Angelika Karger und Astrid Herbig

DER TEXT DES GENETISCHEN CODES AUS SEMIOTISCHER SICHT

In der modernen Biologie, namentlich der Genetik, hat sich die Redeweise vom "genetischen Code" eingebürgert.

Im allgemeinen versteht man unter einem Code ein System zum Verschlüsseln von Zeichen mit Hilfe anderer Zeichen, d. h. es handelt sich um Übersetzungsvorschriften, genauer um Zuordnungsvorschriften auf repertoirieller Ebene. So kann z. B. unser Alphabet in ein Morsealphabet übersetzt oder in einen Binärcode übertragen werden, wie aus der Nachrichtentechnik bekannt ist. Es handelt sich also hierbei lediglich um den Austausch von Repertoires.

Zum anderen spricht man gelegentlich auch dann von Codierung, wenn man auf die Zuordnungen der Bezeichnungsfunktion und der Bedeutungsfunktion, wie sie in der triadischen Relation des Zeichens gegeben ist, abzielt, d. h. auf die Zuordnungen von "M" zu "O" und "I". Demgemäß versteht man unter Decodierung mitunter nicht nur die Rückübersetzung eines Repertoires in ein anderes, sondern auch die Rekonstruktion von Bezeichnungs- und Bedeutungsfunktionen (beispielsweise bei der Rekonstruktion einer alten Sprache). Diese nicht eindeutige Redeweise spielt auch beim genetischen Code eine Rolle.

Man geht dabei von dem Faktum aus, daß die biochemischen Strukturen der Gene, die auf den Chromosomen lokalisiert sind, für den "Plan" zur Entwicklung von Organismen bzw. für deren "Merkmale" (Phänen) verantwortlich gemacht werden müssen.

Die biochemischen Strukturen der Gene wurden als ein "Text" verstanden, dessen Code es zunächst zu entschlüsseln galt, um das Geheimnis des "genetischen Plans" zu enträtseln. Heute wird bei der Beschreibung dieser genetischen Prozesse der Terminus "genetischer Code" enger gefaßt. In dem nun folgenden für das Verständnis notwendigen Überblick über die Erforschung des Weges vom "Gen" zum "Merkmal" wird dies noch ausgeführt werden.

Die einzelnen Gene liegen auf DNA[1]-Doppelhelixes, wobei sich jeweils nur eine Helix in einem Chromosom befindet. Die Chromosomen, es können mehrere sein, sind im Zellkern lokalisiert.

Avery konnte 1944 in einem experimentellen Beweis zeigen, daß es nur die DNA sein kann, die als Träger der Gene in Frage kommt. Es gelang ihm, bei Pneumokokken die DNA virulenter Schleimkapsel bildender Formen auf avirulente, nicht zur Kapselbildung befähigte Formen zu übertragen, so daß diese auch zur Kapselbildung veranlaßt wurden. Diesen direkten Vorgang der DNA-Übertragung bezeichnet man als Transformation.

Bei der qualitativen Analyse der DNA zeigte sich, daß diese aus Zuckern, Phosphorsäure und vier verschiedenen Basen besteht. Diese Basen sind Adenin = A, Thymin = T, Cytosin = C und Guanin = G. Aufgrund von molaren Basenverhältnissen entwarfen Watson und Crick das nach ihnen benannte Strukturmodell der DNA: eine aus zwei parallelen DNA-Strängen bestehende Schraube.

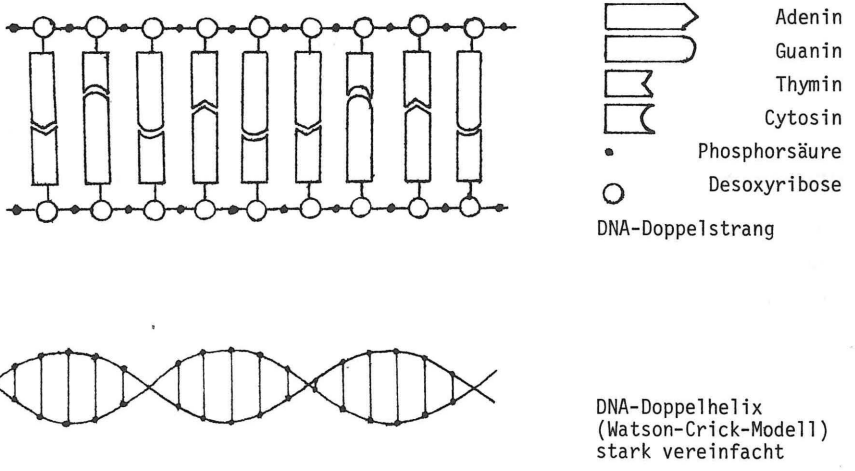

Abb. 1

Entscheidend für die Gene sind die Basen, die man sich wie Perlen auf einer Schnur aufgereiht vorstellen kann.

Sie bilden den "Text", den es zu decodieren gilt. Im Zellkern wird dieser Text in der sogenannten Transkription zunächst "abgeschrieben". Dies hat man sich wie folgt vorzustellen: Jeder Base wird eindeutig eine andere Base zugeordnet: dem A das Uracil = U, dem T das A, das C dem G und dem G das C. Es wird also ein neuer Strang gebildet, aus Zucker, Phosphorsäure und vier verschiedenen Basen. Man nennt diesen neuen Strang messenger-RNA (m-RNA). Diese Transkription ist notwendig, um den "Text" über die m-RNA vom Zellkern in das Zellplas-

ma zu transportieren, d. h. der Bildungsort der m-RNA liegt im Kern, ihr Wirkungsort dagegen im Plasma. Die DNA selbst ist nicht fähig, ins Plasma zu wandern.

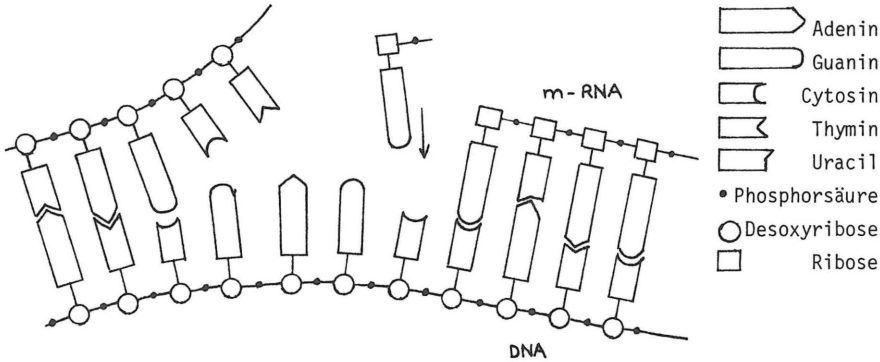

Abb. 2: Transkription

Die Aufgabe der m-RNA ist es nun, die Bildung verschiedener Enzyme zu bewirken.

Enzyme sind Polypeptidketten, die aus Aminosäuren (AS) bestehen. Die Enzyme sind es, die für die Merkmalsausbildungen in Organismen direkt verantwortlich sind. Selbstverständlich sind noch nicht alle Enzyme in ihrem chemischen Aufbau und in ihrer Wirkungsweise erforscht. Wichtig ist die Erkenntnis, daß aus der großen Anzahl möglicher Aminosäuren für den Aufbau der Enzyme nur 20 verschiedene AS eingebaut werden können. Angenommen, zwei Basen wären für eine AS zuständig, so kommt man nach kombinatorischen Gesetzen: $4^2 = 16$, also nur auf 16 AS. Da aber 20 AS festgestellt wurden, müssen es mindestens drei Basen sein, da sie sogar $4^3 = 64$ Kombinationen ermöglichen. In der Tat sind es auch je drei zusammengehörende Basen, man spricht von Basentriplett, die für den Einbau jeweils einer bestimmten AS in ein Enzym zuständig sind.

Im engeren Sinn sprechen die Biologen heute vom "genetischen Code" nur, wenn sie die Zuordnung eines Basentripletts zu einer bestimmten AS meinen. Man sagt: ein Basentriplett "codiert" eine AS. Von den 64 verschiedenen Basenkombinationen bestimmen einige dieselbe AS. Dies nennen die Biologen einen "degenerierten Code", einen Ausdruck, den sie aus der Nachrichtentechnik übernommen haben. Es sei noch bemerkt, daß nach A. Kühn drei dieser Basentripletts nicht eine AS codieren, sondern den Abbruch einer Polypeptidkette. Folgende Abbildung zeigt

den Schlüssel zu diesem "genetischen Code".

Basen der m-RNA

1.	2.				3.
	U	C	A	G	
U	UUU } Phe UUC UUA } Leu UUG	UCU UCC } Ser UCA UCG	UAU } Tyr UAC UAA - UAG -	UGU } Cys UGC UGA - UGG Tyr	U C A G
C	CUU CUC } Leu CUA CUG	CCU CCC } Pro CCA CCG	CAU } His CAC CAA } GluN CAG	CGU CGC } Arg CGA CGG	U C A G
A	AUU AUC } Ileu AUA AUG Met	ACU ACC } Thr ACA ACG	AAU } AspN AAC AAA } Lys AAG	AGU } Ser AGC AGA } Arg AGG	U C A G
G	GUU GUC } Val GUA GUG	GCU GCC } Ala GCA GCG	GAU } Asp GAC GAA } Glu GAG	GGU GGC } Gly GGA GGG	U C A G

Abb. 3: genetischer Code
Phe, Leu,... Abkürzungen für Aminosäuren

Es muß noch hinzugefügt werden, daß ein Basentriplett (auch Basenkodon genannt) der m-RNA *nicht* allein fähig ist, einem bestimmten AS "den Befehl zu geben", sich an eine bestimmte Stelle einer Polypeptidkette einzubauen.

Die Übersetzung der Basentriplettsequenz der m-RNA in die entsprechende Aminosäurensequenz bezeichnet man als "Translation". Vor dem Beginn der Enzymsynthese müssen die Aminosäuren erst aktiviert werden. Sie werden an eine entsprechende Transfer-RNA (t-RNA) angehängt. Die t-RNA ist ein Stoff, der auch an der DNA gebildet wird, nur hat er im Gegensatz zur m-RNA die Fähigkeit, eine AS zu binden und trägt neben verschiedenen Basen ein charakteristisches Basentriplett. Man nennt dieses "Anti-kodon", da es sich komplementär an das entsprechende Kodon auf der m-RNA anlagern kann. Siehe folgende Abbildung 4.

Der in Abb. 3 aufgezeigte genetische Code gilt im übrigen als universell, weil z. B. mit AS beladene t-RNA aus Bakterien in Zellsubstraten höherer Lebewesen Proteine synthetisieren kann.

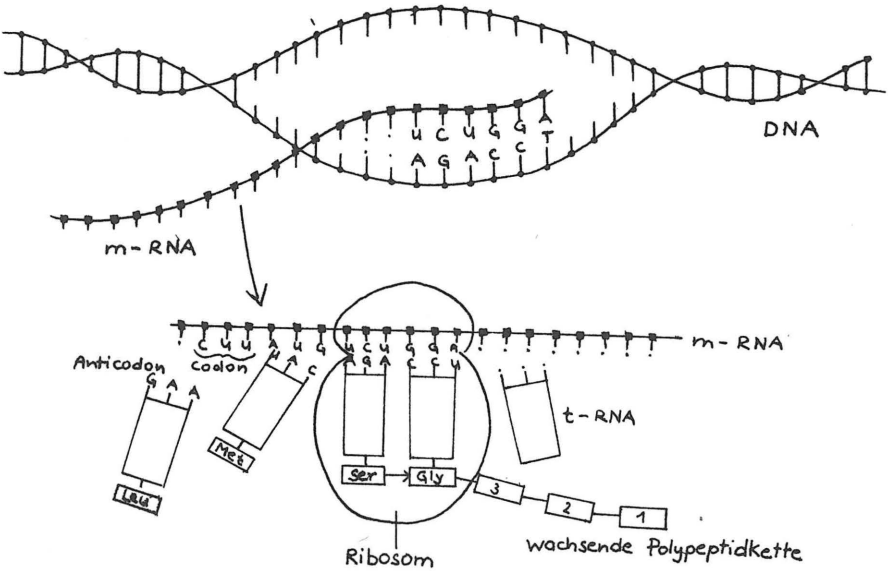

Abb. 4: Schema der Transkription und Translation

Ohne daß wir hier an dieser Stelle weiter darauf eingehen können, daß die geschilderten Prozesse ungleich komplizierter ablaufen, wollen wir dennoch versuchen, die Prozesse, so wie sie hier umrissen sind, einmal aus dem Blickwinkel der semiotischen Betrachtungsweise im Ansatz zu analysieren. Es wurde deutlich, daß bei der Beschreibung des Wegs vom Gen zum Enzym die Biologen sich einer Redeweise bedienen, die immer wieder auf Termini der Nachrichtentechnik zurückgreifen, hier soll jedoch versucht werden zu erklären, inwieweit die beschriebenen Phänomene als Zeichenprozesse mittels des vorhandenen semiotischen Begriffsapparates gefaßt werden können. Ins Blickfeld sollen aber nicht wissenschaftstheoretische Überlegungen gerückt werden, die sich ausschließlich auf den Begriffsapparat der Genetiker beziehen, sondern der "genetische Text" als Zeichensystem. Dieser Ansatz ist insofern gewagt, als man nicht von einem Text ausgeht, der sich aus von Menschen thetisch eingeführten Zeichen konstituiert, sondern von gewissen Phänomenen, die man als "Text" interpretiert.

Wir müssen also zunächst unseren gentischen Text, der mit der DNA-Basensequenz

gleichzusetzen ist, zum Zeichen erklären. Die Repertoireelemente unseres Textes sind die vier Basen: A, T, G und C. Sie kann man mit den drei Repertoireelementen des Morsealphabets (Punkt, Strich, Pause) oder mit jedem anderen Alphabet, das aus wenigen Elementen konstituiert wird, vergleichen. Die vier Basen sind sozusagen die Buchstaben unseres Textes und bilden, wenn wir bei diesem Vergleich bleiben, immer 3-buchstabige Wörter. Da die Wörter immer 3-buchstabig sind, ergibt sich, wie wir gesehen haben, nach kombinatorischen Gesetzen ein "Wortrepertoire" aus 64 Wörtern. Wir sahen, daß jedes dieser Worte eine bestimmte AS induziert und drei von ihnen die Signifikanz von Satzzeichen (Abbruch von Polypeptidketten) haben.

Der universell geltende Schlüssel dieses Wortlexikons ist der eng gefaßte "genetische Code" (siehe Abbildung 3).

Dieses Lexikon ist semiotisch mit folgender ZKl. zu charakterisieren:
3.1 2.3 1.3

Die realisierten Basentriplettsequenzen auf der DNA sind die zu "Satzsequenzen" superierten "Basenwörter". Diese bestimmten Abfolgen oder "Basensätze", von den Biologen "Gene" genannt, bezeichnen die bestimmten AS-Sequenzen bzw. AS-Sätze, nachdem sie auch noch gewisse Übersetzungen (Transkription und Translation) durchlaufen. Ich komme darauf noch zurück.

Ist also ein Basen-Satz bekannt, so läßt sich mittels des genetischen Codes der Aufbau der AS-Sätze, d. h. der Enzyme, rekonstruieren. Diese Beziehung ist jedoch nicht umkehrbar. Wenn nämlich der Aufbau eines Enzyms bekannt ist, so läßt sich die entsprechende Basensequenz der DNA nicht rekonstruieren, da für ein und dieselbe AS verschiedene Basentripletts möglich sind. Zum Beispiel können für das Enzym Leucin folgende Tripletts angegeben werden: CUU, CUC, CUA, CUG.

Unser bekannter Basen-Satz bezeichnet also ein Enzym symbolisch und wäre charakterisierbar durch die ZKl.: 3.2 2.3 1.3.

Läßt sich sagen, daß ein Enzym, d. h. ein AS-Satz, für einen bestimmten Faktor bei der Phän-Merkmalsausbildung steht, so wäre dies wiederum ein 3.2 2.3 1.3.

Es läßt sich nun sagen, daß alle Basen-Sätze auf den DNAs eines Chromosomensatzes in einer Zelle zu einem "Basen-Text" superiert werden können. Die Biologen nennen diesen Basen-Text "Genom".

Dieser Basen-Text bezeichnet für uns symbolisch - so er bekannt wäre - den gesamten "Plan" für das Zusammenspiel der Enzyme. Dieses Zusammenspiel der Enzyme definieren wir vorsichtig als "AS-Text". Die Bedeutung diese AS-Textes wäre wiederum das Zusammenspiel sämtlicher Phäne, für die die Enzyme verantwortlich gemacht werden, in einem lebendigen Organismus. Gesichert ist bisher jedoch nur, daß es sich bei der Aktivierung der Gene zur Enzymsynthese um differentielle Genaktivität handelt. Man versteht darunter die Aktivierung eines Genes an einem bestimmten Ort zu einer bestimmten Zeit.

Man geht davon aus, daß der Zeitplan für die Aktivierung des AS-Textes, der also kein statischer, sondern ein dynamischer Text ist, zum Teil durch die Basensequenzen auf den DNAs im Zellkern gesteuert wird, zum Teil aber auch durch Umwelteinflüsse induziert wird (Bsp.: Einfluß der Feuchtigkeit bei Samenkeimung).

In folgender Graphik wird die Übersetzung des Basen-Textes in den AS-Text verkürzt veranschaulicht.

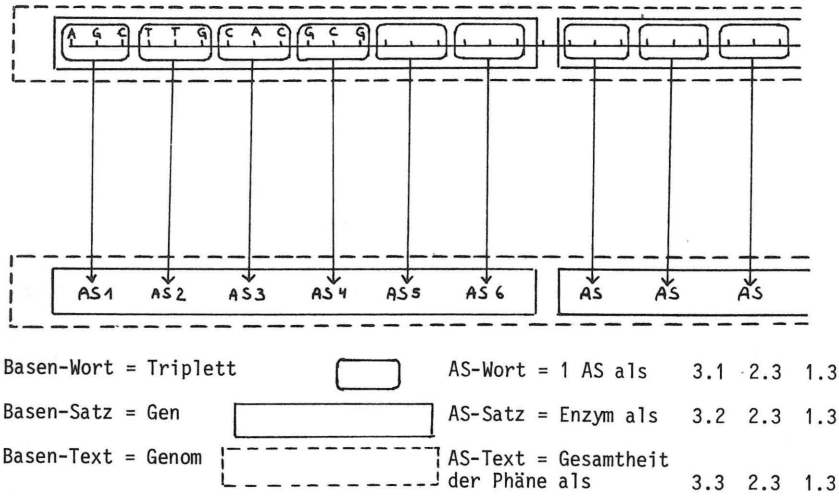

Abb. 5

Zurück zu unserem Basen-Text der DNA. Er ist seit der Befruchtung der Eizelle in seinem Aufbau unveränderlich, abgesehen von Mutationen, die wir hier als Störungen im Moment nicht berücksichtigen wollen. Er enthält, wie wir gesehen haben, den gesamten genetischen Plan zum Aufbau eines Organismus. Dieser Text

ist hinsichtlich des Planes abgeschlossen und vollständig. Er muß also semiotisch mit folgender ZKl. charakterisiert werden:

3.3 2.3 1.3

Teile dieses Basen-Textes werden zu bestimmten Zeiten abgerufen, aktiviert, und durchlaufen dabei komplizierte Übersetzungsvorschriften. Der erste Schritt der Übersetzung ist die Transkription auf die m-RNA. Der auf die m-RNA abgeschriebene Text degeneriert also zu einem dicentischen Gebilde; er kann von der DNA beliebig oft abgeschrieben werden. Die Transkription wird auf indexikalischem Wege wirksam, da jedes Basentriplett auf der DNA gewissermaßen als Wegweiser für die entsprechende Basenkombination auf der m-RNA fungiert. In Abbildung 2 wurde diese Transkription in einem ko-iconischen Modell veranschaulicht.

Dieses dicentische Gebilde der m-RNA muß im Mittelbezug mit 1.2 bestimmt werden, da es jetzt an einer bestimmten Raum-Zeit-Stelle im Plasma realisiert und wirksam ist.

Daraus folgt: ZKl. der m-RNA:

3.2 2.2 1.2

Durch die Vermittlung der t-RNA (siehe Abbildung 4) wird nun ebenfalls durch eindeutige Zuordnung eine bestimmte AS-Sequenz, ein AS-Satz gebildet. Die Rolle der t-RNA war es, dabei nur die AS anzuliefern. Die Zeichenklasse des AS-Satzes ist also auch:

3.2 2.2 1.2

Wird ein AS-Satz wirksam, induziert er dann wie ein Wegweiser die Ausbildung eines bestimmten Phäns.

Abschließend sei bemerkt, daß die hier in Angriff genommene semiotische Analyse des "genetischen Codes" und der durch ihn bedingten genetischen Steuerungsprozesse selbstverständlich in einer ersten Annäherung mit starken Vereinfachungen arbeitete. Ziel dieses Aufsatzes war es nur, die Charakterisierung genetischer Vorgänge als Zeichenprozesse auszuweisen und Anstoß zu weiteren Überlegungen zu geben.

Anmerkung:

1 DNA: Desoxyribonucleinsäure

Bibliographie:

Max Bense: Semiotische Prozesse und Systeme, Baden-Baden 1975
Alfred Kühn: Grundriß der Vererbungslehre, Heidelberg 1973
Elisabeth Walther: Allgemeine Zeichenlehre, Stuttgart [2]1979

SUMMARY

This essay demonstrates that the activity of the genetic code, as is described by modern biologists, makes up a dynamical text which is analysed by the author in semiotic terms and thus shown to be one that has to be characterized by the 10th sign class.

SEMIOSIS 21

Internationale Zeitschrift
für Semiotik und Ästhetik
6. Jahrgang, Heft 1, 1981

INHALT

Max Bense: *Zum Geburtstag unseres Verlegers Karl Fischer* 5

Wolfgang A. Peters: *Hommage an Karl G. Fischer* 7

Hanna Buczyńska-Garewicz: *The meaning of "interpretant"* 10

Marguerite Böttner: *Sémiotique appliquée: une question de méthode* 15

Max Bense: *Das Zeichenklassen-System der Bourbakischen Strukturtheorie der Mathematik* 19

Elisabeth Walther: *Vorläufige Bemerkungen zu trichotomischen Triaden* 29

Angelika Karger/Astrid Herbig: *Der Text des genetischen Codes aus semiotischer Sicht* 40

Gerhard Wiesenfarth: *Materiale Gestaltung als Prozeß* 49

Elisabeth Böhm: *Semiotische Analyse von Zeichenkonzeption und "Zeichenschönheit" bei Johann August Eberhard* 67

Centro di Semiotica Scientifica (CSS) 77

Design-Dialog Darmstadt (Burkhard Schild) 78