

Schöne Biologie

# Plausible RNA



■ Je weiter die Biologie in die Vergangenheit vorzudringen versucht, desto mehr muss sie sich auf Wahrscheinlichkeiten und Plausibilitäten zurückziehen. Da nutzt es auch nichts, dass mit den DNA-Sequenzen aktueller Genome ein hervorragender „record of the past“ vorliegt. Denn ob die postulierten Szenarien sich vor Millionen und Milliarden von Jahren tatsächlich so abgespielt haben, wie sie die Rechner aus den rezenten DNA- und Proteinsequenzen herauslesen, werden wir in allerletzter Konsequenz wohl niemals wissen.

Wir hatten an dieser Stelle bereits das Beispiel der Photosynthese. Diese etablierte sich *wahrscheinlich* vor über 2,5 Milliarden in irgendwelchen Blaualgen-ähnlichen Bakterienzellen. Etwa 1,2 Milliarden später schluckten *offenbar* frühe Einzeller solche Cyanobakterien und bauten sie zu den ersten Chloroplasten um. Und *augenscheinlich* wurden diese primären Plastiden danach noch mindestens dreimal via sukzessiver Endosymbiose von Eukaryot zu Eukaryot weitergegeben – was so manche Plastiden deutlich komplexer machte (*Bioessays* 26: 50-60).

Rundherum ein *sehr wahrscheinliches* Szenario. Gehen wir indes noch weiter zurück zu den molekularen Ursprüngen des Lebens, bekommt das Plausibilitätskriterium immer stärkere Bedeutung.

Nehmen wir etwa das Stichwort „RNA-Welt“. Das Problem ist klar: DNA kodiert die Information zur Herstellung von Proteinen; ohne einen Set gewisser Proteine kann diese Information jedoch nicht „realisiert“ werden. Genauso wie die DNA nur von bestimmten Proteinen vermehrt und weitergegeben werden kann. Kurz gesagt: Ohne DNA keine Proteine, aber ohne Proteine würde auch jede DNA unnütze untergehen.

Wer aber war zuerst da? Schließlich ist es *unwahrscheinlich*, dass beide – DNA und Proteine – sich gleichzeitig entwickelt haben. Ein typisches „Henne-Ei-Problem“.

Eine *plausible* Lösung formulierten Francis Crick, Leslie Orgel und Carl Woese Ende der Sechziger Jahre: Vor dem Auftau-

chen von DNA und Protein könnte sich das Leben molekular zunächst auf der Basis von RNA entwickelt haben. Dazu müsste diese allerdings damals die Aufgaben von beiden, DNA und Protein, wenigstens halbwegs erfüllt haben – bevor letztere dann irgendwann ihre heutigen Jobs übernahmen.

Diese Aufgaben heißen Informationsspeicher, Selbstreplikation und enzymatische Aktivität. All dies müsste die RNA geleistet haben, sonst wäre der Schritt über eine „RNA-Welt“ nicht möglich gewesen. Immerhin, von den Eigenschaften der RNA her schien das durchaus *plausibel*. Dass RNA ebenso als Informationsspeicher dienen könne wie DNA, war klar. Und auch über den Punkt „enzymatische Aktivität“ machte man sich nur kurz Sorgen. Schließlich „arbeiten“ noch heute RNAs enzymatisch in den Ribosomen mit, und tatsächlich entdeckte man in der Folgezeit noch weitere aktive RNA-Enzyme, oder Ribozyme.

Knackpunkt in dem *Plausibilitätsmodell* ist bislang die Selbstreplikation der RNA. Da inzwischen das Wechselspiel zwischen DNA und Protein bei der Replikation so gut funktioniert, findet man heute keine „übrig gebliebenen“ RNA-replizierenden Ribozyme mehr. Und im Labor konnte man bisher nur Ribozyme basteln, die streng sequenzabhängig kurze RNA-Stränge aus bis zu 14 Nukleotiden replizierten. Klar zu wenig für eine ganze RNA-Welt.

Diesen Rekord hat eine Gruppe aus Cambridge jetzt deutlich verbessert. Die Autoren schufen mit ausgefuchster Methodik ein Ribozym namens tC19, das seinerseits RNAs von bis zu 95 Nukleotiden Länge nahezu perfekt replizierte (*Science* 332: 209-12). Noch besser: tC19 war kaum wählerisch bei den Sequenzen der RNA-Templates, so dass es etwa auch ein Mini-Hammerkopf-Ribozym effektiv replizierte. Die „Replikanten“ schnitten ihr Substrat genauso gut wie das Template-Ribozym.

Damit ist die „RNA-Welt“ ein ganzes Stück plausibler geworden. Was sehr viel ist für etwas, das man nie wird endgültig beweisen können. RALF NEUMANN