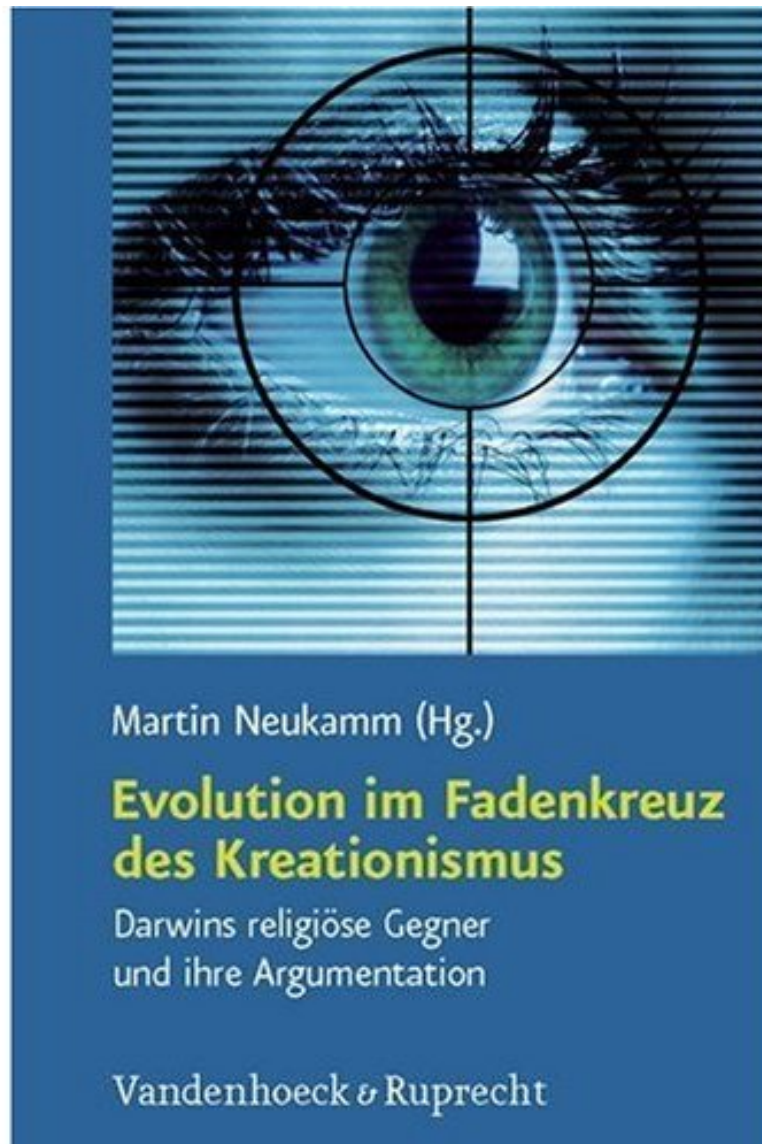


Evolution im Fadenkreuz des Kreationismus

Darwins religiöse Gegner und ihre Argumentation



Herausgeber: Martin Neukamm

VII. Die chemische Evolution

Hat es sie gegeben und wenn ja, wie sah sie aus?

PETER M. KAISER

Kein Thema berührt das Selbstverständnis des Menschen so sehr wie das der Entstehung des Lebens auf der Erde. Obwohl wir noch immer nicht in der Lage sind (und es vermutlich nie sein werden), den Verlauf in allen Details zu rekonstruieren, die komplexen chemischen Vorgänge, die sich in grauer Vorzeit auf der Erde abspielten, vollständig zu entflechten, sind wir in der Lage, die *Notwendigkeiten* (das heißt die physikalisch-chemischen Mechanismen) im Labor zu erforschen. Anhand der experimentellen Ergebnisse lassen sich dann Rückschlüsse ziehen, unter welchen Bedingungen irdisches Leben möglicherweise entstanden ist, so dass wir die chemische Evolution naturwissenschaftlich erforschen und wenigstens im Prinzipiellen erklären können. Kein Wunder also, dass die Abiogeneseforschung seitens derer Kritik erfährt, die die Entstehung des Lebens auf den übernatürlichen Eingriff eines Schöpfers zurückführen wollen. In diesem Kapitel soll das Argumentationsgebäude der Evolutionskritiker auf dem Gebiet der chemischen Evolution näher untersucht werden. Die einzelnen Unterkapitel sind z. T. nach logischen Gesichtspunkten angeordnet, z. T. folgen sie der Argumentation von JUNKER/SCHERER (2006) im entsprechenden Kapitel VI.7. Dabei diskutieren wir die Ergebnisse und Modelle, die in den vergangenen zehn Jahren konzipiert worden sind.

1. Chemische Evolution: Entstehung von Biomolekülen

1.1 Methodische Überlegungen zur Abiogeneseforschung

Wenn es eine Evolution gegeben hat, was unter Naturwissenschaftlern unstrittig ist, dann lassen sich drei große Phasen der Entwicklung unterscheiden:

- eine *physikalische* Evolution (Entstehung der uns bekannten Materie im Kosmos, also auch der Erde),
- eine *chemische* Evolution (Entstehung einfacher organischer Moleküle, wo auch immer dies war),
- eine *biologische* Evolution (Entstehung von lebenden Organismen, die sich aus dem Zusammenschluss und der Abschnürung „protozellulärer“ Urfor-

men von ihrer Umgebung gebildet haben und die zur Reproduktion fähig waren).

Das Problem aller empirisch arbeitenden Einzelwissenschaften, die sich mit Evolutionsprozessen beschäftigen, ist, dass die Vorgänge irreversibel abliefen. Der Grund dafür ist die enorme Fülle unterschiedlicher Randbedingungen auf der Erde und die konstitutive Rolle des Zufalls in der Evolution. So hat auf dem langen Weg von etwa 4,6 Milliarden Jahren seit der Entstehung der Erde eine exorbitante Zahl nicht vorhersehbarer Ereignisse dazu geführt, dass dieser Weg nicht reproduzierbar ist. Zudem sind uns die „präbiotischen Bedingungen“ nicht genau bekannt. Die physikalischen Parameter wie Druck, Temperatur und Zusammensetzung der Uratmosphäre, Umfang und Auswirkung der Asteroideneinschläge, Zustand des Ozeans usw. ließen sich trotz vielfältiger Bemühungen noch nicht exakt ermitteln. Daraus folgt, dass sich die (chemische) Evolution niemals in einer Weise rekonstruieren lässt, wonach man sagen könnte: „genau so und nicht anders hat es sich einst zugetragen“. Naturwissenschaftliche Rekonstruktionen haben stets den Charakter mehr oder weniger gut untermauerter *Denkmodelle*.

Dass bei Prozessen der Zufall eine Rolle spielt, bedeutet nun keineswegs, dass alles möglich ist, so dass man prinzipiell keine Entwicklungen rekonstruieren oder in Teilen vorhersagen kann. Dies aber ist die Kernbotschaft der Evolutionsgegner. So heißt es bei JUNKER/SCHERER:

Exakte Angaben über die Zusammensetzung der Uratmosphäre sind prinzipiell nicht möglich. Alle Angaben darüber beruhen auf unüberprüfaren Vermutungen (JUNKER/SCHERER 2006, 100).

Dass *exakte* Angaben nicht möglich sind, bedeutet aber nicht, dass keine *plausiblen*, insbesondere keine *prüfaren* Aussagen über die Bedingungen auf der Urerde getroffen werden können. Vielmehr helfen die Forschungsergebnisse aus der Geologie, Astrophysik und Atmosphärenchemie, die Bedingungen, die auf der Urerde herrschten, zum Teil zu entschlüsseln und das Möglichkeitsfeld chemischer Reaktionen einzugrenzen. Das Spektrum möglicher chemischer Reaktionen wird im Labor erkundet, wobei (in Annäherung an die nach gegenwärtigem Kenntnisstand plausibelsten Szenarien auf der Urerde) der Rahmen für mögliche Synthesewege abgesteckt wird. Auf diese Weise lassen sich heute schon recht belastbare Modelle hinsichtlich einzelner Etappen der chemischen Evolution erstellen, die den Schluss erlauben, dass die Evolution mit hoher Wahrscheinlichkeit auf einem sehr ähnlichen Weg abgelaufen ist, wie wir uns dies heute vorstellen. Die Rekonstruktion erfolgt natürlich immer *indirekt*, das heißt durch theoretisches Schlussfolgern:

Der tatsächliche Vorgang der Lebensentstehung auf unserer Erde kann empirisch nicht direkt untersucht werden. Alle Antwortversuche beruhen auf Methoden, die denen der Geschichtswissenschaft gleichen (JUNKER/SCHERER 2006, 99).

Hier deutet sich einmal mehr an, dass JUNKER/SCHERER ein völlig veraltetes Verständnis von den Prinzipien wissenschaftlicher Theoriebildung kolportieren. Was kann denn in den Naturwissenschaften überhaupt *direkt untersucht* werden? Kann die Existenz von Elektronen, Neutrinos, Schwarzen Löchern oder Dunkler Materie direkt untersucht werden? Selbstverständlich nicht. Man muss immer Modelle auf der Basis von Hypothesen und Mechanismen erstellen, empirisch abgeleitete Gesetze finden und muss dann den *umgekehrten* Weg beschreiten, von einer sich bewahrheiteten Vorhersage des Modells auf die Aussagekraft des Modells zu schließen. So kommt man dann allmählich zu einer wohl etablierten Theorie, die in mehr oder weniger adäquater Weise die Realität beschreibt. Auch die Vorgehensweise in der Abiogeneseforschung ist nicht grundsätzlich verschieden von der Vorgehensweise in anderen Naturwissenschaften. Was wissen nun die Geologen über die Zusammensetzung und Entwicklung der (Ur-) Atmosphäre?

1.2 Die Entwicklung der Erdatmosphäre

Die Erde *als Protoplanet* entstand vor etwa 5 Milliarden Jahren; ihre eigentliche Existenz begann vor 4,55 Mrd. Jahren mit dem Einschlag des letzten großen Planetesimalen, bei dem sich auch der Mond bildete – zu diesem Zeitpunkt schmolz zum letzten Mal die gesamte Erdkruste auf. Isotopenbestimmungen bei den ältesten Mineralien zeigen, dass sich vor 4,4 Mrd. Jahren die Erde soweit abgekühlt hatte, dass sich flüssiges Wasser auf ihr halten konnte. Nach der Abkühlung der Erdoberfläche setzte zudem eine Differenzierung ein, die zu dem typischen Aufbau des Erdinneren führte. Zeitgleich bildeten sich das Weltmeer und die Atmosphäre aus. Diese so genannte *erste Atmosphäre* ging aus einem gewaltigen Hochofenprozess hervor, der zu einer Reduktion von Eisen- und Nickeloxiden führte. Die reduzierten Metalle sanken in die Tiefe ab und bildeten den Erdkern. Dabei verminderte sich der reduzierende Charakter der Atmosphäre: Methan und Ammoniak wurden oxidiert. Daraus kann man schließen, dass die erste Atmosphäre nicht, wie zunächst vermutet, aus *Methan* und *Ammoniak*, sondern im Wesentlichen aus Stickstoff (N_2), Wasser (H_2O), Kohlendioxid (CO_2) und Kohlenmonoxid (CO) bestand.

Von größtem Einfluss auf die Entwicklung des Klimas war sicher die Konzentration des Treibhausgases CO_2 . Aufgrund seiner ursprünglich recht hohen Konzentration sollte man annehmen, dass während der ersten 2 Milliarden Jahre ein extremes Treibhausklima herrschte. Wir wissen aber aus der Astrophysik,

dass die Strahlungsintensität der Sonne in der ersten Milliarde Jahre ihrer Existenz noch gering war („faint young sun“). Modellrechnungen legen nahe, dass Ozeane und Festländer vor 3,8 bis 4,0 Mrd. Jahren (Hadaikum) teilweise schon vereist waren, was bei CO₂-Drücken von unter 1 bar möglich wäre (ZAHNLE et al. 2007). Wie wir noch sehen werden, ist dies eine im Rahmen neuerer Abiogenesemodelle sehr wichtige Erkenntnis. Aufgrund der zahlreichen Meteoriteneinschläge in dieser Zeit ist es wahrscheinlich, dass sich Perioden der Kälte, Warmperioden und Zeiten großer Hitze abwechselten (ZAHNLE et al. 2007, 71). Neuere Erkenntnisse legen sogar nahe, dass gerade im Hadaikum zahlreiche größere Asteroide auf der Erde einschlugen und dabei enorme Mengen an Wasserstoff und Methan freisetzten, so dass wieder eine weitaus stärker reduzierende Atmosphäre in Betracht gezogen werden muss; vermutlich ideale Bedingungen für die Entstehung des Lebens (HASHIMOTO et al. 2007; ZAHNLE et al. 2007).

Im weiteren Verlauf wurde CO₂ als Karbonat-Gestein gefällt. Karbonatgesteine sind z. B. Calcite, Dolomite sowie der metamorphe Marmor. Die stetige Abnahme des CO₂-Gehalts in der Atmosphäre wurde nach dem Hadaikum abermals mehrfach durch längere Vereisungsphasen begleitet: die frühproterozoische und die jung(neo)proterozoische Vereisung („Schneeball Erde“). In der weiteren Entwicklung kam Sauerstoff durch die Photosynthese von Blaualgen (entstanden vor ca. 3–3,5 Mrd. Jahren) hinzu. Die Konzentration von reaktionsträgem Stickstoff (N₂) nahm durch stetes Ausgasen aus dem Erdinneren allmählich zu. Die Geschichte des Sauerstoffs verlief während der letzten 3,5 Mrd. Jahre in mehreren großen Schüben.

Phase I: Der Sauerstoffgehalt der Atmosphäre war im Archaikum (bis etwa 3 Mrd. Jahre v. u. Z.) noch gering und lag sicher deutlich unter 1% des heutigen Werts. Mit dem Einsetzen der Photosynthese vor ca. 3 Mrd. Jahren stieg er vermutlich minimal an, blieb jedoch noch bis in das Proterozoikum hinein in Form eines „steady-state“ auf einem fast genau so geringen Niveau. Dies lässt sich daraus ersehen, dass bestimmte Mineralien, wie z. B. Uraninit, auf den Festländern nicht oxidativ verwitterten; auch das mineralisch gebundene Eisen lag vorwiegend in der zweiwertigen Form (Fe²⁺) vor, was höhere Konzentrationen an Sauerstoff ausschließt. Im flachmarinen Bereich hingegen bewirkte der von den Cyanobakterien produzierte Sauerstoff die Bildung von Bändererzen (BIFs) durch Oxidation von Eisen (Fe²⁺ zu Fe³⁺). Infolge der Ausfällung von Eisenmineralen wurde über einen langen Zeitraum hinweg der Sauerstoff im Flachmeer gebunden.

Phase II: Nachdem im frühen Proterozoikum vor ca. 2–2,4 Mrd. Jahren der größte Teil des Eisens aus dem Meer ausgefällt war, stieg der Sauerstoffgehalt in der Atmosphäre rapide an („Great Oxidation Event“). Auf den Kontinenten finden sich erste Rotsedimente, d. h. zweiwertiges Eisen (Fe²⁺) wurde bereits hier zu

dreiwertigem Eisen (Fe^{3+}) oxidiert. Dadurch gelangte viel weniger Eisen in die Küstenmeere, die Bildung von Bändererzen kam allmählich zum Erliegen.

Phase III: Der Sauerstoffgehalt erreichte bald darauf eine weitere steady-state-Phase, die bis kurz vor dem Ende des Proterozoikums andauerte. Er war damals noch deutlich niedriger als heute. Erst kurz vor dem Kambrium (550 Mio. Jahre v. u. Z.) näherte sich die Sauerstoffkonzentration in etwa dem heutigen Wert und überstieg diesen im Devon, vor etwa 400 Mio. Jahren, sogar deutlich.

Zusammenfassend lässt sich also sagen, dass kurz nach der Entstehung der Erde grundlegend andere Verhältnisse auf der Erde herrschten als heute: Sauerstoff fehlte in der Atmosphäre nahezu vollständig, was eine wichtige Vorbedingung für die Entstehung des Lebens war, weil ansonsten keine organischen Verbindungen in nennenswerten Mengen entstanden wären. Wie aber muss man sich deren Entstehung auf der Erde vorstellen?

1.3 Die abiotische Entstehung von Biomolekülen

In den 1920er Jahren formulierten der russische Biochemiker A.I. OPARIN und der britische Genetiker J.B.S. HALDANE ihre „Theorie der Ursuppe“. Danach sollen organische Verbindungen durch chemische Prozesse in der Atmosphäre entstanden sein, sich in den Weltmeeren angereichert und daraus im Laufe der Zeit die ersten Biosysteme gebildet haben. Ein Problem war, dass diese Hypothese lange Zeit empirisch nicht gestützt werden konnte. Wie heute so zogen auch damals schon die Evolutionsgegner gegen diese Vorstellung zu Felde und behaupteten, die zufällige Entstehung von Biomolekülen sei aus physikalisch-chemischer Sicht völlig unwahrscheinlich.

Rund 30 Jahre später führte der Chemiker S.L. MILLER ein berühmt gewordenes Experiment durch, welches das ganze Koordinatensystem verschob (MILLER 1953; 1955). MILLER simulierte im Mikromaßstab die hypothetischen atmosphärischen Bedingungen, die auf der Urerde vor rund 4 Milliarden Jahren geherrscht haben könnten: In einem Kölbchen brachte er Wasser zum Sieden. Der Wasserdampf gelangte in einen Rundkolben seiner Apparatur, der zuvor mit einem Gemisch aus Methan (CH_4), Ammoniak (NH_3) und Wasserstoff (H_2) befüllt worden war. Über zwei Wolframelektroden wurde eine Funkenstrecke erzeugt, welche die elektrischen Entladungen simulierte, die in der Frühzeit der Erde ständig aufgetreten sein müssen. Im Laufe mehrerer Tage sammelten sich in der Vorlage, nebst einem teerartigen Kondensat, bedeutsame Mengen organischer Substanzen. Man entdeckte u. a. die vier häufigsten bei Lebewesen bekannten, proteinogenen Aminosäuren¹, Carbonsäuren, aber auch Verbindungen wie Harn-

¹ Wie die Wissenschaftszeitschrift *Science* vor kurzem vermeldete, wurden in alten Proben, die MILLER von seinen Experimenten übrig behielt, mithilfe moderner Analyseverfahren

stoff, Formaldehyd und Blausäure (HCN) – Komponenten, die wiederum Ausgangsstoffe zur Synthese von Zuckern wie Ribose und von Nukleinbasen darstellen.

Dass die Evolutionsgegner versuchen, die Bedeutung der Versuche nicht nur herunterzuspielen, sondern auch schöpfungstheoretisch umzudeuten, trotz des Rückschritts, zu dem sie durch MILLERS Experimente genötigt wurden, ist freilich nicht anders zu erwarten:

Die Erfahrungen bei den bis heute in vielen Varianten durchgeführten Uruppen-Simulation[s]experimenten zeigen: unter Anwendung von chemischem Know how kann man aus Gasmischungen einige für heute bekannte Lebewesen notwendige Stoffe herstellen. Damit ist eine Entsprechung zu einer hypothetischen frühen Erde [...] gerade nicht gegeben, denn das chemische Know how fehlt dort (JUNKER/SCHERER 2006, 101).

Das ominöse „chemische Know-how“ ist aber letztlich nichts anderes als die durch die physikalisch-chemischen Gesetze vorgezeichneten Reaktionswege; je nach Randbedingung laufen diese Prozesse *von selbst* ab.

MILLERS Versuche wurden in der ganzen Welt – und unter vielfach abgewandelten Reaktionsbedingungen – wiederholt. Dabei wurden nicht etwa exotische oder besonders kompliziert gebaute Ausgangsstoffe eingesetzt oder mehrstufige Synthesen mit dazwischen geschalteten Reinigungsschritten durchgeführt. Vielmehr wurden die Randbedingungen meist nach *spezifisch irdischen* Bedingungen ausgewählt: Als Ausgangsstoffe wurden meist einfache Atmosphäregase (N_2 , CO_2 , H_2O) verwendet, Gase, die aus Vulkanen oder hydrothermalen Schloten austreten (wie CO , NH_3 , CH_4 , H_2S) oder einfache Produkte, die aus der Reaktion dieser Gase hervorgehen, wie Formaldehyd, Harnstoff, Blausäure, Formamid oder Cyanoacetylen. Typisch irdischen Randbedingungen entsprechen ferner Beimengungen von Schwermetallen, Phosphorverbindungen, Ton, Sand und anderen Mineralien, die im Meer vorkommen, sowie UV-Strahlung, Radioaktivität, Hitze, elektrische Entladungen oder Hochtemperaturplasma, mit dem sich vulkanische Bedingungen simulieren lassen.

Interessanterweise meldeten fast alle Experimentatoren Erfolge, kaum einer zog eine Niete. Manche bedienten sich des Kohlenmonoxids anstelle des Methans, andere setzten Kohlendioxid und elementaren Stickstoff ein. Wieder andere verwendeten Methanol und Isooctan (FRANCK 1959) oder ließen radioaktive Strahlung auf verdünnte Blausäurelösungen einwirken (SWEENEY et al. 1976). In

ren sogar 7 proteinogene Aminosäuren nachgewiesen, zudem 15 weitere Aminosäuren, die zum Teil Naturstoffe mit biologisch wichtiger Funktion darstellen, wie z. B. Ornithin und 3-Hydroxyasparagin (JOHNSON et al. 2008).

etlichen Fällen ließen sich Zwischenprodukte nachweisen, aus denen im Laufe mehrerer Tage in den Apparaturen Aminosäuren und/oder niedere Carbon- und Fettsäuren entstanden sind. Die Ausbeute an Aminosäuren war zwar unter Verwendung „neutraler“ Gase wie Kohlendioxid und Stickstoff wesentlich geringer als unter Verwendung von Methan und Ammoniak (SCHLESINGER/MILLER 1983). Durch Zugabe von reduzierenden Reagenzien wie zweiwertigem Eisen (Fe^{2+}) jedoch, das nach heutigem Kenntnisstand in den nahezu sauerstofffreien Ozeanen der Urerde reichlich vorhanden war, lässt sich die Ausbeute um ein Hundertfaches steigern (CLEAVES et al. 2008).

Inzwischen füllt die Zahl der in einfachen Simulationsversuchen nachgewiesenen Biomoleküle ganze Bücher. Entgegen JUNKER/SCHERER (2006, 106) wurden auch die Nukleinbasen unter einfachen Bedingungen erzeugt – und zwar nicht nur durch die von ihnen in Frage gestellte Oligomerisation von HCN. Manche Experimentatoren gewannen Guanin durch thermale Polymerisation von Aminosäuren (PONNAMPERUMA et al. 1963), andere Adenin aus Methan, Ammoniak und Wasserdampf (CALVIN et al. 1963), wieder andere Guanin, Uracil und Cytosin aus Kohlenmonoxid, Stickstoff und Wasserdampf im Hochtemperaturplasma (MIYAKAWA et al. 2000). Durch UV-Bestrahlung von Formaldehydlösungen wurden auch Ribose und andere Zucker nachgewiesen (PONNAMPERUMA/MARINER 1963). Fast alle biologisch wichtigen Aminosäuren, Lipide, Nukleinbasen und Zucker konnten bis heute in den Ursuppenexperimenten der Folgegenerationen nachgewiesen werden, ja selbst die Bildung hoch komplexer, biologisch wichtiger Verbindungen wie Porphyrine wurde vermeldet (HODGSON et al. 1968). Es scheint vollkommen gleich zu sein, auf welche Ausgangsstoffe man zurückgreift – Hauptsache ist, dass das Gemisch Kohlenstoff, Wasserstoff und Stickstoff enthält und eine Energiequelle vorhanden ist, die die chemischen Bindungen neu „ordnet“. Die Aussage, es bedürfe dazu eines speziellen „Know-hows“, muss als widerlegt gelten.

Dass ein weiter Bereich von Randbedingungen nach den Gesetzen der Physik und Chemie zur Entstehung der Grundbausteine des Lebens führt, ist ein wichtiger Mosaikstein im Rahmen der evolutionären Argumentation. Daher ist es eigentlich müßig, wenn heute immer noch betont wird, dass diese Nukleinbase nur mit „sehr geringer Ausbeute“, jene Aminosäure „zu viel“ und die „proteinogenen Aminosäuren mit basischen Eigenschaften [...] bisher in präbiotischen Simulationsexperimenten nicht nachgewiesen“ wurden (JUNKER/SCHERER 2006, 102ff). Verständlich: bis heute ist auch nur ein winziger Bruchteil der möglichen Reaktionswege erforscht worden!

1.3.1 Präbiotische Synthesen der Nukleinbasen und Zucker

Ein präbiotischer Syntheseweg für die RNS- und DNS-Basen unter unspezifischen Ursuppen-Bedingungen ist unbekannt. Zudem ist die chemische

Stabilität der Verbindungen gering, was die Plausibilität einer präbiotischen Nukleotidsynthese weiter herabsetzt (JUNKER/SCHERER 2006, 106).

Tatsächlich verliefen die Synthesen von Nukleinbasen und Zuckern bislang eher enttäuschend. Entweder war die erforderliche Konzentration der Ausgangsstoffe unrealistisch hoch oder die Ausbeuten zu gering. Auch die Stabilität von Adenin und Ribosezucker ist niedrig und konnte daher nach Meinung einiger Forscher auf der Urerde kaum in nennenswerten Mengen zur Verfügung gestanden haben. Gleichwohl steht auch der präbiotischen Entstehung von Kohlenhydraten und Nukleinsäuren kein physikalisch-chemisches Prinzip im Weg. Nach einer kritischen Bewertung von NELSON et al. (2001) deutet sich an, dass die Annahmen über die Zersetzung des Adenins durch Hydrolyse auf einer Fehlinterpretation von Daten beruhen. Außerdem hängt die Stabilität stark von den Randbedingungen ab: Während für Adenin in freier Lösung bei 20 °C eine Halbwertszeit von nur 80 Jahren angenommen wird, sind es bei 0 °C schon 4.000 Jahre. Die Adsorption an Mineralien stabilisiert die Verbindungen ebenfalls: Ribose-Zucker wird z. B. durch Borat-Mineralien stabilisiert (RICARDO et al. 2004).

Im Jahre 2001 ging die spektakuläre Nachricht durch die Presse, dass in Meteoriten Zucker bzw. Zuckerderivate nachgewiesen wurden (SEPTON 2001). Die Reihe reicht vom Zuckeralkohol Glycerin bis zu 6 C-Atome enthaltenden Zuckersäuren. Vor kurzem konnte auch die Bildung *aller fünf Nukleinbasen* nachgewiesen werden (SENANAYAKE/IDRISS 2006). Im Mai 2009 wurde schließlich ein präbiotischer Syntheseweg für *Ribonukleotide* entdeckt, der das Problem der geringen Stabilität und Ausbeute der RNA-Bausteine löst. So wurden RNA-Basen und Ribose-Zucker nicht etwa *separat* erzeugt und anschließend miteinander verknüpft; sie entstanden stattdessen *simultan* durch Reaktion präbiotisch plausibler Vorstufen unter Bildung des Nukleotids (POWNER et al. 2009). Der Weg zur RNA führt also nicht notwendigerweise über die freien, instabilen RNA-Bausteine.

1.4 Neuere Hypothesen und Befunde über die Entstehung des Lebens – Ist das Leben möglicherweise im Meereis entstanden?

Ein schwerwiegendes Problem beim Aufbau von Aminosäureketten besteht darin, dass Ursuppen größtenteils aus Wasser bestehen. Ohne spezielle Maßnahmen können daher kaum Oligo- und sicher keine Polypeptide (längere Ketten) gebildet werden. In einem solchen Milieu liegt das Gleichgewicht wegen des großen Wasserüberschusses ganz auf der Seite der monomeren Aminosäuren. Die Anwesenheit von Wasser verhindert folglich die Kettenbildung. Dies bedeutet, dass in Ursuppen-Simulationsexperimenten nicht einmal Vorstufen von Proteinen entstehen (JUNKER/SCHERER 2006, 103).

Nun ist bekannt, dass Biopolymere nicht direkt in der Ursuppe entstanden sein mussten, sondern auch auf Kristalloberflächen entstehen können. Während die Gesetze der Thermodynamik in freier Lösung die Spaltungsreaktion begünstigen, fördern sie auf Oberflächen die Kettenbildung. So erhielt man aus verdünnten Aminosäurelösungen, die mit Ton gekocht wurden, Polypeptide, die bereits aus bis zu einem Dutzend Aminosäuren aufgebaut waren. Zugabe von Lava oder Sand fördert den Prozess ebenfalls (KÄMPFE 1992). Auch die Stabilität oberflächengebundener Substanzen (Zucker, Nukleinbasen etc.) ist weitaus größer als in freier Lösung, und eine Reihe von Mineralien hat katalytische Wirkung, das heißt sie können *selektiv* ganz bestimmte Reaktionen beschleunigen oder überhaupt erst ermöglichen.

Etlche Modelle berücksichtigen diese Erkenntnisse und umgehen damit das Problem der Theorie der Ursuppe. Einen solchen Ansatz vertritt der Chemiker und Münchner Patentanwalt G. WÄCHTERSHÄUSER. Seine Theorie des *Oberflächenmetabolismus* geht davon aus, dass Biopolymere, einfache Reaktionssysteme und primitive Einzeller auf der Oberfläche katalytisch aktiver, vor allem in der Tiefsee vorkommender Mineralien (insbesondere Pyrit, FeS_2) entstanden sind (WÄCHTERSHÄUSER 1988a; 1988b; 1990; 1992; 1994; 2000). Als Grundlage der Erzeugung wichtiger chemischer Verbindungen dient Schwefelwasserstoff (H_2S), der neben Kohlenmonoxid, Methan, Stickstoff und Kohlendioxid beständig aus heißen Schloten der Tiefsee ausgast. Dieser reagiert mit Eisenmonosulfid (Mackinawit, FeS) zu Pyrit (FeS_2). Bei dieser Reaktion wird Wasserstoff (H_2) gebildet und Energie frei, die zur Erzeugung von so wichtigen Grundstoffen wie Blausäure oder Ammoniak genutzt werden kann (DÖRR et al. 2003). Auf der Pyritoberfläche gebunden könnten daraus wiederum Aminosäuren und diverse Zucker entstanden sein, die in der Lage sind, lange Polymere (sog. „polyhalbacetalische“ Strukturen) zu erzeugen, aus denen sich stufenweise Isoprenoide, Hüllmembranen und einfache Stoffwechselprozesse gebildet haben könnten.

Nun wird WÄCHTERSHÄUSERS Modell auch von JUNKER/SCHERER andiskutiert, die Ergebnisse aber als wenig befriedigend dargestellt. Immerhin bietet es eine chemisch gut begründete und experimentell prüfbare Alternative zur klassischen Theorie. Es wird auch gestützt durch die Tatsache, dass noch heute viele Enzyme Übergangsmetall-Schwefel-Komplexe enthalten, insbesondere zur Katalyse anaerober (und damit stammesgeschichtlich meist sehr alter) Reaktionen, wie der *Ribonukleotidreduktion* zu *Desoxyribonukleotiden* (FOLLMANN 2004). Hier liegt auch der Schlüssel zum Übergang von der RNA-Welt zur Entstehung früher DNA-Moleküle.

Ein Modell, das zurzeit besonders intensiv untersucht wird und WÄCHTERSHÄUSERS Modell ergänzen könnte, geht davon aus, dass vor allem *niedrige* Temperaturen die Stabilität von evolutionär gebildeten Molekülen erhöhen und die Bildung komplexer Biomoleküle befördert haben können, und dies könnte zum

Beispiel im arktischen Eis gewesen sein. Jedenfalls hat man dort reges Leben in Form von Mikroorganismen gefunden, wie Prof. Hauke TRINKS, Physiker an der Technischen Universität Hamburg-Harburg (TUHH), in seinem ersten Buch nach einer einjährigen Expedition nach Spitzbergen berichten konnte (TRINKS 2001). TRINKS stellt die Hypothese auf, dass das erste Leben vor 4 Mrd. Jahren im Meereis der Urerde entstanden sein könnte. Bei der Diskussion um die notwendigen Eigenschaften von präbiotischen Szenarien im Meereis spielen die folgenden Fragestellungen eine wesentliche Rolle:

- Sind die räumlichen und oberflächlichen Strukturen von Meereis geeignet, Stoffe aufzukonzentrieren, zu reinigen und für Reaktionsschritte vorzubereiten?
- Inwiefern sind die Reaktionsbedingungen günstig für eine Synthese von Makromolekülen?
- Wieweit tragen dynamische Vorgänge, wie die Konzentrierung durch Ausbreitung des salzarmen Eiskörpers, Dichte- und Temperatur-bedingte Flüssigkeitsströme, Gasbildung und -lösung sowie Kristallwachstum zum Funktionieren des Eisreaktors bei?
- Gibt es energetische Effekte, die in der Lage sind, chemische Bindungen zu aktivieren bzw. chemische Reaktionen zu starten?
- Liefern Vorgänge im Meereis Argumente zur Entstehung biologisch-chemischer Asymmetrie (Chiralität)?
- Sind die Bedingungen im Meereis förderlich für Reaktionsabläufe bei der Synthese bzw. Replikation von z. B. RNA?

Das Modell von TRINKS wird von JUNKER/SCHERER zwar erwähnt, allerdings in extremer Kürze abgewickelt. Es heißt dazu lapidar, konkrete Ergebnisse, die eine Lebensentstehung plausibel machen würden, lägen „bisher allerdings nicht vor“ (S. 112). Wir werden im Folgenden sehen, was von dieser Aussage zu halten ist. Dazu sollen die oben angeführten Fragen beantwortet werden, indem weitgehend der Argumentation der Autoren gefolgt wird (TRINKS et al. 2003, 15ff; mit freundlicher Zustimmung von Prof. TRINKS).

1.4.1 Einflüsse dynamischer Abläufe im Meereis; Kompartimentierung bzw. Trennvorgänge ohne Lipidmembranen

Produkte, die in geringer Ausbeute neben großen Mengen an Verunreinigungen in einem Experiment entstehen, wurden in Folgeexperimenten in gereinigter Form [...] eingesetzt. Dabei liegen keine plausiblen Erklärungen der

oft unabdingbaren Reinigungsprozesse auf der frühen Erde vor (JUNKER/SCHERER 2006, 113).

Abgesehen davon, dass in Simulationsversuchen schon aus *analytischen* Gründen hohe Reinheiten eingesetzt werden, können oft schon einzelne Komponenten eines Gemischs unerwünschte Nebenreaktionen unterdrücken und die Bildung bestimmter Produkte begünstigen (POWNER et al. 2009). *Reinigungsprozesse sind daher häufig gar nicht erforderlich.* Zudem führt die Adsorption (Anlagerung) der Verbindungen an spezifische Oberflächen (z. B. Mineralien) *zwangsläufig* zu einer Segregation bzw. Entmischung, was eine lokale Aufkonzentrierung und Reinigung zur Folge hat. Auch im Eis sind Trennvorgänge zu beobachten. Schon beim Fließen eines Gemischs treten Chromatographie-Effekte auf, die eine Stofffraktionierung (Reinigung) bewirken (DASGUPTA/MO 1997; TRINKS et al. 2003). Abhängig von der Temperaturverteilung im Eiskörper, der herrschenden Schwerkraft und der Chromatographiezeit reichern sich die Aminosäuren in verschiedenen Bereichen des Eiskörpers unterschiedlich stark an, so dass je nach Milieu die erforderlichen Ausgangsstoffe in hoher Konzentration und Reinheit vorliegen können, wodurch auch unerwünschte Kettenabbrüche vermindert werden.

Auch die Gegenwart von nahezu reinem, gasförmigem CO₂ im Eis hätte hinsichtlich der Synthese von Makromolekülen einen äußerst begünstigenden Effekt. Kettenabbrüche bei Proteinsynthesen treten unter CO₂ weniger auf. So wies ORGEL schon 1989 (ORGEL 1989) darauf hin, dass die Synthese von Proteinen in Gegenwart von CO₂ in höheren Ausbeuten gelingt, da die störende Aminosäure-Cyclisierung durch reversible Blockierung der Aminogruppe an einem Ende der Kette unterbunden wird. Betrachtet man die Zusammensetzung der Atmosphäre in präbiotischen Zeiten, muss grundsätzlich ein hoher Partialdruck an CO₂ angenommen werden (KASTING/ACKERMAN 1986). Dies führte zu eher sauren Meerwasserseigenschaften und von vornherein zu einer mengenmäßigen Dominanz an Carbonaten im Gleichgewichtssystem Carbonat / Sulfat / Borat / Phosphat / CO₂ (MILLERO/ROY 1997).

1.4.2 Stabilitätsprobleme in der Ursuppe: Die Bildung und Stabilisierung längererkettiger Biomoleküle im Meereis

Günstige äußere physikalische Bedingungen, wie passender Druck und Temperatur, denen enge Grenzen gesetzt sind, wenn die Reaktionsprodukte stabil bleiben sollen, werden bei solchen Versuchen als gegeben vorausgesetzt. Unter präbiotischen Ursuppenbedingungen ist dies jedoch sehr unwahrscheinlich. Im ‚Ursuppenmodell‘ muss daher postuliert werden, dass die an verschiedenen Stellen gebildeten Bestandteile später zusammengeführt

worden sind, um miteinander reagieren zu können. Damit wird dieses Szenario sehr spekulativ (JUNKER/SCHERER 2006, 103).

Offenbar wissen JUNKER/SCHERER immer ganz genau, was ungünstig und unwahrscheinlich ist, warum etwas *nicht* sein kann oder warum – oft entgegen der Einschätzung der Fachwelt – etwas als „unplausibel“ angenommen werden muss. In Wahrheit sind ihre pessimistischen Annahmen nicht plausibler als die allzu optimistischen Einschätzungen einiger Forscher, in deren Augen es nur eine Frage der Zeit sei, bis alle Fragen vollständig beantwortet werden können. Es ist, wie in einem anderen Kapitel bereits erörtert wurde, mit dem Geist der Wissenschaft nicht zu vereinbaren, wenn auf der Basis von Unwissen Spekulationen hinsichtlich der Unwahrscheinlichkeit der Entstehung von Leben angestellt werden. Modellbildung heißt die Devise!

Gerade die Eigenschaften des Meereises bieten in verschiedener Hinsicht äußerst günstige Bedingungen für die Stabilisierung und Weiterreaktion von Biomolekülen. Thermodynamische Überlegungen bezüglich Erstarrungs- und Auftauvorgängen und hinsichtlich der beobachtbaren Salzkristallisation ergeben das Bild eines permanent hohen Energietransfers. Im mikroskopischen Bereich können, insbesondere unter dem Aspekt der geringen Wärmeleitfähigkeit der Matrix, Energie-Inhomogenitäten mit stark exothermem Charakter vorherrschen. Diese sind prinzipiell in der Lage, chemische Reaktionen, wie etwa die Knüpfung von Peptidbindungen, zu fördern. Ferner kann das Eisgefüge chemische Reaktionen katalytisch begünstigen, da sich das Milieu durch vielfältige Grenzschichten, feste und flüssige Phasen, hochkonzentrierte Meersalzlösung sowie mineralische Staubpartikel auszeichnet.

Besonders vorteilhaft ist der günstige Entropie-Einfluss des Eises auf die Bildung längerer Molekülketten. Zwar wird zum Aufbau langkettiger Moleküle Energie verbraucht, die normalerweise aus der hitzebedingten Anregung der Moleküle bezogen wird (MACLEOD et al. 1994; MULLER 1995; HOLM/ANDERSSON 1998). So begünstigt Hitze die Synthese energiereicher Moleküle, die als chemische Träger zur Aktivierung von Reaktionen fungieren können, wie z. B. Cyanate (YAMAGATA 1999), N-Carboxyanhydride (BRACK 1993) oder Polyphosphate (MULLER 1995) aus vulkanischen Prozessen (SCHWARTZ/HENDERSONSELLERS 1983). Nur die bevorzugte Reaktion zu Makromolekülen tritt in der Hitze anscheinend nicht bzw. nur unter katalytischen Bedingungen ein. Kalte Systeme wie das Meereis dagegen bieten, so TRINKS et al. (2003), in unmittelbarer Nähe zum Syntheseort der Bausteine auch energetische Senken, in denen nach vollbrachter Reaktion die komplexen Produkte aus dem Energiefluss ausscheren können, um dort moderat weiterzureagieren oder angesammelt zu werden. Der Transport der Moleküle aus den heißen Syntheseorten zur Weitersynthese im Meereis der Polkappen ist dabei, mit

Blick auf die globalen Meeresströmungen, innerhalb kurzer Zeit möglich. An Orten wie Island sind vulkanische Hitze und Eis räumlich sehr nahe beieinander.

Hinweise, dass im Eis für den Lebensursprung wichtige Reaktionen im Dunkeln bei Temperaturen unter -20 °C ablaufen können, liefern beispielsweise Publikationen zur Oligomerisierung von Cyanwasserstoff (HCN), einem schon lange bekannten, wichtigen Syntheseweg zum Aufbau von Nukleinbasen wie Adenin (SANCHEZ et al. 1966; FOLLMANN 1981; MIYAKAWA et al. 2002). Und tatsächlich bietet Meereis auch für Prozesse, die einen energetischen Anstoß brauchen, eine Fülle an Energiequellen. Viele Forschergruppen interessieren sich speziell für die Chemie im Eis unter UV-Licht im Weltraum, also unter Bedingungen, die typischerweise in Meteoriten auftreten (MEIERHENRICH 1999; MUNOZ et al. 2002). Es ist allgemein anerkannt, dass im Meteoriten-Eis unter dem Einfluss von UV-Strahlung aus einfachen Gasen wie CO_2 , CH_4 , NH_3 Aminosäuren, Carbonsäuren und andere polare Verbindungen entstehen (CLARK et al. 1999; BLAKE/JENNISKENS 2001). Diese Publikationen deuten alle auf einen sehr aktiven Chemismus im Eis hin, der – wie wir noch sehen werden – auch zur Bildung langkettiger Verbindungen wie Nukleinsäuren führen kann. Selbiges wird von JUNKER/SCHERER (2006, 107) natürlich bestritten:

Unter den bisher angewendeten Bedingungen führten sie [Template bzw. Matrizen zur gesteuerten Synthese] immerhin zu Produkten mit bescheidener Kettenlänge (weniger als 50 Nukleotide). Bei Template-Synthesen treten jedoch neue Schwierigkeiten auf. Eine der Schwierigkeiten besteht darin, dass die Stickstoffbasen auf zwei unterschiedliche Weisen mit Ribose verknüpft werden können [...] Bei der chemischen Synthese treten beide Verknüpfungsmöglichkeiten im Verhältnis 1:1 auf [...] Da jedoch völlig ungeklärt ist, woher die Matrizen überhaupt kommen sollen, sind Template-gesteuerte Synthesen für Lebensentstehungsmodelle derzeit ohnehin nicht von Bedeutung.

Diese Aussagen sind aber nicht nur aus Sicht des Modells von G. WÄCHTERSCHÄUSER antiquiert. Auch Meereis besitzt als Matrix erstaunliche Eigenschaften; hierüber liegen zu einem großen Teil schon empirische Erkenntnisse vor, die in die neueren Modelle Eingang finden: Während der Bildung von Eis auf der obersten Wasserschicht werden zunächst regelmäßig geformte Eiskristalle beobachtet. Diese Kristalle breiten sich bei günstigen Bedingungen auf der Wasseroberfläche rasch aus, bilden Netzwerke, die beim Aneinanderstoßen zusammenwachsen, und es bildet sich eine zellenartige Struktur. Feste Eiselemente, kleine, mit konzentrierter Salzlösung gefüllte Kanälchen (Kaviolen) in einem kommunizierenden, kapillaren Flüssigkeitssystem, sowie eingelagerte Gasbläschen formen die für junges Eis charakteristische dreidimensionale Struktur (WAKATSUCHI/KAWAMURA

1987). In den festen Eiselementen ist das Meersalz stark abgereichert, während die Flüssigkeit in den Kaviolen aus einer mit abnehmender Temperatur zunehmend konzentrierten Salzlösung besteht.

RODE et al. (1999) konnten Kondensationsreaktionen von Aminosäuren zu Ketten mit bis zu sieben Gliedern Länge allein durch die Gegenwart hochkonzentrierter Kochsalzlösungen (allerdings in der Wärme) nachweisen. Kupfer-Komplexe und Tonminerale spielen dabei anscheinend ebenfalls eine zentrale Rolle (RODE et al. 1999; BUJDAK/RODE 1999). TRINKS et al. (2005) ist es inzwischen auch gelungen, in Meeres Nukleinsäuren mit bis zu 400 Kettengliedern Länge zu bilden. Da im Ergebnis bei weitem die gewünschten 3'-5'-Verknüpfungen dominierten, hat der obenstehende Einwand von JUNKER/SCHERER kein Gewicht.²

1.4.3 Chiralität: Bevorzugung einer optisch aktiven Form

Vor der Entstehung von Lebewesen muss irgendwann die Entscheidung zugunsten der einen Sorte von Enantiomeren gefallen sein. Auf der Ebene lebender Organismen führt die Konkurrenz von Individuen und Arten zu Selektionsprozessen. Bei Enantiomeren mit chemisch gleichem Energiegehalt existiert ein auf Konkurrenz basierender Selektionsprozess nicht. Daher ist prinzipiell unklar, wie es in einer hypothetischen präbiotischen Welt zu einer Selektion kommen kann. Beide Alternativen sind dort gleich wahrscheinlich und eine natürliche Ursache dieses Naturphänomens ist unbekannt [...] (JUNKER/SCHERER 2006, 107).

Wie zu erwarten, wird von diesen Autoren die Möglichkeit der *natürlichen* Anreicherung und Verknüpfung einer Sorte von Enantiomeren als unplausibel dargestellt, wobei hier ebenfalls wieder ein ominöses „Know-how“ postuliert wird. Entgegen der Meinung der Evolutionsgegner sind aber auch in diesem Fall keine prinzipiellen Hürden physikalisch-chemischer Art in Sicht, im Gegenteil. Bevor die Argumentation vertieft wird, muss jedoch zunächst erläutert werden, was die Begriffe *Chiralität* und *Enantiomer* bedeuten und worin das Problem aus biochemischer Sicht besteht.

Der Begriff *Chiralität* („Händigkeit“) betrifft die Struktur zweier Molekülsorten, die wie Bild und Spiegelbild gebaut sind und somit nicht durch Drehung zur Deckung gebracht werden können. Dies kann durch die atomare Anordnung im

² Um Nukleotide zu längeren Ketten zu kondensieren, sind allerdings aktivierende Effekte vonnöten, so dass als Ausgangsverbindung z. B. Imidazol-Derivate der Nukleotide eingesetzt werden. Dabei taucht regelmäßig die Frage auf, ob es sich dabei noch um eine präbiotische Synthese handeln kann. Tatsächlich gelang ORÖ et al. (1984) die Erzeugung von Imidazol aus einfachen, präbiotisch relevanten Verbindungen.

Molekül oder durch die dreidimensionale Gestalt der Moleküle selbst bedingt sein. So werden chirale Zentren im Molekül z. B. von Kohlenstoffatomen gebildet, die vier verschiedene Atomgruppen tragen (Abb. 30). Derart *asymmetrisch* gebaute Moleküle drehen die Ebene von polarisiertem Licht, das durch eine Lösung oder einen Kristall asymmetrischer Moleküle geschickt wird, nach rechts oder nach links (Abb. 29). Man sagt auch, dass solche Substanzen „optisch aktiv“ seien.

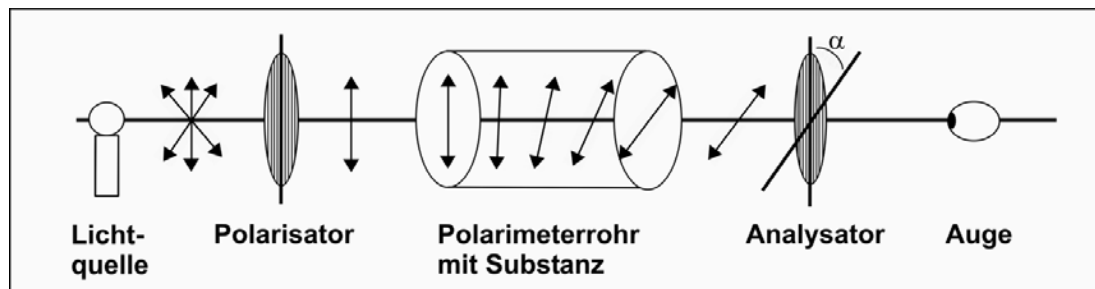


Abb. 29 Drehung der Ebene polarisierten Lichts, das durch einen Polarisator im Polarisimeterrohr erzeugt wird, durch die jeweilige Substanz, die sich normalerweise in einer wässrigen Lösung befindet. Mit dem Analysator kann man den Drehwinkel der Schwingungsebene des Lichts messen.

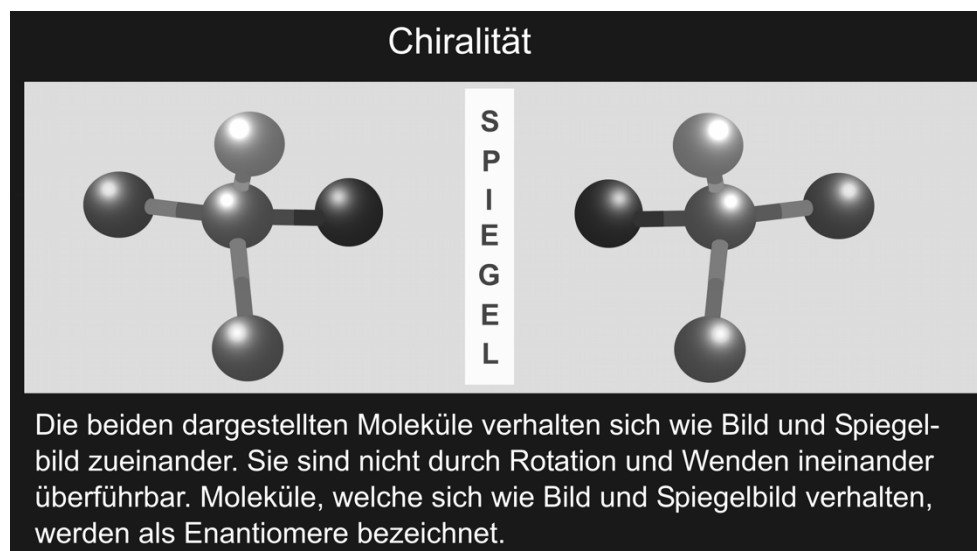


Abb. 30 Asymmetrie bzw. Chiralität aufgrund vierer verschiedener Atomgruppen an einem Kohlenstoffatom. Solche Konstellationen können in größeren Molekülen mehrfach vorkommen. Abdruck der Grafik mit freundlicher Genehmigung von Michael Rainer A. MÜLLER (chempage.de/lexi/chiral.htm).

Moleküle, die sich wie Bild und Spiegelbild verhalten, werden als *Enantiomere* bezeichnet; ihr chemisches und physikalisches Verhalten ist gegenüber nicht-

chiralen Einflüssen, wie z. B. unpolarisiertem Licht oder Reaktionen mit nicht-chiralen Molekülen, tatsächlich gleich. In chiraler Umgebung hingegen, d. h. in polarisiertem Licht, bei Wechselwirkung mit Oberflächen chiraler Struktur oder in der Reaktion mit anderen chiralen Molekülen, sind Enantiomere physikalisch und chemisch deutlich voneinander unterscheidbar. Details zu dem Thema finden sich bei CHRISTEN (CHRISTEN/VÖGTLE 1989) und REIN (REIN 1993).

Die belebte Natur zeichnet sich vorwiegend durch aus Kohlenstoffeinheiten aufgebauten Strukturen aus. Bis auf wenige Ausnahmen sind diese Einheiten chiral, da *mindestens ein* Kohlenstoffatom des Moleküls mit vier unterschiedlichen Atomgruppen verbunden ist. Im Rahmen klassischer Synthesen treten stets Gemische unterschiedlicher Enantiomeren auf (so genannte *razemische* Gemische oder *Razemate*). Bemerkenswerterweise ist dies in der Natur nicht der Fall: Belebte Materie unseres Lebensraumes tritt in absoluter Enantiomeren-Reinheit des jeweils verwendeten Bausteines auf; z. B. kommen in der Natur ausschließlich L-Aminosäuren und D-Zucker vor.

Wie kam es im Lauf der Evolution zur Diskriminierung eines Enantiomers? Die Idee, dass durch Zufall ein bestimmtes Enantiomer in den ersten präbiotischen Synthesen lokal überwog und anschließend in einer Kettenreaktion andere Moleküle gleicher Chiralität koppelte, entspricht dem Prinzip eines sich selbst aufschaukelnden Automatismus (FAJSZI/CZEGE 1981; JENKINS et al. 1994). Der kleine Vorsprung des „Überlebenden“ würde sich zu Ungunsten des erfolgloseren Enantiomers stets vergrößern. Nur erweisen sich in allen Syntheseversuchen biotischer Moleküle „falsche“ Enantiomere als ebenso reaktionsfreudig und werden ungeachtet ihrer Chiralität in gleichem Maße eingebaut (BAILEY 2000; BONNER/DEAN 2000).

Dies gilt jedoch nicht notwendigerweise für katalytisch gesteuerte Reaktionen, die in den sehr heterogenen Nischen der Ozeane ablaufen konnten. Es gibt empirische Hinweise, die dafür sprechen, dass z. B. durch Komplexbildung (etwa durch Cu^{2+} -Ionen) aus razemischen Aminosäure-Gemischen bevorzugt homochirale Proteine kondensieren (PLANKENSTEINER et al. 2004). Solche Prozesse könnten z. B. in den Kaviolen des von TRINKS und Kollegen vorgeschlagenen Meereses oder nach WÄCHTERSCHÄUSER in mineralischen Gefilden der Tiefsee abgelaufen sein. Wie wir wissen, können auch an reinen Calciten Enantiomeren-Spezies angereichert und damit Razemate mit hoher Selektivität aufgetrennt werden. Dabei kristallisiert bevorzugt immer nur ein bestimmtes optisches Isomer aus. Des Weiteren lassen sich aus übersättigten Lösungen unter dem Einfluss asymmetrischer Kristallisationskeime entweder D- oder L-Formen auskristallisieren, wobei die bereits auskristallisierte Form als Kristallisationskeim dienen kann (HARADA 1970). Die Entstehung übersättigter Lösungen ist in räumlich getrennten Gewässern durch Austrocknung oder über erhitzten Gesteinen geologisch durchaus

möglich. Schließlich wird durch polarisierte β -Strahlung aus dem natürlichen ^{90}Sr -Zerfall das D-Tyrosin stärker zerstört als L-Tyrosin (FOLLMANN 1981).

Da es in der unbelebten Welt anorganische, chirale Stoffe gibt, liegt es nahe, den möglichen Impuls für eine Veränderung des Enantiomeren-Verhältnisses in der Auswirkung chiraler, mineralischer Oberflächen auf die Kristallisation zu suchen. Bekannt dafür sind Quarz, Tonminerale oder Feldspat (HAZEN 2001; HAZEN et al. 2001), aber es gibt auch Kristalle, die erst durch Gitterfehler chiral werden (z. B. ist Eisensulfid, FeS, besonders erwähnenswert, da diesem Stoff wichtige Energietransfer-Funktionen in der von Günter WÄCHTERSCHÄUSER vorgeschlagenen Theorie von Biofilmen zugeordnet werden). Auch Meereis hat, um auf das Modell von Hauke TRINKS zurückzukommen, offenbar chirale Einflüsse. So stellt die Bildung von Kristallstrukturen in asymmetrischer, wendelförmiger Anordnung ein bei der Entstehung von Kristallen häufig anzutreffendes Phänomen dar, so auch im Eis (HILLIG/TURNBULL 1956; HOBBS/KETCHAM 1969; KIRKPATRICK 1975). Deshalb ist es auch plausibel, dass fädige Kristallite, die sich entlang der Kaviolen gebildet haben, eine Helixstruktur annehmen (TRINKS 2001).

Neuere Veröffentlichungen weisen auf eindrucksvolle Szenarien hin, in denen Aminosäuren-Gemische dazu bewogen werden können, chiral auszukristallisieren. Die Konglomerat-Bildung wird durch Zusätze in der Lösung, wie z. B. Glycin, verhindert (WEISBUCH et al. 2002). Allein schon die Gegenwart von Sediment-Oberflächen kann die Entstehung von Konglomeraten verhindern, wobei ein möglicher Synthesort der Strand der Urmeere ist (VIEDMA 2001). Asymmetrische Beeinflussung geschieht natürlich bei Zusatz enantiomerenreiner Impfkristalle (ASAKURA et al. 2000), aber auch, wie eine weitere Publikation beschreibt, asymmetrisch, spontan und ohne Außeneinwirkungen wie bei der Kristallisation eines Isomers aus einer wässrigen Aminosäurelösung (SHINITZKY et al. 2002). Den Drang spezieller Systeme zu homochiralen Kompartimenten (allerdings ohne Asymmetrie) beschreiben auch SCHALLEY/WEIS (2002), denen Oligopeptide von Serin mit erstaunlicher chiraler Reinheit bei der Elektrospray-Ionisation im Massenspektrometer auffielen. REINER et al. (2006) konnten sogar nachweisen, dass die Aminosäure L-Histidin die Bildung homochiraler Oligopeptide begünstigt (katalysiert) und dabei eine Präferenz für die L-Aminosäuren zeigt, so dass sie eine Schlüsselrolle bei der Entstehung homochiraler Proteine gespielt haben könnte.

Nun liest man bei JUNKER/SCHERER (2006) über all diese interessanten Erkenntnisse praktisch nichts. Statt dessen wird bemerkt, dass *global* gesehen immer „beide chirale Formen gleichberechtigt“ seien, wobei ein durch physikalisch-chemische Effekte hervorgerufener Symmetriebruch nicht zum Verschwinden einer der beiden Enantiomere aus der Lösung führt (ähnlich IMMING 2007a, b). Tatsächlich gelangt man integral über alle existierenden Oberflächeneinflüsse immer wieder zu dem Enantiomeren-Verhältnis 50:50, also zum unbeeinflussten Raze-mat (EVGENII/WOLFRAM 2000), obwohl lokal eine Asymmetrie nachgewiesen wer-

den kann, wenn D- bzw. L-Formen getrennt von den unterschiedlich ausgerichteten Kristallflächen abgesammelt werden (HAZEN 2001). Der Einwand von JUNKER, SCHERER und IMMING geht aber an der Sache vorbei, denn erwartungsgemäß erfolgt eine Kompartimentierung *immer lokal* in kleinen, von der Umwelt abgeschotteten Bereichen. Zur Synthese eines homochiralen Kettenmoleküls muss das andere Enantiomer auch nicht vollständig „verschwinden“ – es genügt, wenn sich durch eine mehr oder weniger stark ausgeprägte Asymmetrie die Wahrscheinlichkeit der Synthese homochiraler Moleküle *lokal erhöht*.

Findet sich in einem Molekül-Ensemble *ein* homochirales Molekül mit einer charakteristischen Funktion (z. B. als Katalysator oder Matrize für die Synthese weiterer homochiraler Spezies), ist das Ergebnis ein Vorgang, der in eine Selektion hineintreibt. Dabei ist es völlig unerheblich, dass, wie IMMING (2007a, b) einwendet, dieselbe Argumentation auch für das *andere* Enantiomer bemüht werden kann. Ein solcher Einwand ist rein akademisch – von dem Zeitpunkt an, an dem *ein* homochirales Kompartiment (wo und aufgrund welcher Eigenschaften auch immer) „das Rennen machte“, waren die Würfel für eine andauernde Diskriminierung des anderen Enantiomers gefallen. Ein selektionäres Szenario ist auch nicht besonders spekulativ, sondern unter den gegebenen Voraussetzungen *eine plausible theoretische Erwartung*.

Die eigentliche Sensationsmeldung kam aus dem Labor von Reza GHADIRI vom SCRIPPS RESEARCH INSTITUTE in La Jolla (Kalifornien), das – ähnlich den Experimenten mit Oligonukleotiden – ein selbstreplizierendes Polypeptid nachzuweisen in der Lage war (LEE et al. 1996). Das aus 32 Aminosäuren kondensierte Polypeptid dient als Matrize und unterstützt autokatalytisch seine eigene Erzeugung! Der zweite Bericht aus La Jolla brachte schließlich Licht ins Dunkel der Entstehung homochiraler Biomoleküle (SAGHATELIAN et al. 2001). Danach besitzt das Polypeptid die erstaunliche Eigenschaft, bei seiner Replikation in einem Ausleseprozess bevorzugt homochirale Produkte zu bilden. Die Produkte dienen wieder als Matrizen, die wiederum Produkte in noch höherer Enantiomeren-Reinheit hervorbringen usw. Dabei nimmt die Katalyseaktivität ab, wenn auch nur ein Baustein eine den übrigen Aminosäuren entgegengesetzte Händigkeit aufweist (Abb. 31).

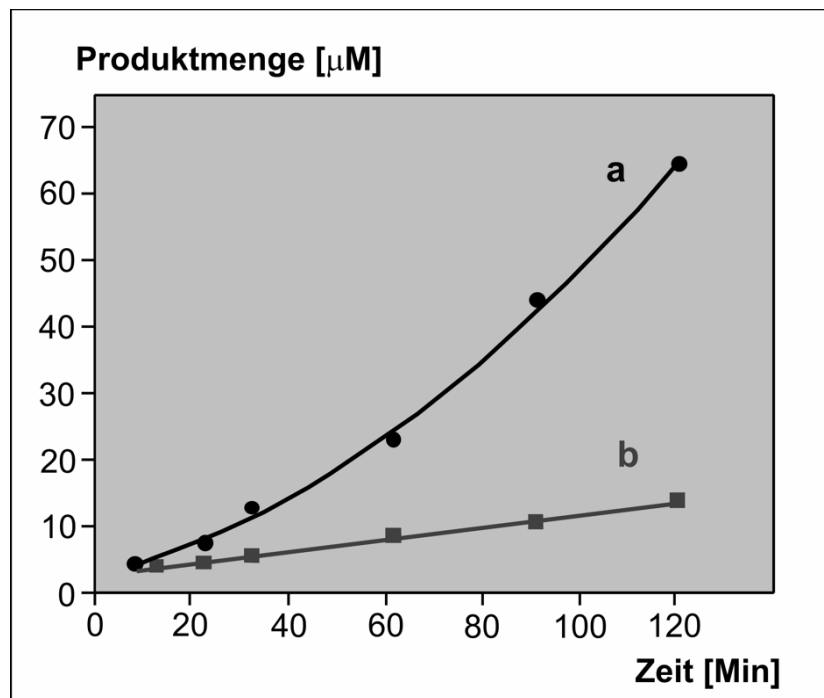


Abb. 31 Die Bildungsraten der Produkte in Abhängigkeit der Zeit. Die matrizenabhängige Bildung: a.) der homochiralen Produkte T^{LL} und T^{DD} b.) der heterochiralen Produkte T^{DL} und T^{LD} . Umgezeichnet nach SAGHATELIAN et al. (2001).

Somit lässt sich festhalten, dass die Anreicherung und Verknüpfung (Oligomerisierung) von Aminosäuren an vielen Kristalloberflächen chiroselektiv erfolgt, so dass das Wachstum von Sequenzen definierter Händigkeit möglich wird. Vor allem erzeugen Peptide, die ihre eigene Replikation katalysieren, bereits nach wenigen Vermehrungszyklen fast ausschließlich homochirale Sequenzen. Es liegt nahe, dass ein solcher Mechanismus die Entstehung der Homochiralität auf der Urerde beeinflusst hat (SAGHATELIAN et al. 2001). Die Behauptung der Autoren JUNKER/SCHERER, „eine natürliche Ursache dieses Naturphänomens“ sei „unbekannt“, ist falsch.

1.4.4 Chemische Evolution von Lipiden als Grundstoff für Membranen

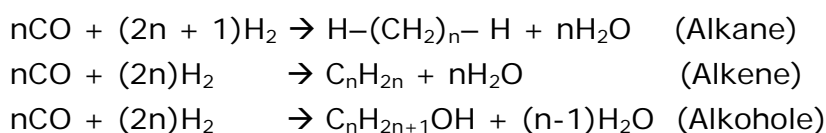
OPARIN (OPARIN 1938; 1963) und MOROWITZ (MOROWITZ 1992) postulierten die Existenz von Zellen und Membranen (Coazervate, Vesikel) als notwendige Voraussetzung für den Ablauf weiterführender Schritte bei der Entstehung des Lebens. Heute geht man allgemein davon aus, dass Vesikel durch die spontane Bildung von Kleinkompartimenten aus unterschiedlichsten Arten von Lipidmolekülen unter wässrigen Bedingungen und somit matrixunabhängig entstanden sind (DEAMER/BARCHFELD 1982; BAEZA et al. 1987; BACHMANN et al. 1992; SEGRÉ et al.

2001). Es nimmt daher nicht wunder, dass die Evolutionsgegner die Spontanbildung bipolarer Phospholipide (so genannter *Amphiphile*) und ihrer Aggregate wie Doppelschichten, Mizellen oder Vesikel unter natürlichen Bedingungen für unplausibel halten:

Plausible Synthesemöglichkeiten solcher Substanzen unter präbiotischen Bedingungen sind [...] unbekannt (JUNKER/SCHERER 2006, 110).

Amphiphile, die eine Doppelschicht ausbilden, wurden aber schon in Meteoriten entdeckt und im Labor unter einer großen Bandbreite von Randbedingungen erhalten – etwa durch UV-Bestrahlung interstellarer Eispartikel oder durch hydrothermale Prozessen, mit denen die Bedingungen der Urerde nachgestellt wurden (HANCZYC et al. 2003). HAZEN/DEAMER (2007) konnten zeigen, dass unter hydrothermalen Bedingungen aus Pyruvat (ein Biomolekül, das z. B. bei Simulationen zu WÄCHTERSCHÄUSERS Modell nachgewiesen wurde) Verbindungen entstehen, von denen einige amphiphilen Charakter haben und die Bildung von Vesikeln aus unpolaren Verbindungen fördern.

Schon FOLLMANN hat 1981 vielfältige Synthesemöglichkeiten von Membranbausteinen referiert. So können z. B. Paraffine, aber auch ungesättigte Kohlenwasserstoffe sowie längerkettige Alkohole in Reaktionen vom Typ der FISCHER-TROPSCH-Synthese aus CO und H₂ (technisch: so genanntes „Synthesegas“) unter präbiotischen, hydrothermalen Bedingungen gebildet worden sein (vgl. u. a. MCCOLLOM et al. 1999; RUSHDI/SIMONEIT 2001; HOLM/CHARLOU 2001):



Wie man sieht, ist das Problem also weniger die *Synthese* als vielmehr die Bildung *stabiler* Doppelmembranen, die je nach Amphiphil stark konzentrations-, temperatur- und pH-Wert-abhängig ist und schon durch vergleichsweise geringe Milieuschwankungen rasch wieder zerstört werden können (THOMAS/RANA 2007). Hier besteht in der Tat noch Klärungsbedarf, doch sind auch hier keine grundsätzlichen Probleme in Sicht. Die Bildung und Stabilisierung der Doppelmembrane kann z. B. auf katalytisch wirkenden Oberflächen wie Pyrit, das als Eisen-Verbindung die FISCHER-TROPSCH-Synthese katalysiert, erfolgen. Erste Untersuchungen zeigen auch, dass Meereis im Unterschied zu Süßwassereis in Verbindung mit Phospholipiden die Entstehung von Vesikeln ermöglicht (TRINKS 2006). Detaillierte Beschreibungen solcher dynamischer Phänomene sind in weiteren Publikationen zu finden (CHELLAIAH/VISKANTA 1990; CHANG/YANG 1996; KAHRAMAN et al. 1998). Zusammenfassend für das Kapitel 1.4 dieser Arbeit mag Abb. 32

stehen, in der praktisch sämtliche Molekülklassen aufgeführt sind, die über weitere Stoffwechselwege zu den Molekülen synthetisiert werden, die für lebende Strukturen bzw. Organismen essenziell sind:

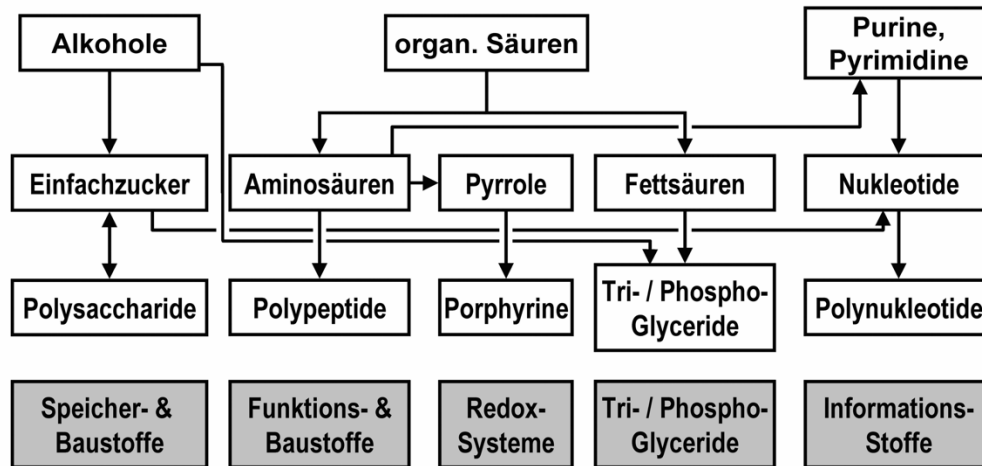


Abb. 32 Entstehung von Biomolekülen, deren Vorläufer (oberste Reihe) sich unter abiotischen Bedingungen gebildet und im Verlaufe der chemischen Evolution zu den Bausteinen geführt haben können, deren Funktionen in der untersten Reihe angegeben sind.

2. Weitere Schritte zum Leben: Entstehung der ersten Replikationssysteme

2.1 Anmerkungen zur RNA-Welt

Obwohl die RNS-Welt-Hypothese als attraktives Modell zur Lebensentstehung dargestellt wird, fehlen bisher experimentelle Belege, die dieses Konzept schlüssig und plausibel erscheinen lassen (JUNKER/SCHERER 2006, 109f).

Bevor die Argumentation vertieft wird, muss zunächst erklärt werden, was RNA-Welt bedeutet. NELSON definiert sie wie folgt: „Die Vorstellung vom Leben ohne DNA und ohne Proteine entspricht der RNA-Welt“ (NELSON 2001; Übersetzung P.K.). 1982 stellte die Arbeitsgruppe um Tom CECH, Department of Chemistry an der Universität Boulder in Colorado, erstmals fest, dass ein Intron in der ribosomalen RNA des Mikroorganismus *Tetrahymena thermophila* seine eigene Spaltung und/oder Synthese katalysieren kann (KRUGER et al. 1982). Solche Moleküle werden *Ribozyme* genannt und haben eine Länge von ca. 80 bis 100 Nukleotiden. CECH und ALTMAN, der Leiter einer anderen Wissenschaftlergruppe, erhielten

1989 für diese Entdeckung den Nobelpreis. Die überraschenden Befunde hinsichtlich der sich selbst replizierenden RNA sowie die Tatsache, dass RNA enzymatische Aktivität entfalten kann, führten dazu, dass eine ganze RNA-Welt als primordial postuliert wurde (GILBERT 1986).

Als wesentliche Schwäche dieses Modells galt vor allem die Instabilität der Ribose sowie die Schwierigkeit, die glykosidischen Bindungen in den Nukleotiden zu bewerkstelligen. Wie oben erwähnt, gelingt jedoch inzwischen die Erzeugung von RNA-Bausteinen über einen einfachen Reaktionsweg aus Verbindungen wie Glycerinaldehyd, Cyanamid, Cyanoacetylen, Glykolaldehyd und Phosphat (POWNER et al. 2009). Davon abgesehen behauptet niemand, dass RNA *de novo* im Urmeer gebildet worden sein müsse; viel wahrscheinlicher ist die Entstehung einfacher Vorläufermoleküle.³ So zeigt sich, dass die normale Ribose-Phosphat-Kette nativer RNA unter Beibehaltung der wesentlichen RNA-Funktionen durch zahlreiche einfachere Verbindungen ersetzt werden kann, wie etwa einem Rückgrat aus Polyamid-Polymeren („Peptidnukleinsäuren“, PNA). Die Erzeugung gelingt über einfachere Reaktionswege als die natürliche RNA und in guter Ausbeute unter Einsatz plausibler, präbiotischer Verbindungen, wie Cyanacetaldehyd und Hydantoin (RAUCHFUß 2005).

Entgegen JUNKER/SCHERER (2006, 111) ist hier auch die spätere „Wachablösung“ durch D-Ribose-Phosphat kein Problem; sie ist stufenlos ohne Funktionsverlust über die Bildung von Chimären möglich, d. h. von Polymeren, die *beide* Verbindungstypen enthalten. Denkbar ist ein Ausleseprozess – analog der Selektion homochiraler Produkte durch selbstreplizierende Polypeptide (s. o.). Dabei kann die PNA als Matrize genutzt und durch die übliche WATSON-CRICK-Basenpaarung repliziert worden sein. Auch leicht zu synthetisierende Zuckerderivate wie Tetrose sind anstelle der instabileren D-Ribose geeignet, die normale Basenpaarung zu gewährleisten (RAUCHFUß 2005). Entgegen der Meinung der Evolutionsgegner gibt es somit genügend experimentelle Befunde, die das Szenario einer RNA-Welt möglich erscheinen lassen. Dass die RNA-Welt-Hypothese bei weitem mehr ist als eine Spekulation, dafür sprechen eine ganze Reihe *indirekter* Belege. Das wohl gewichtigste Indiz förderte Manfred EIGEN im Rahmen seines Modells vom *Hyperzyklus* zutage, das im Folgenden vorgestellt werden soll.

³ Unabhängig davon gibt es weiterhin Bemühungen, Nukleinsäuren präbiotisch zu synthetisieren. Dabei spielen Mineralien wie Montmorillonite und Kaolin sowie zweiwertige Kationen wie Zn^{2+} eine wichtige Mittlerfunktion; sie begünstigen vor allem die benötigten 3'-5'-Verknüpfungen (FRANCHI 2003; RAUCHFUß 2005). Interessanterweise enthalten heute noch diverse Nukleinsäure-Polymerasen Zn^{2+} -Ionen.

2.2 Das Modell vom Hyperzyklus

Der „Hyperzyklus“ wurde von EIGEN als erstes evolutionsfähiges Replikationssystem postuliert. Im einfachsten Hyperzyklus finden RNA-Moleküle zusammen, die sich in gegenseitiger Wechselwirkung aus einer Substratlösung hervorbringen und „vermehren“. Dabei koppeln sich entweder zwei oder mehrere selbstreproduzierende RNA-Stränge (Ribozyme) oder aber Ribozyme und Enzyme zu einem stabilen Autozyklus, der sich selbst unterhält und repliziert (EIGEN 1971; EIGEN/WINKLER 1973/74; EIGEN/SCHUSTER 1977; EIGEN/SCHUSTER 1979) (Abb. 33).

EIGEN hatte das Modell vom Hyperzyklus ersonnen, um zu berechnen, ab welcher Sequenzlänge die bei der Vermehrung selbstreproduzierender Polynukleotide (Ribozyme) auftretenden Kopierfehler die „Information“ auseinanderdriften lassen und wie groß die Fehlerquote mindestens sein muss, damit das System überhaupt evolviert. Die bei jedem Replikationsschritt auftretenden Fehler kommen durch Mutationen zustande, die bewirken, dass aus einer Ursequenz allmählich ein „Kometenschweif“ bestehend aus ähnlichen Ribozymen entsteht. Es handelt sich dabei also um ein Mutantenensemble, die so genannte *Quasispezies*, deren Mitglieder hinsichtlich Kopiergenauigkeit, Stabilität und Replikationsgeschwindigkeit miteinander in Konkurrenz stehen. Wenn keine Fehler auftreten würden, gäbe es keine Entwicklung und auch keine Evolution. Die Fehler dürfen aber auch nicht zu groß sein, sonst endet der Prozess in einer so genannten „Fehler-Katastrophe“ (EIGEN/SCHUSTER 1979; SWETINA/SCHUSTER 1982; SCHUSTER/STADLER 1999; LOEB et al. 1999).

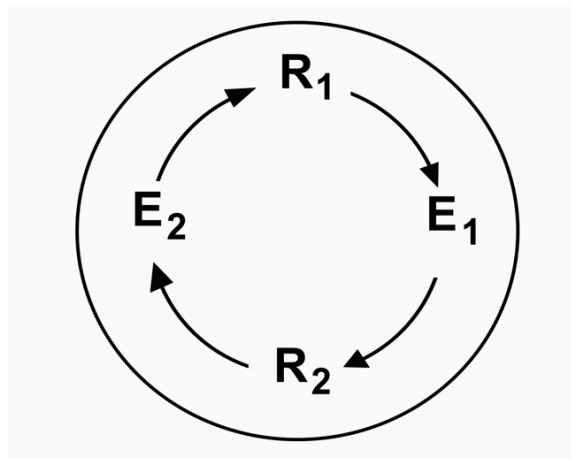


Abb. 33 Hyperzyklus nach EIGEN: Ein intermediäres Molekül R (1,2,...,n-1), z. B. RNA, repliziert sich selbst; dann wird ein Produkt davon abgelesen und synthetisiert, in diesem Fall ein Enzym E (1,2,...,n-1), welches die Synthese des nächsten Moleküls R (2...n) katalysiert usw. Im Gegensatz zu einem einfachen katalytischen Zyklus kann sich der Hyperzyklus evolutionär weiter entwickeln; er wächst hyperbolisch.

Experimentell sind bisher einige RNA Moleküle mit Hilfe der *QB-Replikase* auf eine solche Art in einem Flow-Reactor synthetisiert worden. Mit Hilfe chromatographischer Auftrennung kann man Moleküle mit vorher bestimmten Eigenschaften isolieren (SCHUSTER 2007; dort weitere Literatur).

Für Polynukleotide, die ausschließlich aus stabilen Guanin-Cytosin-(GC-) Basenpaarungen bestehen, beträgt die maximal erlaubte Fehlerquote nur etwa 1%, die Kette dürfte maximal 100 Nukleotide (nt) lang sein. Für Polynukleotide, die ausschließlich aus Adenin-Uracil-Basenpaaren bestehen, beträgt die maximale Ablesefehlerquote bei der Replikation etwa das Zehnfache, die Kettenlänge könnte maximal nur 10 nt betragen.

Um eine stabile Reproduktion ohne „Informationsauflösung“ über beliebig viele Generationen hinweg zu gewährleisten, ist es unmöglich, das „Ur-Genom“ auf einem einzelnen Molekül unterzubringen. Bilden sich in einer Quasispezies jedoch zwei oder mehrere Mutanten heraus, die ihre Reproduktion *gegenseitig katalysieren* und stabilisieren, entstehen *kooperative Systeme*, die sich über lange Zeiten stabil reproduzieren und gegenüber allen anderen Konkurrenten im Mutantenensemble einen entscheidenden Vorteil besitzen. Als Bedingung muss jedoch gelten, dass jedes Ribozym aus 50–100 nt besteht. Für das „Ur-Gen“ muss man also einen GC-Anteil von 50–100 % annehmen, da die RNA-Matrizen lediglich dann eine hinreichend kleine Fehlerquote besitzen.

Wie zu erwarten ist, wird von den Evolutionskritikern auch die Möglichkeit der hyperzyklischen Organisation der ersten Replikationssysteme infrage gestellt:

Durch Experimente, welche EIGEN und Mitarbeiter mit dem von Ihnen konzipierten Evolutionsreaktor durchgeführt haben, konnte jedoch die *Entstehung* eines Hyperzyklus nicht nachvollzogen werden. Vielmehr zeigen sie nur, dass *vorgegebene* gekoppelte Replikationssysteme unter entsprechenden Voraussetzungen [...] stabilisiert und optimiert werden können. Selbst wenn ein auf Ribozymen basierender Hyperzyklus auf völlig unbekannte Weise entstehen und in einer unbekanntem präbiotischen Umgebung stabil wäre, wäre keine Evolution in Richtung einer Urzelle zu erwarten; lediglich eine Optimierung – und damit Spezialisierung – des Hyperzyklus wäre die Folge. Je besser ein solcher Hyperzyklus funktioniert, desto weniger geeignet ist er als Durchgangsstadium auf dem Weg zu einer primitiven Zelle (JUNKER/SCHERER 2006, 109).

Man fragt sich immer wieder, woher JUNKER/SCHERER eigentlich so genau wissen, was ungeeignet und nicht „zu erwarten“ ist. Die Tatsache, dass ein System *funktioniert*, ist jedenfalls kein zureichender Grund, um anzunehmen, dass sich das

System nicht grundlegend verändern und an Komplexität zunehmen kann. Systeme, die noch variabel sind, werden im Laufe der Zeit fast *zwangsläufig* komplexer oder verändern sich, wenn daraus hinsichtlich neuer funktioneller Aspekte ein *noch* effizienteres System entsteht, wie das von DNA, RNA und Enzymen.

Das eigentlich Spektakuläre ist, dass es tatsächlich gelang zu zeigen, dass die tRNA-Moleküle (Abb. 35) heutiger Organismen einer Quasispezies-Verteilung entsprungen sind, wie dies nach dem Modell des Hyperzyklus zu erwarten ist (EIGEN/WINKLER-OSWATITSCH 1981a; 1981b). Zudem weisen die tRNAs exakt die angesprochenen Verhältnisse (hoher GC-Anteil von ca. 80% und eine durchschnittliche Kettenlänge von 76 Nukleotiden) auf, wie es die Theorie mathematisch erwarten ließ. Überdies konnte anhand der variablen Sequenzen die Ursequenz mathematisch rekonstruiert werden, wodurch die Hypothese der RNA-Welt empirisch gestützt wird (KÄMPFE 1992, 201). Bezeichnenderweise liest man über all dies bei JUNKER/SCHERER (2006) nichts. Ausgehend vom Modell des Hyperzyklus entwarfen und bauten einige weitere Arbeitsgruppen Synthese- bzw. Evolutionsautomaten; sie werden als „Automaton“ (mathematischer Modellautomat), „Chemoton“ (GÁNTI 2003a; GÁNTI 2003b; MUNTEANU/SOLÉ 2006; SOLÉ et al. 2007) oder einfach als „Flow-Reactor“ (SCHUSTER 2007) bezeichnet, welche als Nachfolger des legendären MILLERSchen Versuchs gelten können. In seiner Dissertation beschreibt SCHLINGLOFF den Aufbau eines solchen Reaktors detailliert (SCHLINGLOFF 1999). Ein sehr interessantes Modell ist sicher das viel zitierte „Chemoton“ des ungarischen Wissenschaftlers GÁNTI (Abb. 34). Es wird in der einschlägigen Literatur als Modell für das kleinste sich selbst replizierende System angesehen („minimal unit of life“) und ist wesentlich unkomplizierter als das in JUNKER/SCHERER (2006, 129, Abb. 8.15) übertrieben komplex dargestellte Schema eines minimalen Metabolismus. Eine wie auch immer geartete Protozelle kam sicherlich mit weitaus einfacheren und weniger metabolischen Zyklen und auch mit einfacher gebauten Katalysatoren bzw. Enzymen aus.

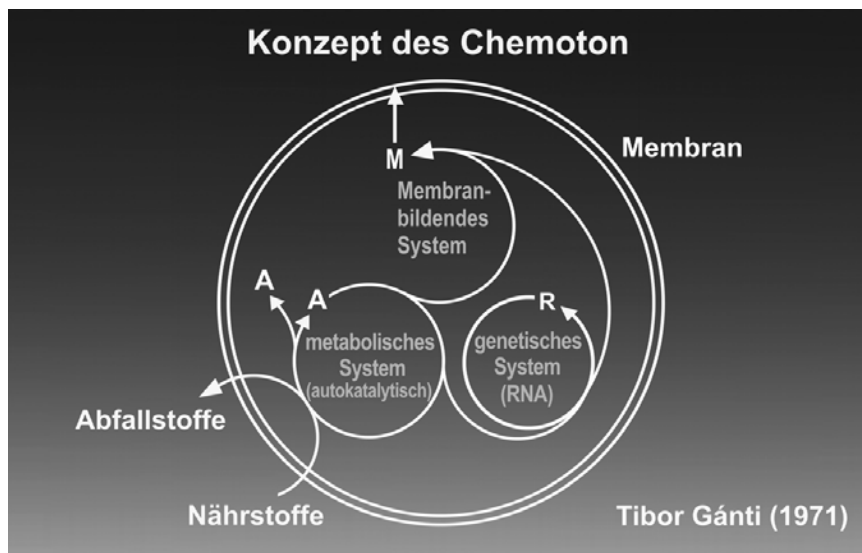


Abb. 34 Das Chemoton von GÁNTI: Drei selbst-produzierende Subsysteme sind aneinander gekoppelt. Diese Kopplung führt zur Proliferation und zum Programm-kontrollierten, „fließenden Automaton“, dem Chemoton. Illustration nach Günther von KIEDROWSKI; mit freundlicher Genehmigung des Autors.

3. Anmerkungen zum genetischen „Code“

3.1 Was ist Information?

In der Einleitung zum Kapitel „IV.8 Entstehung biologischer Information unter präbiotischen Bedingungen“ versichern uns JUNKER/SCHERER (2006) rückblickend:

In IV.7 wurden die bisher vorgebrachten Hypothesen zur Entstehung des Lebens auf der frühen Erde besprochen. Dabei haben wir uns ausschließlich auf die chemische Ebene der Lebensentstehung beschränkt. Es wurde deutlich, dass alle bisherigen Hypothesen zur Lebensentstehung bereits auf dieser Ebene versagt haben [...] Zusätzlich müsste die in IV.7 völlig ausgeblendete Frage beantwortet werden, unter welchen Bedingungen die hypothetischen Polymere aus Aminosäuren (Proteine) und Nukleotiden (RNS, DNS) *biologische Information* erwerben konnten (JUNKER/SCHERER 2006, 114).

Tatsächlich aber haben die Hypothesen nicht „versagt“, sie erfüllen nur die naive Forderung nach Vollständigkeit, streng logischer Beweisbarkeit und durchgehender, experimenteller Simulierbarkeit der Evolutionsszenarien nicht. Dies ist – wie mehrfach schon betont wurde – der eigentümlichen Wissenschaftsauffassung der Evolutionsgegner geschuldet und nicht der naturalistischen Erklärungsstrategie

anzulasten. Zudem sollte man präzise in der Wortwahl sein: biologische Information *erwerben* konnten die Nukleinsäuren gar nicht. Wer wollte denn „von außen“ Information in einen materiellen Gegenstand hineinstecken? Bei JUNKER/SCHERER kommt sie natürlich vom großen „Designer“. Wir würden hingegen antworten: Es gibt keine *über den Dingen frei schwebende* „Essenz“ namens Information. Vielmehr organisieren sich die Moleküle aufgrund ihrer inhärenten, chemisch-physikalischen Eigenschaften in kleinen, aber niemals vollständig reproduzierbaren Schritten über Hunderte von Millionen Jahren zu immer komplexeren Systemen. Dabei entstanden auf einer bestimmten Komplexitätsebene Moleküle wie kürzere RNA-Stücke, deren Wechselwirkung miteinander schon als Information angesehen werden muss.

Aus solchen kleineren Modulen – JUNKER/SCHERER reden von „Produkten mit bescheidener Kettenlänge“ (2006, 107) – können durch *modulare Evolution* sukzessive größere (> 100 nt) entstehen. Ausgangspunkt des Modells der modularen Evolution sind zwei funktionell unterschiedliche Quasispezies, bestehend aus Mutanten von 35 nt langen RNA-Molekülen. Ab einem bestimmten Zeitpunkt, so kann man annehmen, schließen sich zwei Moleküle zusammen und bilden eine größere Einheit von 70 nt langen RNAs (MANRUBIA/BRIONES 2007). Die beiden Wissenschaftler des Astrobiologischen Zentrums an der Universität Madrid haben diese Möglichkeit aufgrund entsprechender Annahmen durchgerechnet und festgestellt, dass der isolierte Selektionsprozess für 35 nt lange RNAs so erfolgreich verlaufen kann, dass sich beide Moleküle autokatalytisch miteinander verbinden. Auf diese Weise entstehen mehrere funktionelle Bereiche in ein und demselben Molekül. Die Ergebnisse dieser Berechnungen (MANRUBIA/BRIONES 2007) zeigen, dass die modulare Evolution als Modell helfen kann, den Punkt in der chemischen Evolution zu finden, an dem die ersten RNA-Moleküle in der Lage waren, sich selbst zu kopieren, sozusagen als selbst-replizierende RNA-Polymerase-Ribozyme (SZOSTAK/ELLINGTON 1993; ORGEL 2004; JOYCE/ORGEL 2006).

Der darauf folgende evolutionäre Schritt muss die katalytische Reduktion der Ribose zur 2'-Desoxyribose gewesen sein. Die zur RNA passende DNA zu konservieren war die logische und zwingende Folge; erst auf dieser Ebene entstand der genetische „Code“ mit seiner Triplet-Korrelation (s. u.; Abb. 35). Auf einen Aspekt soll in diesem Zusammenhang noch hingewiesen werden: Über die tRNA heißt es bei der Erläuterung des Translationsprozesses, der Übersetzung der Tripletsequenz in eine Aminosäuresequenz (Polypeptidkette) am Ribosom (JUNKER/SCHERER 2006, 115):

Diese räumlich gefalteten Nukleinsäuren tragen an einem Ende eine Aminosäure und am anderen Ende das dazu gehörende Triplet, welches komplementär zu den Triplets auf der mRNA ist.

Dieser Satz impliziert, diese spezielle Struktur-Funktionsbeziehung gäbe es nur bei diesem Molekül und sei für einen funktionierenden Code unerlässlich. Tatsächlich weiß man aber, dass – um mit JUNKER/SCHERER zu sprechen – nur wenig „Information“ nötig ist, um eine ganz bestimmte Struktur-Funktionsbeziehung herzustellen. Genauer: Es gibt ungezählte Möglichkeiten, sinnvolle Struktur-Funktionsbeziehungen auszubilden, was gleichbedeutend ist mit der Aussage, dass die evolutive Entstehung von „Informationsmolekülen“ nicht gerade unwahrscheinlich war. Was wir *heute* im genetischen Code sehen, ist nur *eine* Möglichkeit – niemand weiß, wie viele alternative oder einfachere Möglichkeiten und Zwischenschritte, einen Code auszubilden, es wirklich gab und wie viele mehr es gegeben haben könnte.

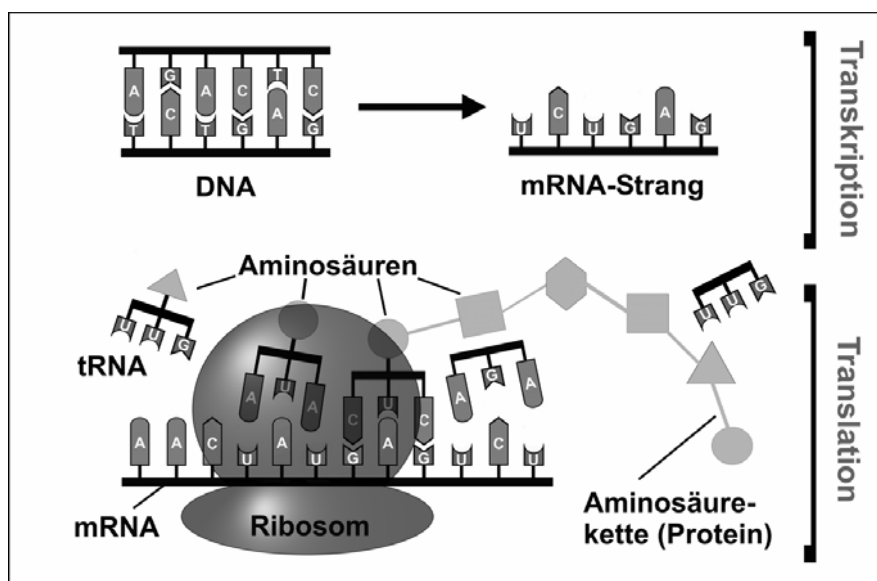


Abb. 35 Schema der Herstellung eines Proteins in der lebenden Zelle. Zunächst wird von dem Gen auf der DNA, welches für das Protein kodiert, eine Kopie in Form eines mRNA-Strangs angelegt (*Transkription*). Die Information wird dann im Verlauf der *Translation* genutzt, um das Protein herzustellen. Dabei kodieren jeweils drei benachbarte *Nukleinbasen* auf der mRNA (die so genannten *Codons* oder *Basentriplets*) eine bestimmte Aminosäure, aus denen das Protein schrittweise aufgebaut wird. Als „Transporter“ für die Aminosäuren fungiert die so genannte *tRNA* (Transfer-RNA). Diese ist mit einer Aminosäure beladen und kann mit einem Ende (dem so genannten *Anticodon*) an je genau einem der Basentriplets auf der mRNA andocken. Das Ribosom bringt die mRNA und eine beladene tRNA so zusammen, dass sich das Basentriplett auf der mRNA und das dazu passende (komplementäre) Anticodon der tRNA aneinander lagern. Die Aminosäuren zweier benachbarter tRNAs werden dann miteinander verknüpft, und die tRNA verlässt ohne Aminosäure das Ribosom. Dann lagert sich das nächste passende tRNA-Molekül an die mRNA an, wobei die entsprechende Aminosäure an die bereits bestehende Aminosäurekette geknüpft

wird. Dieser Prozess setzt sich so lange fort, bis ein *Stopp-Codon* den Prozess unterbricht und signalisiert, dass die Aminosäurekette vollständig ist.

3.2 Die Evolution des genetischen Codes

Wie wir gesehen haben, regelt der „genetische Code“, welchem Basentriplett auf der mRNA welche Aminosäure mittels tRNA zugeordnet wird. Dabei handelt es sich um keinen Code im eigentlichen, kryptografischen Sinne, sondern um eine *Gesetzmäßigkeit* zwischen dem Anticodon auf der tRNA und der an diese Sorte tRNA geknüpften Aminosäure. Wie kann man sich nun die Entstehung des genetischen Codes (respektive die Evolution eines ersten Translations-Apparats, der eine bestimmten Sorte tRNA mit einer bestimmten Sorte Aminosäure verknüpft) am Ende der RNA-Welt vorstellen?

Wie man heute weiß, können bestimmte RNA-Moleküle *unmittelbar* bestimmte Aminosäuren binden. Diese so genannten *Aptamere* kodieren also *direkt* (ohne Umweg über einen „Transporter“) Aminosäuren. So ist es durchaus wahrscheinlich, dass am Ende der RNA-Welt in einem Komplex sich selbst replizierender Ribozyme diverse Moleküle auch einige Aminosäure-Aptamere enthielten. Gesellten sich in der Folge weitere Aptamere hinzu sowie ein Ribozym, welches die Verknüpfung der Aminosäuren zu Oligopeptiden katalysiert, wäre aus einem sich selbst replizierenden Hyperzyklus ein einfacher Translations-Apparat entstanden. Später könnten sich einige dieser Ribozyme auf die Herstellung von Peptiden, andere auf die „Beladung“ von RNA-Molekülen mit Aminosäuren spezialisiert haben, während aus den so beladenen RNA-Molekülen wiederum die verschiedenen Sorten tRNA entstanden sind (vgl. KNIGHT/LANDWEBER 2000). Natürlich erheben die Evolutionsgegner auch gegen das „stereochemische Modell“ prinzipielle Einwände:

Wenn man annimmt, dass ein sehr primitives Protein mit einer für den ersten Code wichtigen Funktion aus nur 30 Aminosäuren bestehen musste (z. B. eine RNS-Replikase), so benötigt man ein erstes Gen aus 30 Aptameren [...] Obwohl es sicherlich sehr viele verschiedene Möglichkeiten gibt, eine solche Sequenz zu realisieren, ist die Wahrscheinlichkeit, dass irgendeine solche Reihenfolge zufällig am Stück synthetisiert wird, transastronomisch klein (JUNKER/SCHERER 2006, 122).

Doch niemand behauptet, dass eine solche Sequenz *zufällig* und *in einem Schritt* entsteht. Da Ribozyme durch Aminosäuren und Oligopeptide stabilisiert und in ihren katalytischen Eigenschaften beeinflusst werden können, ist es vielmehr wahrscheinlich, dass ein permanenter *Selektionsdruck* die allmähliche Anhäufung von Aminosäure-Aptameren und die Synthese von Peptiden begünstigt (ELLING-

TON et al. 2000). Die Selektion brauchte ursprünglich also *nicht* darin bestanden zu haben, die Erzeugung von Proteinen aus 30 und mehr Aminosäuren zu „belohnen“. Es genügte zunächst, Aminosäuren und Oligopeptide auf ihre Eignung als RNA-Cofaktoren zu testen, die entsprechenden Aptamere bereitzustellen und zu akkumulieren. Eine solche Optimierung kann im Prinzip *stufenlos* erfolgen, womit sich das von JUNKER/SCHERER diskutierte Szenario als unrealistisch entpuppt.

Wir wollen auf weitere Einwände nicht mehr im Detail eingehen, wie z. B. auf die Problematisierung der Tatsache, dass für eine Verknüpfung der Aminosäuren zu Peptiden ein Biokatalysator (eine sog. *Ligase*) benötigt wird. Zum einen stellen die von den Evolutionsgegnern regelmäßig zu gravierenden Einwänden hochstilisierten Anmerkungen keine unlösbaren Probleme dar, wenn man z. B. an die potenzielle Vielfalt katalytischer Aktivitäten in den verschiedenen *Quasispezies* denkt (die Evolution von Ribozymen mit Ligase-Aktivität ist *in vitro* ebenfalls nachvollzogen worden). Zum anderen übergehen die Kreationisten geflissentlich, dass unabhängig von der Frage, *wie* der Translations-Apparat nun im Einzelnen evolvierte, zahlreiche Befunde dafür sprechen, *dass* dies (über eine RNA-Welt) geschah!

Erstens konnte, wie ausgeführt wurde, mathematisch gezeigt werden, dass die heutigen tRNA-Moleküle in ihrer Beschaffenheit einen Urzustand nahe legen, der genau einer Quasispezies-Verteilung aus sich individuell reproduzierenden Molekülen entsprach. Zweitens tragen die konservierten Bindungsstellen experimentell gefundener Aminosäure-Aptamere vielfach Anticodons heutiger tRNA-Moleküle (MAJERFELD et al. 2005). Drittens lassen sich aus kombinatorischen RNA-Bibliotheken mit Hilfe der in-vitro-Selektionstechnik Ribozyme isolieren, welche die „Beladung“ kurzer Oligonukleotide mit Aminosäuren katalysieren; eine Reaktion, die heute noch bei der Proteinbiosynthese von Bedeutung ist (s. Abb. 35). Das gefundene Ribozym ist eine weitere Bestätigung der RNA-Welt-Theorie (vgl. RUPPERT 2001).

Es gibt noch eine Reihe weiterer Auffälligkeiten, die ohne die Annahme der Evolution des genetischen Apparats aus einer RNA-Welt einfach nicht schlüssig erklärt werden können. So ist z. B. die Transpeptidase der Ribosomen kein Protein, sondern ein Ribozym. Dies deutet darauf hin, dass die Translation in der RNA-Welt erfunden wurde. Auch die Art der Zuordnung der Codons (Basentriplets) zu den heutigen Aminosäuren spricht für einen evolutionären Zusammenhang. So lesen wir bei FOLLMANN:

Die Zuordnung der 61 Codons im genetischen Code zu den heutigen Aminosäuren ist nicht statistisch, sondern blockweise; beispielsweise kodieren alle sechs Triplets UCC, UCU, UCA und UCG sowie auch AGC und AGU für die wichtige Aminosäure Serin. J. T. WONG (1975) hat das komplexe Muster und

die biosynthetischen ‚Familien‘ der 20 Aminosäuren scharfsinnig analysiert und erkannt, dass sich ein genetischer Apparat zuerst nur mit wenigen (6–8) Aminosäuren zum Aufbau primitiver Proteine etabliert hat, so dass sich Replikationsfehler in DNA bzw. RNA – die zu Anfang sicher sehr häufig waren – in dem weitgehend degenerierten Ur-Code wenig auswirkten. Später gingen einige Codons der Ur-Aminosäuren auf neue, von ihnen biosynthetisch abgeleitete über, wie z. B. im Fall von Glutaminsäure zu Glutamin, Prolin und anderen. Ein Vergleich der so identifizierten primären mit den abiotisch am meisten gefundenen und den häufigsten in durchschnittlichem Protein ist verblüffend (FOLLMANN 1999, 51).

Dies zeigt die folgende Tabelle:

| Abiotische Experimente | In steriler Vulkanlava | Urform des genet. Codes | Durchschnittliches, heutiges Protein |
|------------------------|------------------------|-------------------------|--------------------------------------|
| Glycin | Glycin | Glutamin(säure) | Asparagin(säure) |
| Alanin | Alanin | Asparagin(säure) | Glutamin(säure) |
| Glutaminsäure | Glutaminsäure | Serin | Alanin |
| Asparaginsäure | Asparaginsäure | Valin/Leucin | Serin |
| Serin | Serin | Glycin | Glycin |
| Valin | Leucin, Valin | Alanin | Leucin |

Tab. 2 Aminosäuren, die sich unter abiotischen Bedingungen im Labor bzw. bei Vulkanausbrüchen in größter Menge bilden, in durchschnittlichem Protein am häufigsten sind, und in einer Urform des genetischen Codes die meisten Codons innehatten. Glutamin(säure) bedeutet Glutaminsäure und ihr Amid Glutamin zusammengenommen, Asparagin(säure) = Asparaginsäure plus Asparagin.

Der genetische Code ist also so beschaffen, dass die häufigsten der abiotisch gebildeten Aminosäuren auch am meisten Codons innehatten. Dabei legt die Variabilität der dritten Base („wobble base“) im Codon nahe, dass dem heutigen Tripletcode ein *Dublettcode voranging*, der für $4^2 = 16$ Aminosäuren kodieren konnte und somit für die 13 in Simulationsexperimenten in bedeutenden Mengen gewonnenen Aminosäuren ausreichend war, wobei bei 64 unterschiedlichen Triplets jeder Aminosäure vier Codons zugeordnet gewesen wären. Interessanterweise besitzen noch heute drei der in Simulationsversuchen am häufigsten erhaltenen Aminosäuren (Glycin, Alanin und Valin) 4 Codons, und es spricht einiges dafür, dass ursprünglich auch Glutamin und Asparagin 4 Codons innehatten. In einem noch früheren Stadium könnte sogar nur die mittlere Codonbase über die Aminosäure entschieden haben, wobei die Aminosäuren gruppenweise einer ein-

zigen Base zugeordnet wurden. Dafür spricht, dass im heutigen Code U als mittlere Base für die *hydrophoben Aminosäuren*, C für die *intermediären* und G sowie A für die *polaren und amidischen Aminosäuren* kodieren.

Dem Modell zufolge wurden also zu Anfang nicht alle Aminosäuren, sondern zunächst nur einige wenige und dann Schritt für Schritt mehr Aminosäuren von den Organismen genutzt und kodiert. Doch wie können sich solche Codes sukzessive verändern und immer mehr verschiedene Aminosäuren aufnehmen, ohne dass die Information der bereits kodierten Proteine zerstört wird? Wie dies funktioniert, können Computersimulationen plausibel machen (WEBERNDORFER et al. 2003). Zu Beginn einer Simulation sind lediglich zwei tRNAs definiert, die eine hydrophile und eine hydrophobe Aminosäure tragen. In der simulierten Evolution erweitert sich das Repertoire dann auf bis zu sieben Aminosäuren, für die (z. B. durch Duplikation und Mutation) jeweils eigene tRNAs entstanden sind. Die Triebkraft scheint hier ein besser angepasstes Replikase-Protein zu sein, das bei der Vermehrung der Organismen deren Genom vervielfältigt. Es arbeitet schneller und genauer, wenn es im Verlauf der Evolution aus einer immer größeren Vielfalt von Aminosäuren aufgebaut wird. Am Ende der RNA-Welt mag auf diese Weise der Translations-Apparat und damit der Code entstanden sein: Der Code sollte bereits zu diesem Zeitpunkt fehlertolerant bei Replikation, Transkription und Translation gewesen sein.

3.3 Die „Nichtuniversalität“ des genetischen Codes

Dass es eine Evolution des genetischen Codes gab, belegen auch die heute bekannten Abweichungen vom kanonischen Code (die so genannte *Nichtuniversalität* des genetischen Codes *im strengen Sinne*). Schon seit 1979 weiß man (BARRELL et al. 1979), dass die Abweichungen vom Standardcode vor allem die Mitochondrien der Säugetiere betreffen. So kodiert in den Mitochondrien das Basentriplett UGA für die Aminosäure Tryptophan, während es im Standardcode die Aufgabe des Stopp-Codons übernimmt. Andererseits sind die Triplets AGA und AGG in den Mitochondrien Stopp-Signale, während sie im universellen Code für die Aminosäure Arginin stehen. Auch die *Ciliaten* zeigen Abweichungen vom Standard-Code: UAG, und häufig auch UAA, kodieren für Glutamin; diese Abweichung findet sich auch in einigen Grünalgen. Es gibt noch einige weitere Ausnahmen, die an dieser Stelle nicht weiter aufgezählt werden müssen.

All diese Varianten belegen nicht nur, dass der Code wandelbar ist, sondern geben gleichzeitig Aufschluss darüber, durch welche *Mechanismen* sich der Code gewandelt haben könnte (SANTOS et al. 2004). Ausgangspunkt der Abweichungen im Code sind die tRNA-Moleküle. Eine Mutation in einer tRNA könnte die Beladung der tRNA mit einer bestimmten Aminosäure verändern und damit zu einer (vorübergehend) mehrdeutigen Dekodierung führen. Die mutierte tRNA dekodiert

dadurch ein eigentlich „fremdes“ Codon und konkurriert mit der ursprünglichen tRNA. Auf diese Weise könnte auch ein ursprüngliches Stopp-Codon zu einer tRNA beziehungsweise einer zugeordneten Aminosäure kommen.

Man sollte nun meinen, dass solche mehrdeutigen Dekodierungen auf jeden Fall sehr nachteilig für die Organismen sind, weil der Aufbau der Proteine dann nicht mehr zuverlässig geschieht. Entsprechend behaupten JUNKER/SCHERER (2006, 311), die „sich drastisch häufenden Ausnahmen stellen eine Deutung durch Evolution ernsthaft in Frage“. Tatsächlich aber beobachtet man in *Candida zeylanoides* den Fall, dass das normalerweise für Leucin kodierende CUG von einer mutierten Serin-tRNA erkannt wird (WEITZE 2006). Diese trägt in rund 95 % der Fälle Serin, ansonsten Leucin. Für den Organismus bringt diese Zweideutigkeit anscheinend keinen wesentlichen Nachteil. Ein Grund dafür ist, dass die Codons von den meisten Lebewesen nicht gleichmäßig genutzt werden. So schwankt die „Nutzungsfrequenz“ der sechs Codons für Leucin zwischen 1 % bis zu annähernd 50 %. Wenn also die tRNA für ein selten genutztes Codon mutiert, kann dies für einzelne Proteine einen Vorteil bringen, während es für die übrigen folgenlos bleibt.

Alles in allem scheint der Standardcode das Ergebnis einer partiellen Optimierung eines Zufallscodes zu sein, wonach er sich als robust gegenüber Fehlern bei der Translation erwies. Der Grund dafür, dass der Code nicht vollends optimiert wurde, scheint ein relativ einfacher zu sein: Der wachsende Konflikt zwischen dem vorteilhaften Effekt dieser zunehmenden Robustheit und dem schädlichen Effekt der reihenweisen Umprogrammierung der Codons, der mit der wachsenden Komplexität des evolvierenden Systems immer schwerwiegender wurde (NOVOZHILOV et al. 2007). Die Evolution des Codes kann damit als eine Kombination von Anpassung und „frozen accident“ angesehen werden, wobei letztere Idee auf Francis CRICK zurückgeht (CRICK 1968; vgl. auch SELLA/ARDELL 2006). Andere Autoren möchten den „frozen accident“ allerdings lieber als „aufgetaut“ ansehen (SÖLL/RAJBANDARY 2006).

4. Zusammenfassung

Welche Rolle spielen Zufall und Notwendigkeit in der präbiotischen Evolution? Wir hatten betont, dass Zufall nicht „Willkür“ heißt, sondern die Verwirklichung einer nicht-vorhersehbaren Möglichkeit in einem Möglichkeitsfeld von bekannten, gelegentlich aber auch noch unbekanntem Reaktionswegen. Chemische Prozesse wie die der präbiotischen Evolution laufen nicht willkürlich ab, sondern werden durch Gesetze der Thermodynamik und der Reaktionskinetik kontrolliert. Auch die chemische Reaktivität ist nicht zufällig, sondern deterministisch-gesetzmäßig; den chemisch reaktiven Stellen eines Moleküls liegt eine ganz präzise Gesetzmäßigkeit zugrunde, die sie so und nicht anders miteinander reagieren lassen. Das

ist schon länger bekannt und die gesamte anorganische wie organische Chemie, damit auch die Biochemie, basieren darauf: auf der „Natur der chemischen Bindung“, wie der Lehrbuchtitel eines zweifachen Nobelpreisträgers lautet (PAULING 1964), und auf der Theorie der chemischen Reaktivität.

Allerdings ist die Zahl der möglichen Zustände und Reaktionswege in einer abiotischen Ausgangssituation derart „groß, dass sie innerhalb der räumlichen und zeitlichen Grenzen unseres Universums nicht ‚realisierbar‘ ist“ (EIGEN/WINKLER 1975, 193). Das ist der Grund dafür, dass der reale Weg, den die Wechselwirkung der Moleküle eingenommen hat, nicht reproduzierbar, sondern individuell einmalig ist, obwohl er *gesetzmäßig* abgelaufen ist. Noch einmal EIGEN dazu: „Das Gesetz schreibt also lediglich vor, *dass* sich etwas in einer bestimmten Richtung vollzieht, nicht aber *wie* es im einzelnen geschieht“ (Ibid.). Man kann in der Abiogeneseforschung grundsätzlich nicht die Realhistorie im Detail rekonstruieren, wohl aber immer mehr Einzelschritte, Reaktionsfolgen und Entwicklungen zu einem genetischen Apparat, zu Stoffwechsel und Zellkompartimenten chemisch und thermodynamisch schlüssig begründen (KUHN 1972; 1976).

Ersteres genügt aber schon dem Anspruch einer *naturwissenschaftlichen* Rekonstruktion. Immerhin haben die MILLERSchen Versuche just diejenigen Aminosäuren reproduziert, die am häufigsten in der Natur vorkommen und die in einer Urform des genetischen Codes die meisten Codons innehatten (Tab. 2). Selbst relativ große Moleküle wie Porphyrine wurden in Simulationsversuchen hervorgebracht, welche wiederum die Voraussetzung für die Bildung von Chlorophyll und Hämoglobin darstellen. Und die rezenten tRNA-Moleküle weisen exakt die angesprochenen Verhältnisse (hoher GC-Anteil von ca. 80% und eine durchschnittliche Kettenlänge von 76 Nukleotiden) auf, die Manfred EIGENS Erwartungen einer Quasispezies-Verteilung aus sich individuell reproduzierenden Molekülen entsprachen. Sind dies nicht alles sehr merkwürdige Koinzidenzen, wenn sich die Entstehung des Lebens *nicht* auf natürlichem Wege erklären und beschreiben ließe? Wer es vorzieht, ein auf solch starken Indizien beruhendes Szenario, das – würde es sich um die Rekonstruktion eines Kriminalfalles handeln – jeden unvoreingenommenen Richter zur Verurteilung des Angeklagten bewegen würde, als „wilde Spekulation“ abzutun, weil noch nicht *im Detail* klar ist, wie und welche Wege beschritten wurden, der ist nicht beseelt vom Geist der Naturwissenschaft, sondern von Vorurteilen religiös-weltanschaulicher Provenienz.

Gewiss sind die meisten Fragen hinsichtlich der chemischen Evolution noch offen und viele Modelle noch mehr oder weniger umstritten. Trotzdem kann die Evolutionskritik dies nicht als Erfolg ihrer Position verbuchen. Einerseits kann es vollständige, streng logisch „bewiesene“ und im Laborexperiment durchgehend simulierbare Szenarien in den Naturwissenschaften generell nicht geben. Andererseits ist die Zahl der in den abiogenetischen Modellen dargebotenen Erklä-

rungsansätze und Mechanismen derart groß, die Indizien so nahe liegend, dass von einem „Versagen“ der naturalistischen Erklärung nicht die Rede sein kann. Das *tatsächliche Versagen* der naturalistischen Erklärungsstrategie wäre gleichbedeutend mit einem völligen „Im-Dunkeln-Tappen“ über Jahrhunderte hinweg – und zwar dergestalt, dass nicht einmal *ansatzweise* Erklärungswege in Aussicht stehen. *Partielle* Erklärungen, Erklärungsansätze und Modelle *sind* aber Erklärungen, und wir sind heute weit entfernt von einem wirklichen „Im-Dunkeln-Tappen“.

In der einschlägigen antievolutionistischen Literatur (z. B. JUNKER/SCHERER 2006) erfährt der Leser nur wenig von der Fülle der in diesem Kapitel vorgestellten Erklärungsmodelle. Die meisten Argumente und Indizienketten kommen gar nicht erst zur Sprache, und die wenigen, die zur Sprache kommen, werden meist oberflächlich behandelt und ohne hinreichende Begründung als „wenig einleuchtend“, „unplausibel“ oder als „spekulativ“ beiseite geschoben. Dabei wird übersehen, dass jedes Postulat und jeder vorgeschlagene Mechanismus, wenn nicht plausibel oder empirisch nachgewiesen, so doch zumindest *prüfbar* ist und mit unserem gesamten Hintergrundwissen aus Physik, Chemie, Biologie und Geologie übereinstimmt. Dies kann von der vermeintlichen Schöpfungsalternative nicht behauptet werden – ihr fehlt völlig die empirisch-wissenschaftliche Verankerung, so dass sie auch nicht als ernstzunehmender Konkurrent zum Evolutionsmodell in Erscheinung treten kann.

5. Literatur

- ASAKURA, K./KURIHARA, K./IKUMO, A. et al. (2000) Chirally autocatalytic reaction performed in highly supersaturated conditions. *Macromolecular Symposia* 160, 7–13.
- BACHMANN, P./LUISI, P./LANG, J. (1992) Autocatalytic self-replicating micelles as models for prebiotic structures. *Nature* 357, 57–59.
- BAEZA, I./IBANEZ, M./LAZCANO, A. et al. (1987) Liposomes with polyribonucleotides as model of precellular systems. *Origins Life* 17, 321–331.
- BAILEY, J. (2000) Chirality and the origin of life. *Acta Astronautica* 46, 627–631.
- BARRELL, G./BANKIER, A.T./DROUIN, J. (1979) A different genetic code in human mitochondria. *Nature* 282, 189–194.
- BLAKE, D.F./JENNISKENS, P. (2001) The ice of life (extraterrestrial ice as source of life on earth). *Scientific American* 285, 44–47.
- BONNER, W.A./DEAN, B.D. (2000) Asymmetric photolysis with elliptically polarized light. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 30, 513–517.

- BRACK, A. (1993) Early proteins. In: GREENBERG, J.M. et al. (Hg.) The chemistry of life's origins. Kluwer Academic Publishers, NATO, NATO ASI series/C., Dordrecht 416, 357–388.
- BUJDAK, J./RODE, B.M. (1999) The effect of clay structure on peptide bond formation catalysis. *Journal of Molecular Catalysis A: Chemical* 144, 129–136.
- CALVIN, M./PONNAMPERUMA, C./LEMMON, R.M. et al. (1963) Formation of adenine by electron irradiation of methane, ammonia and water. *PNAS* 49, 737–740.
- CHANG, W.-J./YANG, D.-F. (1996) Natural convection for the melting of ice in porous media in a rectangular enclosure. *International Journal of Heat and Mass Transfer* 39, 2333–2348.
- CHELLAIAH, S./VISKANTA, R. (1990) Natural convection melting of a frozen porous medium. *International Journal of Heat and Mass Transfer* 33, 887–899.
- CHRISTEN, H.C./VÖGTLE, F. (1989) *Grundlagen der Organischen Chemie. Kapitel „Spiegelbildisomerie“*. Aarau, 175–205.
- CLARK, B.C./BAKER, A.L./CHENG, A.F. et al. (1999) Survival of life on asteroids, comets and other small bodies. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 29, 521–545.
- CLEAVES, H.J./CHALMERS, J.H./LAZCANO, A./MILLER, S.L./BADA, J.L. (2008) A reassessment of prebiotic organic synthesis in neutral planetary atmospheres. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 38, 105–115.
- CRICK, F.H.C. (1968) The origin of the genetic code. *Journal of Molecular Biology* 38, 367–379.
- DASGUPTA, P.K./MO, Y. (1997) Chromatography on water-ice. *Analytical Chemistry* 69, 4079–4081.
- DEAMER, D.W./BARCHFELD, G.L. (1982) Encapsulation of macromolecules by lipid vesicles under simulated prebiotic conditions. *Journal of Molecular Biology* 18, 203–206.
- DÖRR, M./KÄBBOHRER, J./GRUNERT, R. et al. (2003) Eine mögliche präbiotische Bildung von Ammoniak aus molekularem Stickstoff auf Eisensulfidoberflächen. *Angewandte Chemie* 115, 1579–1581.
- EIGEN, M. (1971) Selforganization of matter and the evolution of biological macromolecules. *Naturwissenschaften* 58, 465–533.
- EIGEN, M./WINKLER, R. (1973/74) *Ludus Vitalis*. Mannheim, 53–140.
- EIGEN, M./WINKLER, R. (1975) *Das Spiel. Naturgesetze steuern den Zufall*. München.
- EIGEN M./SCHUSTER, P. (1977) The hypercycle. A principle of natural self-organization. *Naturwissenschaften* 64, 541–566.

Kapitel VII: Die chemische Evolution, pp. 171-211

- EIGEN, M./SCHUSTER, P. (1979) The hypercycle – a principle of natural self-Organization. Berlin.
- EIGEN, M./WINKLER-OSWATITSCH, R. (1981a) Transfer RNA the early adapter. *Naturwissenschaften* 68, 217–228.
- EIGEN, M./WINKLER-OSWATITSCH, R. (1981b) Transfer RNA an early gene? *Naturwissenschaften* 68, 282–292.
- ELLINGTON, A.D./Khrapov, M./Shaw, C.A. (2000) The scene of a frozen accident. *RNA* 6, 485–498.
- EVGENII, K./WOLFRAM, T. (2000) The role of quartz in the origin of optical activity on earth. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 30, 431–434.
- FAJSZI, C./CZEGE, J. (1981) Critical evaluation of mathematical models for the amplification of chirality. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 11, 143–162.
- FOLLMANN, H. (1981) *Chemie und Biochemie der Evolution. Wie und Wo entstand das Leben?* Heidelberg.
- FOLLMANN, H. (1999) Chemische Evolution – Bildung und Selbstorganisation „lebensfähiger“ Moleküle. In: FASTERDING, M. (Hg.) *Auf den Spuren der Evolution.* Gelsenkirchen, 41–54.
- FOLLMANN, H. (2004) Desoxyribonucleotides: the unusual chemistry and biochemistry of DNA precursors. *Chemical Society Reviews* 33, 225–233.
- FRANCHI, M./FERRIS, J./GALLORI, E. (2003) Cations as mediators of the adsorption of nucleic acids on clay surfaces in prebiotic environments. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 33, 1–16.
- FRANCK, B. (1959) Synthese von Aminosäuregemischen aus Methanol und aliphatischen Kohlenwasserstoffen. *Chemische Berichte* 93, 446–454.
- GANTI, T. (2003a) *The principles of life.* Oxford.
- GANTI, T. (2003b) *The chemoton theory, vol. 1: Theoretical foundations of fluid machineries.* New York.
- GILBERT, W. (1986) The RNA world. *Nature* 319, 618.
- HARADA, K (1970) Origin and development of optical activity of organic compounds on the primordial earth. *Naturwissenschaften* 57, 114–119.
- HASHIMOTO, G.L./ABE, Y./SUGITA, S. (2007) The chemical composition of the early terrestrial atmosphere: formation of a reducing atmosphere from CI-like material. *Journal of Geophysical Research* 112(e5), E05010.
- HANCZYK, M.M./FUJIKAWA, S.M./SZOSTAK, J.W. (2003) Experimental models of primitive cellular compartments: encapsulation, growth, and division. *Science* 302, 618–622.

- HAZEN, R.M. (2001) Life's rocky start. *Scientific American* 284, 63–71.
- HAZEN, R.M./FILLEY, T.R./GOODFRIEND, G.A. (2001) Selective adsorption of L- and D-amino acids on calcite: implication for biochemical homochirality. *PNAS* 98, 5487–5490.
- HAZEN, R.M./DEAMER, D.W. (2007) Hydrothermal reactions of pyruvic acid: synthesis, selection, and self-assembly of amphiphilic molecules. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 37, 143–152.
- HILLIG, W.B./TURNBULL, D. (1956) Theory of crystal growth in undercooled pure liquids. *Journal of Chemical Physics* 24, 914.
- HOBBS, P.V./KETCHAM, W.M. (1969) The planar growth of ice from pure melt. *Physics of ice. Proceedings of the International Symposium on Physics of Ice, München*, 95–112.
- HODGSON, G.W./PONNAMPERUMA, C. (1968) Prebiotic porphyrin genesis: porphyrins from electric discharge in methane, ammonia and water vapor. *PNAS* 59, 22–28.
- HOLM, N.G./ANDERSSON, E.M. (1998) Hydrothermal systems. In: BRACK, A. (Hg.) *The molecular origins of life*. Cambridge, 86–99.
- HOLM, N.G./CHARLOU, J.L. (2001) Initial indications of abiotic formation of hydrocarbons in the rainbow ultramafic hydrothermal system, mid-atlantic ridge. *Earth and Planetary Science Letters* 191, 1–8.
- IMMING, P. (2007a) Die fehlenden Spiegelbilder. www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42081&Sprache=de&l=1. Zugr. a. 19.04.2008.
- IMMING, P. (2007b) Artikel über Chiralität: Wurde wichtige neuere Literatur unterschlagen? www.genesisnet.info/index.php?News=80. Zugr. a. 19.04.2008.
- JENKINS, J.K./SALAM, A./THIRUNAMACHANDRAN, T. (1994) Discriminatory dispersion interactions between chiral molecules. *Molecular Physics* 82, 835–840.
- JOHNSON, A.P./CLEAVES, H.J./DWORKIN, J.P. et al. (2008) The miller volcanic spark discharge experiment. *Science* 322, 404.
- JOYCE, G.F./ORGEL, L.E. (2006) Progress towards understanding the origin of the RNA world. In: GESTELAND, R.F. et al. (Hg.) *The RNA world*. Cold Spring Harbor, NY, 23–56.
- JUNKER, R./SCHERER, S. (2006) *Evolution. Ein kritisches Lehrbuch*. Gießen.
- CASTING, J.F./ACKERMAN, T.P. (1986) Climatic consequences of very high carbon dioxide levels in the earth's early atmosphere. *Science* 234, 1383–1385.

Kapitel VII: Die chemische Evolution, pp. 171-211

- KAHRAMAN, R./ZUGHBI, H.D./AL-NASSAR, Y.N. (1998) A simplified numerical model for melting of ice with natural convection. *International Communications in Heat and Mass Transfer* 25, 359–368.
- KÄMPFE, L. (1992) *Evolution und Stammesgeschichte der Organismen*. Stuttgart.
- KIRKPATRICK R.J. (1975) Crystal growth from melt: a review. *American Mineralogist* 60, 798–814.
- KNIGHT, R.D./LANDWEBER, L.F. (2000) Guilt by association: the arginine case revisited. *RNA* 6, 499–510.
- KRUGER, K./GRABOWSKI, P.J./ZAUG, A.J./SANDS, J./GOTTSCHLING, D.E./CECH, T.R. (1982) Self-splicing RNA: autoexcision and autocyclization of the ribosomal RNA intervening sequence of *tetrahymena*. *Cell* 31, 147–157.
- KUHN H. (1972) Selbstorganisation molekularer Systeme und die Evolution des genetischen Apparates. *Angewandte Chemie* 84, 838–862.
- KUHN H. (1976) Evolution biologischer Information. *Berichte der Bunsen-Gesellschaft für Physikalische Chemie* 80, 1209–1223.
- LEE, D.H./GRANJA, J.R./MARTINEZ, J.A./SEVERIN, K./GHADIRI, M.R. (1996) A self-replicating peptide. *Nature* 382, 525–528.
- LOEB, L.A./ESSIGMANN, J.M./KAZAZI, F. et al. (1999) Lethal mutagenesis of HIV with mutagenic nucleoside analogs. *PNAS* 96, 1492–1497.
- MACLEOD, G./MCKEOWN, C./HALL, A.J./RUSSELL, M.J. (1994) Hydrothermal and oceanic pH conditions of possible relevance to the origin of life. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 24, 19–41.
- MAJERFELD, I./PUTHENVEDU, D/YARUS, M. (2005) RNA affinity for molecular L-histidine/genetic code origins. *Journal of Molecular Evolution* 61, 226–235.
- MANRUBIA, S.C./BRIONES, C. (2007) Modular evolution and increase of functional complexity in replicating RNA molecules, *RNA* 13, 97–107.
www.rnajournal.org/cgi/doi/10.1261/rna.203006. Zugr. a. 20.07.2008.
- MCCOLLOM, T.M./RITTER, G./SIMONEIT, B.R.T. (1999) Lipid synthesis under hydrothermal conditions by Fischer-Tropsch-type reactions. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 29, 153–166.
- MEIERHENRICH, U. (1999) Molecular parity violation via comets? *Chirality* 11, 575–582.
- MILLER, S.L. (1953) Production of amino acids under possible primitive earth conditions. *Science* 117, 528–529.
- MILLER, S.L. (1955) Production of some organic compounds under possible primitive earth conditions. *Journal of the American Chemical Society* 77, 2351–2361.

- MILLERO, F.J./ROY, R.N. (1997) A chemical equilibrium model for the carbonate system in natural waters. *Croatica Chemica Acta* 70, 1–38.
- MIYAKAWA, S./MURASAWA, K.-I./KOBAYASHI, K./SAWAOKA, A.B. (2000) Abiotic synthesis of guanine with high-temperature plasma. *Origin of Life and Evolution of the Biosphere* 30, 557–566.
- MIYAKAWA, S./CLEAVES, H.J./MILLER, S.L. (2002) The cold origin of life: B. Implications based on pyrimidines and purines produced from frozen ammonium cyanide solutions. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 32, 209–218.
- MOROWITZ, H. (1992) *Beginnings of cellular life*. New Haven, CT.
- MULLER, A.W.J. (1995) Were the first organisms heat engines? A new model for biogenesis and the early evolution of biological energy conversion. *Progress in Biophysics and Molecular Biology* 63, 193–231.
- MUNOZ, C.G.M./MEIERHENRICH, U.J./SCHUTTE, W.A. et al. (2002) Amino acids from ultraviolet irradiation of interstellar ice analogues. *Nature* 416, 403–406.
- MUNTEANU, A./SOLÉ, R.V. (2006) Phenotypic diversity and chaos in a minimal cell model. *Journal of Theoretical Biology* 240, 434–442.
- NELSON, D.R. (2001) Lecture of molecular evolution I. dnelson.utmem.edu/evolution.html. Zugr. a. 30.03.2008.
- NELSON, K.E./ROBERTSON, M.P./LEVY, M./MILLER, S.L. (2001) Concentration by evaporation and the prebiotic synthesis of cytosine. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 31, 221–229.
- NOVOZHILOV, A.S./WOLF, Y.I./KOONIN, E.V. (2007) Evolution of the genetic code: partial optimization of a random code for robustness to translation error in a rugged fitness landscape. *Biology Direct* 2, 24. www.biology-direct.com/content/2/1/24. Zugr. a. 22.04.2008.
- OPARIN, A.I. (1938) *The origin of life*. New York.
- OPARIN, A.I. (1963) *Das Leben. Seine Natur, Herkunft und Entwicklung*. Jena.
- ORGEL, L.E. (1989) The origin of polynucleotide-directed protein synthesis. *Journal of Molecular Evolution* 29, 465–474.
- ORGEL, L.E. (2004) Prebiotic chemistry and the origin of the RNA world. *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology* 39, 99–123.
- ORÓ, J./BASILE, B./CORTES, S./SHEN, C./YAMROM, T. (1984) The prebiotic synthesis and catalytic role of imidazole and other condensing agents. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 14, 237–242.
- PAULING, L. (1964) *Die Natur der chemischen Bindung*. VCH, Weinheim.

Kapitel VII: Die chemische Evolution, pp. 171-211

- PLANKENSTEINER, K./REINER, H./RODE, B.M. (2004) From earth's primitive atmosphere to chiral peptides – the origin of precursors for life. *Chemistry and Biodiversity* 1, 1308–1315.
- PONNAMPERUMA, C./MARINER, R. (1963) Formation of ribose and desoxyribose by ultraviolet irradiation of formaldehyde in water. *Radiation Research* 19, 183.
- PONNAMPERUMA, C./YOUNG, R.S./MUNOZ, E. (1963) The formation of guanine during the thermal polymerization of amino acids. *Federation Proceedings* 22, 479.
- POWNER, M.W./GERLAND, B./SUTHERLAND, J.D. (2009) Synthesis of activated pyrimidine ribonucleotides in prebiotically plausible conditions. *Nature* 459, 239–242.
- RAUCHFUß, H. (2005) *Chemische Evolution und der Ursprung des Lebens*. Berlin.
- REIN, D. (1993) *Die wunderbare Händigkeit der Moleküle*. Basel.
- REINER, H./PLANKENSTEINER, K./FITZ, D./RODE, B.M. (2006) The possible influence of L-histidine on the origin of the first peptides on the primordial earth. *Chemistry & Biodiversity* 3, 611–621.
- RICARDO, A./CARRIGAN, M.A./OLCOTT, A.N./BENNER, S.A. (2004) Borate minerals stabilize ribose. *Science* 303, 196.
- RODE, B.M./SON, H.L./SUWANNACHOT, Y. (1999) The combination of salt induced peptide formation reaction and clay catalysis: a way to higher peptides under primitive earth conditions. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 29, 273–286.
- RUPPERT, T.L. (2001) *Ribonukleinsäuren als Katalysatoren. Katalyse von Aminocyclisierungsreaktionen durch Ribozyme*. Berlin.
- RUSHDI, A.I./SIMONEIT, B.R.T. (2001) Lipid formation by aqueous Fischer-Tropsch-type synthesis over a temperature range of 100 to 400 °C. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 31, 103–118.
- SAGHATELIAN, A./YOKOBAYASHI, Y./SOLTANI, K./GHADIRI, M.R. (2001) A chiroselective peptide replicator. *Nature* 409, 797–801.
- SANCHEZ, R./FERRIS, J./ORGEL, L.E. (1966) Conditions for purine synthesis: did prebiotic synthesis occur at low temperatures? *Science* 153, 72–73.
- SANTOS, M.A.S./MOURA, G./MASSEY, S.E./TUIE, M.F. (2004) Driving change: the evolution of alternative genetic codes. *Trends in Genetics* 20, 95–102.
- SCHALLEY, C.A./WEIS, P. (2002) Unusually stable magic number clusters of serine with a surprising preference for homochirality. *International Journal of Mass Spectrometry* 221, 9–19.
- SCHLESINGER, G./MILLER, S.L. (1983) Prebiotic synthesis in atmospheres containing CH₄, CO and CO₂. I. Amino acids. *Journal of Molecular Evolution* 19, 376–382.

- SCHLINGLOFF, G. (1999) Aufbau eines Meßplatzes mit miniaturisierter Evolutions- und Synthesemaschine. Dissertation am Institut für Theoretische Chemie, Universität Wien.
- SCHUSTER, P. (2007) Molekulare Grundlagen der Evolution. Kann man die Wahrscheinlichkeit der Lebensentstehung abschätzen? Abendkolloquium: Frontiers of Science, Düsseldorf, 1.02.2007, 51. www.tbi.univie.ac.at/~pks. Zugr. a. 25.12.2007.
- SCHUSTER, P./STADLER, P.F. (1999) Nature and evolution of early replicons. In: DOMINGO, E./WEBSTER, R.G./HOLLAND, J.J. (Hg.) Origin and evolution of viruses. San Diego, 1–24.
- SCHWARTZ, A.W./HENDERSONSELLERS, A. (1983) Glaciers, volcanic islands and the origin of life. *Precambrian Research* 22, 167–174.
- SEGRÉ, D./BEN-ELI, D./DEAMER, D./LANCET, D. (2001) The lipid world. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 31, 119–145.
- SELLA, G./ARDELL, D.H. (2006) The coevolution of genes and genetic codes: Crick's frozen accident revisited. *Journal of Molecular Evolution* 63, 297–313.
- SENANAYAKE, S.D./IDRISS, H. (2006) Photocatalysis and the origin of life: Synthesis of nucleoside bases from formamide on TiO₂(001) single surfaces. *PNAS* 103, 1194–1198.
- SEPHTON, M.A. (2001) Life's sweet beginnings? *Nature* 414, 857–858.
- SHINITZKY, M./Nudelman, F./Carda, Y. et al. (2002) Unexpected differences between D- and L-Tyrosine lead to chiral enhancement in racemic mixtures. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 32, 285–297.
- SOLÉ, R.V./MUNTEANU, A./RODRIGUEZ-CASO, C./MACÍA, J. (2007) Synthetic protocell Biology: from reproduction to computation. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 362, 1727–1739.
- SÖLL, D./RAJBANDARY, U.L.R. (2006) The genetic code – thawing the „frozen accident“. *Journal of Biosciences* 31, 459–463.
- SWEENEY, M.A./TOSTE, A.P./PONNAMPERUMA, C. (1976) Formation of amino acids by cobalt-60 irradiation of hydrogen cyanide solutions. *Origins of Life* 7, 187–189.
- SWETINA, J./SCHUSTER, P. (1982) Self-replication with errors. A model for polynucleotide replication. *Biophysical Chemistry* 16, 329–345.
- SZOSTAK, J.W./ELLINGTON, A.D. (1993) In vitro selection of functional RNA sequences. In: GESTELAND, R.F./ATKINS, J.F. (Hg.) *The RNA world*. Cold Spring Harbor, NY, 511–533.

Kapitel VII: Die chemische Evolution, pp. 171-211

- THOMAS, J.A./RANA, F.R. (2007) The influence of environmental conditions, lipid composition, and phase behavior on the origin of cell membranes. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 37, 267–285.
- TRINKS, H. (2001) Auf den Spuren des Lebens. Bericht zur Expedition in das Eis von Spitzbergen vom 17. Mai 1999 bis 14. September 2000. Aachen.
- TRINKS, H./SCHRÖDER, W./BIEBRICHER, C. (2003) Eis und die Entstehung des Lebens. Aachen.
- TRINKS, H./SCHRÖDER, W./BIEBRICHER, C. (2005) Ice and the origin of life. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 35, 429–445.
- TRINKS, H. (2006) Entstehung, Struktur und Verhalten von Phospholipid-Vesikeln in Meereis. www.et1.tu-harburg.de/downloads_et1/ep/publikationen/Vesikel_in_Meereis.pdf. Zugr. a. 24.04.2008.
- VIEDMA, C. (2001) Enantiomeric crystallization from DL-aspartic and DL-glutamic acids: implications for biomolecular chirality in the origin of life. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 31, 501–509.
- WÄCHTERSHÄUSER, G. (1988a) Before enzymes and templates: theory of surface metabolism. *Microbiological Reviews* 52, 452–484.
- WÄCHTERSHÄUSER, G. (1988b) Pyrite formation, the first energy source for life: a hypothesis. *Systematic and Applied Microbiology* 10, 207–210.
- WÄCHTERSHÄUSER, G. (1990) Evolution of the first metabolic cycles. *PNAS* 87, 200–204.
- WÄCHTERSHÄUSER, G. (1992) Ground works for an evolutionary biochemistry: the iron-sulfur world. *Progress in Biophysics and Molecular Biology* 58, 85–201.
- WÄCHTERSHÄUSER, G. (1994) Life in a ligand sphere, *PNAS* 91, 4283–4287.
- WÄCHTERSHÄUSER, G. (2000) Origin of life. Life as we don't know it. *Science* 289, 1307–1308.
- WAKATSUCHI, M./KAWAMURA, T. (1987) Formation processes of brine drainage channels in sea ice. *Journal of Geophysical Research – Oceans* 92, 7195–7197.
- WEBERNDORFER, G./HOFACKER, I.L./STADLER, P.F. (2003) On the evolution of primitive genetic codes. *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 33, 491–514.
- WEISBUCH, I./LEISEROWITZ, L./LAHAV, M. (2002) Spontaneous generation of chirality via chemistry in two dimensions. In: HICKS, J.M. (Hg.) *Chirality: Physical chemistry. Proceedings of the Symposium on the Physical Chemistry of Chirality 1* (San Francisco, CA 2000) ACS Symposium Series 810, 242–252.
- WEITZE, M.-D. (2006) Zwischen Evolution und Engineering – Der genetische Code im Wandel. *Biologie in unserer Zeit* 1, 18–24.

- WONG, J.T-F. (1975) A co-evolution theory of the genetic code. PNAS 72, 1909–1912.
- YAMAGATA, Y. (1999) Prebiotic formation of ADP and ATP from AMP, calcium phosphates and cyanate in aqueous solution. Origins of Life and Evolution of the Biosphere 29, 511–520.
- ZAHNLE, K./ARNDT, N./COCKELL, C. et al. (2007) Emergence of a habitable planet. Space Science Reviews 129, 35–78.