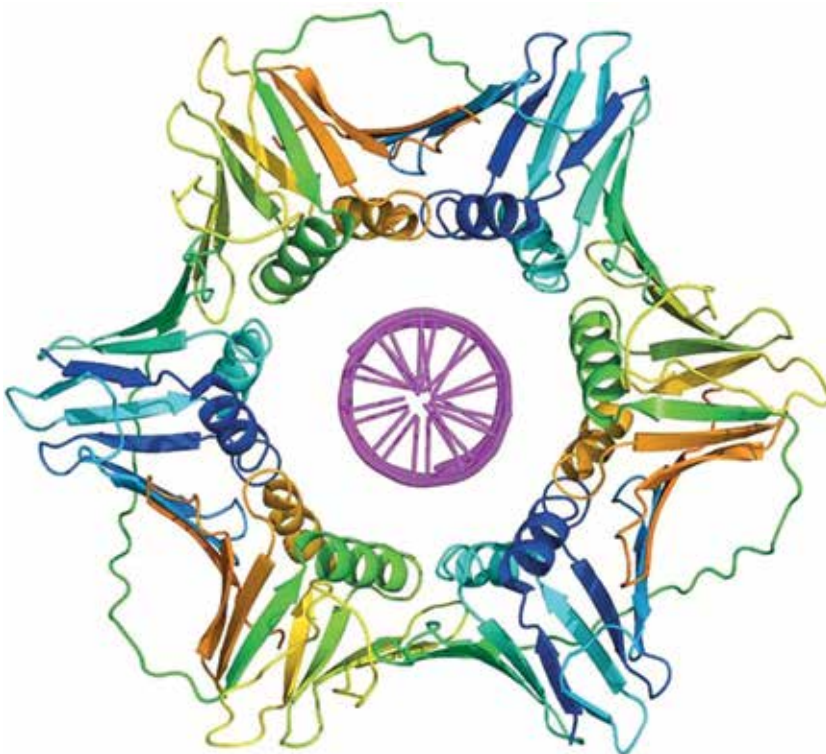


Abb. 1 Die chemischen Eigenschaften der 20 in Proteinen verwendeten Aminosäuren erscheinen optimal gewählt für die Stabilität der Proteine. Das Bild zeigt als Beispiel das DNA-Klemmen-Fold des DNA-Replikationskomplexes der Hefe. (http://en.wikipedia.org/wiki/DNA_clamp)

Insbesondere die Homochiralität – eine in der Natur für viele molekulare Bausteine nahezu ausnahmslos gültige Gesetzmäßigkeit – wäre mit vielen der angeführten alternativen Aminosäuren nicht gewährleistet. Völlig unbeachtet bleibt auch die offensichtliche Inkompatibilität vieler alternativer Aminosäuren mit dem Aufbau von Proteinen. Die geringe Flexibilität der Seitengruppen (Doppelbindungen oder Aromaten direkt an das α -C-Atom gebunden) ist für die Ausbildung flexibler, dreidimensional faltbarer Polymere – wie Proteine es sind – ein starkes Hindernis. Unter Berücksichtigung dieser Aspekte wäre eine erhebliche Reduktion des vorgeschlagenen Pools von 1913 alternativen Aminosäuren geboten. Das würde allerdings auch das hypothetische Szenario einer schrittweisen Entwicklung des Aminosäure-Alphabets und damit auch die Kernaussage der Publikation hinfällig machen. Allenfalls die globale Optimalität des natürlichen Aminosäure-Satzes ist ein interessanter Befund, der aber für sich genommen überhaupt kein Argument für eine schrittweise Auslese der 20 proteinogenen Aminosäuren darstellt.

Optimalität ist vielmehr ein starkes Indiz für das absichtsvolle Handeln eines Schöpfers. Daher wurden vor allem in früheren Diskussionen scheinbar suboptimale biologische Konstruktionen (z.B. das Linsenauge oder „junk“-DNA) als Belege für die evolutive Herkunft der Organismen angeführt. Durch den Druck zahlreicher Indizien sehen sich Autoren aktueller wissenschaftlicher Artikel jedoch zu einem grundlegend anderen Argumentationsmuster veranlasst: Die Optimalität biologischer Funktionseinheiten soll das Resultat eines Milliarden Jahre währenden Optimierungsprozesses sein, obwohl es dafür praktisch keine experimentellen Nachweise gibt. Einmal mehr erweist sich damit die Argumentation von Befürwortern der Makroevolution als erstaunlich anpassungsfähig und somit inkonsequent oder gar widersprüchlich.

[ILARDO M, MERINGER M, FREELAND S, RASULEV B & CLEAVES HJ (2015) Extraordinarily adaptive properties of the genetically encoded amino acids. *Sci. Rep.* 5:9414, doi: 10.1038/srep09414.] B. Schmidtgal



Abb. 1 Rekonstruktion von *Archaeornithura*. (© Zongda ZHANG)

■ Der älteste „echte“ Vogel: überraschend modern

Ein kreidezeitlicher Fossilfund eines amselgroßen Vogels aus Nordchina erweist sich als überraschend „modern“. Da der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* auf einen evolutionären Seitenast gestellt wird, gilt nun *Archaeornithura* als ältester „echter“ Vogel.

Von einem bemerkenswerten Fund eines Vogelfossils aus der fossilreichen Jehol-Gruppe im Nordosten Chinas berichten chinesische Forscher (WANG et al. 2015). Die etwa amselgroße Gattung *Archaeornithura* wird als ältester echter Vogel eingestuft. Sie wird zur Gruppe der Ornithurae gestellt, zu der auch die heute lebenden Vögel gerechnet werden. Bemerkenswert ist *Archaeornithura* wegen seines „modernen“ Aussehens – der älteste bekannte Vertreter der Ornithurae ist weit davon entfernt, zu den primitivsten seiner Gruppe zu gehören.

Archaeornithura besaß ein ziemlich modernes Federkleid mit asymmetrischen Schwungfedern und gut entwickelter Alula (Daumenfittich) mit mindestens drei Federn und fächerförmigen Schwanzfedern, die heutigen Vögeln erstaunlich ähnlich sind (WANG et al. 2015, 7). Beide Merkmale sind bei heutigen Vögeln für langsamen Flug und Manövrierbarkeit aerodynamisch wichtig. *Archaeornithura* dürfte daher ein guter Flieger gewesen sein. Die Knochen am Ende der Flügel sind stark ver-

schmolzen und es ist eine U-förmige Furcula (verwachsenes Schlüsselbein) ausgebildet (BALTER 2015) – beides Kennzeichen auch heutiger Vögel. Seine langen Beine waren nicht befiedert, was darauf hinweist, dass es sich um einen Watvogel gehandelt haben dürfte, der im flachen Wasser herum stakste und dort nach Nahrung suchte.

Das Alter von *Archaeornithura* wurde auf 130,7 Millionen (radio-metrische) Jahre bestimmt, womit diese Gattung die älteste bisher bekannte Form der Ornithurae ist. Man sollte erwarten, dass die älteste bekannte Form zu den eher primitiven Gattungen gehört, doch genau das Gegenteil ist der Fall. *Archaeornithura* ist im Cladogramm (Ähnlichkeitsbaum) der Gruppe tief eingeschachtelt (WANG et al. 2015, 6) und somit „hochentwickelt“. Dagegen werden andere Vogelarten aus jüngeren Schichten näher an die Basis des mutmaßlichen Stammbaums gestellt (also entgegen der zu erwartenden Reihenfolge). WANG et al. (2015, 6) sprechen von Inkonsistenzen zwischen Stratigraphie (Position in der Schichtenabfolge) und Phylogenie (Abstammungsabfolge laut Evolutionstheorie). Das mache die Annahme sogenannter Geisterlinien erforderlich. „Geisterlinien“ bedeutet, dass aufgrund der Stammbaumrekonstruktion (phylogenetische Analyse, die auf Merkmalsvergleichen beruht) die Existenz evolutionärer Linien zwar angenommen werden muss,