

Strukturbildung in Biochemie und Technik

Anlass zu diesem Artikel war eine Pressemitteilung: „Fleisch kann demnächst auf 3-D-Druckern hergestellt werden.“ Natürlich ist eine solche Meldung unserer oft geistlosen Tagesjournaille nicht ernst zu nehmen. Sie regte jedoch zu einem Vergleich von Technik mit Biologie im Hinblick auf die dreidimensionale Strukturentfaltung aus der Linearität von Steuerprogrammen an, die ja in beiden Fällen gegeben sind.

Lassen Sie uns beispielhaft die biochemische, ribosomale Verknüpfung von α -Aminosäuren zu dreidimensionalen Peptid-Strukturen – u.a. Fleisch - mit der Bildung dreidimensionaler Strukturen durch einen 3-D-Drucker vergleichen:

Ganz offensichtlich wird in beiden Fällen bewirkt, dass sich unter lokaler Entropie-Verminderung (Ordnungszunahme) räumliche Struktur aus linearen Steuerprogrammen entfaltet.

Die Molekularbiologie beschreibt die Formierung von dreidimensionalen Proteinstrukturen in lebenden Zellen unter der Regie eines mit 4 verschiedenen Basen verschlüsselten, linearen „DNA-Programms“ und in der Folge aus selbstorganisatorischen Effekten durch Bildung von Primär-, Sekundär-, Tertiär- und Quartärstrukturen.

Einen 3-D-Drucker steuert eine zeitlich linearisierte, digital codierte Software, die sämtliche zu formende Strukturelemente festlegt.

M.E. dominieren u.a. folgende Unterschiede:

1. Peptide entstehen, DNA-gesteuert, zunächst in der Winzigkeit aller, lebenden Körperzellen, in den Ribosomen.

Die Dimensionen eines 3-D-Druckers sind bekanntlich von makroskopischer Größenordnung. Entsprechend ist auch der Output.

2. Die enzymgesteuerte Verknüpfung der α -Aminosäuren zu Peptiden erfolgt äußerst schonend, bei Körpertemperatur, in einer wässrigen Zellmatrix, unter physiologischen Bedingungen, parallel zu millionenfach ablaufenden anderen Reaktionen in dieser Zelle.

Die Verknüpfung in einem 3-D-Drucker erfolgt mehr oder weniger materialbelastend durch Verschmelzung von Pulvern.

3. Die Bausteine der Polypeptide sind im Wesentlichen die 20 natürlichen α -L-Aminosäuren, die über Peptidbindungen verknüpft werden. Eine nahezu unendliche Vielfalt mit unterschiedlichsten Stoffeigenschaften ist kombinatorisch möglich und wird physiologisch auch vorgefunden. Man denke nur an die ungeheure Zahl von Enzymen oder die Histologie der hunderte verschiedenen Gewebesorten des Menschen oder der Tiere. U.a. auch Fleisch.

Ein 3-D-Drucker kann zzt. nur Einkomponenten-Verschmelzen zum Aufbau von Dreidimensionalität durchführen.

4. Alle biologischen Verknüpfungen von Aminosäuren entstehen, DNA gesteuert, durch komplexe, ATP-promovierte Synthesen, bei minimalem Energieaufwand. Sie führen zu hochdifferenzierten, unterschiedlichsten Primärketten.

Der 3-D-Drucker benötigt erheblichen thermischen Schmelzaufwand und Führung eines Schmelzkopfes. Der Strukturbildungsbereich liegt um viele Größenordnungen über dem des ribosomalen Bildungsbereichs.

5. Die Dreidimensionalität wird in den entstehenden Peptiden selbstorganisatorisch durch räumliche Faltung des primär gebildeten linearen Peptidstrangs in sekundäre, tertiäre und quartäre Dreidimensionalität erreicht. Verantwortlich dafür sind zwischenmolekulare Kräfte, wie z.B. Wasserstoffbrückenbindungen im synthetisierten Peptidstrang.

Die Gestaltgebung im 3-D-Drucker muss in der Software vorgegeben werden.

6. Der Hauptunterschied: Leben kontra tote Technik.

Es gibt noch einen wesentlichen Unterschied, der mir beim Lesen von George Dysons Buch "Turings Kathedrale" auf den Seiten 403/404 (Dyson, 2016) begegnete. Nicht ein zeitorientiertes Programm gibt in der Biochemie den Ton an. Vielmehr ist es ein stochastisches Identifizieren von Reaktionspartner aufgrund molekularer Muster nach dem Schlüssel-Schloss-Prinzip.

Es zeigt sich, dass ein einfacher Vergleich des "DNA-Programms" mit einem Software-Programm in einem digitalen Computern nur vordergründig zuzutreffen scheint. Ein grundlegender Unterschied ist z.B. die zeitliche Dominanz in einer PC-Steuerung: Alle Software-Schritte werden von einem fortschreitenden Zeitregim geordnet und über ein Bus-System abgewickelt. Dazu

müssen Speichereinheiten abfragebereit zugänglich sein. In biologischen Abläufen gibt es dieses Regim nicht. Es dominiert ein Nebeneinander von möglichen Reaktionen in der drangvollen Enge einer Zelle. Darüber hinaus gibt es keine "numerische Adresse", der ein physischer Ort zugeordnet ist, sondern nur molekulare Muster, welche die Identifizierung eines größeren, komplexen Molekül, anhand eines seiner kleineren, eindeutig festgelegten Zentren ermöglicht. Dagegen kann ein stochastisches, auf Mustern basierendes Adressierungssystem viel schneller arbeiten. Allerdings gilt das nur in der Winzigkeit einer Zelle. Diese Fähigkeit einen organisierten Nutzen aus scheinbar planlos ablaufenden Prozessen zu ziehen, ist das Merkmal, das Informationsverarbeitung in lebenden Organismen von der Informationsverarbeitung bei digitalen Rechnern (bis jetzt noch) unterscheidet".

Ein weiterer interessanter Unterschied ist die mögliche Umkehrbarkeit von "Programm-Abläufen", die in unseren PCs nicht gegeben ist. Die in biologischen Prozessen ablaufenden Schritte, sind mit den gleichen Enzym-Zentren umkehrbar und eröffnen damit Wege in Reaktionsumkehr, wie sie zum Beispiel in dem System Glykolyse versus Gluconeogenese evolutionär tatsächlich verwirklicht ist. Dabei handelt es sich um ein grundlegendes Moment in der evolutionären Molekularbiologie, die erfolgreiche Wege nicht vergisst, sondern auf anderen Pfaden, auch in Teilabschnitten, nutzt.