

Zeichenprozesse als Bedingungen der Möglichkeit von Leben und Evolution: Zur Notwendigkeit einer Molekularpragmatik

Günther Witzany, Universität Salzburg

Summary. The author argues the position that life is only possible on the basis of semiotic processes. He claims that Nature is semiotically organized and that evolution is semiotically controlled, and justifies these claims by elaborating and generalizing the tenets of action-theoretically oriented pragmatics and discussing them with respect to recent research results in biological taxonomy, molecular biology, biochemistry, sociobiology, and the theory of evolution. Particularly compelling evidence for the claim that elementary life processes would be impossible without sign processes is found in intraorganismic semioses. From this perspective, evolution itself no longer appears to be a result of mutation and selection, but of generative semioses and their successful trials within the horizon of Nature as a "universally interacting community".

Zusammenfassung. Der Autor vertritt die These, daß Leben nur unter der Bedingung semiotischer Prozesse möglich ist. Die Annahme einer semiotisch organisierten Natur und einer semiotisch gesteuerten Evolution ist eine Weiterentwicklung und Verallgemeinerung der handlungstheoretisch orientierten Pragmatik im Hinblick auf aktuelle Forschungsergebnisse der biologischen Taxonomie, Molekularbiologie, Biochemie, Soziobiologie und Evolutionstheorie. Gerade der Bereich intraorganismischer Semiosen verdeutlicht, daß elementare Lebensprozesse ohne Zeichenprozesse unmöglich wären. In dieser Perspektive erscheint auch Evolution nicht mehr als Ergebnis von Mutation und Selektion, sondern von generativen Semiosen und deren Bewährung im Horizont von Natur als „universalen Interaktionsgemeinschaft“.

1. Einleitung

Die Erforschung aller Formen des Lebens durch zahlreiche biologische Forschungsrichtungen führte in vielen Bereichen zu dem Problem uneinheitlicher Begriffsbildungen, so daß konstruktive interdisziplinäre Forschungsansätze und Theoriediskurse nicht selten zum Scheitern verurteilt waren. Alte Klassifikationssysteme der Zoologie arbeiteten mit einem Begriffsinventar, das mit jenem der Mikrobiologie, Botanik usw. kaum kompatibel war.

Die moderne biologische Systematik (Taxonomie) hat dieses Übel sich gegenseitig behindernder Forschung beseitigt: Sie geht von einem Modell R.H. Wittakers aus, das inzwischen interdisziplinär auf breiten Konsens gestoßen ist. Es vermeidet die terminologischen Unterschiede der Einzel-

disziplinen und berücksichtigt dennoch alle wichtigen Struktur- und Organisationsmerkmale der betreffenden Forschungsrichtungen in ausreichendem Maße.

So werden fünf Organismenreiche nach ihren Strukturmerkmalen und Lebenszyklen (Stammbaum, Vermehrung, Ernährung, soziale Interaktion usw.) unterschieden. Die grundlegende Einteilungskategorie ist die Einteilung der Lebewesen nach Arten. Man rechnet heute mit mindestens 3 Millionen bestehenden Arten, unter Umständen aber auch mit 10 bis 20 Millionen, von denen die meisten Insekten sind (Margulis & Schwartz 1989). Eine weit größere Anzahl von Arten ist allerdings im Laufe der Erdgeschichte ausgestorben. Mehrere eng verwandte Arten werden zu Gattungen, eng verwandte Gattungen zu Familien, diese dann zu Ordnungen, Ordnungen zu Klassen, Klassen zu Stämmen und schließlich die Stämme (phyla) zu Organismenreichen zusammengefaßt. Dieser Einteilungsmodus orientiert sich immer an natürlichen Verwandtschaftsgruppenmerkmalen.

Die fünf Organismenreiche lassen sich eindeutig und klar voneinander unterscheiden. Die Einzeller ohne echten Zellkern (Prokaryoten) unterscheiden sich von der nächsten Evolutionsstufe, den Einzellern (und ihren Verwandten) mit echtem Zellkern (Eukaryoten), weit deutlicher als beispielsweise Tiere von Pflanzen. Lebewesen mit echtem Zellkern teilt man in eukaryotische Mikroorganismen und deren Verwandte (Protoctisten) und in die phänotypisch größeren eukaryotischen Lebewesen – Pflanzen, Pilze und Tiere –, über die die beiden Autorinnen Lynn Margulis und Karlene V. Schwartz, die Wittakers Modell systematisch ausgearbeitet haben, sagen:

„Die drei letztgenannten, uns vertrauteren Organismenreiche stehen für die verschiedenen ökologischen Erfolgsstrategien größerer Lebewesen, Produktion (Pflanzen), Absorption (Pilze), und Konsumtion (Tiere).“ (Margulis & Schwartz 1989:11)

Die ältesten fossilen Funde, bakterienähnliche Gebilde, konnten auf ein Alter von etwa 3,5 Milliarden Jahren datiert werden. Prokaryoten (Bakterien) sind demnach jene Lebewesen, welche die Erde am längsten bewohnen. Die Protoctisten treten vor etwa 1,2 Milliarden Jahren auf. Ihnen folgen vor etwa 700 Millionen Jahren die ersten Tiere. Vor etwa 400 Millionen Jahren entstehen die Pilze, und das jüngste Organismenreich, die Pflanzen, tritt vor etwa 380 Millionen Jahren auf (Margulis & Schwartz 1989).

So verschieden die Organismenreiche und ihre Arten auch sein mögen, so gibt es auch Gemeinsamkeiten zwischen ihnen, was ja auch evolutionsgeschichtlich zu erwarten ist: Alle Lebewesen stammen von anderen Lebewesen, ihren Vorfahren ab. Nach der Entstehung der ersten Lebewesen gab es nie wieder eine Lebenserschaffung aus Nicht-Leben. Zu jedem Lebewesen läßt sich prinzipiell eine Stammes-, Familien- und Artengeschichte angeben. Die Biologie hat sich seit ihrem Bestehen intensiv bemüht, solche Stammbäume des Lebens zu rekonstruieren, und man kann daher begründeterweise davon ausgehen, daß alle Lebewesen in einem unterschiedlichen Verwandtschaftsverhältnis direkter oder indirekter Art zueinander stehen. Evolutionsgeschichte ist genau betrachtet immer auch Stammes-, Familien- und Artengeschichte. Diese Geschichte der biologischen Arten und der diese Arten reproduzierenden Generationen ist durch eine lebensraumspezifische Interaktionslogik und Interaktionsdynamik gekennzeichnet. Die Soziobiologie erforscht solche spezifischen

Formen regelgeleiteter Interaktionen zwischen Lebewesen gleicher, aber auch unterschiedlicher Art (Bekoff & Wells 1980, Partridge 1982, Seeley 1982, Ryker 1984, Huber & Thorson 1986, Todt 1986). Dabei hat sich gezeigt, daß zahlreiche Interaktionen zeichenvermittelt sind. Alle untersuchten Interaktionsformen lassen auf artspezifische Codes schließen, mit denen Verhaltenskoordination und/oder Vergesellschaftung durchgeführt wird. Am erfolgreichsten war die Entschlüsselung des Nukleinsäurekodes durch die Molekularbiologie und Biochemie, die deshalb besondere Beachtung gefunden hat, weil dieser Kode für den genotypischen Bereich aller unterschiedlichen phänotypischen Organismenreiche universale Geltung hat.

Die detaillierte Untersuchung von Codes ist zweifellos ein Aufgabengebiet der Semiotik. Sie erforscht konsequenterweise nicht nur Zeichenprozesse im menschlichen Bereich sondern – beispielsweise in der Zoosemiotik – auch Zeichenprozesse bei nicht-menschlichen Lebewesen, bei Tieren (Sebeok 1977). Auch hier hat sich gezeigt, daß eine klare Unterscheidung zwischen Zeichenprozessen von höheren Tieren und jenen von Menschen sinnvoll ist. Was die Erforschung des Nukleinsäurekodes betrifft, so fällt das wohl in den Bereich einer (erst noch auszuarbeitenden) Molekularsemiotik. Auch hier liegen wichtige Forschungsergebnisse vor (Bystřina 1983). Bislang fehlen aber semiotische Forschungen im Bereich der Organismenreiche der Prokaryoten, der Protoctisten und der Pilze, oder sie verlieren sich in der terminologischen Verwirrung klassischer Einteilungssysteme biologischer Spezialgebiete. Da auch in diesen Bereichen vielfältigste Formen von Verhaltenskoordination und/oder Vergesellschaftung nachgewiesen werden konnten, wäre eine Forschungsinitiative der Semiotik nur konsequent und würde wesentlich zu einem besseren Verständnis aller Formen belebter Natur beitragen können.

Daß Zeichenprozesse nicht nur zur Organisation von Überlebensfähigkeit und beinahe allen artspezifischen Interaktionen dienen (natürliche Verwandtschaftsgruppen verfügen in der Regel über das gleiche oder ein ähnliches Zeichen- und Zeichenverwendungsregel-Repertoire), sondern grundsätzlich als Bedingung der Möglichkeit von Leben und Evolution angenommen werden können, will ich in diesem Beitrag zu zeigen versuchen. Wenn es der Semiotik dann eines Tages gelingt, ihren Forschungshorizont auf die Erforschung aller Zeichenprozesse in allen Organismenreichen auszudehnen, würde meine Grundannahme sicherlich detaillierter begründ- aber auch kritisierbar sein. Ich beziehe mich bei der Annahme semiotischer Prozesse in allen Organismenreichen im wesentlichen auf Forschungen von Molekularbiologie, Biochemie und Soziobiologie. Demnach lassen sich für jedes Lebewesen jedes Organismenreiches drei Ebenen semiotischer Prozesse unterscheiden, die zueinander in einem komplementären Verhältnis stehen:

1. Intraorganismische Semiosen: Hierzu zählen alle zeichenvermittelten, regelgeleiteten Interaktionen zwischen den einzelnen Bestandteilen eines Organismus. Weitere Differenzierungen sind hier sinnvoll:
 - a. Intrazelluläre Semiosen: Zeichenprozesse zwischen Bestandteilen einer Zelle, speziell die enzymatische Aktivierung des genetischen Nukleinsäurekodes;

- b. Interzelluläre Semiosen: Zeichenprozesse zwischen Zellen und Zellverbänden (Organen) eines Organismus.
2. Interorganismische Semiosen: Zeichenprozesse zwischen Organismen einer speziellen biologischen Art.
 3. Metaorganismische (artübergreifende) Semiosen: Es gibt auch zwischen Lebewesen unterschiedlicher Arten regelgeleitete, zeichenvermittelte Interaktionen, die zum Teil hochkomplex sein können (z.B. Formen des Parasitierens und der Symbiose).

Bei der Untersuchung meiner Annahme, daß die Evolution der biologischen Artenvielfalt das Ergebnis semiotischer Prozesse nicht nur auf diesen drei Ebenen sondern auch zwischen diesen drei Ebenen ist, nimmt die Darstellung der intraorganismischen Semiosen den wichtigsten Platz ein. Denn so sehr sich die Phänotypen aller biologischen Arten der Organismenreiche auch unterscheiden, so ähnlich sind sich die Semiosen ihrer jeweiligen Zellbestandteile, Zellen und Zellverbände.

2. Interzelluläre Semiosen

Ein einzelliges Lebewesen vermag alle lebenserhaltenden Funktionen alleine auszuführen. Mehrzellige Organismen sind dagegen auf eine erfolgreiche Verhaltenskoordination zahlreicher unterschiedlicher Zellverbände, Gewebe und Organe angewiesen. Ohne gut funktionierende Semiosen zwischen Zellen, Geweben und Organen wäre eine solche Verhaltenskoordination nicht möglich.

Die interzellulären Semiosen geschehen mittels chemischer Substanzen, die als Zeichen in der Übermittlung bestimmter Botschaften fungieren, man nennt sie daher chemische Botenstoffe. Interagieren Zellen direkt miteinander, so können solche Semiosen äußerst rasch stattfinden: Bei neuronalen Semiosen heißen die verwendeten Zeichen Neurotransmitter (Snyder 1985, Iversen 1985). Interagieren Zellen indirekt miteinander, so dauert das etwas länger: Bei hormonalen Semiosen heißen die Zeichen Hormone (Snyder 1985, Iversen 1985, Krieger 1983).

Zwischen diesen beiden interzellulären Semioseformen gibt es auch fließende Übergänge, d.h. sie funktionieren nicht ausschließlich getrennt voneinander, sondern sind begrenzt kompatibel. Das zeigt sich daran, daß dasselbe chemische Zeichen in jeder der beiden Semioseformen verschieden verwendet werden kann. Die pragmatische Zeichenverwendungsregel ist dieselbe: Spezifische Zellen senden Botenstoffe an spezifische Zielzellen (Adressaten), die diese mittels ihrer Rezeptoren (Identifizierungsproteine in der Zellmembran) „erkennen“ und an das Zellinnere weitergeben. Dort erst reagiert die Zelle auf den semantischen Gehalt der Botschaft, d.h. sie antwortet durch ein spezifisches, der Botschaft entsprechendes regelgeleitetes Verhalten und/oder die Produktion spezifischer Stoffe. Auch bei diesen Semiosen kann es zu Regelverstößen kommen, die die Zelle veranlassen, sich falsch zu verhalten. Der Grund dafür liegt nicht selten darin, daß der Rezeptor in der Zellmembran einer Zelle den semantischen Gehalt eines Botenstoffes mit dem eines anderen verwechselt (I), ihn gar nicht identifiziert (II) oder einen Stoff für einen Botenstoff hält, ohne daß es einer ist (III) (Rubenstein 1980, Höfer 1977).

Die Nervenzellen senden Botschaften an die jeweiligen Gruppen von Zielzellen (Adressaten): an andere Nervenzellen, Drüsenzellen, Muskelzellen. Die Nervenzellen entlassen dabei die chemischen Botenstoffe über sogenannte Synapsen und den synaptischen Spalt (interzellulärer Raum) an die Zielzelle, die diese Botenstoffe über ihre Rezeptoren identifiziert und die Botschaft an das Zellinnere weitergibt (Llinas 1982, Berridge & Irvine 1984, Berridge 1985, Carafoli & Penniston 1986). Dort sorgen intrazelluläre Semiosen für die interzelluläre Antwort. Die neuronalen Semiosen geschehen über relativ kurze Distanzen hinweg innerhalb von Millisekunden.

Die hormonellen Semiosen geschehen hauptsächlich über das innersekretorische Drüsensystem. Eine Drüse setzt Hormone frei, welche von den Rezeptoren der Zielzellen als Botenstoffe identifiziert werden. Die Drüsen geben die Hormone an die Blutbahn ab, die Zielzellen nehmen sie über die Blutbahn auf und übermitteln die Botschaft an das Zellinnere. Hormone gelangen durch die Verteilung über den Blutstrom in den ganzen Körper. Hormonelle Semiosen dauern dafür länger und können eine Antwort der Zielzellen mitunter erst in Minuten oder sogar Stunden hervorrufen (Snyder 1985).

Zwei Beispiele mögen verdeutlichen, wie ein und derselbe chemische Botenstoff durch die Verwendung in zwei verschiedenen Semioseformen unterschiedliche Bedeutungen annehmen kann, wie der pragmatische Kontext also die Bedeutung festlegt:

- Noradrenalin: Noradrenalin wird von der Nebennierenrinde als Hormon ausgeschüttet. Es fördert die Herzkontraktion, erweitert die Bronchien und verstärkt die Kontraktionskraft der Arm- und Beinmuskulatur. Wird Noradrenalin als Neurotransmitter von Nervenzellen des sympathischen Nervensystems verwendet, so verengt es die Blutgefäße und erhöht den Blutdruck.
- Vasopressin: Vasopressin wird vom Hinterlappen der Hypophyse (einer Hirnanhangdrüse) ausgeschüttet. Es steigert als Hormon den Blutdruck durch Verengung der Blutgefäße und hemmt die Harnproduktion, weil es die Fähigkeit der Niere zur Wasserrückresorption steigert. Als Neurotransmitter von Nervenzellen dient Vasopressin im Hirn als Stoff, der bei der Gedächtnisbildung beteiligt ist (Snyder 1985).

Sowohl in hormonellen wie in neuronalen Semioseformen werden zum Teil verschiedene, zum Teil identische Botenstoffe für ganz unterschiedliche Botschaften verwendet und von den jeweiligen Adressaten in ihrer unterschiedlichen Bedeutung identifiziert (Berridge 1985).

3. Intrazelluläre Semiosen

3.1 Zwei intrazelluläre Kodes sorgen für die Proteinsynthese

Die Gene der Zelle bestehen nicht aus Eiweißmolekülen, sondern aus Nucleinsäuren. Diese setzen sich ihrerseits aus Nucleotiden zusammen, deren jedes aus einem Phosphorrest, einem Zuckeranteil und einem Basenanteil besteht. Ist der Zuckeranteil Ribose, nennt man die Nucleinsäure

Ribonukleinsäure (RNS), ist er Desoxyribose, so nennt man sie Desoxyribonukleinsäure (DNS). Der Nukleinsäurekode dieser beiden Nukleinsäuren besteht fast durchgängig aus einem Alphabet von 4 Basen. Die DNS verwendet die Basen A(denin), C(ytosin), G(uanin), und T(hymin), während die RNS ebenfalls die ersten drei Basen, statt des Thymins jedoch U(racil) verwendet. Die Nukleinsäuremoleküle sind Fäden von unterschiedlicher Länge, ohne Verzweigungen und ohne Vernetzungen. Die Basen sind linear aneinandergereiht, und man bezeichnet sie als Basensequenzen, die sich als solche auch schriftlich festhalten lassen (Watson 1983, Felsenfeld 1985, Darnell 1985).

Doch die Nukleinsäuren, die den genetischen Kode konstituieren, sind nicht Bestandteile des Kodes, mit dem die Eiweißmoleküle konstituiert werden. Die Herstellung von Eiweißmolekülen ermöglicht der Zelle ihre Erhaltung und Vermehrung. Der ganze Stoffwechsel einer Zelle verfolgt in erster Linie diesen Zweck. Proteine (Eiweiße) werden durch Aminosäuresequenzen konstituiert. Der Aminosäurekode besteht aus einem Alphabet von 20 unterschiedlichen Aminosäuren, die sich außerdem noch in elektrisch positiv und negativ geladene, in hydrophile und hydrophobe (bzw. lipophile) unterscheiden lassen (Watson 1983, Felsenfeld 1985).

Ganz ähnlich wie DNS- und RNS-Moleküle sind Proteine lineare Moleküle, wobei die Abfolge von Aminosäuren ein Proteinindividuum definiert. Aufgrund der physikalisch-chemischen Eigenschaften der Aminosäuren und deren Interaktion faltet sich ein Protein in einer genau festgelegten räumlichen Struktur, die dann für die Funktion des Proteins entscheidend ist.

Einen kurzen Aminosäurestrang mit wenigen Aminosäuren nennt man Oligopeptidkette, einen mit vielen Polypeptidkette. Proteine bestehen hingegen aus 50 bis 2000 Aminosäuren. Die Regeln, nach denen Sequenzen aufgebaut werden, sind in der DNS festgelegt. Wie aber kann die DNS den Aufbau der Proteine regeln, wenn diese durch Aminosäuresequenzen konstituiert werden (Doolittle 1985)?

Der Aufbau der Proteinmoleküle, die zum Zellwachstum, zum Stoffwechsel und zur Vermehrung notwendig sind, unterliegt einer stabilen Regelbefolgung. Die zentrale Regel für die Funktion des genetischen Kodes, der die Gesamtfunktion und die Details der Proteinsynthese definiert, ist die komplementäre Basenpaarung: So hat das Guanin die Tendenz, sich im Doppelstrang der DNS oder RNS an das gegenüberliegende Cytosin anzulagern, und umgekehrt. Das Adenin hat die Tendenz, sich bei der DNS an das Thymin, bei der RNS an das Uracil anzulagern. Das betrifft also die Grammatik des Nukleinsäurekodes.

Auf der DNS oder RNS gehören jeweils drei aufeinanderfolgende Basen zusammen. Sie bilden ein sogenanntes Triplet oder Kodon. In dieser Form erst nehmen die Basen der Nukleinsäuren Bedeutsamkeit an, denn als Triplet symbolisieren sie jeweils genau eine Aminosäure. Als Kombinationsmöglichkeiten ergeben sich bei den Triplets insgesamt 64 Variationen. Von den 64 Triplets dienen drei als Start- und Stoppsignale, bestimmen also Anfang und Ende der Proteinkette. Die Abfolge der verbleibenden 61 Triplets auf der DNS regelt die Reihenfolge der Aminosäuren, indem jedes Triplet für eine Aminosäure kodiert ist. Für jeden Buchstaben des Aminosäurekodes gibt es ein oder mehrere „Wörter“ aus drei Buchstaben des

Nukleinsäurekodes. Der genetische Kode ist nämlich redundant: 61 Triplets bestimmen 20 Aminosäuren. Dabei heißt „Wort“ hier: ein als Basensequenz für die Grammatik des Aminosäurekodes bedeutsames Gebilde, das sich semantisch wie das Wort einer Sprache verhält.

Bei der Proteinsynthese muß eine proteinbauende Instanz den Text der Nukleinsäuresequenzen, die für die Aminosäuren kodiert sind, lesen, d.h. ihn richtig entschlüsseln und der Information entsprechend bestimmten Regeln folgen. Sie muß dabei beim ersten Mononukleotid anfangen, die ersten drei zu einem Triplett zusammenfassen und die diesem Triplett entsprechende Aminosäure als Anfangsglied der Polypeptidkette antransportieren, d.h. als Anfangsglied der Aminosäuresequenz produzieren. Falls die proteinbauende Instanz das erste Mononukleotid – aus welchen Gründen auch immer – nicht oder falsch gelesen hat, kommt, auch wenn alle anderen Glieder stimmen, eine falsche Sequenz, ein falsches Protein heraus: Der Ablesefehler ist ein Fehler in der Anwendung der Grammatik der Nukleinsäurekodes, der den semantischen Gehalt der betreffenden Übersetzung in den Aminosäurekode so verändert, daß das Ergebnis der Semiose nicht dem Zweck entspricht, zu dem sie ausgeführt wurde.

Auch die Ableserichtung ist für die proteinbauende Instanz unumkehrbar, sie kann die Nukleinsäurekette nur in einer Richtung ablesen. Wäre es nicht so, sähen Grammatik und Semantik des Nukleinsäurekodes völlig anders aus (Watson 1983).

Nur weil die Molekularbiologie und die Biochemie diese Proteinsynthese als regelgeleiteten, zeichenvermittelten Produktionsprozeß interpretiert haben, konnten sie den genetischen Kode postulieren und ihn zumindest grammatisch/semantisch entschlüsseln. Sie fanden die Zuordnung aller 64 Triplets zu Aminosäuren im einzelnen heraus. So wurde eine Kode-Tabelle erstellt, die die Grammatik/Semantik des DNS/RNS-Kodes im Blick auf den Protein-/Aminosäurekode definiert. Dieser „Kode-Katalog“ kann als „Wörterbuch“ verwendet werden: Jeder beliebige DNS-Faden kann als Text gelesen werden, der entsprechend dem Wörterbuch die Proteinsynthese bestimmt. Auf diese Weise läßt sich zwar die Aminosäuresequenz voraussagen, die das Protein konstituiert; die Voraussage von deren räumlicher Faltung (und die erst läßt eine Analyse der jeweiligen Proteinfunktion zu) ist bis heute aber nur in wenigen Fällen möglich (Watson 1983).

Die DNS besteht aus zwei komplementären Strängen, in denen sich die jeweiligen Kodons und Antikodons, also die affinen Basenpaare über Wasserstoffbrücken binden. Dieser Doppelstrang erscheint als räumlich schraubenartige Struktur, die der energetischen Stabilisierung dient. Die auf diese Weise spezifisch spiralisierte DNS ist im Zellkern verpackt. Die Eigenart der Verpackung bewirkt, daß Sequenzelemente, die auf der linearen DNS räumlich weit auseinanderliegen, räumlich nahe beisammenliegen können. Diese räumliche Nähe ermöglicht spezifische Interaktionsformen mit regulatorischer Wirkung, die bei der räumlichen Entfernung in der linearen DNS unmöglich wären. Die Eigenart der Verpackung entsteht dadurch, daß die Grundspirale in dem Maße zu einer Superspirale (Watson 1983) verbogen wird, daß die Grundspirale gerade soeben keinen Schaden nimmt.

Bei der Proteinsynthese wird dieser Doppelstrang geteilt. An den jeweiligen DNS-Strängen bildet sich Ribonukleinsäure aus. Die DNS-Sequenz

wird in eine RNS-Sequenz überschrieben, die sich komplementär an die freien DNS-Abschnitte anlagert. Sie wird als Messenger-RNS (m-RNS) bezeichnet und dient als Vorlage für die Produktion des Proteins. Hierzu wird die m-RNS aus dem Nukleus ins Zellplasma hinaus transportiert.

Die Gesamtmenge der Gene in einer Zelle eines Organismus nennt man Genom. Ein solches Genom beispielsweise einer Säugetierzelle umfaßt etwa zweieinhalb Milliarden Basenpaare, in denen die gesamte genetische Information des betreffenden Säugetieres gespeichert ist. In Form der m-RNS gelangt die Information für ein bestimmtes Protein von der Informationsquelle DNS zum Ort der Proteinsynthese. Dort erst wird die m-RNS mit Hilfe von Adaptoren (t-RNS-Molekülen) und den Ribosomen in Gruppen von je drei Basen abgelesen und in Sequenzen von Aminosäuren übertragen. Die tatsächliche Beziehung zwischen Genotypus und Phänotypus läuft über diese Proteinsynthese, bei der Tripletts von Nukleinsäurebasen in genau entsprechende Aminosäuren übersetzt werden, die als Proteine durch ihre räumliche Struktur all die Funktionen ausführen können, die ein Entstehen der unterschiedlichen Phänotypen ausmachen und diese voneinander unterscheidet.

3.2 Regelgeleitete Interaktion im Bereich der Nukleinsäuren

Nach dieser kursorischen Darstellung der Semiosen, über die der Proteinsynthese-Prozeß organisiert wird, und der dabei verwendeten Codes will ich nun die regelgeleiteten Interaktionen im Bereich der Nukleinsäuren etwas genauer erörtern.

Der Umschreibungsprozeß von der DNS in die RNS ist ein komplexer Vorgang, von dessen Genauigkeit die Realisation der Information abhängt, die im genetischen Text fixiert ist. Nachdem also die m-RNS gebildet wurde und aus dem Zellkern heraus transportiert ist, wird diese an die proteinbauende Instanz (die Ribosomen) gestreckt angelagert. Nur in dieser Form kann die m-RNS als geeignete Textvorlage bzw. als informations-abnahmefähig fungieren. An diesen Kodons der m-RNS, die an den Ribosomen angelagert werden, lagern sich nun nicht die dazupassenden Aminosäuren an, sondern die zu den Kodons komplementären Anti-Kodons der t-RNS (Transfer-RNS). Die Anti-Kodons der t-RNS sind mit einem von der Zelle produzierten Vorrat an ihnen zugehöriger Aminosäure beladen und bewegen sich zur Ribosomoberfläche. Das ist der Grund, weshalb man sie eben Transfer-RNS (t-RNS) nennt. Die t-RNS-Moleküle bestehen aus etwa 80 Nukleotiden (manche enthalten bis zu 120) in Kettenform hintereinander. In der mittleren Schleife des kleblattförmigen Moleküls sitzt immer ein Triplet, z.B. CCA (Cytosin-Cytosin-Adenin). Dieses Anti-Kodon lagert sich an das komplementäre Triplet, in diesem Fall AAC (Adenin-Adenin-Cytosin) der m-RNS an. Das t-RNS-Molekül wandert also mit der seinem Anti-Kodon entsprechenden Aminosäure zur Ribosom-Oberfläche und sucht sich auf dem dort gestreckt angelagerten m-RNS-Molekül das zu diesem Anti-Kodon passende Kodon. Hat es dieses gefunden, verharrt es dort. Bald darauf lagert sich an das daneben liegende nächste Kodon der m-RNS ein t-RNS-Molekül mit seinem komplementären Anti-Kodon an. Es trägt an seinem Ende ebenfalls eine zum Anti-Kodon passende Aminosäure.

Beide Aminosäuren liegen nun nebeneinander, und zwischen ihnen wird eine Peptidbindung geknüpft. Die erste t-RNS hat ihre Funktion erfüllt, löst sich vom Ribosom ab und kann sich wieder mit der gleichen Aminosäure aus dem Aminosäurevorrat beladen. Inzwischen ist ein drittes t-RNS-Molekül mit seinem Anti-Kodon und der Aminosäure beim dritten Kodon der m-RNS angekommen, und die Peptidbindung zwischen Aminosäure 2 und Aminosäure 3 wird hergestellt. Mit Hilfe dieser regelgeleiteten Interaktion verlängert sich die Polypeptidkette von einem Ende aus fortlaufend, bis ein Stop-Kodon erscheint.

Für die Zelle ist es sehr wichtig, daß diese Interaktionsprozesse bei der Polypeptidkettenbildung fehlerlos stattfinden. Umkopierung und Übersetzung des genetischen Textes haben nur einen Sinn, wenn sie fehlerfrei sind. Ein einziger Kopier- oder Übersetzungsfehler führt zum Einbau einer falschen Aminosäure, daraus entsteht ein falsches Protein, das seine Aufgabe, zum Beispiel die Katalyse einer bestimmten Stoffwechselreaktion, nicht mehr durchführen kann. Das Protein mit der geänderten Aminosäuresequenz ist nicht an sich falsch, aber innerhalb der regelgeleiteten Interaktion ändert sich der Aufbau und damit der semantische Gehalt der genetischen Information.

Die tatsächliche Auswirkung für den Stoffwechsel der Zelle oder sogar den Gesamtorganismus ist der pragmatische Aspekt eines so entstandenen Informationsdefektes. Die molekulare Äußerung erscheint anders, als sie dem genetischen Text nach hätte erscheinen sollen.

Den ganzen Prozeß der Übersetzung eines Genes in das dazugehörige Protein nennt man Gen-Expression. Ganz allgemein enthalten alle Zellen eines Organismus die gleiche DNS und mit ihr auch die Gesamtheit der genetischen Information. Doch nicht alle Gene sind auch in allen Zellen zur selben Zeit aktiv. Gerade die spezifische Aktivierung jeweils ganz spezifischer Gene bewirkt die Produktion unterschiedlicher Enzymproteine. Erst diese sehr unterschiedlichen Enzymproteine können den Aufbau der unterschiedlichen Zellen koordinieren oder die Interaktion zwischen den Zellen so aufeinander abstimmen, daß von deren Vergesellschaftung – etwa in einem Organ – gesprochen werden kann. Diese spezifische Ablesung nur ganz bestimmter Gene unterscheidet dann letztendlich eine Blutzelle von einer Leberzelle, eine Nervenzelle von einer Fresszelle des Immunsystems (Gehring 1984 und 1985).

Gerade bei vielzelligen Organismen gibt es diese unterschiedlichen Zelltypen, die jeweils unterschiedliche Proteine produzieren, welche die spezifische Tätigkeit bzw. Funktion eines Organes gewährleisten. Die Produktion als regelgeleitetes Verhalten geschieht in allen Zellen auf gleiche Weise. Doch die Produktionsergebnisse sind unterschiedlich. So produzieren Leberzellen jeweils etwa 50 Proteine, die in anderen Zelltypen kaum oder gar nicht vorkommen.

Keihen wir noch einmal kurz zur Übertragung der DNS in die RNS, zum Kopiervorgang, zurück. Der ganze Vorgang beginnt damit, daß ein Enzym, die RNS-Polymerase, sich an eine bestimmte Basenabfolge der DNS bindet. Dieses Enzym entzweit die Doppelhelix der DNS und legt beide Einzelstränge frei. Einer davon wird kopiert, während der zweite als Kopiervorlage dient: Während das Enzym an der DNS entlangwandert, werden jeweils komplementäre RNS-Nukleotide an die wachsende RNS-

Kette angelagert. Tritt bei diesem Kopiervorgang ein Fehler auf, so kommt es zur Bildung eines Eiweißmoleküls, das für den Zweck, zu dem es eigentlich gebildet wurde, wertlos ist. Die tatsächlich erste Kopie der DNS, die m-RNS, ist jedoch nicht die naturgetreue Kopie. Im Gegenteil, diese Kopie wird von Enzymproteinen im Zellkern stark bearbeitet, bevor sie dann durch die Kernporen ins Cytoplasma der Zelle wandert: Viele Gene einer Zelle mit echtem Zellkern bestehen nicht aus einem zusammenhängenden Stück, sondern aus spezifischen Abschnitten. Bevor eine reife RNS entsteht, d.h. eine Informationssequenz, die in ihrem gesamten Umfang tatsächlich brauchbar ist, werden unbrauchbare Abschnitte der Primärkopie als solche von Enzymproteinen identifiziert und herausgeschnitten. Die übriggebliebenen Teile werden ebenfalls von Enzymproteinen neuerlich verknüpft. Aus diesem Textbearbeitungsvorgang schlossen die Molekularbiologen, daß die stabile Informationsspeicherung bzw. DNS-Kodierung evolutionsgeschichtlich später entstanden sein dürfte als die relativ wandelbare RNS. Die wahrscheinlich am geschichtlichen Beginn der Entstehung lebender Zellen stehende, durch Gene regulierte Produktion von Proteinen durch die RNS wurde, so nimmt man an, über eine umgekehrte Übersetzung in die DNS ergänzt, die als stabiler Speicher (stabilisierte Irreversibilität) für Erbinformationen erst viel später zum Einsatz kam (Darnell 1985).

Dadurch ließ sich dann nicht nur die Informationsdichte, sondern auch die Kompetenz der Zellen in der Durchführung von Semiosen nach innen und außen sowie die semiotische Kompetenz jener Organismen, die durch diese Zellen konstituiert werden, beträchtlich steigern: Sogar die soziale Interaktionspraxis, die sich an Erfahrungen bewähren muß, kann genetisch mitkodieren. Kommen in der Geschichte eines Organismus, eines Zellverbandes, einer Zelle, maßgebliche Erfahrungen dazu, so kann sich der bereits bestehende Text der DNS um spezifische Informationskontexte erweitern und so sukzessive aus weniger komplexen hochkomplexe Informationsstrukturen ausbilden. So verfügt jede DNS über eine mehr oder weniger große Zahl von für die m-RNS unbrauchbaren Genen, die für eine brauchbare m-RNS herausgelöst werden. Das besorgen die sogenannten Kern-Ribonukleoproteine, die die im Bedarfsfall unbrauchbaren Sequenzen als unbrauchbare identifizieren. Der Identifikationsprozeß unterliegt bestimmten Regeln. Werden sie befolgt, gelingt die Herstellung des Proteins, das hergestellt werden sollte. Man weiß inzwischen zwar, daß es solche Identifikationsregeln für die Kern-Ribonukleoproteine gibt, aber noch nicht, wie diese Regeln zu formulieren sind (Watson 1983).

Enzymproteine bearbeiten die RNS textlich, bevor sie ins Cytoplasma gelangt. Die Bearbeitung erfolgt direkt auf der Ebene der Transkription und nicht erst als nachträgliche Textbearbeitung der fertiggestellten Transkripte. Da gewebespezifische Proteine ja eine zum Teil sehr unterschiedliche Bearbeitung der zugrunde liegenden Texte notwendig machen, muß auf dieser Ebene über die inhaltliche Bearbeitung entschieden werden. Diese Entscheidung wird durchweg richtig getroffen; welchen Regeln diese Entscheidung unterliegt, wissen die Molekularbiologen allerdings bis jetzt noch nicht.

Ist der RNS-Faden schließlich bei der Übersetzung bis zum Ende der Ribosom-Oberfläche gewandert (für die Beschreibung dieses Prozesses wird auch die Metapher der Reißverschlußöffnung verwendet), so ist die Polypeptidkette in ihrer Primärstruktur hergestellt. Der m-RNS-Faden kann wiederverwendet werden. Die Polypeptidkette faltet sich nach ihrer vollständigen Herstellung räumlich in eine sogenannte Tertiärstruktur (Watson 1983). In einigen Fällen kommt es durch Vereinigung solcher Tertiärstrukturen auch zu sogenannten Quartärstrukturen. Die räumliche Form des fertigen Enzymproteins kann dann zum Aufbau aller Substanzen, die zu einer kompletten Zelle gehören, dienen.

Die Aminosäuresequenz, die ein Protein nach Art, Form und Funktion konstituiert, ist experimentell relativ einfach zu bestimmen. Der Vielzahl inzwischen bekannter für Proteine konstitutiver Aminosäuresequenzen entspricht jedoch nur ein Bruchteil der tatsächlich bekannten dreidimensionalen Strukturen der Proteine. Die dreidimensionale Struktur aber entscheidet erst über die Funktionskompetenz des Proteins, und seine räumliche Form läßt erst eine genaue Analyse seiner tatsächlichen Fertigkeiten möglich werden. So dauerte es zum Beispiel 23 Jahre, bis die Hämoglobin-Struktur detailliert dargestellt werden konnte, und bis heute sind wenig mehr als 100 Proteine in ihrer räumlichen Gestalt darstellbar. Soviel man also über die Grammatik und Semantik dieses zweiten, intrazellulär so wichtigen Kodes weiß, so mühsam und relativ unergiebig sind die bisherigen Wege zur Entschlüsselung seiner pragmatischen Regeln. Diese lassen sich eben nicht auf die grammatisch/semantische Ebene reduzieren oder aus ihr deduzieren, sondern spielen eine komplementäre Rolle.

Jedenfalls sind alle drei Formen der RNS (m-RNS, t-RNS und die das Ribosom bildende r-RNS zusammen mit den dazugehörenden Enzymen das Zeichenvermittlungsmedium zwischen genetischem Text und fertigem Protein. Die RNS ermöglicht die Produktion von Enzymproteinen in genau der Reihenfolge, die im genetischen Text vorgesehen ist, und faßt dabei noch die tatsächlich wichtigen Abschnitte des Textes zusammen, indem sie die unwichtigen als solche identifiziert und aus dem Text heraustrennt (Watson 1983, Darnell 1985).

Menschen sind als sprachbegabte Wesen in der Lage, diesen Kode, in dem die genetische Information verschlüsselt ist, zu lernen und ihn zu gebrauchen, zum Beispiel in genmanipulativen Techniken. Daß dieser Kode für alle lebenden Organismen dieses Planeten bei der Proteinsynthese universale Geltung hat, stellte sich durch den Nachweis heraus, daß alle bisher untersuchten Organismen ihre genetischen Texte nach den gleichen Regeln verschlüsseln und dabei (im Prinzip) die gleichen Kodewörter benutzen.

Die m-RNS, t-RNS und die Ribosomen ganz unterschiedlicher Organismen können im zellfreien Raum beliebig ausgetauscht werden, ja sie sprechen sogar auf künstliche m-RNS an. So wurde unlängst ein menschliches Wachstumshormon in den genetischen Text einer Maus eingefügt, um ihr Wachstum zu verdoppeln, was schließlich auch gelang.

4. Keine Intra- und Interzellulären Semiosen ohne reale und kompetente Zeichenverwender

Der genetische Text, der in der DNS fixiert ist und bei einer Gen-Expression abgelesen, kopiert und übersetzt wird, ist als Text nur bedeutsam, wenn es reale Zeichenverwender gibt, die ihn ablesen, kopieren und in Aminosäuren übersetzen. Diese Gen-Expression findet samt allen damit zusammenhängenden Detailprozessen weder mechanistisch noch geheimnisvoll vitalistisch statt, sondern ist das Ergebnis komplexer regelgeleiteter Interaktionen und hochspezifischer Verhaltenskoordination zwischen zahlreichen Typen von Enzymproteinen (Watson 1983). Die Enzyme geben den Text zur Ablesung frei, führen die Kopierung in die drei Arten von RNS durch, untersuchen den Text auf überflüssige Textpassagen, schneiden diese heraus, reparieren in gewissem Umfang beschädigte Textpassagen in einem Grob- und einem Feinverfahren (Exzisions- und Postreplikationsreparatur) und schließen den ganzen Vorgang der normalen Gen-Expression ab (Howard-Flanders 1982). Für alle enzymatischen Proteinindividuen sind selbst genetische Textsequenzen kodiert. Doch sind es immer solche Enzymproteine, die eine Genablesung freigeben und so für die Reproduktion aller nötigen Enzymproteine sorgen. Innerhalb der Lebenszeit eines Organismus gibt es auf diese Weise von Beginn seines Lebens an zahlreiche Generationen spezifischer Enzymproteintypen.

Die Genablesung ist aber kein abstraktes Verfahren. Die reale Position einer Zelle in einem realen Organismus ist für die genexprimierenden Enzyme das Bewertungskriterium, nach dem sie genau jene Abschnitte des Genoms exprimieren, die eine Reproduktion einer Zelle in dieser und in keiner anderen Lage ermöglichen. Hier sorgen interzelluläre Semiosen für eine Verhaltenskoordination, die eine Reproduktion jener Zellen eines Organs zur rechten Zeit ermöglichen. Stirbt zum Beispiel eine Leberzelle, so garantiert der im genetischen Text fixierte Bauplan deren regelgerechte Reproduktion, erst die interzelluläre Semiose zwischen anderen Zellen sorgt für die Tätigkeit der dafür zuständigen genablesenden Enzyme (Gehring 1985).

Die Regeln, denen solche Semiosen unterliegen, sind eben nicht nur durch die Syntax des genetischen Textes bestimmt, sondern auch zum Beispiel durch die reale Lebenswelt des Organismus, der ja selbst Situationskontexte und Erfahrungskontexte konstituiert oder sich in ihnen vorfindet, die erst spezielle Aufgaben/Anforderungen für Zellverbände stellen. Daß spezifische Aufgabenbewältigungsstrategien als Erfahrungen genetisch fixiert werden können (nicht müssen), weist darauf hin, daß textgenerative Enzymproteine spezifische Erregungsmuster des Organismus, die Ergebnisse von situativen Kontexten der realen Lebenswelt sind, auch als Grundlage für ihre textgenerativen Tätigkeiten verwenden. Hinweise für diese Annahme fanden erstaunlicherweise nicht Sozio- oder Molekularbiologen, sondern Biochemiker (Bonner 1983, Wyles, Kunkel und Wilson 1983 sowie Wilson 1985).

Die Proteinsynthese erfolgt bei allen Organismen auf dieselbe Weise. Sonst könnten nicht m-RNS, t-RNS und Ribosomen ganz unterschiedlicher Arten von Organismen im zellfreien Raum beliebig miteinander kombiniert werden. Die Nukleinsäurekonfigurationen unterliegen gleichen syntakti-

schen Regeln; doch die reale Lebenswelt der Proteinindividuen, der Zellbestandteile und Zellverbände sowie jener Organismen, die durch diese Zellverbände am Leben gehalten werden, bestimmt den Gebrauch dieser Konfigurationen. Sie initiiert auch jene generativen Semiosen (also nicht die zufälligen Mutationen etwa infolge von Strahlung und mutagenen Agenzien), in denen diese Konfigurationen verändert, in ihren bestehenden Bedeutungen überschritten, neukombiniert und komplexitätsgesteigert oder -reduziert werden. Die Logik der molekularen Syntax ebenso wie die daraus deduzierte molekulare Semantik (Eigen 1975) können ohne eine molekulare Pragmatik nicht verstanden und daher auch nur unzureichend erklärt werden. Ein Verstehen der Nukleinsäurekonfigurationen erfordert eine Molekularsemiotik, welche die molekularen Interaktionsprozesse als Semiosen in ihrem vollen Umfang analysieren kann.

Auch bei der Konstitution des immunologischen Gedächtnisses zeigt sich, wie die Interaktionskompetenz der B-Lymphozyten durch die pragmatische Interaktion mitkonstituiert wird. Nach der erfolgreichen Abwehr einer Infektion bleiben die B-Lymphozyten, die diese Abwehr mitorganisiert haben, als sogenanntes Immun-Gedächtnis im Körper erhalten, so daß bei einer neuerlichen Infektion die Immun-Antwort sehr viel rascher und effektiver erfolgen kann. Doch ist die spezifische Immun-Antwort nicht genetisch, sondern nur durch die Struktur jener Proteine fixiert, die diese Immun-Antwort organisieren können. Die Immun-Antwort ist das Ergebnis

Mikroorganismen	Sequenz 5' - 3' 3' - 5'
Bacillus amyloliquefaciens H	↓ GATCC CCTAGG ↑
Brevibacterium albidum	TGGCCA ACCGGT ↑
Haemophilus aegyptius	PuGCGCPy PyCGCGPu
Haemophilus influenzae Rd	GTPyPuAC CAPuPyTG
Streptomyces albus G	↓ GTCGAC CAGCTG ↑

Abb. 1: Textedition durch Restriktionsenzyme am Beispiel einiger Mikroorganismen. Restriktionsenzyme sind Proteine, die DNS-Stränge an ganz bestimmten Stellen aufschneiden und so zur Ablesung freigeben. Hier sind jene Erkennungssequenzen bezeichnet, an denen sich die Restriktionsenzyme orientieren, und mit Pfeilen die Schnittstellen markiert. („Py“ oder „Pu“ steht hier für einen beliebigen Pyrimidin- oder Purinrest.) Deutlich erkennbar sind die versetzten Schnittstellen (Watson 1983).

eines komplexen Identifikations- und Interaktionsprozesses (Tonegawa 1985). Die Konstitution der Immunglobuline in ihrer Vielfalt ergibt sich hingegen aus der variablen Kombination entsprechender DNS-Sequenzen. Auch hier werden Sequenzblöcke nicht von alleine oder zufällig verändert und kombiniert, sondern durch kombinationstechnisch kompetente Enzymproteine. Sie produzieren mit relativ wenigen variablen Sequenzbereichen nach wenigen Regeln eine fast endlose Zahl unterschiedlicher Erkennungspoteine, die eine erfolgreiche Immun-Antwort mitorganisieren (Tonegawa 1985). Sehr komplexe Interaktionsformen und zueinander komplementäre intra-, inter- und metaorganismische Semioseformen haben zur Ausdifferenzierung der Immun-Antwort-Kompetenz geführt, und nicht zufällige Sequenzmutationen; denn wenn schon bei relativ einfachen biologischen Prozessen deren Organisation und Strukturierung durch hochkomplexe enzymatische Semiosen gesteuert wird, um wie viel plausibler ist dann die Annahme solcher Semiosen bei tatsächlichen Evolutionsprozessen.

5. Semiosen als Evolutionsapriori

Die Evolution der biologischen Artenvielfalt innerhalb der fünf Organismenreiche aus einer oder mehreren Urzellen versucht man seit geraumer Zeit durch Theorien zu erklären, die mit den Begriffen Mutation und Selektion arbeiten: Beim genetischen Kode eines Organismus komme es durch Umwelteinflüsse (Strahlung, chemische Substanzen usw.) oder auch durch Zufall zu Änderungen des genetischen Bauplanes. Dadurch entstünden neue Individuen, die sich von ihren Vorfahren nicht nur hinsichtlich der Art, sondern – im Extremfall – auch hinsichtlich der Zugehörigkeit zu einem der 5 Organismenreiche unterscheiden können. In seiner tatsächlichen Überlebensfähigkeit zeige ein solches Lebewesen, ob es mit Hilfe der neu erworbenen Fähigkeiten und Fertigkeiten besser zurecht kommt als seine unmittelbaren Vorfahren oder schlechter. Ist ein durch Mutation entstandenes neues Lebewesen überlebensfähiger, so steige die Wahrscheinlichkeit, daß es auch eine Generationenfolge hervorzubringen imstande ist, die insgesamt überlebensfähiger als andere ist. Mit erdgeschichtlich hinreichend langer Zeit sei so die Selektion der Überlebensfähigeren gewährleistet.

Demgegenüber geht meine These von der Annahme aus, daß neue Lebewesen nicht vorteilhafte (aber nichts desto weniger zufällige) Mutanten sind, die sich dann im Überlebenskampf bewähren, sondern daß neue Lebewesen das Ergebnis vorteilhafter generativer Semiosen im Bereich des genetischen Textes sind.

Natürlich durchschauen die Enzymproteine, die textbearbeitungskompetent sind, nicht den prospektiven Vitalitätserfolg, sie sind aber im Bereich der effizienten Textbearbeitung kompetent und können in einer Vielzahl generativer Semiosen auch solche produzieren, die sich im Überlebenskampf besser durchsetzen als andere. Meine These wendet sich nicht gegen das Erklärungsmodell des „survival of the fittest“, sondern nur gegen die Annahme, daß zufällige Mutationen zur hinreichenden Erklärung letztlich überlebensfähiger neuer Lebewesen ausreichen.

Für die Evolution unterschiedlicher Unterarten einer biologischen Art mag die Erklärung einer Veränderung des genetischen Kodes durch Umweltbedingungen oder Zufall noch einleuchtend sein. Für die Evolution von Individuen eines neuen Organismenreiches (z.B. für den Schritt von Einzellern ohne echten Zellkern zu Einzellern mit echtem Zellkern) reicht dieses Erklärungsmodell nicht aus. Die paläontologischen Funde deuten darauf hin, daß neue Organismenreiche nicht kontinuierlich über eine Unzahl kleiner Veränderungen bereits bestehender Vertreter des vorangehenden Organismenreiches entstanden sind, sondern diskontinuierlich aus anderen hervorgegangen sind. Das Ergebnis der bisher beobachteten Mutationen sind auch nicht bessere oder irgendwie überlebensfähigere Exemplare einer Art, sondern in der überwiegenden Mehrzahl der Fälle degenerative Mutationen oder Letal-Mutationen. Im Hinblick darauf ist die Ausdifferenzierung funktionsfähiger neuer Organismenreiche und ihrer Untergruppen durchweg unwahrscheinlich. Deshalb gehe ich von der Annahme aus, daß überlebensfähige Vertreter eines neuen Organismenreiches und dessen Untergruppen das Ergebnis von generativen Semiosen textbearbeitungskompetenter Enzymproteine sind, die doch eher in der Lage sind, völlig neue Merkmale so in den vorhandenen Text zu integrieren, daß sie die bestehenden neu orientieren und strukturieren können. Damit unterstelle ich keineswegs planvolles Handeln von Enzymproteinen, sondern nur deren Kompetenz im Bereich der genetischen Textbearbeitung und im Bereich nicht nur regulativer sondern auch generativer Semiosen.

Die Evolution völlig neuer Arten, ja sogar Organismenreiche läßt sich, so meine These, als Ausdifferenzierung, Transformation, Änderung und Erweiterung vorgängiger genetischer Texte durch textbearbeitungskompetente Enzymproteine verstehen. Dabei kann die Ursache für eine solche evolutive Textbearbeitung – neben spontanen Textgenerierungen – auch in intra-, inter- und metaorganismischen Semiosen bzw. Interaktionen liegen, mittels derer Erfahrungen konstituiert werden, die als Erregungsmuster von Enzymproteinen als textbearbeitungsrelevant identifiziert werden können.

Die Entstehung neuer Organismenreiche und neuer biologischer Arten, ebenso wie die Entstehung des Lebens selbst, ist ein Problem der Molekularsemiotik und nicht, wie Manfred Eigen annimmt, nur ein Problem molekularer Semantik. Genetische Texte entstehen nicht durch Änderungen oder Defekte in der Grammatik/Semantik des genetischen Kodes sondern – sofern sie hochkomplex auftreten – durch Textgenerierung, die sich auch an pragmatischen Regeln orientiert. Das ist es, was die natürliche Evolution so erfolgreich gemacht hat. Da sich drei Ebenen von Evolution unterscheiden lassen, müßte sich meine These in der Untersuchung dieser drei Ebenen bestätigen.

5.1 Molekulare Evolution

Die Evolution der Lebewesen war auch eine molekulare Evolution, da die Entstehung neuer Arten von Lebewesen oder gar neuer Organismenreiche auch auf der Konstitution neuer genetischer Textsequenzen und ganzer Gene beruhte: Keine neue biologische Art ohne Neukonstitution und/oder Neukombination genetischer Sequenzbereiche. Die Konstitution neuer Se-

quenzbereiche erfolgt, so meine These, durch textbearbeitungskompetente Proteinindividuen (Enzymproteine). Sie sind im molekularen Bereich die tatsächlichen Zeichenverwender des Nukleinsäurekodes. Neben zahlreichen und lebenswichtigen regulativen und konstativen Textbearbeitungsprozessen – in denen es um normale Reproduktionsprozesse und fehlerfreie Textbearbeitung in Ableseverfahren geht, die die normalen intraorganismischen Funktionen eines Organismus gewährleisten – gibt es auch Textbearbeitungsprozesse, die durch „regelverändernde Kreativität“ („rulechanging creativity“) ausgezeichnet sind.

Die Evolutionsgeschichte im Bereich der molekularen Evolution erscheint daher maßgeblich durch die Geschichte des Erwerbs der Textbearbeitungskompetenz von Enzymproteinen mitbestimmt. Diese Geschichte beginnt wahrscheinlich mit der Entstehung des Nukleinsäurekodes selbst. Die kompetenteste Generationenfolge von textbearbeitungskompetenten Enzymproteinen sind wahrscheinlich die Restriktionsenzyme (Watson 1983).

5.2 Organismische Evolution

Die Interaktionen von Organismen mittels inter- und metaorganismischer Semiosen führen auch zur Ausdifferenzierung spezifischer Verhaltensmuster (z.B. neuronaler Erregungsmuster), die von textbearbeitungskompetenten Enzymproteinen als solche identifiziert und genetisch kodiert werden können. So konnte gezeigt werden (Wilson 1985), daß die Evolution bestimmter Vertreter eines Organismenreiches stark durch die Fähigkeit des Gehirns zu intraorganismischen Semiosen bestimmt wird. Weil zum Beispiel neuronale Erregungsmuster von Gehirnen besonders relevant für generative genetische Textbearbeitungsprozesse sind, ist die phänotypische Vielfalt im Organismenreich der Tiere dort am auffälligsten, wo das Gehirn bezogen auf den Körper relativ groß ist: Konkret gelang der Nachweis, daß das Durchschnittstempo der anatomischen Evolution bei Säugern und Singvögeln mit der relativen Gehirngröße wächst (Bonner 1983, Wyles, Kunkel und Wilson 1983, Wilson 1985). Das läßt den Schluß zu, daß die komplexen interzellulären Semiosen von Gehirnorganen spezifische Bereiche regelverändernder Kreativität auf andere Weise und auf einer anderen Ebene als im molekularen Bereich durchführen können und so als generative phänotypische Semiosen maßgeblich zur organismischen Evolution beigetragen haben. Natürlich wären diese Semiosen ohne die zuvor besprochenen auf der molekularen Ebene nicht möglich, doch wird die molekulare Ebene durch die gehirnspezifisch neuronale in wichtigen Bereichen grundlegend bestimmt (Wilson 1985).

Durch Neugestaltung von Verhaltensweisen (als Antworten auf Anforderungen einer reizstarken Umwelt) ebenso wie durch Imitationen von Verhaltensweisen können neue organismische Erregungsmuster entstehen, die Enzymproteine veranlassen, diese zu kodieren. So hat sich zum Beispiel die Fähigkeit von erwachsenen Menschen, Milchzucker zu verwerten, bei Völkern, die seit langer Zeit Milchviehhaltung betreiben, genetisch zu 90% fixiert, während diese organische Fähigkeit bei Völkern, die sich nicht oder kaum von Milch ernähren, fast vollständig fehlt. Die generativen kulturellen Semiosen, die durch Gehirne möglich geworden sind, können zu organismischen Evolutionsprozessen führen (Wilson 1985).

5.3 Kulturelle Evolution

Lebewesen mit der Fähigkeit zu sehr komplexen neuronalen und in der Folge auch interorganismischen Semiosen können kulturelle Entwicklungen initiieren, die diese über artspezifische Sozialisationsformen an die Nachkommen weitergeben. Die kulturelle Leistung wird nicht mehr genetisch kodiert, sondern von Generation zu Generation als kulturspezifische Verhaltensregel reproduziert (und bei Bedarf verändert, erweitert, manchmal auch aufgegeben).

Einer der bekanntesten Fälle solcher Leistungen bei nichtmenschlichen Lebewesen, der ausführlich erforscht wurde, trat bei einer Blaumeisenpopulation in England auf. Einige Tiere fanden heraus, daß man die Folie, mit welcher die Milchflaschen vor den Haustüren der Menschen verschlossen sind, mit dem Schnabel durchstoßen kann, um an die Sahne zu gelangen. Innerhalb kurzer Zeit ahmten Millionen von Meisen diese Entdeckung nach, und innerhalb weniger Jahrzehnte hatte sich dieses Verhalten bei den Blaumeisen in ganz England durchgesetzt, so daß man die Milchflaschen in Kisten schützen mußte (Wilson 1985).

Kulturelle Evolutionsleistungen, die die metaorganismischen Interaktionsstrategien der Symbiose, des Parasitierens oder des beinahe überall zu findenden Angriffs- und Abwehrverhaltens überschreiten und über spezifische Formen der Sozialisation an die Nachkommen weitergegeben werden, finden sich auch bei anderen Lebewesen im Organismenreich der Tiere, zum Beispiel im sozialen Verhalten der Delphine und der Elefanten.

Als Musterbeispiel kultureller Evolution aber begreifen wir Menschen uns selbst. Wir führen das auf unsere Vernunftbegabung und unsere spezifisch menschliche Sprachkompetenz und -performanz zurück, mittels derer wir unsere Entwicklung möglichst frei, willentlich und in Hinsicht auf Übereinstimmung mit den jeweiligen kulturell gewachsenen Rationalitätstypen bestimmen. Zumindest der Versuch, die kulturelle Evolution systematisch voranzutreiben (z.B. in Richtung auf gewaltfreie Konfliktregelung im Rahmen politischen Handelns), bestimmt die Fortschreibung der Entwicklung von – dem Menschen dienlichen – Werten und Normen. Auch in der kulturellen Evolution des Menschen ist die Änderung, Erweiterung, Transformation bestehender Werte und Normen (z.B. im Wissenschaftsbetrieb die Theoriendynamik) notwendig und geschieht, wie die Wissenschaftshistoriker zweifelsfrei nachweisen konnten, in ihren wichtigsten Schritten sprunghaft, diskontinuierlich und nicht als Induktion oder Deduktion aus bereits vorhandenem Forschungsmaterial (Kuhn 1967), quasi als kontinuierliche Verlängerung steten Forschens.

Evolution, so mögen diese skizzenhaften Ausführungen nahelegen, erfolgt auf diesen drei Ebenen in ihren entscheidenden Schritten durch generative Semiosen, in denen mit endlich vielen Zeichen und endlich vielen Regeln grammatischer, semantischer und pragmatischer Art bestehende Regeln der Zeichenverwendung unendlich erweitert, verändert und/oder neukombiniert werden können und so zu neuen genetischen Texten, neuen Organismen, neuen Verhaltensformen, neuen Handlungsnormen (beim Menschen) führen können.

Sind diese Neuentwürfe geeignet, Semiosen in intra-, inter- und metaorganismischen Interaktionsebenen in Hinsicht auf die „Gesamtfitneß“ zu

optimieren, dann werden die realen Träger dieser Neuentwürfe ihre Generationenfolge mit größerer Wahrscheinlichkeit reproduzieren können.

Die kulturelle Evolution des Menschen ist, weil zunehmend von der molekularen und organismischen Evolution abgekoppelt, heute derartig verselbständigt, daß sich der Mensch kulturell entwickeln muß, um überleben zu können. So erfordert die zunehmend irreversible Schädigung seiner Lebensgrundlagen ein Handeln aufgrund der Einsicht, daß eine Weiterführung bislang üblichen Umganges mit Umweltgiften ein Weiterleben zukünftiger Generationen unmöglich macht (vgl. Posner 1990).

Literatur

- Bekoff, M. und M.C. Wells (1980), „Lebensgemeinschaften der Kojoten“. *Spektrum der Wissenschaft* 6/80: 90–97.
- Berridge, M.J. und R.F. Irvine (1984), „Inositol Triphosphate, a Novel Second Messenger in Cellular Signal Transduction“. *Nature* 312, 5992: 315–321.
- Berridge, M.J. (1985), „Die Signalübertragung in die Zelle“, *Spektrum der Wissenschaft* 12/85: 136–146.
- Bonner, J.T. (1983), „Kulturevolution bei Tieren“. Berlin: Parey.
- Bystřina, I. (1983), „Kodes und Kodewandel“. *Zeitschrift für Semiotik* 5: 1–22.
- Carafoli, E. und J.T. Penniston (1986), „Das Calcium-Signal“. *Spektrum der Wissenschaft* 1/86: 76–85.
- Darnell, J.E.jr. (1985), „RNA“. *Spektrum der Wissenschaft* 12/85: 64–76.
- Doolittle, R.F. (1985), „Proteine“. *Spektrum der Wissenschaft* 12/85: 78–88.
- Eigen, M. und R. Winkler (1975), *Das Spiel. Naturgesetze steuern den Zufall*. München: Piper.
- Felsenfeld, G. (1985), „DNA“. *Spektrum der Wissenschaft* 12/85: 50–63.
- Gehring, W.J. (1984), „Genetische Architektur: Ein Lebewesen nimmt Gestalt an“. *Bild der Wissenschaft* 11/84: 78–89.
- Gehring, W.J. (1985), „Die molekulare Grundlage der Entwicklung“. *Spektrum der Wissenschaft* 12/85: 148–159.
- Grunstein, M. (1993), „Die Rolle der Histone bei der Genregulation“. *Spektrum der Wissenschaft* 1/93: 90–101.
- Howard-Flanders, P. (1982), „Notreparatur der DNA“. *Spektrum der Wissenschaft* 1/82: 56–65.
- Höfer, M. (1977), *Transport durch biologische Membranen*. Weinheim und New York: Verlag Chemie.
- Huber, F. und J. Thorson (1986), „Akustische Verständigung bei Grillen“. *Spektrum der Wissenschaft* 2/86: 78–87.
- Iversen, L.L. (1985), „Die Chemie der Signalübertragung im Gehirn“. In: *Gehirn und Nervensystem*. Heidelberg: Verlag Spektrum der Wissenschaft: 20–31.
- Krieger, D.T. (1983), „Brain Peptides: What, Where and Why?“ *Science* 222, 4627: 975–985.
- Kuhn, Th.S. (1967), *Die Struktur wissenschaftlicher Revolutionen*. Frankfurt am Main: Suhrkamp.
- Llinás, R.R. (1982), „Calciumströme in Synapsen“. *Spektrum der Wissenschaft* 12/82: 34–44.
- Margulis, L. und K.V. Schwartz (1989), *Die fünf Reiche der Organismen*. Heidelberg: Verlag Spektrum der Wissenschaft.
- Partridge, B.L. (1982), „Wie Fische zusammenhalten“. *Spektrum der Wissenschaft* 8/82: 64–74.
- Posner, R. (1990), „Das Drei-Kammer-System: Ein Weg zur demokratischen Organisation von kollektivem Wissen und Gewissen über Jahrtausende“. In: R. Posner (ed.), „Warnungen an die ferne Zukunft“, München: Raben: 259–304.
- Rubenstein, E. (1980), „Gestörte Kommunikation zwischen Zellen“. *Spektrum der Wissenschaft* 5/80: 86–95.

- Ryker, L.C. (1984), „Kommunikation beim Douglasien-Borkenkäfer“. *Spektrum der Wissenschaft* 8/84. Wiederabdruck in: *Biologie des Sozialverhaltens*. Heidelberg: Verlag Spektrum der Wissenschaft 1988: 116–124.
- Seeley, Th.D. (1982), „Bienenschwärme auf Wohnungssuche“. *Spektrum der Wissenschaft* 12/82: 112–121.
- Sebeok, T.A. (1977), „Zoosemiotic Components of Human Communication. In: T.A. Sebeok, (ed.), *How Animals Communicate*. Bloomington: Indiana University Press: 1055–1078.
- Snyder, D.H. (1985), „Signalübertragung zwischen Zellen“. *Spektrum der Wissenschaft* 12/85: 126–135.
- Todt, D. (1986), „Hinweis-Charakter und Mittler-Funktion von Verhalten“. *Zeitschrift für Semiotik* 8: 183–232.
- Tonegawa, S. (1985), „Die Moleküle des Immunsystems“. *Spektrum der Wissenschaft* 12/85: 116–125.
- Watson, J.D. (1983), *Recombinant DNA*. New York: Scientific American Books.
- Wilson, A.C. (1985), „Die molekulare Grundlage der Evolution“. *Spektrum der Wissenschaft* 12/85. Wiederabdruck in: *Die Moleküle des Lebens*. Heidelberg: Verlag Spektrum der Wissenschaft 1986: 198–204.
- Witzany, G. (1993), *Natur der Sprache – Sprache der Natur. Sprachpragmatische Philosophie der Biologie*. Würzburg: Königshausen und Neumann.
- Wyles, J.S., J.G. Kunkel und A.C. Wilson (1983), „Birds, Behaviour, and Anatomical Evolution“. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, Bd. 80, Heft 14: 4394–4397.

Dr. Günther Witzany
Paracelsus-Straße 25
A-5020 Salzburg