

2010

PREPRINT 409

Werner Kogge

Schrift und das Rätsel des Lebendigen

Die Entstehung des Begriffssystems der
Molekularbiologie zwischen 1880 und 1950

Schrift und das Rätsel des Lebendigen

Die Entstehung des Begriffssystems der Molekularbiologie
zwischen 1880 und 1950

Werner Kogge

1. Einleitung¹

Die wissenschaftliche Auffassung vom Lebendigen wird heute in Begriffen der Molekularbiologie zum Ausdruck gebracht. Die Molekularbiologie – eine junge Disziplin, die sich erst seit den 1950er Jahren konstituierte – entwickelte sich in einem Begriffssystem, das an vielen, entscheidenden Punkten durch Konzepte aus dem Bedeutungsfeld der Schrift bestimmt wird. Skripturale Termini sind tragende Elemente des begrifflichen Gerüsts, in dem die Lebenswissenschaften ihre Gegenstände konzipieren und das den Forschungen im Labor und den biotechnologischen Entwicklungen zugrundeliegt. Die Frage, die durch diesen Sachverhalt aufgeworfen wird, ist: Welchen Stellenwert kann eine Terminologie, die wir für gewöhnlich auf das Feld des menschlichen Zeichengebrauchs und der Kommunikation zwischen Subjekten beziehen, haben, wenn sie auf biologische Vorgänge, also auf Vorgänge in der Natur bezogen werden? Der Einsatz der skripturalen Termini in der Biologie ruft eine ontologische Irritation hervor, er verwischt eine Grenze, die wir zumeist als selbstverständlich voraussetzen. Es kann deshalb kaum verwundern, dass er heftige Debatten um seine Berechtigung ausgelöst hat. In Bezug auf diese Debatten werde ich im Folgenden argumentieren, dass der Einsatz der skripturalen Begriffe in der ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie, also in der Entwicklung unterschiedlicher Disziplinen zwischen 1870 und 1950, tief in biologischen Fragestellungen und Phänomenen motiviert war. Das Phänomen einer Kombinatorik von wenigen Elementen, die als lineare Sequenz die formgebende Instanz für Entwicklung und Gestalt des Lebewesens bildet, legte die Analogie zu Buchstabensequenzen in Systemen des Schriftgebrauchs in einer Weise nahe, die starke Evidenzen sowohl auf der Ebene der Konzeption als auch auf der Ebene der Darstellung entwickelte. Diese Evidenzen werden in den derzeitigen Debatten um die Berechtigung des Einsatzes der skripturalen Begriffe kaum in Rechnung gestellt, wofür zuvorderst zwei Gründe anzuführen sind: Zum einen wird weithin unterstellt, dass der Einsatz von semiotischem Vokabular (gemeint ist das skripturale in seiner Erweiterung um informationstechnische Begriffe) zu einem *deterministischen* Zusammenhang zwischen ‚Genskript‘ und lebendigem Organismus führt (was von den einen begrüßt, von den anderen angegriffen wird); zum anderen hat die *phänomenale* Motivationslage für den Einsatz semiotischer Begriffe in der Biologie, trotz einer Reihe historischer Untersuchungen in diesem Feld, bislang erstaunlicherweise noch nicht ausreichend Berücksichtigung gefunden. Indem ich nun diese

¹ Ich danke Hans-Jörg Rheinberger und dem Bibliotheks-Team des *Max-Planck Instituts für Wissenschaftsgeschichte* für Ihre Unterstützung bei meinen Recherchen für die vorliegende Arbeit.
Für Korrektur- und Verbesserungsvorschläge danke ich Birgit Griesecke, Björn Wirtjes und Xenia Lange.

Motivationslage systematisch rekonstruiere, wird sich zugleich zeigen, dass die Voraussetzung der Debatten, nämlich dass der Einsatz skripturaler Terminologie ein deterministisches Verhältnis zwischen genetischer Struktur und organischer Gestalt impliziere, in keiner Weise in dieser Terminologie begründet liegt, vielmehr einer Überlagerung von Metaphern geschuldet ist, die auf der skripturalen Analogie aufsitzen. Löst man dagegen die skripturale Terminologie von diesen Überlagerungen, so kommt in einer sehr deutlichen und mit den biologischen Phänomenen vermittelten Weise zum Vorschein, was das Thema des Lebendigen gerade auch in seiner wissenschaftlichen Konzipierung an philosophischer Fragwürdigkeit in sich birgt. Das fundamentale Rätsel der Biologie, von dem Wissenschaftler von Blumenbach (1781) über Nägeli (1884), Koltzoff (1927) und Schrödinger (1943) bis Crick (1954) sprachen, kommt in der skripturalen Terminologie der Molekularbiologie auf neue Weise zum Ausdruck; es kommt dort nicht, wie vielfach gehofft und gefürchtet, zur Lösung oder Auflösung.

Bevor wir nun zur Rekonstruktion der historische Motivationslage kommen, seien vorab einige nähere Erläuterungen gegeben zu Punkten, die hier bereits angesprochen wurden:

1.1 *Die Rolle skripturaler Termini in der gegenwärtigen Molekularbiologie und Biotechnologie*

Nimmt man einen beliebigen Artikel aus einem molekularbiologischen Journal zur Hand, so stößt man auf eine Vielzahl von Begriffsprägungen aus dem Bedeutungsfeld von Schrift. Die Ubiquität von Ausdrücken wie „open reading frame“, „cell based transcription assay“, „editing“, „translational read-through of nonsense (stop) codons“, „high throughput library screen“, „sequence motifs“, „cDNA that encode proteins“ zeigt an, dass die skripturale Terminologie in der Molekularbiologie weit mehr ist als ein Ausdruck von Hintergrundüberzeugungen oder Popularisierungsversuchen: Die „Schrift- und Textmetaphern sind“, wie Hans Jörg Rheinberger es auf den Punkt brachte, „heute allesamt in leistungsfähige Technologien implementiert.“² Die Einübung in diese skriptural durchdrungenen Technologien erfolgt durch Lehrbücher, die ihrerseits die skripturale Terminologie exzessiv und stets in affirmativer Weise einsetzen. Durchblättert man ein Standardwerk wie das *Lehrbuch der Molekularen Zellbiologie*, dann stößt man allenthalben auf Textpassagen wie „DNA codiert Information in der Reihenfolge oder Sequenz ihrer Nucleotide entlang der beiden Stränge. Jede Base (A, C, G oder T) kann als ein Buchstabe in einem Alphabet aus vier Buchstaben betrachtet werden.“³ „DNA-Polymerase ... hat neben der Polymeraseaktivität auch eine ‚Fehlerkorrektur‘-Aktivität, genannt *Korrekturlesen*, *Korrekturfunktion* oder *Proofreading*.“⁴; „Mit Hilfe von Transkription und Translation liest oder exprimiert eine Zelle ihre genetischen Anweisungen – ihre *Gene*.“⁵ Viele solcher Belegstellen mehr ließen sich anführen, wodurch sich zeigt, wie tief die Molekularbiologie mit Vokabular aus dem

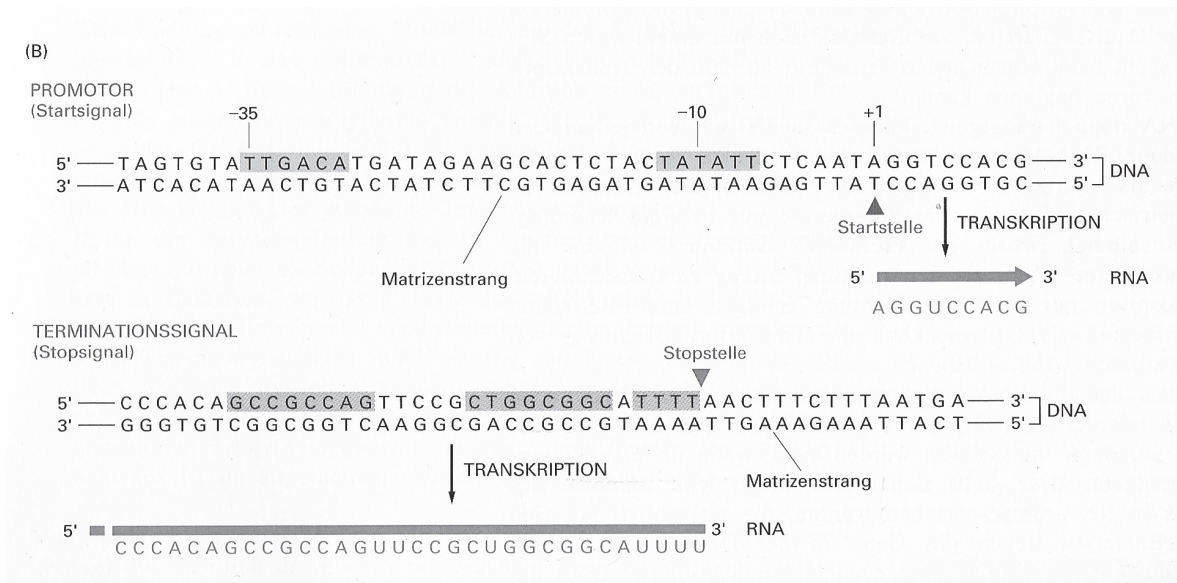
2 Hans-Jörg Rheinberger, „Von Mendel zu Postgenomics“, in: Honnefelder, Ludger / Propping, Peter (Hg.): *Was wissen wir, wenn wir das menschliche Genom kennen?* Köln 2001, S. 119-127, hier S. 124.

3 Bruce Alberts/ Bray, D./ Lewis, J./ Raff, M./ Roberts, K./ Walter, P.: *Lehrbuch der Molekularen Zellbiologie*, Weinheim 2001, S.202 (im Orig. 1998: *Essential Cell Biology. An Introduction to the Molecular Biology of the Cell*, Garland, New York and London).

4 Alberts u.a. 2001, S.208f.

5 Alberts u.a. 2001, S. 226.

Bereich von Schrift und Zeichen verwoben ist. Bei näherer Hinsicht zeigt sich zudem, dass es die im engeren Sinne skripturalen Begriffe sind, die sich zu einem Geflecht technischer Terminologie verbinden, während die Vokabeln aus dem Feld des Lingualen und der Nachrichtentechnik von ihnen abhängig sind oder aber nur punktuelle Verwendung finden. Abb. 1) zeigt eine typische Darstellung aus einem molekularbiologischen Lehrbuch: DNA und RNA als Buchstabenabfolgen, ‚Transkription‘ als Umschrift von einer Sequenz zu einer zweiten.⁶



(Abb. 1)

1.2 Die Struktur der Debatten um die Berechtigung des Einsatzes der skripturalen Begriffe

Kritiker/innen vertreten die Auffassung, dass es sich bei dem skripturalen und semiotischen Vokabular in der Molekularbiologie letztlich um überflüssige und irreführende Metaphern handelt. Dabei ist zu bemerken, dass diese Kritik von ganz unterschiedlichen Positionen aus vorgebracht wird. Auf der einen Seite liest man in einem philosophischen Grundlagenwerk zur Biologie, das in der Tradition des Neu-positivismus steht, folgendes: Die „Beschreibung biochemischer Sachverhalte mit linguistischen Metaphern trägt aber auch rein gar nichts zur wissenschaftlichen Erklärung oder Vorhersage bei“. Und: Die „informationistische Sprache gehörte einmal für eine gewisse Zeit verboten, um Biologen zu zwingen, die Dinge wirklich wissenschaftlich, d.h. ohne Zuhilfenahme kruder Metaphern zu beschreiben. Danach hätte sich die Informationsmetapher gewiß verflüchtigt.“⁷ Auch die Wissenschaftshistorikerin Lily Kay gelangt in ihrer Studie zur Geschichte des genetischen Codes zu einer Ablehnung semiotischer Begriffe, wenngleich aus ganz anderen Motiven und in einem ganz anderen Duktus. Ihre Kritik entwickelt sie in einer historischen Re- und Dekonstruktion der semiotischen Terminologie in der Molekularbiologie. Sie richtet sich nicht gegen Metaphern als solche, sondern

⁶ entnommen aus Alberts u.a. 2001, S. 231 (B).

⁷ Martin Mahner/ Mario Bunge: *Philosophische Grundlagen der Biologie*, Berlin u.a., 2000 S. 280. Ähnlich auch: Peter Janich: „Kritik des Informationsbegriffs in der Genetik“, in: *Theory in Biosciences*, 118, 1999, S. 66-84.

gegen problematische Implikationen der eingesetzten Metaphern. Der Einsatz der Begriffe ‚Information‘ und ‚Code‘ ist nämlich, wie sie zeigt, in den 1950er Jahren unauflöslich mit einer Diskurslogik verknüpft, die sich im ‚Kalten Krieg‘ herausgebildet hatte und bei der es darum ging, durch Informationstechniken Kontrollmöglichkeiten zu generieren. Indem der genetische Code zugleich informativer Text und „qua DNA sowohl Ursprung als auch universeller Agent allen Lebens (Proteine) – der Aristotelische unbewegte Bewegter...“⁸ wurde, wurde er „zum Ort der Steuerung und Kontrolle des Lebens.“⁹ Kays Bedenken gegen informationstechnische, skripturale und linguistische Begriffe in der Molekularbiologie implizieren also nicht eine Kritik mangelnder Wissenschaftlichkeit, sondern beziehen sich auf das Motiv einer universalen Kontrolle von Lebendigem durch die Kontrolle eines Textes oder Programms. Auf der anderen Seite halten Biologen wie etwa John Maynard Smith daran fest, dass das semiotische Vokabular in der Molekularbiologie angemessen sei:

„In ‚proofreading‘ the sequence of four bases in a newly synthesized DNA strand is compared with the corresponding sequence of the old strand [...] The similarity of this process to that in which the letters in a copy are compared – in principle, one by one – with those in the original, and corrected if they differ, is obvious. It is also relevant that in describing molecular proofreading, I found it hard to avoid using the words ‚rule‘ and ‚correct‘.“¹⁰

1.3. *Das Problem einer ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie:*

Wenn hier von einer ‚Vorgeschichte‘ die Rede ist, so ist dies im offenen Sinne einer Rekonstruktion wissenschaftlicher und geistesgeschichtlicher Entwicklungen gemeint, die der Entstehung der Molekularbiologie vorangingen. Eine solche Rekonstruktion haben verschiedene Autor/inn/en in je eigener Weise bereits unternommen. Neben einer Reihe kleinerer Arbeiten konnte ich zurückgreifen auf: Lily Kays weitsichtige Studie *Who wrote the Book of Life?*¹¹ (die wir bereits angesprochen haben), Evelyn Fox Kellers Buch *Refiguring Life*¹² (mit drei wichtigen Untersuchungen zum Diskurs der Genaktivität, zum historischen Zusammenhang von Biologie und moderner Physik und zur Genese von Telegraphie- und Computermetaphern), François Jacobs Gesamtschau neuzeitlicher Biologie in *La logique du vivant*¹³ (die diskursive Zusammenhänge und Brüche in instruktiver Weise zeigt, aber an einigen Stellen daran krankt, molekularbiologische Terminologie anachronistisch in ihre Vorgeschichte rückzuschreiben), Hans-Jörg Rheinbergers *Kurze Geschichte der Molekularbiologie*¹⁴ (die in der Zusammenstellung lokal ausgebildeter Experimentalsysteme sich explizit gegen den Versuch stellt, einen

8 Lily E. Kay: *Das Buch des Lebens. Wer schrieb den genetischen Code?*, München u. a. 2001, S. 56.

(Im Orig.: *Who Wrote the Book of Life? A History of the Genetic Code*, Stanford University Press 2000).

9 Kay 2001, S. 23.

10 John Maynard-Smith: „The Concept of Information in Biology“, in: *Philosophy of Science*, 67, June 2000, S.177-194, hier S. 178.

11 Kay 2001.

12 Evelyn Fox Keller: *Refiguring Life. Metaphors of Twentieth-Century Biology*, Columbia University Press, New York 1995.

13 François Jacob: *Die Logik des Lebenden. Eine Geschichte der Vererbung*, Frankfurt am M. 2002.

14 Hans-Jörg Rheinberger: „Kurze Geschichte der Molekularbiologie“, in: Jahn, Ilse (Hg.): *Geschichte der Biologie* (3.Aufl.), Heidelberg, Berlin 2000 (Sonderausgabe 2004), S. 642-663.

einheitlichen Gründungszusammenhang zu konstruieren), Ludger Weiß' Buch *Die Träume der Genetik*¹⁵ (in dem Zusammenhänge zwischen moderner Biologie und Eugenik herausgearbeitet werden) und schließlich auf die grundlegende, viel zitierte Studie von Robert Olby *The Path to the Double Helix*¹⁶ (die verschiedene Forschungslinien herausarbeitet und materialreich dokumentiert).

Mit dem Begriff ‚Vorgeschichte‘ meine ich also den Gegenstand dieser Forschungen, keineswegs eine determinierte Entwicklung im Sinne der Behauptung: ‚es musste (gemäß der Logik der Sache) so kommen.‘ Es wird keine Teleologie der Entwicklung impliziert, schon gar nicht eine Entwicklung im Sinne eines Fortschrittes. Der Ansatz meiner Rekonstruktion der ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie besteht darin zu zeigen, wie sich nicht nur externe denkgeschichtliche Tendenzen, sondern auch interne, aus der Forschung und ihren Phänomenen stammende Motive so ausbildeten und verstärkten, dass die Verwendung skripturalen Vokabulars für biologische Phänomene hochgradig plausibel erscheinen konnte.

1.4 *Zur Frage, wie sich die phänomenale Motivationslage eines begrifflichen Einsatzes untersuchen lässt: zum Einsatz des Schriftbegriffs*

Eine starke Denkströmung ist derzeit dadurch charakterisiert, dass in ihr ausgeschlossen wird, inhaltliche Motive, also von der Sache, von den Phänomenen her rührende Gründe für Begriffsbildungen historisch und systematisch zu untersuchen. ‚Sachen‘ und ‚Phänomene‘ werden in dieser Denkströmung grundsätzlich als Konstruktionen verstanden, so dass es scheint, Aufgabe historischer, kulturwissenschaftlicher und philosophischer Rekonstruktionen könne nur sein, die Konstruktionsbedingungen und -prozesse zu untersuchen. Hier ist die wissenschaftstheoretische Unterscheidung von wissenschaftsexternen und wissenschaftsinternen Faktoren von Belang.¹⁷ Der Begriff Konstruktion impliziert in den gegenwärtigen Diskursen die Auffassung, dass es externe, also soziale, historische und persönliche Motive sind, die als Bedingungen der Begriffsbildungen einzig in Betracht zu ziehen sind. Übersehen wird dabei die Gefahr, einem naiven Realismus (‚die Begriffe sind wahre Repräsentationen der Strukturen der Natur‘) eine ebenso naive Umkehrfigur (‚die Begriffe sind Produkte sozial und historisch kontingenter Strukturen‘) entgegen zu setzen. Was stattdessen zu tun ist, ist, den Zusammenhang sozialer und historischer Faktoren mit denjenigen Ereignissen und Erscheinungen in Rechnung zu stellen, die auftreten, auch ohne dass schon ein fertiges Begriffsgerüst für sie bereitstünde. Es geht also um einen Forschungsansatz, der nicht von vornherein Bescheid weiß darüber, welche Art von Bedingungen für einen Begriffsbildungsprozess ausschlaggebend waren. Im Sinne dieser offenen Frage wird hier nun zwar nicht der Versuch unternommen, das angedeutete Bedingungsgefüge in seinen unterschiedlichen Dimensionen zu rekonstruieren – dazu genügt der Rahmen dieses Textes bei weitem nicht –, aber es wird erprobt, inwieweit sich gegen die vorherrschende externalistische Deutung interne Motive im hermeneutischen Sinne ‚stark‘ machen lassen. Dazu bedarf es eines inhaltlichen Zugriffs auf die Fragestellung. Dieser Zugriff wird hier durch eine kriteriologische Analyse des Schriftbegriffs (und seines semantischen Feldes) bereitgestellt. Ohne hier auf Einzelheiten eingehen zu kön-

15 Ludger Weiß: *Die Träume der Genetik. Gentechnische Utopien von sozialem Fortschritt*, Nördlingen 1989.

16 Robert Olby: *The Path to the Double Helix. The Discovery of DNA*, New York 1994.

17 Vgl. Ian Hacking: *Was heißt ‚soziale Konstruktion‘? Zur Konjunktur einer Kampfvokabel in den Wissenschaften*, Frankfurt am M. 1999, S. 137-146.

nen, sei gesagt, dass dieses von Wittgensteins Form des Philosophierens her entwickelte Verfahren die Kriterien des Gebrauchs eines Wortes herausarbeitet, die das *praktische ‚Funktionieren‘* des Begriffs als eines *Werkzeugs des Unterscheidens und Bündelns* gewährleisten.¹⁸ Kriterien des Schriftbegriffs sind also keine substantiellen Eigenschaften (im Sinne von ‚das Wesen von Schrift besteht in ...‘) und auch nicht bloß kontingente Konstrukte, sondern sie zeigen, wie ein jeweiliger Begriff durch unser Handeln und Erfahren in die vielfältigen Strukturen von Wirklichkeit eingelassen ist. Für den Schriftbegriff haben frühere Forschungen zunächst vier kriterielle Aspekte zum Vorschein gebracht (die dort gewählte, nun etwas modifizierte Terminologie ist in Klammern beigefügt):¹⁹

(1.) Die den Akt überdauernde *Beständigkeit der Ordnungsgestalt* (Präsenzaspekt): Schriftliche Konfigurationen sind materiell so manifestiert, dass sie, im Unterschied zur Transitorik (Flüchtigkeit) des Gesprochenen oder der Geste, den Wahrnehmungs- oder Aufführungsakt überdauern.

(2.) Der Aspekt der *elementaren Kombinatorik* (operationaler Aspekt): Schriften sind im Unterschied zu ‚gewöhnlichen‘ Bildern aus prinzipiell unterscheidbaren Elementen aufgebaut, die eindeutig identifiziert und kombinatorisch zu unterschiedlichen Formationen konfiguriert werden können.

(3.) Der Aspekt der *Referenzialität* (Referenzaspekt): Unterschiede in Schriftkonfigurationen sind (im Unterschied zu Konfigurationen von Spielsteinen oder Bausteinen) korreliert mit Unterschieden in einer von der Schrift getrennten Ordnung. Veränderungen in der musikalischen Notation bezeichnen eine andere Intonation, Veränderungen in chemischen Formeln eine andere stoffliche Zusammensetzung, Veränderungen in den Aufzeichnungen der Buchhaltung einen anderen Warenbestand etc.²⁰

(4.) Der Aspekt der *Arbitrarität*: Der Umgang mit Schriftgestalten (als *Schriftgestalten*) verhält sich so zu physischen Einflüssen, dass dem konventionellen Typus kontrafaktisch Bestand gegeben wird: eine verblässende oder sonstwie korrumpierte Schrift wird, so lange sie lesbar ist, gelesen wie eine intakte, Beschädigungen werden *korrigiert*. Die Materialität der Schrift tritt nur dann in den Vordergrund, wenn wir sie nicht lesen, sondern anschauen, reparieren oder als Spur untersuchen.²¹

Die vier genannten Aspekte sind phänomenale Kriterien, die sich in Untersuchungen des Gebrauchs des Schriftbegriffs ergeben haben. Die Aufzählung ist nicht als abgeschlossen zu verstehen. Vielmehr kann – wie wir im Folgenden in Bezug auf das Konzept sequenzieller Linearität sehen werden – die Beschäftigung mit Phänomenen, auf die sich der Begriff der Schrift gehaltvoll anwenden läßt, uns weitere phänomenale Unterschiede vor Augen führen, die wir mit dem Schriftbegriff erfassen wollen. Des weiteren muss eine historische Untersuchung der historischen Veränderlichkeit des Gebrauchs von Worten gewahr sein. Es muss also geprüft werden, wie der Begriff in seinem historischen Umfeld zum Einsatz kam und wie sich dieser Einsatz von dem unterscheidet, den eine Untersuchung des

18 Vgl. Werner Kogge/ Gernot Grube: „Der Begriff der Schrift und die Frage nach der Forschung in der Philosophie“, in: *Deutsche Zeitschrift für Philosophie* 2007 (1), S. 81-96.

19 Vgl. Werner Kogge/ Gernot Grube: „Zur Einleitung: Was ist Schrift?, in: Grube, Gernot/ Kogge, Werner/ Krämer, Sybille (Hg.): *Schrift. Kulturtechnik zwischen Auge, Hand und Maschine*, München 2005, S. 9-19.

20 Auch in der Mathematik, wo der Referenzaspekt der schriftlichen Konfigurationen durchaus zur Debatte stand, werden, wenn diese nicht mehr auf allgemeine Ordnungsformen Bezug nehmend gedacht werden, Zweifel laut, ob es sich überhaupt noch um Mathematik, nicht vielmehr um bloßes „Formenspiel“ handle. Vgl. David Hilbert: „Die Grundlagen der Mathematik“, in: *Abhandlungen aus dem mathematischen Seminar der Hamburgischen Universität*, Leipzig 1928, S. 65-85, hier S. 79.

21 Kogge/ Grube 2007, S. 90.

gegenwärtigen Gebrauchs zu Tage fördert. In Bezug auf die ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie zeigen Eintragungen in Konversationslexika des ausgehenden 19. und 20 Jahrhunderts tatsächlich ein sehr ähnliches semantisches Spektrum. Eine Verschiebung ist lediglich an dem Punkt festzustellen, dass zu Zeiten des manuellen Schriftsatzes die handgreifliche Elementarität der Buchstabenkörper (Lettern), die durch Aneinanderreihung zu lesbaren Gestaltformationen zusammengesetzt werden, noch evidenter war. Vor diesem Hintergrund wird auch verständlich, warum im 19. Jahrhundert „der Abriß, wie die Zähne auf einem Rade verteilt werden“²² als Schrift bezeichnet werden konnte: es geht um die Anordnung der Elemente auf der Kreislinie des Rades, eine Konstellation, die in ihrer allgemeinen Form auch in der ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie relevant ist (darauf werden wir zurück kommen).

Methodisch werden diese vier Aspekte im Folgenden dazu verhelfen, im Dickicht des historischen Materials übergreifende Zusammenhänge sichtbar zu machen. Wir werden sehen, wie sich biologische Phänomene der Beständigkeit der Ordnungsgestalt, der Referenzialität, der Arbitrarität und der elementaren Kombinatorik in der epistemischen Formation einer linearen Sequenz von Elementen verbinden und somit die Verwendung einer skripturalen Terminologie nahelegen.

2. Biologische Problemstellungen zwischen 1880 und 1950

Die zentrale Figur bei der Durchsetzung semiotisch-semantischer Begriffe in der Biologie ist sicherlich Francis Crick. In wenigen kurzen Texten, die Crick 1953 und 1954, teils gemeinsam mit James D. Watson, publizierte, finden sich Motive aus der biologischen, chemischen, genetischen und physikalischen Forschung der vorangegangenen Jahrzehnte in einer Anordnung integriert, die die grundlegende theoretische Figur der Molekularbiologie der folgenden Jahrzehnte bereitstellte. Diese Texte verweben die neue theoretische Ausgangslage von Beginn an mit semiotisch-semantischen Begriffen und die Frage ist: auf welcher Grundlage, aus welcher Motivlage kommt es zu dieser begrifflichen Fassung? Was leisten diese Begriffe in den denk- und wissensgeschichtlichen Diskursformationen, in denen sie eingeführt werden?

Die Zusammenstellung von zwei Textstellen, die fast 70 Jahre trennen, zeigt die Kontinuität einer biologisch-genetischen Problemstellung, in der auch die Molekularbiologie noch steht. Das erste Zitat stammt aus einer Rezension von 1886 zu August Weismanns *Die Continuität des Keimplasmas*:

„Die räthselhafte Erscheinung, dass ein Organismus stets wieder seinesgleichen erzeugt und dass eine einzige Zelle, die Samenzelle, beziehungsweise eine Eizelle, die Fähigkeit hat, sämtliche Eigenschaften des ‚Elters‘, von dem sie sich ablöst, in dem neuen, aus ihr hervorwachsenden Individuum sich entfalten zu lassen, diese mit dem Namen Vererbung be-

22 *Pierer's Universallexikon der Vergangenheit und Gegenwart oder: Neuestes encyclopädisches Wörterbuch der Wissenschaften, Künste und Gewerbe*, Altenburg 1862, Band 15, S. 428.

zeichnete Erscheinung hat stets den denkenden Geist beschäftigt und in neuerer Zeit wieder eine lebhaftere Discussion angeregt“.²³

Bei Crick kommt die gleiche Problemstellung fast 70 Jahre später nur in einem anderen Duktus zum Ausdruck. Unter der Überschrift „A Code for Heredity?“ heißt es dort:

„There remains the fundamental puzzle as to how DNA exerts its hereditary influence. A genetic material must carry out two jobs: duplicate itself and control the development of the rest of the cell in a specific way.“²⁴

Es sind zwei Grundprobleme der Biologie, die in beiden Zitaten zum Ausdruck kommen: Erstens, wie kann über viele Generationen hinweg immer wieder die gleiche Form zum Vorschein kommen, so dass aus einer Fichte immer wieder eine Fichte, aus einem Marienkäfer immer wieder ein Marienkäfer entsteht und zweitens, wie kann die Entwicklung eines jeden Lebewesens in seiner spezifischen Organisation und Form aus den Erbanlagen hervorgehen? Der Unterschied zwischen den beiden Ausdrucksweisen markiert den Weg von der Biologie des 19. Jahrhunderts zur Molekularbiologie: war im 19. Jahrhundert noch von Samen- und Eizelle als Träger des Erbgutes die Rede, so ist es nun eine Substanz von subzellulärer Größendimension, nämlich die DNA, die das Rätsel der genetischen Problemstellung in sich bergen soll.

Das „Rätsel der Vererbung“, das „fundamental puzzle“, ist aber das gleiche geblieben, und ebenso zeichnet sich bereits im 19. Jahrhundert ab, dass die Lösung dieses Rätsels durch die Annahme einer grundlegenden Dualität gesucht wird, die zwei Arten von materieller Struktur voneinander unterscheidet und zueinander in Beziehung setzt. Die Geschichte dieser grundlegenden Dualität ist ein konstitutiver Bestandteil des begrifflichen Feldes, in dem eine semiotisch-semantische Terminologie plausibel erscheinen konnte; denn sie entwickelte sich als die einer Beziehung, in der die Struktur der einen Materie gerade durch die *Anordnung* ihrer Elemente für die andere materielle Struktur formativ prägend sein sollte, wodurch eine Denkfigur von Ordnungsübertragung impliziert war, die eine Tendenz in sich barg, sie in Kategorien aus dem Feld von Zeichen und Bedeutung zu fassen.

3. Die grundsätzliche Dualität zweier Ordnungen

Im historischen Abriss der Geschichte der Vererbung in *La logique du vivant* gibt François Jacob der Dualität, um die es hier geht, in prägnanter Form Ausdruck:

23 Rezension zu: „A. Weismann: Die Continuität des Keimplasmas als Grundlage einer Theorie der Vererbung“, in: *Naturwissenschaftliche Rundschau*, Band 1, Heft 1, 1886, S. 6-7.

24 Francis H. C. Crick: „The Structure of Hereditary Material“ in: *Scientific American*, Vol. 191, Oktober 1954, S. 54-61, hier S. 60.

„Mit der von Nägeli getroffenen begrifflichen Unterscheidung zwischen ‚Trophoplasma‘ und ‚Idioplasma‘ tritt ... eine Dualität in der Gesamtheit des Organismus auf. Das Trophoplasma, das den größeren Teil des Körpers bildet, ist mit den Ernährungs- und Wachstumsmechanismen beauftragt. Das Idioplasma stellt dagegen einen seinem Volumen nach nur untergeordneten Bestandteil dar, spielt jedoch bei der Fortpflanzung und Entwicklung eine wesentliche Rolle: es ist das Substrat der Vererbung.“²⁵

In Jacobs Formulierung tritt deutlich hervor, wie sich die grundsätzliche biologische Fragestellung, die wir 1886 ebenso wie 1954 wiederfinden konnten, in der Annahme einer basalen Dualität niederschlägt: einerseits eine Erbsubstanz, die über die Generationen hinweg sehr konstant bleibt, andererseits ein individueller organischer Apparat, der in der Ausprägung seiner Gestalt und der Form seiner Lebensprozesse durch die Erbsubstanz (in fraglicher Weise) bedingt ist.

Tatsächlich ist der theoretische Schritt, das angesprochene biologische Grundproblem in seinen zwei Frageaspekten durch die Annahme zweier Ordnungssysteme anzugehen, schon etwa 100 Jahre vor Nägelis bedeutender Abhandlung *Mechanisch-physiologische Theorie der Abstammungslehre* (1884) vollzogen worden, nämlich im Zuge der Durchsetzung eines *epigenetischen* Theorieansatzes gegen den zuvor vorherrschenden *Präformismus*. Epigenese meint nämlich, dass die Ordnung der Gestalt des Organismus nicht bereits präformiert im Keim vorhanden ist, sondern durch spezifische Kräfte oder Bewegungsprinzipien erst hervorgebracht wird. So charakterisiert beispielsweise Johann Friedrich Blumenbach 1781 seinen *nisus formativus* oder Bildungstrieb so, dass er „von den übrigen eigenthümlichen Kräften der organisierten Körper insbesondere, gänzlich verschieden ist, [und] eine der ersten Ursachen aller Generation, Nutrition und Reproduktion zu seyn scheint“.²⁶ Das Neue im 19. Jahrhundert besteht zunächst lediglich darin, die Instanz der Formbildung nicht mehr als eine Kraft oder als einen Trieb zu denken, sondern selbst als ein Material – dem gleichwohl besondere formgebende Potentiale innewohnen.

Diese aus der vererbungstheoretischen Fragestellung resultierende Dualität zweier zwar funktional unterschiedener, aber jeweils materieller Substanzen hat sich von den 1880er Jahren bis in die ‚Gründungstexte‘ der Molekularbiologie durchgängig erhalten (wenn auch kurzzeitig andere Aspekte in den Vordergrund traten). Die wichtigsten Stationen seien hier kurz aufgelistet:

1.) Nägeli bestimmt das Idioplasma als den Teil der organischen Substanz, der in sich das Vermögen besitzt, die „eigenthümliche Entwicklungsbewegung“ zu einem ausgebildeten Organismus hervorzu- bringen. Durch das Idioplasma „charakterisiert sich [die Eizelle] als Anlage, als Keim“ und durch dieses unterscheidet sie sich prinzipiell von der übrigen organischen Substanz: „es besteht ein wesentlicher Unterschied zwischen der Substanz des ausgebildeten Organismus, welche nicht das Vermögen einer weitergehenden Entwicklung besitzt, und der Substanz des Eies, welcher dieses Vermögen zukommt.“²⁷ Die der Eizelle innewohnenden Erbanlagen versucht Nägeli nun als materielle Struktur zu fassen. Und zwar geht er davon aus, dass „die Zusammenordnung der kleinsten Theilchen (Micelle) mit den

25 Jacob 2002, S. 232.

26 Johann Friedrich Blumenbach: „Über den Bildungstrieb und das Zeugungsgeschäft“, Göttingen 1781, S. 12.

27 Carl Wilhelm von Nägeli: „*Mechanisch-physiologische Theorie der Abstammungslehre*“, München, Leipzig 1884, S. 23.

eigenthümlichen Bewegungen und Kräften, die dadurch bedingt sind, maassgebend sein“ muss.²⁸ Er schließt zwar an Blumenbach und seinen Begriff des *nisus formativus* an, der für ihn nun aber nicht mehr eine „qualitas occulta“²⁹ ist, sondern ein konkretes, auf molekularer Ebene strukturiertes Material, auf das, abhängig vom Entwicklungsstand des Organismus, verschiedene Einflüssen wirken. Die Frage von Präformation und Epigenese, die schon Blumenbach als das „größte aller physiologischen Rätsel“ bezeichnet hatte, verlagert sich für Nägeli auf die Ebene der „spezifische[n] Beschaffenheit des Idioplasmas“.³⁰ Die „Lösung des grössten Räthsel der Abstammungslehre“³¹ liegt für ihn in zwei Struktureigenschaften der Erbanlagen, die unverkennbar eine theoretische Verbindung aufzeigen zu der Formulierung, die knapp 70 Jahre später Crick dem Problem gab. Für Nägeli nämlich ist die Struktur des Idioplasmas zum einen dadurch gekennzeichnet, dass es auf „die Zusammenordnung der kleinsten Theilchen ankommt“³², auf die „Anordnung“³³ und „Configuration“³⁴ der Elemente zu Micellen; zum anderen dadurch, dass diese Anordnung in den Veränderungen des Stereoplasmas stabil gehalten wird: „Wenn die Anordnung der Micelle die spezifischen Eigenschaften des Idioplasmas begründet, so muss das letztere eine ziemlich feste Substanz darstellen, in welcher die Micelle durch die in dem lebenden Organismus wirksamen Kräfte keine Verschiebungen erfahren, und in welcher der feste Zusammenhang bei der Vermehrung durch Einlagerung neuer Micelle die bestimmte Anordnung zu sichern vermag.“³⁵

2.) Eine wirkungsgeschichtlich folgenreiche Radikalisierung der fraglichen Dualität vollzieht sich in dem nur ein Jahr später erscheinenden Buch August Weismanns *Die Continuität des Keimplasmas*. Weismann entwickelt eine Theorie, nach der „ein Theil des spezifischen ‚Keimplasmas‘, welches die elterliche Zelle enthält, nicht verbraucht wird beim Aufbau des kindlichen Organismus, sondern unverändert reservirt bleibt für die Bildung der Keimzellen der folgenden Generation.“³⁶ Mit der Isolierung des Keimplasmas versucht Weismann das Problem der Formkonstanz zu lösen, das er in besonders prägnanter Weise formuliert: Wie ist es möglich, dass „wir bei allen Thier- und Pflanzenarten die tausenderlei charakteristischen Bauverhältnisse unverändert durch lange Generationenreihen hindurch sich fortsetzen, ja sie in manchen Fällen durch eine ganze geologische Periode hindurch unverändert fortbestehen sehen“?³⁷ Die Antwort lautet, dass die Erbsubstanz überhaupt nicht der vielfältigen und wechselvollen Geschichte der somatischen Entwicklung ausgesetzt ist, sondern eine eigenständige materielle Einheit bildet, die gegen die ontogenetische Entwicklung des Individuums abgeschottet wird. Die materielle Einheit der Erbsubstanz konzipiert Weismann als ein Keimplasma, das „diejenige Parthie einer Keimzelle“ ausmacht, „deren chemisch-physikalische Beschaffenheit ein-

28 Nägeli 1884, S. 25.

29 Blumenbach 1781, S. 32.

30 Nägeli 1884, S. 42.

31 Nägeli 1884, S. 42.

32 Nägeli 1884, S. 26.

33 Nägeli 1884, S. 27.

34 Nägeli 1884, S. 38.

35 Nägeli 1884, S. 27; vgl. 37 f.

36 August Weismann: *Die Continuität des Keimplasma. Als Grundlage der Theorie der Vererbung*, Jena 1892a (2. Aufl.; 1. Aufl. 1885), S. 11.

37 Weismann, 1892a, S. 7.

schliesslich ihrer Molekularstruktur ihr die Fähigkeit verleiht, unter bestimmten Verhältnissen zu einem neuen Individuum derselben Art zu werden³⁸ Wie aber vermag es „eine Zelle aus den Millionen der verschiedenartigst differenzirten Zellen [...] alle Eigenthümlichkeiten des gesammten Körpers in dem neuen Individuum wieder entstehen zu lassen [...], das Ganze mit ‚Portrait-Aehnlichkeit‘ reproduciren zu können?“³⁹

Im Versuch, diese Frage zu beantworten, steht Weismann vor der Schwierigkeit, die absolute Kluft, die er zwischen Erbsubstanz und organischem Apparat (in variierendem Bezug auf Nägeli spricht Weismann von Stereoplasma), gleichwohl irgendwie überbrückbar denken zu müssen: die Erbsubstanz muss ja doch auf irgendeinem Wege Entwicklung und Form des Organismus bedingen können. Die Konzepte, die Weismann zur Lösung dieser Problematik entwickelt, reichen von Übertragungselementen (Biophoren), die „von dem Chromosoma [...] in Masse hervorgebracht und dann durch die Kernmembran in den Zellkörper entsandt“⁴⁰ werden, bis hin zu Determinanten als die den Determinaten „entsprechenden Theilchen des Keimplasmas“.⁴¹

3.) Wie eng die Annahme einer basalen Dualität mit der grundsätzlichen vererbungstheoretischen Fragestellung verbunden war, zeigt sich daran, dass sie forschungsleitend blieb auch in dem nun folgenden Forschungsparadigma der Genetik, das die materiellen Strukturen und Vorgänge der Vererbung zunächst außen vor ließ und als *black box* behandelte. Die oft zitierte mehrfache ‚Wiederentdeckung‘ der Mendelschen Regeln um 1900 schlug sich in dem 1909 von Wilhelm Johannsen eingeführten Begriff des Gens und der Unterscheidung von Genotyp und Phänotyp nieder, die ihrerseits den begrifflichen Rahmen abgab, in dem die von Thomas Hunt Morgan geleitete Forschungsgruppe ihre wirkungsgeschichtlich bedeutsamen Züchtungs- und Mutationsexperimente an der Fruchtfliege *Drosophila* entwickeln konnte. Die Dualität von Gen und Merkmal wurde in diesem Forschungszusammenhang zum Gegenstand der Forschung schlechthin. Es ging darum, aufzuklären, wie phänomenale Merkmale des Organismus mit Orten (Loci) auf den Chromosomen korreliert sind.

4.) Die Dualität von Gen und Organismus geriet nun in der Folgezeit – dort, wo die genetische Fragestellung nicht im Vordergrund stand – etwas aus dem Blick, und zwar gerade im Kontext des Versuchs, die materielle Struktur der genetischen Prozesse aufzuklären. Dabei wurde wirksam, dass für beide Funktionen, für die der Erbsubstanz und für die der organischen Prozesse, Proteine in Anspruch genommen wurden.

Emil Fischer hatte bereits 1907 Enzyme als jene „kräftigsten Agenzien“ aus dem „Material“ der „Proteine“ bezeichnet, „die zweifelsohne bei allen wesentlichen Vorgängen des organischen Stoffwechsels beteiligt sind.“⁴² Auf der anderen Seite hatten schon Nägeli und Weismann angenommen, dass die molekulare Struktur der Erbsubstanz, die sämtliche Eigenschaften des Organismus in sich bergen muss, dessen Komplexität widerspiegelt: „eine überaus complicierte feinste Struktur [...] als

38 Weismann, 1892a, S. 9.

39 Weismann, 1892a, S. 7.

40 August Weismann: *Das Keimplasma. Eine Theorie der Vererbung*, Jena 1892b, S.86; vgl. S. 96.

41 Weismann, 1892b, S. 76, Herv. WK.

42 Vgl. Ernst Peter Fischer: *Geschichte des Gens*, Frankfurt am M. 2003, S. 16.

Ursache seiner Fähigkeit, sich zu einem complicierten Organismus zu entwickeln“.⁴³ Proteine aber zeigten sich schon früh als die kompliziertesten Moleküle, die man in der Zelle finden konnte. So blieb man, auch als man zu der Ansicht gelangte, dass die Segmente der Chromosomen mit den Loci der Genen übereinstimmen,⁴⁴ und auch als sich durch verbesserte bildgebende Verfahren zeigte, dass diese Struktur durch Nukleinsäure konstituiert wurde, bei der Überzeugung, dass letztlich nur Proteine für die genetische Aufgabe in Frage kämen: „there are only the proteins to be considered, because they are the only substances which are specific for the individual.“⁴⁵

Diese Voraussetzung mündete in einer „Nucleoprotein Theory of the Gene“,⁴⁶ deren Kern darin bestand, Nukleinsäure und Proteine als funktionale Einheit aufzufassen, wobei die genetisch relevante Spezifität den Proteine zugedacht wurde, während Nukleinsäure als „Stützsubstanz“⁴⁷, als Intermedium oder Schablone der Protein-Replikation betrachtet wurde.⁴⁸ Zwar wurde immer noch eine elementare Zweiheit angenommen, diese Zweiheit war aber nicht mehr die zweier Substanzen, deren eine die Formkonstanz der Generationenfolge und deren andere den konkreten individuellen Organismus ausmacht. Erst als die Aufgabenverteilung von Nukleinsäure und Protein mit der Unterscheidung von genetischer Anlage und organischer Gestalt zur Deckung kam, verband sich die biochemische Forschung wieder mit der ursprünglichen entwicklungsphysiologischen Problemstellung. In dem Augenblick aber, als dies geschah und als sich die genetische Anlage mit einer bestimmten Substanz von spezifischer molekularer Struktur einerseits und Lebensprozesse mit einer anderen Substanz von spezifischer Struktur andererseits identifizieren ließen, in dem Augenblick war eine konstitutive Säule des konzeptuellen Gebäudes der Molekularbiologie errichtet. Voraussetzung dafür war die Aufspaltung des konzeptuellen Komplexes ‚Nucleoprotein‘. In den 1940er Jahren kristallisierte sich der Gedanke heraus, dass Gene mit spezifischen chemischen Reaktionen korreliert sind, die durch spezifische Enzyme ausgelöst werden; eine Hypothese, die 1945 von Beadle und Tatum in der Form der ‚Ein Gen - ein Enzym Hypothese‘ zugespitzt wurde.⁴⁹ Dort heißt es: „the development and functioning of an organism consist essentially of an integrated system of chemical reactions controlled in some manner by the genes.“⁵⁰ Doch erst als sich, ebenfalls Mitte der 1940er Jahre, auf anderen Forschungswegen herauskristallisierte, dass proteinfreie DNA als funktional bestimmendes Molekül betrachtet werden kann,⁵¹ begann man, das Gen mit DNA zu identifizieren und die Korrelation von Genen und Enzymen als die von DNA und Enzymen anzusehen. Obwohl noch Jahre später Zweifel an dieser Konzeption laut wurden, etablierte sie sich als Denkraum, in dem sich dann Anfang der 1950er

43 Weismann 1892a, S. 11. Vgl. Nägeli 1884, S. 60 f.

44 Vgl. Olby 1974, S. 103.

45 Caspersson, Hammersten und Hammersten 1935, zitiert nach Olby 1974, S. 105; vgl. Rheinberger 2000 (Sonderausgabe 2004), S. 645f.

46 Olby 1974, S. 99; vgl. auch S. 101- 115.

47 Olby 1974, S. 107.

48 Vgl. Olby 1974, 105 ff.

49 Vgl. Olby 1974, S. 145.

50 Georg W. Beadle/ Edward L. Tatum: „Genetic Control of biochemical reactions in *Neurospora*“ in: *Proc. national Acad. Sci U.S.A.*, 27, 1941, S. 499-506, hier S. 499.

51 Olby illustriert dies, aus einem Text von Avery u.a. von 1944 zitierend: „What did come out clearly in the discussion at the end of the ‚44 paper was that DNA was much more than a mere ‚midwife molecule‘, it was not just a structural frame, for it was ‚functionally active in deep determining the biochemical activities and specific characteristics of pneumococcal cells‘ (Avery, Macleod an McCarty, 1944, S.155).“ Olby 1974, S. 188.

Jahre die Überlegungen von Crick und Watson bewegten.⁵²

Besonders deutlich kommt dies in dem bereits zitierten Text Cricks von 1954 zum Ausdruck. Im Anschluss an seine Formulierung der „two jobs“ des genetischen Materials argumentiert Crick (indem er einen Vergleich mit den Zeichen des Morsecodes anstellt), dass in der Kombinatorik einer DNA-Sequenz die gesamte Erbinformation enthalten sein könne. Und er fragt weiter nach der Struktur dieser Codierung „in terms of atoms and molecules“ mit der Formulierung: „what precisely is it a code for?“⁵³ Die Antwort, die seit dem *Cold Spring Harbour Symposium* von 1947, wo die Konzeption eines Übergangs von DNA über RNA zu Enzymen an prominenter Stelle formuliert worden war⁵⁴, im Raum stand, lautete:

„It is therefore very natural to suggest that the sequence of the bases of the DNA is in some way a code for the sequence of the amino acids in the polypeptid chains of the proteins which the cell must produce.“⁵⁵

Entscheidend für unsere Fragestellung sind die Ausdrücke *to be a code for* und *to encode* (den Crick ebenfalls in diesem Kontext verwendet: „there is enough DNA in single cell of the human body *to encode* about 1,000 large textbooks.“⁵⁶). In ihrer grammatikalischen Struktur bringen beide Ausdrücke die Relation zwischen zwei Seiten zum Ausdruck: A ist ein Code für B; B wird in den Code A übersetzt.

Die grundsätzliche Dualität zweier Ordnungen, die bereits bei Blumenbach im theoretischen Raum stand, bei Nägeli material und bei Weismann auch räumlich manifestiert konzipiert wurde, erscheint hier nun also als die Beziehung zwischen zwei auch biochemisch verschiedenen Substanzen, deren eine als ein Code der anderen gedacht ist. Darauf, wie an dieser Stelle der Begriff des Codes ins Spiel kommt, werden wir zurückkommen. Hier gilt es festzuhalten: Die Molekularbiologie entsteht in der Kontinuität einer Problemstellung, in der

(1) eine Dualität zweier materieller Ordnungen (Ordnung A und Ordnung B) vorausgesetzt wird und zwar

(2) so, dass Ordnung A die Form der Ordnung B bestimmt oder bedingt.

Sehen wir nun, dass mit Ordnung A eine formativ bestimmende, aber zugleich physisch immune Ordnung angenommen wird, dann dürfte plausibel werden, dass allein schon diese Ausgangslage einen strukturellen Ort offen ließ, einen Platzhalter bereitstellte, an dem semiotisch-semantisches Vokabular sich gleichsam eigenlogisch einstellen konnte. (Die Möglichkeit, in der Erzeugung von Zeichenkompositionen Einzelzeichen beliebig häufig zu realisieren, ohne dass diese sich verbrauchen, abnutzen oder in anderer Weise physisch beeinträchtigt werden, kennen wir nur aus unseren Zeichenpraktiken

52 Vgl. Olby 1974, S. 204.

53 Crick 1954, S. 61.

54 Vgl. Rheinberger 2000 (2004) S. 649.

55 Crick 1954, S. 61.

56 Crick 1954, S. 60.

– andere materiale Praktiken haben stets mit der Begrenztheit der Ressourcen und der Problematik physischer Instabilität zu tun.)

Und diese Ausgangslage ist nicht etwa, das soll hier noch einmal betont werden, einem Bedürfnis danach geschuldet, eine metaphysische Dimension des Lebendigen zum Ausdruck zu bringen, sondern im Gegenteil: es sind die Phänomene der frappierenden Formkonstanz in der Erbfolge und der Entwicklung ungeheuer vielgestaltiger und komplizierter Lebewesen aus einzelnen Zellen, die in ihrem Zusammenhang zu dieser Ausgangslage führten. Wir werden nun sehen, dass es genügte, die Frage nach der Struktur dieser Ordnung zu stellen, um zeichentheoretische Begriffe tatsächlich auf den Plan zu rufen. Und weiter werden wir sehen, dass die fortschreitende Erforschung dieser Struktur den Einsatz bestimmter zeichentheoretischer Begriffe, nämlich solcher aus dem Bereich des Skripturalen, immer plausibler machte.

4. Kombinatorik, Fäden und Perlenketten

Die Molekularbiologie wäre nicht in der theoretischen Form, in der sie durch semiotisch-semantisches Vokabular geprägt ist, entstanden, wenn nicht die Denkfigur einer linearen Sequenz, die aus einem Satz von Grundelementen variabel aufgebaut ist, sich als Ergebnis der Zusammenführung mehrerer Forschungstraditionen etabliert hätte. Diese Denkfigur bringt die Form einer skripturalen Anordnung zum Ausdruck und da sie sich auf die Ordnung (A) bezieht, die gemäß der vererbungstheoretischen Problemstellung das formative Prinzip der Lebensgestalten und -vorgänge darstellt, wird die Plausibilität verständlich, die in den 1950er Jahren dann dazu führte, das terminologische Gerüst der Molekularbiologie auf der Grundlage skripturaler Begriffe zu errichten.

Wenn wir nun die Geschichte des Gedankens einer linearen Sequenz rekonstruieren, so läßt sich zunächst beobachten, wie sich ein Teil dieser Figur schon bei Nägeli allein aus der entwicklungsphysiologischen Problemstellung ergab, wie sich sodann in der Beobachtung von Chromosomen der Gedanke einer linearen Anordnung festsetzte, wie in der Morganschen Genetik die Verbindung mit der Dualitätsthematik offensichtlich wurde und wie schließlich in der biochemischen und physikalischen Aufklärung der Struktur der Chromosomenfäden eine lineare Kettenstruktur zum Vorschein kam. Kehren wir also zunächst noch einmal zu Nägeli zurück.

Wie die Dualität von Erbsubstanz und entwickeltem Organismus semiotisches Vokabular nahelegt, zeichnet sich bereits in der Annahme Nägelis ab, „dass einer reicheren morphologischen Gliederung und größeren Arbeitsteilung im entwickelten Zustande auch eine zusammengesetztere Anordnung der kleinsten Idioplasmateilchen [...] entspricht“.⁵⁷ Dieses Entsprechungsverhältnis faßt Nägeli im Begriff des „Abbilds“, wie ja auch Weismann später von „Portrait-Ähnlichkeit“ spricht. Wir hätten es demnach mit einer repräsentationalen Relation zu tun, die Erbsubstanz wäre eine bildliche Darstellung des körperlichen Organismus. Ich verwende hier den Konjunktiv, denn das Konzept des Abbilds führt Nägeli lediglich hypothetisch an: „Das Idioplasma des Keimes *wäre somit* gleichsam das

57 Nägeli, 1884, S. 25.

mikrokosmische Abbild des makrokosmischen (ausgewachsenen) Individuums⁵⁸, schreibt er. Im Gang der Argumentation steht dieser Satz an einer erläuternden Zwischenstelle, die sogleich folgendermaßen präzisiert wird: „Damit soll aber selbstverständlich nicht gesagt sein, dass die Micelle des Idioplasmas etwa den Zellen des ausgebildeten Organismus entsprechen und eine analoge Anordnung besitzen. Diese beiden Anordnungen sind im Gegenteil grundverschieden ...“.⁵⁹ Wir haben es also nicht mit einer repräsentationalen Korrespondenzbeziehung zu tun, die eine „analoge Anordnung“⁶⁰ zwischen den korrespondierenden Ordnungen implizierte, sondern mit der Relation zwischen zwei „grundverschiedenen“ Ordnungen. Nägeli steht – wie sich hier noch einmal zeigt – im Problemkontext der epigenetischen Dualität. Es ist nicht nur (mehrfach) unkorrekt (vgl. Zitat oben) wenn Heinz Penzlin in Ilse Jahns *Geschichte der Biologie* schreibt „Nägeli verstand unter Idioplasma ‚gleichsam das mikroskopische Abbild des makroskopischen Individuums‘“⁶¹, es erweckt auch den irreführenden Eindruck, Nägeli restauriere präformistische Theoreme. Denn tatsächlich distanziert sich Nägeli in zwei Schritten von einer präformistischen Theorieanlage: die Materialisierung als Bild stellt im Unterschied zur präformistischen Miniaturgestalt eine erste Übersetzung in ein semiotisches System dar; durch die Annahme eines abstrakteren Systems wird im zweiten Schritt auch das analogische Verhältnis zur organischen Gestalt aufgehoben.

Wie nun aber denkt Nägeli dieses abstraktere System?

Wir hatten ja bereits gesehen, dass es beim Konzept des Idioplasmas auf „die Zusammenordnung der kleinsten Theilchen ankommt“⁶², also auf die „Anordnung“⁶³ und „Configuration“⁶⁴ der Elemente zu Micellen. Damit ist das idioplasmische System nicht mehr als analoges Bild, sondern als eine elementare Kombinatorik entworfen: „Die Zellen [...] gestatten eine fast unendliche Zahl von Combinationen rücksichtlich ihrer Zusammensetzung aus Theilen.“ Dazu komme, dass die Gestaltungen sich von Generation zu Generation etwas verändern, so dass es, so wendet Nägeli gegen die präformistische Konzeption ein, „geradezu unmöglich [sei], dass das Idioplasma alle denkbaren Combinationen gleichsam auf Lager halte [...] Sondern es werden offenbar die Combinationen jeweilen aus den Elementen zusammengesetzt.“⁶⁵

An dieser Stelle nun führt Nägeli einen Vergleich mit dem Klavierspiel an, und zwar motiviert durch die Frage, wie etwas enorm Vielgestaltiges aus etwas sehr Kleinem (einer Eizelle) hervorgehen kann, ohne bereits als Miniaturgestalt in ihr enthalten zu sein. Nägeli schreibt:

„Wir müssen uns also vorstellen, dass das Idioplasma die Anlagen für verschiedene Organe in ähnlicher Weise zur Entfaltung bringe, wie der Klavierspieler auf seinem Instrument die aufeinander folgenden Harmonien und Disharmonien eines Musikstückes zum Ausdruck

58 Nägeli, 1884, S. 26, Herv. WK.

59 Nägeli, 1884, S. 26.

60 Nägeli, 1884, S. 26.

61 Heinz Penzlin: „Die vergleichende Tierphysiologie“ in: Jahn 2000 (2004), S. 462-498, hier S. 442.

62 Nägeli, 1884, S. 26.

63 Nägeli, 1884, S. 27.

64 Nägeli, 1884, S. 38.

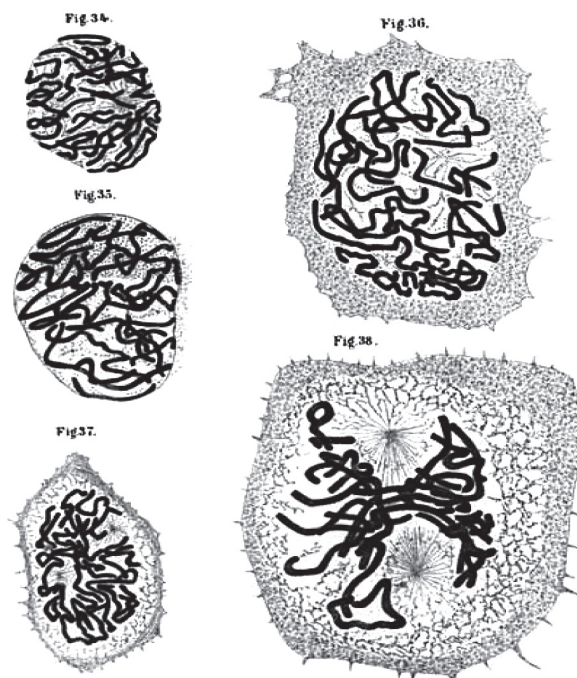
65 Nägeli, 1884, S. 44.

bringt. Derselbe schlägt für jedes a und jeden anderen Ton immer wieder die nämlichen Saiten an. So sind die im Idioplasma neben einander liegenden Gruppen von Micellreihen gleichsam Saiten, von denen jede eine andere elementare Erscheinung darstellt.“⁶⁶

Die Anordnung der Elemente erfolgt also durch eine Kombinatorik, die in Verwendung eines begrenzten Satzes von Elementen eine prinzipiell unbegrenzte Menge von Gestalten hervorzubringen vermag. Jeder einzelne Ton kann beliebig oft aufgeführt werden, was die Kombination immer neuer Tonfolgen erlaubt. Dieses Verhältnis von ‚Zeichensatz‘ und ‚kompositionalem Ausdruck‘ charakterisiert alle notationalen Zeichensysteme und es verwundert deshalb nicht, dass Nägeli in der Annahme einer begrenzten Menge von Elementen des Idioplasmas auch den Vergleich mit der Sprache anführt und schreibt, es genüge eine „begrenzte Zahl, in gleicher Weise wie die Sprache aus einer begrenzten Menge von Wörtern, die Musik aus einer begrenzten Menge von Tönen zusammengesetzt ist.“⁶⁷

Was sich bei Nägeli noch nicht findet, ist die Idee, dass die kombinatorischen Elemente auf einer Linie angeordnet sind. Er fragt zwar, ob „nicht etwa die Fäden, die sich in Zellkernen durch Färbemittel sichtbar machen lassen, als Idioplasmastränge in Anspruch zu nehmen sind“⁶⁸, die genetische Spezifität („Das Constantbleiben der Merkmale durch eine Folge von Generationen“⁶⁹) schreibt er allerdings nicht den Längsreihen der Micellen, sondern deren Kombinatorik im Querschnitt zu.

Verbesserte Mikroskopiertechniken brachten allerdings neue Evidenzen bezüglich der Struktur des genetischen Materials. Die von Anton Schneider und Walther Flemming (1873, 1879, 1882) durch Färbemethoden sichtbar gemachten Kernfäden (Abb. 2)⁷⁰ konnte Wilhelm Pfitzner 1881 in ihrer



(Abb. 2)

66 Nägeli, 1884, S. 44.

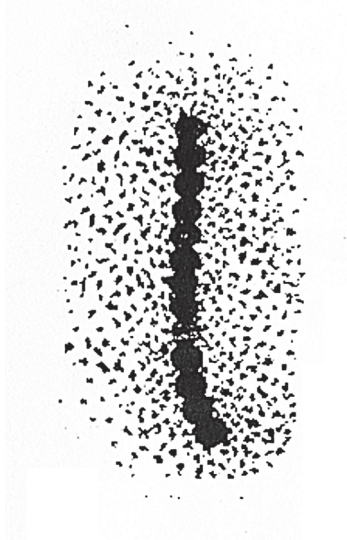
67 Nägeli, 1884, S. 67.

68 Nägeli, 1884, S. 65.

69 Nägeli, 1884, S. 38.

70 Walther Flemming: *Zellsubstanz, Kern und Zellteilung*, Leipzig, 1882, Fig. 34-38, Tafel III.

Binnenstruktur weiter auflösen: Pfitzner entdeckte durch Einsatz eines neuen Linsensystems, dass bei den Kernteilungsfiguren der von ihm untersuchten Salamanderlarve „deren Fäden nicht, wie sonst beschrieben wird, durchaus homogen und gleichmäßig waren, sondern [...] aus lauter einzelnen Körnern zusammengesetzt erschienen.“⁷¹



(Abb. 3)

Diese aus einer „Reihe von Körnchen gebildet(e)“ Fadenstruktur, die häufig mit einer Perlenkette oder einem Rosenkranz assoziiert wurde⁷², stellte nun eine neue Basis für Deutungen der elementaren Anordnung der Erbfaktoren bereit. Wilhelm Roux interpretierte in diesem Rahmen bereits 1883 die Kernteilung als einen Vorgang, bei dem durch „Aufreihung der Mutterkörner zu Fäden“ diese Aufreihung „bei der Theilung der Körner sich auf die Tochterkörner überträgt, der Art, dass der Mutterfaden sich durch diese Theilung *unter Erhaltung der Anordnung* der Länge nach in zwei Tochterfäden spaltet.“⁷³

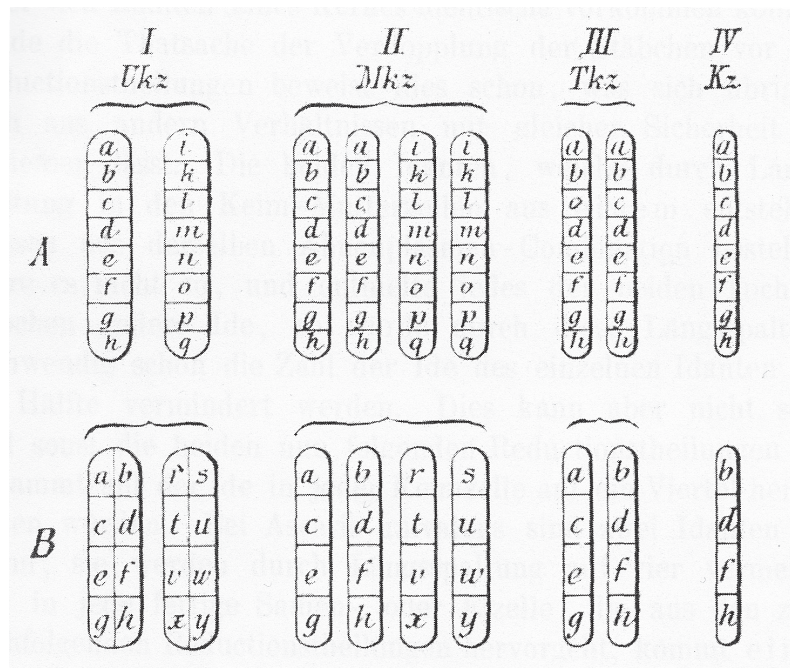
August Weismann führte in den 1890er Jahren seine vererbungstheoretischen Überlegungen mit den Beschreibungen der Chromatinstruktur zusammen. Weismann hatte schon früh angenommen, dass das Chromatin als das konstante Element in der Zellteilung Träger der Vererbungserscheinungen sein muss. Im Anschluss an Nägelis Begriff des Idioplasmas nennt Weismann die Segmente, die sich auf den bei der Zellteilung zu Stäbchen verkürzten Chromosomenfäden befinden, „Iden“, die Chromosomenstäbchen, auf denen sich die Iden anordnen, „Idanten“⁷⁴. Unter einem Id versteht Weismann eine Eigenschaftseinheit, die von den Vorfahren auf den entstehenden Organismus übergeht.

71 Wilhelm Pfitzner: „Über den feineren Bau der bei der Zelltheilung auftretenden fadenförmigen Differenzirungen des Zellkerns. Ein Beitrag zur Lehre vom Bau des Zellkerns“, in: *Morphologisches Jahrbuch*, 7, 1881, S. 289- 311 hier S. 290.

72 Vgl. Pfitzner 1881, S. 309.

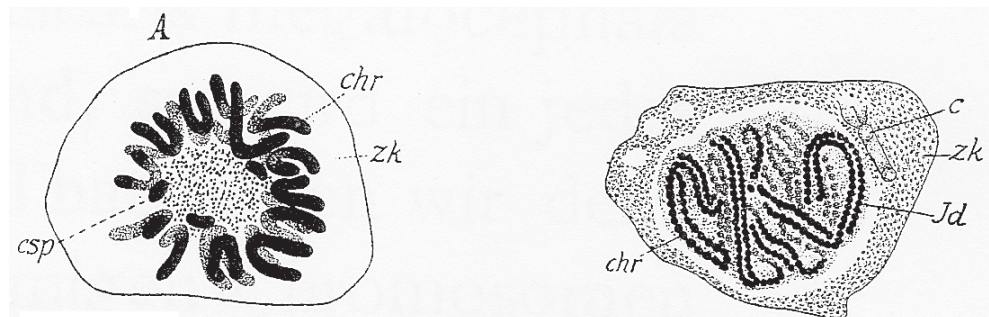
73 Wilhelm Roux: *Über die Bedeutung der Kernteilungsfiguren. Eine hypothetische Erörterung*, Leipzig, 1883, S.11, Herv. WK.

74 August Weismann: *Amphimixis oder Die Vermischung der Individuen*, Jena 1891, S. 711.



(Abb. 4)⁷⁵

Bei der geschlechtlichen Fortpflanzung entstehen nun Varianten von Idanten durch die Kombinatorik der Iden. Sinn der Längsspaltung und Verdopplung der Idanten bei der Reduktionsteilung ist, so Weismann, „eine fast unendliche Zahl verschiedener Keimplasma Mischungen zu ermöglichen und dadurch die individuellen Unterschiede in so vielen verschiedenen Combinationen der Naturzüchtung zur Verfügung zu stellen, als Individuen entstehen.“⁷⁶ Wie eng assoziiert der Gedanke der Kombinatorik von Erbeigenschaften mit der perlenkettenartigen Struktur der Chromosomen für Weismann war, zeigt Abb. 5, in der bei „B“ (der Buchstabe fehlt in der Darstellung, gemeint ist die rechte Figur) „die Schleifen sich gespalten haben und zugleich die rosenkranzförmige Zusammensetzung hervortritt.“⁷⁷



(Abb. 5)

75 entnommen aus: Weismann 1891, S. 719, Fig. 3.

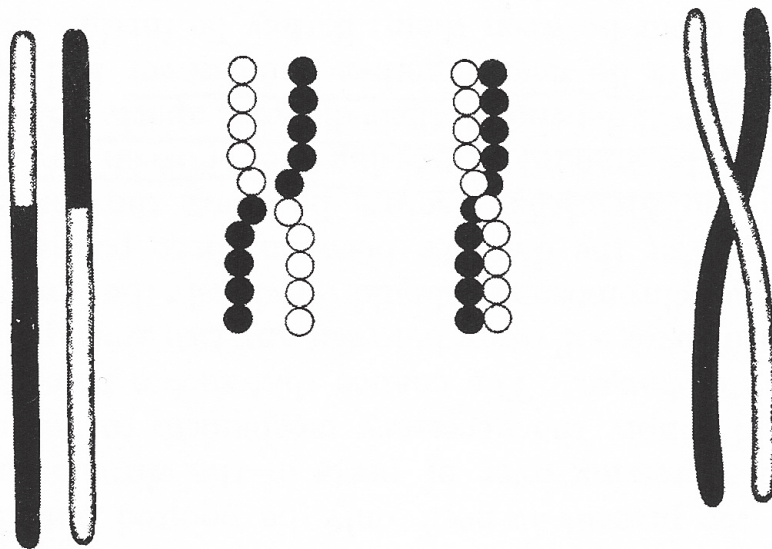
76 Weismann 1891, S. 717, Herv. im Orig.

77 August Weismann: „Die Keimplasmatheorie“, in: *Vorträge über Deszendenztheorie*, Jena 1902, Bd. 1, 3, Vortrag XVII., S. 383.

Weismann erklärt dazu: „Wenn wir [...] bei manchen Thieren größere schleifen- oder auch stäbchenförmige ‚Chromosomen‘ beobachten, und wenn diese [...] aus einer Reihe von Körnern zusammengesetzt sind, so wird ein jedes dieser Körner als Id zu betrachten sein.“⁷⁸

Wir finden also bereits bei Weismann eine Konzeption, in der das Keimplasma, das mit dem somatischen Plasma das duale Verhältnis von Erbsubstanz und Lebensvorgänge aufspannt, als eine perlenkettenartige Struktur aufgefasst wird, deren Elemente in ihrer Kombinatorik die Eigenschaften des individuellen Organismus bedingen. Wie Nägeli spricht auch Weismann davon, dass nicht ein „Bild“ des Gesamtwesens in der Erbanlage niedergelegt sei, dass vielmehr durch das „Zusammenwirken aller seiner Ide“⁷⁹ das Individuum allererst konstituiert werde. Nägelis notationale Kombinatorik findet also bei Weismann eine materielle Grundlage in einer komplizierten Struktur heterogener Elemente (Körner), die in bestimmter Reihenfolge fadenförmig aufgereiht sind. Wie sich die Anlage und Kombinatorik dieser Elemente zu phänotypischen Eigenschaften verhalten, dazu wusste Weismann noch wenig zu sagen; hier sollte erst die Morgansche Genetik, deren Genkarten ebenfalls lineare Anordnungen zum Vorschein brachten, weiter führen.

Die ‚Wiederentdeckung‘ der Mendelschen Genetik um 1900 hatte, wie erwähnt, der Züchtungsforschung neuen Auftrieb gegeben. Für den experimentalgenetischen Ansatz waren, das hatten Morgans Ausführungen in seiner Nobelpreis-Rede gezeigt, die biochemische und physikalische Struktur der zellulären Vorgänge zunächst ohne Relevanz. Ihm genügte als materiale Basis das Konzept von Chromosomen als fadenförmiger, perlenkettenartiger Struktur. Abb. 6 zeigt, dass das von der Drosophilagruppe untersuchte Crossover von Chromosomen die Bildtradition der Weismannschen Vererbungslehre fortsetzt.⁸⁰



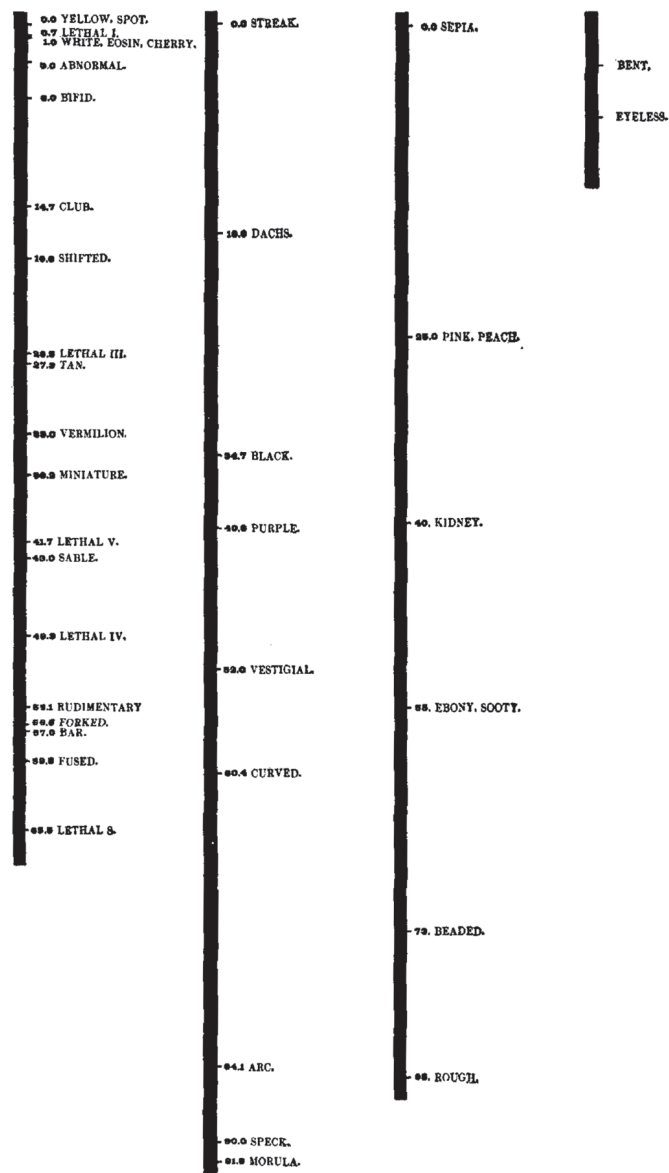
(Abb. 6)

78 Weismann 1902, S. 383.

79 August Weismann: „Antheil der Eltern am Aufbau des Kindes“, in: *Vorträge über Deszendenztheorie*, Jena 1902, Bd. 1., Vortrag XXII, S. 43.

80 Thomas H. Morgan/ Sturtevant A. H./ Muller H. J./ Bridges C. B.: *The Mechanism of Mendelian Heredity*, New York 1915, S. 60.

Die „Perlen“, aus denen sich die Chromosomenfäden oder -stäbchen zusammensetzen, sind hier allerdings nun mit Mendelschen Faktoren assoziiert. Aus dem Studium des Verhaltens der Faktoren beim Crossover ließen sich Rückschlüsse auf ihre Distanzen und Anordnungen anstellen.⁸¹ Es ergaben sich „starke Argumente dafür, dass die Faktoren tatsächlich linear in den Chromosomen angeordnet sind.“⁸² In der Darstellung schlug sich diese Konzeption in Form der ersten Genkarten nieder (Abb. 7).⁸³



(Abb. 7)

(Frontispiece.)

81 Vgl. Morgan u.a. 1915, S. 61, 68.

82 Morgan u.a. 1915, S. 65, übers. WK.

83 Morgan u.a. 1915, Frontispiz.

Diese Karten zeigen Mendelsche Faktoren, also potentielle phänotypische Merkmale, in ihrer linearen Anordnung. Zum ersten Mal kommt hier eine spezifische Korrelation zwischen einer linearen Anordnung der Erbfaktoren und Eigenschaften des Phänotyps zur Darstellung. Der Chromosomenfaden wird nun zu einer „Perlenkette“ von eigenschaftskorrelierten Orten. Diese Orte bilden Kopplungsgruppen und unterliegen einer elementaren und regelhaften Kombinatorik: „Spaltung und freie Kombination sind die beiden Grundprinzipien der Vererbung, die Mendel entdeckte. Seit 1900 sind vier weitere Prinzipien hinzugekommen. Diese werden bezeichnet als das der Kopplung, das des Faktorenaustauschs, das der linearen Anordnung der Gene und das Prinzip der begrenzten Zahl der Kopplungsmöglichkeiten.“⁸⁴ Ihre lineare Anordnung legt es von selbst nahe, die Mendelschen Faktoren in Buchstabenfolgen zu schreiben: „Let us write the factors derived from one parent [...] in the order which they have on the map ...“, notiert Morgan und bietet folgende Darstellung an (Abb. 8)⁸⁵

Non-crossovers:

y w a b_i v m s r f b' – 6.
Y W A B_i V M S R F B' – 8.

Single crossovers:

Y W a b_i v m s r f b' – 2.
Y W A B_i v m s r f b' – 2.
y w a b_i V M S R F B' – 2.
Y W A B_i V m s r f b' – 1.
Y W A B_i V M S r f b' – 1.
y w a b_i v m s R F B' – 1.

Double crossover:

y w a b_i V M S R F b' – 1.

(Abb. 8)

Wir sehen hier, wie 30 Jahre nach Nägelis Analogie des Idioplasmas mit Zeichenkombinationen die Erbsubstanz als lineare Abfolge von Buchstaben notierbar wird, und zwar nicht im Sinne einer bloßen Übersetzung, sondern in einem strukturbildlichen⁸⁶ Sinne: „It is supposed, that at least the order of

84 Thomas Morgan: *The physical basis of heredity* (1919). Zitiert nach Jahn 2000 (2004), S. 544f.

85 Morgan u.a. 1915, S. 67.

86 Vgl. Sybille Krämer: ‚Schriftbildlichkeit‘ oder: Über eine (fast) vergessene Dimension der Schrift“, in: Sybille Krämer/ Horst Bredekamp (Hg.): *Bild-Schrift-Zahl*, München 2003, S. 157- 176, hier S. 163.

the factors in the diagram represents their real order“⁸⁷ – also ihre tatsächliche Anordnung auf dem Chromosomenfaden. Wenn wir nun verfolgen, wie die Disziplinen, die schließlich die black box der Genetik öffnen und das biochemische Material beschreiben sollten, ebenfalls zu Darstellungen von Ketten gelangten, die sich als Buchstabenabfolgen konzipieren und notieren lassen, dann wird sich die Motivationslage bei der Entstehung der Molekularbiologie in ihren wichtigsten Aspekten bereits deutlich abzeichnen.

5. Biochemische Ketten, Sequenzen und Buchstabenabfolgen

Ein Lehrer Emil Fischers, einer – wie wir noch sehen werden – zentralen Figur in der Vorgeschichte der Molekularbiologie, Friedrich August Kekulé entwickelte um 1858 das Theorem der Kohlenstoff-Kohlenstoff-Verbindungen, das er 1878 zum Konzept der Kohlenstoffketten ausbaute:

„The separate atoms of a molecule are not connected all with all, or all with one, but, on the contrary, each one is connected only with one or with a few neighbouring atoms, just as in a chain link is connected with link.“⁸⁸

Wir finden also im biochemischen Diskurs bereits zu Beginn des Zeitabschnittes, den wir hier als ‘Vorgeschichte der Molekularbiologie’ untersuchen, die Denkfigur, dass zentrale Lebensprozesse auf kettenförmigen Molekülen beruhen, in denen Elemente zu verschiedensten Anordnungen verbunden werden. Die Gleichartigkeit dieser Elemente stand allerdings der Assoziation entgegen, sie mit Erbsubstanz, etwa dem Idioplasma in Verbindung zu bringen.

Die wirkungsgeschichtlich bedeutsamste Figur im Diskurs der Strukturanalyse biochemisch relevanter Stoffe ist sicherlich Emil Fischer. Fischer hatte sich seit Ende 1880er Jahre mit Aufbau und Funktion von Enzymen beschäftigt, er hatte die Strukturanalyse von Proteinen durch synthetische Verfahren betrieben und seine Arbeiten sind die Referenz, die durch die gesamte ‘Vorgeschichte’ der Molekularbiologie hindurch immer dann aufgerufen wird, wenn es um die Struktur von Proteinen geht. Diese Struktur ist für Fischer generell durch “den Aufbau langer Ketten mit vielfachen Variationen in der Reihenfolge”⁸⁹ gekennzeichnet. Durch Wiederholung von Syntheseschritten gelang es ihm, aus Aminosäuren künstliche Proteinmoleküle aufzubauen, für die er den Namen „Polypeptide“⁹⁰ wählte. Im Unterschied zu den Kunstprodukten setzt er für die natürlichen Proteine voraus, „dass die Natur niemals lange Ketten aus den gleichen Aminosäuren hervorbringt, sondern die gemischten For-

87 Morgan u.a. 1915, S. 68.

88 Friedrich A. Kekulé: „The scientific aims and achievements of chemistry“ in: *Nature*, 1878, June 20, S. 212. Inspiriert ist Kekulé durch Eduard F. W. Pflüger: „Beiträge zur Lehre von der Respiration. Über die physiologische Verbrennung in den lebendigen Organismen“, in: *Pflüger's Arch. Ges. Physiol.* 10, 1875. Vgl. etwa S.342. Vgl. dazu insgesamt Olby 1974, S. 5.

89 Emil Fischer: *Über Aminosäuren, Polypeptide und Proteine* (1899-1906), Berlin 1906, S. 22.

90 Fischer 1906, S. 10.

men bevorzugt, bei denen die Aminosäuren von Glied zu Glied wechseln.“⁹¹

Das Verfahren der Strukturanalyse blieb aber nicht auf Proteine beschränkt. Bereits 1893 war Albrecht Kossel zu dem Schluss gelangt, dass Chromatin zumindest teilweise aus Nukleinsäure gebildet wird.⁹² Doch auch ihn brachte die weitaus komplexere Struktur der Proteine dazu, die entscheidenden Vorgänge bei den Proteinen zu suchen. Diese beschrieb Kossel, in offensichtlicher Nähe zu Fischers Konzepten, als Reihen von Bausteinen, die er – in seiner *Harvey Lecture* von 1911 – mit einem Eisenbahn-Zug vergleicht. Und er fährt fort:

“The number of Bausteine [dt. im Orig.] which can take part in the formation of the proteins is about as large as the number of *letters in the alphabet*. When we consider that through the *combination of letters* an infinitely large number of thoughts may be *expressed*, we can understand how vast a number of the properties of an organism may be recorded in the small space which is occupied by the protein molecules. It enables us to understand how it is possible for the proteins of the sex-cells to contain, to a certain extent, a *complete description* of the species and even of the individual.”⁹³

Wir befinden uns im Jahr 1911. Weismann hatte zwar die Erbeigenschaften mit perlenförmigen Einheiten auf den Chromatinfäden in Verbindung gebracht, aber über deren biochemische Beschaffenheit noch nichts zu sagen gewusst; Morgan hatte mit seiner Gruppe gerade erst begonnen, Orte auf den Chromosomenfäden mit phänotypischen Eigenschaften zu korrelieren, die biochemische Fragestellung dabei aber systematisch ausgeblendet. Aus dieser biochemischen Perspektive ließ sich nun aber bereits 1911 die entwicklungsphysiologische wie auch die vererbungstheoretische Fragestellung in ihrem Zusammenhang zum Ausdruck bringen. Mit Blick auf die lineare Kettenstruktur der Proteine schien es möglich, sowohl die Formkonstanz als auch das Potenzial zur Entwicklung eines ausdifferenzierten Organismus in einer einzigen Zelle verständlich zu machen. Die Denkfigur, die dazu verhalf, bestand in der Analogisierung der aus Elementen aufgebauten Kettenstruktur des Proteins mit Buchstabenformationen und der Eigenschaften des Organismus mit Gedankenausdrücken.

Somit dokumentiert Kossels Formulierung in ihrer Verwandtschaft sowohl zur 30 Jahre früheren Problemstellung bei Nägeli und Weismann als auch zur 40 Jahre späteren bei Crick die Kontinuität eines Fragehorizontes, der die ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie bestimmt; sie dokumentiert zugleich, wie wirkungsgeschichtlich relevant in dieser Geschichte der Diskurs der Erforschung biochemischer Molekularstrukturen war.⁹⁴

Trotz dieser Kontinuität verlief die ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie aber nicht geradlinig und stetig hin zu Cricks und Watsons Konzeption. So hatte sich im frühen zwanzigsten Jahrhundert zeit-

91 Fischer 1906, S. 51.

92 Vgl. Olby 1974, S. 75.

93 Albrecht Kossel: „The chemical Composition of the Cell“ in: *The Harvey Lectures*, 1911-1912, S. 33-51, hier S. 45, Herv. WK.

94 Olby merkt mit Recht an, dass der Ansatz von Fischer und Kossel am Ende der 1940er Jahre zur Sequenzanalyse von Proteinen führte.

weilig eine Aggregatstheorie kolloidaler Partikel durchgesetzt, derzufolge Biomoleküle nicht als lange Ketten, sondern als Zusammenballungen kleinerer Moleküle bestehen. Die enorme Länge der angenommenen Kettenmoleküle ließ in den 1920er Jahren auch Kristallographen an der Polymer-Konzeption zweifeln.⁹⁵ Erst allmählich setzte sich in den 1930er Jahren, auf Grundlage der von Hermann Staudinger mit der Ultrazentrifuge erzielten Forschungsergebnisse, mit dem Begriff des Makromoleküls die Vorstellung langer Ketten wieder durch.⁹⁶

Nachhaltiger wirksam war eine Auffassung, die unter dem Titel Tetranukleotid-Hypothese diskutiert wurde. Levene hatte Nukleinsäure 1931 als „aufgebaut aus je einem Satz ihrer vier Bausteine (...) allenfalls aus kürzeren oder längeren monotonen Abfolgen solcher Tetranukleotide“ beschrieben, wodurch sie als „Träger biologischer Spezifität ... nicht in Frage zu kommen“⁹⁷ schien. Dies spielte dem Protein-Paradigma des Gens zu, das – wie ich bereits andeutete – durch die Überzeugung konstituiert wurde, dass nur das komplizierteste Molekül in der Zelle Träger der Vererbungserscheinungen sein könnte.

Ein anderes Problem stellten interdiskursive Wahrnehmungsschwellen dar. Auf Grund solcher Hindernisse war es, so Olby, bis in die dreißiger Jahre nicht naheliegend, „die Verbindung zwischen der linearen Sequenz der Gene und der der Aminosäuren in der Polypeptid-Kette herzustellen.“⁹⁸

Doch tatsächlich wurde diese Verbindung seit Kossel immer wieder und zwar in kontinuierlicher Weiterentwicklung der Konzepte von Nägeli, Weismann und Fischer hergestellt. Der russische Experimentalbiologe Nikolaj Koltzoff, der unter anderem in Deutschland beim Chromosomen-Forscher Flemming studiert hatte, griff 1927 Nägelis Mizellen-Konzeption auf, gerade weil die Grenze „zwischen dem kolloidalen und dem kristalloiden Zustand“⁹⁹ für ihn bereits nicht mehr sehr scharf erschien. Konzedierend, „dass wir heute noch sehr wenig über die Struktur der Eiweißmoleküle“¹⁰⁰ und damit auch über „die Struktur des Chromatins“¹⁰¹ wissen, entwickelte er eine Vorstellung, nach der jedes Eiweißmolekül durch „Kristallisation der in der Lösung rund um ihn herum vorhandenen Aminosäuren und anderer Eiweißbruchstücke“¹⁰² entsteht. Das auf Virchow zurückgehende Diktum „Omne vivum ex ovo, omnis cellula ex cellula, omnis nucleus ex nucleo“ ergänzt er demzufolge um die Formel: „Omnis molecula ex molecula.“¹⁰³

Diese formgleiche „Vermehrung“¹⁰⁴, auf der für ihn Vererbung und Wachstum beruhen, begreift er als einen „Prozeß der Assimilation, d.h. der vollständigen Verähnlichung der neu aus den Aminosäuren entstandenen Eiweißmoleküle, denjenigen Mustern der Moleküle, die schon in diesem Punkt existieren“, eine Assimilation, die er (wir kennen den folgenden Ausdruck bereits) „als einer der räthselhaftesten

95 Vgl. Olby S. 6ff.

96 Vgl. Olby S. 7ff.

97 Rheinberger 2002 (2004), S. 644.

98 Olby S. 116, Übers. WK

99 Nikolaj K. Koltzoff: „Physikalisch-chemische Grundlagen der Morphologie“ in: *Biologisches Zentralblatt* 48, 1928 (im Orig. 1927), S. 345-369, hier S. 352.

100 Koltzoff 1927, S. 360.

101 Koltzoff 1927, S. 360.

102 Koltzoff 1927, S. 362f.

103 Koltzoff 1927, S. 363.

104 Koltzoff 1927, S. 363.

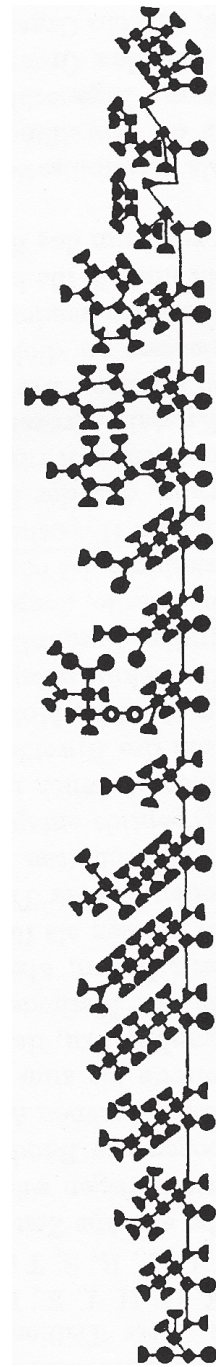
Prozesse des Lebens“¹⁰⁵ bezeichnet.

In der Entwicklung der Vorstellung, wie das Muster der Eiweißketten beschaffen ist, greift Koltzoff auf Emil Fischers Modell eines aus 18 Aminosäuren aufgebauten Polypeptids zurück, die er, wie in Abb. 9 zu sehen, darstellt.¹⁰⁶

Deutlich zu erkennen ist die Kettenstruktur, in der die unterschiedlichen Elemente hier aneinandergereiht sind. Diese Kettenstruktur aus 18 Elementen erlaubt eine wesentlich komplexere Kombinatorik als dies bei Weismann noch möglich schien: „Die Zahl der möglichen Isomeren bei der intramolekularen Umstellung der 18 Aminosäuren ist sehr groß, etwa eine Trillion.“¹⁰⁷ Und Koltzoff führt in Bezug auf dieses lineare Arrangement distinkter Elemente weiter aus:

„Wenn wir uns die Aufgabe stellen würden, in der allereinfachsten Form, wie die Logarithmentafeln gedruckt werden, diese Trillion der Isomeren des Oktokaidekapeptides (A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, K, L, M, N, O, P, R, S, T; B, A, C, D, E, F, G, H, I, J, K, L, M, N, O, P, R, S, T usw.) zu drucken und wenn wir zur Lösung dieser Aufgabe alle zur Zeit vorhandenen Buchdruckereien der ganzen Welt damit beschäftigen würden, indem wir pro Jahr 50 000 Bände zu je 100 Druckbogen pro Band herausgeben würden, so würden bis zum Schluss der unternommenen Arbeit so viel Jahre vergehen, wie von der archaischen Periode bis zum heutigen Tag vergangen sind.“¹⁰⁸

Mit dem Aufrufen dieser alle Vorstellungskraft übersteigenden Menge an Kombinationsmöglichkeiten verfolgt Koltzoff zwei Ziele: zum einen macht er deutlich, dass die immense Kombinatorik natürlicher Eiweißmoleküle, derer das Oktokaidekapeptid nur ein Bruchstück wäre, es vorstellbar macht, „dass alle unzählbaren Eigenschaften, die jeder Mensch von seinem Vater erbt, in den 24 verschiedenen Chromosomenmolekülen eingeschlossen sind, die sich im Spermienkopf befinden“¹⁰⁹; zum anderen wird dadurch evident, dass die Chromosomen während der Zellteilung in ihrer Ordnung konstant erhalten bleiben, denn „die Wahrscheinlichkeit dessen, dass die vollständig zerfallenen Bruchstücke von neuem in ehemaliger Ordnung zusammentreffen würden, überschreitet nicht die Wahrscheinlichkeit dessen, dass der in einzelne Buchstaben zerstreute Drucksatz einer Druckseite von selbst, zu-



(Abb. 9)

¹⁰⁵ Koltzoff 1927, S. 362.

¹⁰⁶ Koltzoff 1927, S. 360, bei Koltzoff Abb. 16; (Die Analogie zu Schrift wird dadurch verstärkt, dass Koltzoff das Polypeptid, ähnlich wie in der Darstellung hier, als Seitenkolumne seines Textes positioniert.).

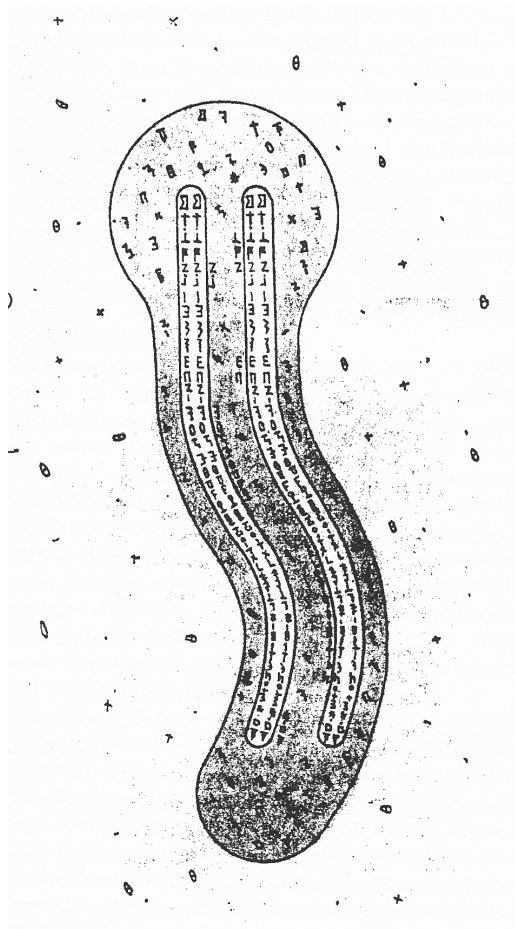
¹⁰⁷ Koltzoff 1927, S. 361.

¹⁰⁸ Koltzoff 1927, S. 362.

¹⁰⁹ Koltzoff 1927, S. 366 (zu beachten ist auch die Selbstverständlichkeit, in der hier die Geschlechterverhältnisse einseitig dargestellt werden).

fällig, in ehemaliger Ordnung sich anordnen würde.“¹¹⁰

Die Analogisierung der Molekularstruktur mit Schriftstrukturen ist offensichtlich einigen auch für Schrift charakteristischen Merkmalen geschuldet: eine dauerhaft manifestierte, lineare Abfolge distinkter Elemente, deren exakte Anordnung konstitutiv ist und daher in ihrem Muster repliziert wird.



(Abb. 10)¹¹¹

Doch wofür ist diese exakte Anordnung konstitutiv? Hier finden wir bei Koltzoff ebenso wie bei Kossel den Brückenschlag vom molekularstrukturellen zum genetischen Thema, bereits mit Verweis auf Morgan:

„Wenn wir annehmen, daß der wesentliche Teil des Chromosoms lange Protein-Moleküle sind [...], so bekommt die Vorstellung Morgans über das Chromosom wie über eine lineare Reihe von Genen eine deutliche konkrete Grundlage. Die Radikale des Chromosom-Moleküls, Gene, nehmen in ihr einen ganz bestimmten Platz ein und die aller kleinste chemische Veränderung in diesen Radikalen, z.B. das Abreißen der einen oder der anderen

110 Koltzoff 1927, S. 367f.

111 Koltzoff 1927, S. 367, bei Koltzoff Abb. 17.

Atome und das Ersetzen dieser Atome durch andere (der Ersatz von Wasserstoff durch Methyl) muß als Ursache neuer Mutationen erscheinen.“¹¹²

Koltzoff beschreibt also auch die chemischen und physikalischen Manipulationen in der Logik notationaler Operationen: es geht um Entfernung und Austausch distinkter Elemente, die auf einer anderen Ordnungsebene, nämlich der phänotypischen, Effekte zeitigt („Mutationen“).

Die Denkfigur, dass Charakter und Funktion von Proteinen abhängig sind von der Anordnung ihrer Elemente in einer Kette, findet sich in den späten 1920er Jahren immer wieder.¹¹³ Auch der mögliche Zusammenhang zwischen der Perlenkettenformation der Proteine mit den Morganschen Genkarten fiel immer wieder auf.¹¹⁴

Einen Schritt weiter in der Zusammenführung von Genetik und Biochemie ging Dorothy Wrinch, die, vor einem mathematischen Hintergrund, 1935 ein Modell der Chromosomenstruktur entwarf. Sie faßt den Forschungsstand so zusammen:

“The genetic constitution of a chromosome is capable of linear specification – so runs the first requirement of genetics. Proteins according to the work of Fischer [...] contain polypeptides and as such are capable of linear specification. These two facts, one from classical chemistry, the other from the closed system of genetics, illumine one another. I locate the genetic identity of a chromosome in its characteristic protein pattern. The linearity which has persistently and consistently dominated genetics as an experimental and observational science is then provisionally interpreted as an expression of the linear pattern in the protein molecules of the chromosome micelle.”¹¹⁵

Wrinch operiert vor demselben diskursiven Hintergrund wie Koltzoff: sie verbindet ebenfalls die Ansätze von Fischer und der Morgan-Schule, und auch das Mizellenkonzept Nägelis (den sie nicht nennt) spielt eine Rolle. Nun ist bemerkenswert, dass Wrinch beide linearen Arrangements, das genetische wie das biochemische, in der Form von Buchstabenreihen darstellt und dabei – so weit ich sehe zum ersten Mal in der ‘Vorgeschichte’ der Molekularbiologie – den Begriff der Sequenz zum Einsatz bringt. Die Fusion zweier Chromosomen faßt sie folgendermaßen: „then two separate sequences abcdef, ghijkl give place to one sequence abcdefghijkl.“¹¹⁶ Und in Bezug auf Protein-Ketten notiert sie:

“These molecules are held together end to end by bonds of a suitable character. This sequences of molecules end-to-end is said to constitute the protein pattern of the individual

112 Koltzoff 1927, S. 368.

113 Etwa bei John B. Leathes: „There are not more than about twenty different amino acids, so that some of them must occur several times in the chain [...]. In any such isolated protein it is probable that the order as well as the proportion in which each amino acid occurs in the molecule is fixed, and it is this specific order and proportion that accounts for the specific character and properties of the protein.“ John B. Leathes: „Function and Design“, in: *Science*, Vol. 64, No. 1660, Okt. 22, 1926, S. 387-394, hier S. 388.

114 Vgl. Olby 1974, S. 103f.

115 Dorothy M. Wrinch: „On the molecular structure of chromosomes“ in: *Protoplasma* 25, 1936, S. 550-569, hier S. 557.

116 Wrinch 1936, S. 553.

chromosome and a micelle is to consist of a large number of identical sequences in parallel. I have therefore defined (1934) the protein pattern of an individual chromosome as a sequence of molecules

...NH-CO-CHP-NH-CO-CHQ-NH-CO-CHR-NH...

placed end to end [...] The protein pattern may therefore be expressed in terms of the side chains of the constituent molecules ...PQR ... and in the most general case of n molecules end to end may be written in the form of a sequence of sequences of units

A1B1C1...X1Y1Z1, A2B2C2...X2Y2Z2, ..., ..., AnBnCn...XnYnZn"¹¹⁷

Es ist hier deutlich zu erkennen, dass die Annahme, dass die lineare Abfolge der Proteinmoleküle in einer Molekülkette für die genetische Identität verantwortlich ist, es nahelegt, diese Abfolge als Abfolge von Buchstaben und Buchstabengruppen zu notieren. Man könnte es so ausdrücken: Der Verschriftlichung liegt die Annahme einer strukturellen Analogie von Chromosom und Schrift zugrunde.¹¹⁸ Wrinch hat zwar die materielle Struktur des Chromosoms im Rahmen des Nukleoprotein-Paradigmas als ein Gefüge aus Protein und Nukleinsäure beschrieben, ihr entscheidender Schritt war aber, genetische Spezifität mit der sequenziellen Anordnung von Molekülen zu verbinden, denn es war diese Denkfigur, die den Rahmen bildete, in dem in der Folgezeit physikalische Struktur- und biochemische Sequenzanalysen stattfanden. William Astbury knüpfte direkt an Wrinch an, als er 1938 beim *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* Ergebnisse von Röntgenstrukturuntersuchungen vorstellte, die die Annahme der „linearen Sequenz von Genen“ auf molekularer Basis von Proteinketten stützen, und er folgert mit Hinweis auf deren unterschiedliche Möglichkeiten der Konfiguration und Faltung: „it is but natural to assume [...] that they form the long scroll on which is written the pattern of life.“¹¹⁹ In den 1940er Jahren ermöglichten neue Verfahren von Fraktionierungstechniken Fred Sangers Forschungsgruppe in Cambridge die Sequenzierung von Proteinen – und zwar ausdrücklich in Fortführung der Arbeiten Emil Fischers.¹²⁰

Mit Sanger und Astbury sind wir im unmittelbaren wissenschaftlichen Umfeld von Francis Crick angelangt: der Zusammenhang zwischen den kristallographischen und den biochemischen Forschungsgruppen war in England zu Beginn der 1950er Jahre eng genug, dass Crick und Watson sowohl mit Astburys Bildern als auch mit ersten Ergebnissen von Sangers Sequenzanalysen arbeiten konnten.¹²¹ Es bedurfte ‚nur‘ noch zweier epistemischer Neuorientierungen, die sich beide im Laufe der 1940er

117 Wrinch 1936, S. 556.

118 Ähnliche Notationsweisen finden sich auch in: Max Bergmann / Carl Niemann: „Newer Biological Aspects of Protein Chemistry“, in: *Science*, Vol. 86, No. 2226, Aug. 27, 1937, S.187-190, hier S. 188.

119 William T. Astbury/ Florence O. Bell: „Some recent Developments in the X-ray Study of Proteins and related Structures“ in: *Cold Spring Harbor Symposia on quantitative Biology*, Nr. 6, 1938, S. 109-118, hier S. 114.

120 Vgl. Soraya de Chadarevian: „Sequences, Confirmation, Information: Biochemists and Molecular Biologists in the 1950s“, in: *Journal of the History of Biology*, No. 29, 1996, S. 361-386.

121 Vgl. Watsons Brief an Max Delbrück vom 12. März 1953. James D. Watson: *Die Doppelhelix. Ein persönlicher Bericht über die Entdeckung der DNS-Struktur*, S. 208-210. Und: Chadarevian 1996, S. 375.

Jahre vollzogen, nämlich erstens, der (schon genannten) konzeptuellen Wende, DNA und nicht Proteine oder Nukleoproteine als Erbsubstanz zu identifizieren und, zweitens, der Auflösung der gemäß der Tetranukleotidhypothese angenommenen starren Anordnung der Nukleinsäurebasen, so dass DNA als kombinatorische Sequenz erscheinen konnte, die das Potenzial einer Erbsubstanz zu tragen vermag. Diese für die Forschung immense Leistung stellt sich ideengeschichtlich als eine Verlagerung der Denkfigur, die am Protein-Molekül entwickelt wurde, auf das Nukleinsäuremolekül dar, wodurch mit der DNA eine Substanz faßbar wurde, die ausschließlich die beiden genetischen Aufgaben (Formkonstanz und Entwicklungspotenzial), keine lebensphysiologischen zu übernehmen hatte.

Wir sehen also, dass sich in der ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie aus verschiedenen Traditionssträngen ein sich verdichtendes Bild zusammenfügt, das die Erbsubstanz als eine sequenzielle Ordnung von Elementen zeigt, die sich materialiter in linearer Kettenstruktur manifestiert; wir sehen auch, dass dieser Befund sowohl analogische Verweise auf skripturale Phänomene wie Buchstaben, Texte und Schriftrollen nahelegt (und zwar in einer sich so aufdrängenden Weise, dass sie in einer Vielzahl von Texten aufgerufen wird), als auch auf der Ebene technischer Notation regelmäßig lineare Buchstabenfolgen zum Einsatz kommen läßt. Es ist daher nicht verwunderlich, dass bei den Publikationen von Crick und Watson 1953/54 zuerst und durchgängig dieses Konzept einer linearen Sequenz als konstitutive Grundlage der Argumentation zum Einsatz kommt. Sehen wir uns drei Textstellen im Vergleich an:

Crick / Watson April 1953:

„The *sequence of bases* on a single chain does not appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the *sequence of bases on one chain is given, then the sequence of the other chain is automatically determined*. [...] It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the *genetical material*.”¹²² (Die Begriffe Code und Information finden sich in diesem Text noch nicht.)

Crick / Watson Mai 1953:

“The phosphat-sugar backbone of our model is completely regular, but any *sequence of the pairs of bases* can fit into the structure. It follows that in a long molecule many different permutations are possible, and it therefore seems likely that *the precise sequence of the bases is the code which carries the genetical information*. If the actual order of the bases on one of the pair of chains were given, one could *write down the exact order* of the bases on the other one, because of the specific pairing.”¹²³

122 James D. Watson/ Francis Crick: „Molecular Structure of Nucleic Acids. A Structure for Desoxyribose Nucleic Acid“, in: *Nature* 171, April 25, 1953, S. 737-738, hier S. 737.

123 James D. Watson / Francis Crick: “Genetical Implications of the Structure of Desoxyribonucleic Acid”, in: *Nature* 171, May 30, 1953, S. 964-967, hier S. 965, Herv. WK.

Crick Oktober 1954:

“We suspect that the *sequence of the bases acts as a kind of genetic code*. Such an arrangement can *carry* an enormous amount of *information*. [...] The physicist George Gamow has recently suggested in a rather abstract way how this *information* might be *transmitted* ...”¹²⁴

Die drei Zitate zeigen eine terminologische Entwicklung. Im April 1953 ist nur von einer Basensequenz die Rede, die allerdings als genetisches Material fungiert. Einen Monat später wird diese Funktion mit einem Ausdruck des ‘Tragens von Information’ spezifiziert und einem ‘Code’ überantwortet, wobei der Begriff des Codes als Synonym für ‘präzise Sequenz der Basen’ eingeführt wird; für eine Anordnung, die auch hier technisch als unmittelbar verschriftlichbar erscheint. Im Oktober 1954 ist nun ‘Information’ schon als etwas denkbar, was sich von der materiellen Kette der Basensequenz löst und übertragen wird. Wir sehen also: Das Konzept einer linearen Anordnung, einer kombinatorischen Sequenz einer begrenzten Anzahl von Elemente ist das grundlegende Konzept, auf dem auch Begriffe wie Code und Information basieren. Das Phänomen einer Sequenz, die in dauerhafter Beständigkeit manifestiert ist, als Kombinatorik distinkter Elemente konstituiert ist und in einem referenziellen Verhältnis zu einer zweiten Ordnung steht, legte die Verwendung skripturaler Denkfiguren, Darstellungsformen und Begriffe nahe. Und dieses Sequenzkonzept mit seinen skripturalen Implikaten hat – wie wir verfolgen konnten – eine jahrzehntelange Tradition in genetischen und biochemischen Diskursen und ist aufs engste mit genuin biologischen Fragestellungen und Forschungen verknüpft.

Bevor wir nun noch einen Blick auf die historischen Umstände des Einsatzes des Code- und des Informationsbegriffes in der ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie werfen, sei hier angemerkt, dass das Konzept einer Sequenz, wie es in der Biologie phänomenal in Erscheinung trat und sich mit der Denkfigur skripturaler Anordnung verband, umgekehrt auch für den Schriftbegriff instruktiv ist. Mit dem Konzept der Sequenz tritt nämlich das Phänomen einer Abfolge von Elementen im Sinne eines pragmatisch relevanten Nacheinanders auf den Plan. Damit läßt sich eine zentrale Einsicht der jüngeren Schriftforschung präzisieren. Diese stellte nämlich heraus, dass sich Schrift über die Linearität der Buchstabenfolgen hinaus die Zweidimensionalität des Schriftbildes zunutze macht.¹²⁵ Mit dem Sequenzbegriff läßt sich nun das Phänomen fassen, dass Schriftpraktiken häufig durch eine geregelte Abfolge von Schreib- oder Leseakten charakterisiert sind, auch ohne dass die Anordnung der Elemente an vorgegebene Raumlinien gebunden wäre. Das Beispiel des Multiplizierens oder Dividierens mit der geregelten Sequenz von Sprüngen von Teilergebnissen zum Notat der Aufgabenformel, von dort zur Anschreibung eines weiteren Teilergebnisses usw. demonstriert eindrücklich, dass die Zweidimensionalität des Schriftbildes (anders als bei ‚gewöhnlichen‘ Bildern) nicht die Ordnung der Sukzession aufheben muss. Vielmehr können wir eines der Potenziale, die Schrift epistemologisch so relevant macht, gerade in dieser Möglichkeit sehen, Simultaneität und Sukzession miteinander zu verbinden. Dass im Schreiben und Lesen stets ein Teil des Geschriebenen/ Gelesenen präsent ist, und als präsent

¹²⁴ Crick 1954, S. 60f., Herv. WK.

¹²⁵ Vgl. Krämer 2003, S. 159f.

Konfiguration Übergänge zu den nachfolgend aktualisierten Elementen ‚regelt‘, dieses skriptomale Phänomen zu erfassen, ermöglicht der Terminus der Sequenzialität.

5. Das Rätsel des Lebendigen: Code, Information und eine verwirrende Verschmelzung von Analogien

Der Begriff des Codes tritt erst auf den Plan, *nachdem* nahezu alle konzeptuell entscheidenden Schritte, die wir in der ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie rekonstruiert haben, vollzogen waren. Erwin Schrödinger verwendet in seinem im Dezember 1944 publizierten Buch *What is Life? The physical aspect of the living cell* zum ersten Mal den Begriff *Code-Script* für die genetische Struktur. Eine genaue Analyse von Schrödingers Text (die ich hier nur im Ergebnis vorstellen kann), fördert Motive für diesen Einsatz zu Tage, die weit weniger mit den biologischen Phänomenen verbunden sind als sich dies für die Denkfigur einer Buchstabensequenz konstatieren ließ.

Schrödinger gibt in seinem Buch eine die Sicht seiner Zeit durchaus angemessen resümierende Darstellung der biologischen Problematik. Er hält das Gen für „ein großes Proteinmolekül“¹²⁶ – was in den 1930ern und 1940ern gemeinhin galt –, er referiert mit Darlington die Überzeugung, die Streifenstruktur auf dem Chromosomenfaden zeige die Gene¹²⁷, mit Muller und Morgan beschreibt er die Vererbbarkeit von Mutationen¹²⁸ und er stellt die Grundfrage der Biologie in der uns von Nägeli, Weismann und Crick her vertrauten Weise: „Es wurde oft gefragt, wie dieses winzige Stückchen Substanz, der Kern des befruchteten Eies, einen ausgeklügelten Schlüssel enthalten kann, der die ganze zukünftige Entwicklung des Organismus in sich birgt.“¹²⁹ Es ist nun diese Stelle der Theorie, an der Schrödinger den Code-Begriff einführt.

„Ich möchte hier das Wort ‚Muster‘ [‚pattern‘, im Orig.] eines Organismus im gleichen Sinne brauchen wie der Biologe, wenn er von einem ‚vierdimensionalen Muster‘ spricht; ich verstehe darunter nicht nur die Struktur und Funktionsweise dieses Organismus beim Erwachsenen oder auf irgendeiner anderen Altersstufe, sondern die Ganzheit seiner ontogenetischen Entwicklung vom befruchteten Ei bis zum Reifestadium, wenn der Organismus sich fortzupflanzen beginnt. Bekanntlich ist dieses ganze vierdimensionale Muster durch die Struktur jener einen Zelle, des befruchteten Eies bestimmt. Weiter wissen wir, dass es im wesentlichen durch die Struktur nur eines kleinen Teils jener Zelle, nämlich des Zellkerns, bestimmt ist. [...] In [den] Chromosomen – oder wahrscheinlich nur in einer achsenförmigen Skelettfaser von dem, was sich unter dem Mikroskop als Chromosom darstellt – ist *in einer Art Code* das vollständige *Muster* der zukünftigen Entwicklung des Individuums und

126 Erwin Schrödinger: *Was ist Leben? Die lebende Zelle mit den Augen des Physikers betrachtet*, München 2004, S. 70.

127 Schrödinger 2004, S. 69.

128 Schrödinger 2004, S. 75ff.

129 Schrödinger 2004, S. 111.

seines Funktionierens im Reifezustand *enthalten*.“¹³⁰

Diese Textpassage ist tatsächlich der erste Ort, an dem die Vokabel *Code* in der ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie auftaucht. Von der Sache her ist auch hier die vertraute biologische Problemstellung leicht zu erkennen. Die Dualität von Erbsubstanz und Organismus und die Relation zwischen den beiden Struktureinheiten, die hier in der Form *Ordnung A enthält Struktur und Funktionsweise von Ordnung B in einer Art Code* ausgedrückt ist, finden sich hier in bekannter Weise. Änderte es etwas, wenn hier *in einer Art Buchstabenfolge* stünde?

Der Codebegriff hat zwei historische Wurzeln, auf die die ihm eigene „Polysemie“ zurückzuführen ist: „in der öffentlichen Sphäre der Rechtssprechung und in der geheimen Sphäre der Kryptographie.“¹³¹ Beide Kontexte ruft Schrödinger auf, wenn er zum einen von Morse-Code, zum anderen von Gesetzbuch spricht. Während ein Gesetzbuch, etwa der *Code Napoléon*, eine „Vorschrift [...] enthält“, gilt für kryptographische Codes, dass sie „sekundäre Zeichensysteme“ sind, also Zeichensysteme, die andere Zeichensysteme darstellen.¹³² Schrödingers Argumentation lässt sich nun als subtile Strategie lesen, die konnotativen Felder beider Code-Begriffe aufzurufen und miteinander zu verschmelzen. Eine entscheidende Wendung auf diesem Weg besteht bereits darin, dass Schrödinger nicht vom Organismus, sondern vom *Muster des Organismus* spricht, das im genetischen Code enthalten sei. Dies evoziert ein Bild, dem gemäß sich die genetische Struktur primär auf eine andere formale Struktur bezieht und erst sekundär, über diese vermittelt, auf etwas Lebendiges. Die Rede vom „Muster eines Organismus“ könnte Schrödingers Motiv dafür gewesen sein, das Konzept eines sekundären Zeichensystems aufzurufen, und nicht etwa von Buchstabenfolgen zu sprechen. Gegründet ist dieses Motiv offensichtlich in der Ordnungsfrage, unter deren Blickwinkel der Physiker Schrödinger die biologische Fragestellung angeht¹³³: nicht der lebendige Organismus, sondern seine Ordnungsgestalt, also sein Muster ist es, was das Lebewesen als ein sich von negativer Entropie nähendem Wesen auszeichnet.¹³⁴ Doch die Idee, dass das Lebewesen in seiner lebendigen, phänomenalen Gestalt ein möglicherweise als semiotisch zu verstehendes Muster hat, diese Idee war in der ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie bis dahin nicht aufgetaucht. Von den biologischen Phänomenen her hatte sich stets nur nahegelegt, die Struktur der Erbsubstanz als eine Kombinatorik von Zeichenelementen aufzufassen, die Vorgänge und Gestaltungen des Lebendigen waren dagegen stets als Produkte dieser Kombinatorik verstanden, nicht selbst als Zeichensystem. Wie es schlecht motiviert ist, davon zu sprechen, dass die Aufführung eines Musikstückes in den Noten *codiert* ist (statt aufgeschrieben), oder der Bau eines Haus in seinem Bauplan *codiert* ist (statt aufgezeichnet), so gibt es im Kontext der ‚Vorgeschichte‘ keine von der Sache begründete Motivation, die Erbsubstanz mit einem *sekundären* Zeichensystem zu identifizieren.

Der Code-Begriff ist aber nicht nur im biologischen Kontext schlecht motiviert, er birgt darüber hinaus durch seine zweite Konnotation, die des ‚Gesetzbuchs‘, die Tendenz in sich, die entscheidende

130 Schrödinger 2004, S. 55-56, Herv. WK.

131 Winfried Nöth: *Handbuch der Semiotik*, Weimar u.a. 2000, S. 216.

132 Nöth 2000, S. 216.

133 Vgl. dazu: Keller 1998, S. 65-103. Und: E.J. Yoxen: „Where does Schroedinger’s ‘What is Life?’ belong in the History of Molecular Biology?“, in: *History of Science* 17, 1979, S. 17-52.

134 Vgl. Schrödinger 2004, S.128f.

biologische Fragestellung zu überspielen. In Bezug auf die Frage, wie die komplette Gestalt eines Organismus erblich in einer winzigen molekularen Struktur enthalten sein kann, schreibt Schrödinger, es komme nicht in Frage „einen Code willkürlich [arbitrarily, im Orig.] anzunehmen, da die Code-schrift selbst der wirksame Faktor sein muss, der die Entwicklung hervorruft.“¹³⁵ Und an anderer Stelle drückt er dies in der später viel zitierten Weise aus:

„Der Begriff ‚Code‘ ist selbstverständlich zu eng. Die Chromosomenstrukturen tragen gleichzeitig dazu bei, die Entwicklung, welche sie ahnen lassen, hervorzubringen. Sie sind zugleich Gesetzbuch und ausübende Gewalt, Plan des Architekten und Handwerker des Baumeisters.“¹³⁶

Die Einführung des Code-Begriffs geht also nicht nur mit einer Vertexualisierung des Physiologischen, sondern auch mit einer Akteurialisierung der Erbsubstanz einher. Diese wird nun nicht mehr nur in skripturalen Konzepten begriffen, sie wird nun zu einer verschlüsselten Schrift, die den Organismus als Klartext *hervorbringt*. Macht man sich klar, wie dieses Konzept des ‚Gesetzbuchs‘ im Sinne einer selbstexekutiven Vorschrift animiert ist, so wird offensichtlich, dass hier Vieles für die Analysen von Kritikerinnen wie Oyama, Kay und Keller spricht, die hier das metaphysische Konstrukt eines ‚unbewegten Bewegers‘ am Werk sehen.¹³⁷ Im Code-Begriff hat die Molekularbiologie tatsächlich die Haftung zu den biologischen Phänomenen verloren.

Noch problematischer wird die Lage in der Überformung dieser Konzeption durch die Einführung des Informationsbegriffs in der Denkfigur der Informationsübertragung. Als Schrödinger 1943/44 seine physikalische Philosophie des Lebendigen entwarf, spielte der Informationsbegriff noch keinerlei Rolle für biologische Fragen. Kybernetik, Informationstheorie und mathematische Theorien biologischer Automaten formierten sich in den Folgejahren erst allmählich zu einem diskursiven Feld, das dann Ende der 1940er Jahre durch eine Reihe von Publikationen Popularität erlangte: 1948 erschienen sowohl Norbert Wiensers *Cybernetics or Control and Communication in the Animal and the Machine* und Claude Shannons *The Mathematical Theory of Communication*, 1949 und 1952 trat John von Neumann mit seinen Vortragsreihen *The Theory and Organization of Complicated Automata* und *Probabilistic Logics and the Synthesis of Reliable Organisms from Unreliable Components* an die Öffentlichkeit;¹³⁸ ein wichtiger Katalysator für die Verschmelzung von biologischen und mathematischen Konzeptionen

135 Schrödinger 2004, S. 112.

136 Schrödinger 2004, S. 57.

137 Neben Kay (siehe Fußn. 8) haben auch Susan Oyama und Evelyn Fox Keller diese Kritik in prägnanten Formulierungen zum Ausdruck gebracht. Oyama: „A material object housed in every part of the organism, the gene seemed to bridge the gap between inert matter and design; in fact, *genetic information*, by virtue of the meanings of *in-formation* as ‚shaping‘ and as ‚animating‘, promised to supply just the cognitive and causal functions needed to make a heap of chemicals into a being.“ Susan Oyama: *The Ontogeny of Information. Developmental Systems and Evolution*, Duke University Press 2000 (2. Aufl., 1. Aufl. 1985), S. 14 (Herv. im Orig.). Keller: „This [...] way of talking endowed the gene with a most curious constellation of properties. At one and the same time, the gene was bestowed with the properties of materiality, agency, life, and mind. [...] Part physicist’s atom and part platonic soul, it was assumed capable simultaneously of animating the organism and of directing (as well as enacting) its construction.“ Evelyn Fox Keller: *The Century of the Gene*, Harvard University Press, Cambridge (MA) u.a. 2000, S. 46f.

138 vgl. Kay 2001, S. 159.

waren die zehn interdisziplinären Macy-Konferenzen, die zwischen 1946 und 1953 stattfanden.

Die Geschichte der Kybernetik und ihrer Verwicklung mit der Frage nach Strukturen des Organischen ist ausführlich dokumentiert und beschrieben worden.¹³⁹ Auch der nachrichtentechnische Informationsbegriff, der in diesem diskursiven Kontext aufgegriffen wurde, ist Gegenstand ausführlicher Erörterungen geworden. Ein entscheidender Punkt, auf den ich hier hinweisen möchte, ist allerdings nicht ausreichend zur Geltung gebracht worden: Betrachtet man nämlich die Einführung des Informationsbegriffs vor dem Hintergrund der hier rekonstruierten ‚Vorgeschichte‘ der Molekularbiologie, so zeigt sich, dass dieser zentrale Terminus die biologische Problemstellung eher verdeckt als konturiert, das Problem mehr suspendiert als es löst. Denn Frage war ja gerade, wie der Formierungsvorgang des Organismus (im Sinne einer Herstellung des Gleichen) aus einem phänomenal völlig Anderem (nämlich aus den elementaren Strukturen der Erbsubstanz), wie also die offensichtlich zielführende Genese der Ordnungsgestalt des Organismus verstanden werden kann. Indem nun durch die Einführung des Informationsbegriffs eine ontologische Entität mit dem Namen ‚Information‘ geschaffen wurde, von der gesagt wird, dass sie in der DNA *vorhanden* ist, *gespeichert* und *übertragen* werden kann, wird die Frage ausgeblendet, wie denn dieser ‚rätselhafte‘ Gestaltungsvorgang zu begreifen ist. Indem die Gestalt in der Gegebenheitsweise einer ontisch (als ‚seiend‘) verstandenen Information immer schon als gegeben vorausgesetzt wird, wird der eminente Vorgang der Gestaltgenese konzeptuell ausgeblendet.

In der wiederholten Überlagerung von Schichten terminologischer Anleihen, wie dies beim Begriffsfeld Information in der entstehenden Molekularbiologie der Fall ist, ist der Problem- und Phänomenbezug der molekularbiologischen Terminologie fragwürdig geworden. Hier erscheint es nun plausibel, wenn Lily Kay schreibt, „Informationsdiskurs und Schriftrepräsentation des Lebens [sind] unentwirrbar verknüpft“¹⁴⁰ worden: ohne den von ihr rekonstruierten Hintergrund einer im *Zweiten Weltkrieg* entstandenen und im *Kalten Krieg* noch intensivierten Rhetorik von Kryptoanalyse, Kontrolle, Steuerung, Information und Befehl hätte die Durchsetzung eines in seinen Elementen so inkompatiblen Bildes wohl kaum möglich werden können.

Wenn also Crick formuliert, „*the sequence of the bases acts as a kind of genetic code*“ und ergänzt: „[s]uch an arrangement can *carry* an enormous amount of *information*“ und schließlich die Frage thematisiert „*how this information might be transmitted ...*“¹⁴¹, dann verschmilzt er die verschiedenen Denkfiguren, die wir hier in ihrer Heterogenität und chronologischen Differenzierung rekonstruiert haben, zu einem einzigen Konvolut, das nur auf der Oberfläche, und nur unter bestimmten diskursiven Rahmenbedingungen Plausibilität gewinnen kann.

Sehen wir uns gleichsam in einer Draufsicht an, welche Relationen zwischen Erbsubstanz (A) und Organismus (B) hier gleichzeitig angenommen werden, so lassen sich sechs unterschiedliche Konstellationen herausarbeiten:

139 Vgl. Kay 2001; Keller 1998; Des weiteren: Peter Galison: „Die Ontologie des Feindes. Norbert Wiener und die Vision der Kybernetik“, in: Michael Hagner (Hg.), *Ansichten der Wissenschaftsgeschichte*, Frankfurt/M. 2001, S. 433-485; Michael Hagner/ Erich Hörl (Hg.): *Die Transformation des Humanen*, Frankfurt/ M. 2008.

140 Kay 2001, S. 19.

141 Crick 1954, S. 60f., Herv. WK.

	A (Erbsubstanz)	B (Organismus)
1	skripturale Notation	Aus-/Aufführung
2	Zeichen (Signifikant)	Bedeutung (Signifikat)
3	Steuernendes/ Kontrollierendes	Gesteuertes/ Kontrolliertes
4	Produzierendes	Produkt
5	Code	entschlüsselter Text
6	Sender	Empfänger

In dieser Zusammenstellung von Relationen wird auf einen Blick deutlich, dass sie nicht als Synonyme oder ergänzende Bestimmungsstücke der gleichen Relation verständlich gemacht werden können. Jeder Versuch der Abbildung dieser Relationen aufeinander stößt schnell an Grenzen dessen, was sich sinnhaft ausdrücken lässt.

Es zeigt sich, dass diese Konzeptionen einander inkompatibel auf die Frage antworten, wie das Verhältnis zwischen Erbsubstanz und phänomenalem Organismus zu verstehen ist. Doch statt des Versuches, solche Analogisierungen zu unterbinden, ist eine Differenzierung und Diskussion der Analogisierungen in Hinsicht auf ihre Gebundenheit an biologische Phänomene und Fragestellungen sinnvoll. So kann deutlich werden, dass die Verwendung ‚ontologisch entfernter‘ Begriffe (hier: semi-otischer Begriffe in der Biologie) durchaus sachhaltig sein kann: die Ausweitung eines begrifflichen Konzepts auf Phänomene, mit denen es bis dahin nicht verbunden war, kann geeignet sein, phänomenale Aspekte zum Ausdruck zu bringen, die ansonsten nicht erfasst werden könnten. Wenn Lily Kay in ihrem Schlusswort „die so glatten skripturalen Analogien“ zugleich mit den „Vorstellungen von einer linearen Kausalität“¹⁴² kritisiert, dann sitzt sie der gleichen Verschmelzung von Denkfiguren auf, die auch der konzeptuellen Konstitution der Molekularbiologie zugrundelag. Denn – wie wir sahen – ist das Konzept einer kombinatorischen und referenziellen Sequenz von Elementen erst in der Überformung durch Konzepte von Kodierung und Informationsübertragung mit Attributen deterministischer Kontroll- und Exekutionskompetenzen versehen worden, die die skripturale Terminologie überhaupt nicht impliziert. Texte, Notenblätter, Baupläne und Rezepte verstehen wir nicht als akteuriale Wesen, die sich autonom zur Aus-/ Aufführung bringen, sondern als Strukturen, die der kompetenten Interpretation bedürfen. Anders gesagt: textuelle Strukturen enthalten nicht zugleich die Regeln ihrer Aus-/ Aufführung (der Versuch, diese Regeln im Text ebenfalls zu verschriftlichen, würde erfordern, den Gebrauch der Regel wiederum zu regeln und so weiter ad infinitum). Die skripturale Terminologie ist also überhaupt nicht geeignet, das zu befördern, was in der Kritik der Molekularbiologie als Determinismus verhandelt wird.

Den Kritiker/innen ist insofern zuzustimmen, als die Relation zwischen DNA und Proteinen im sogenannten ‚Zentralen Dogma‘ der Molekularbiologie tatsächlich deterministisch konzipiert wurde. Jedoch hat sich – gleichsam auf einem Nebengleis – die biologische Problemlage und ihr Ausdruck in skripturaler Terminologie stets im ursprünglichen Sinne erhalten. Blicken wir noch einmal in das bereits zitierte Lehrbuch der Molekularbiologie. Auf Seite 225 lesen wir dort:

¹⁴² Kay 2001, S. 420.

„Wie können genetische Informationen, die in einem Alphabet aus nur vier ‚Buchstaben‘ – den vier verschiedenen Nucleotiden der DNA – geschrieben sind, die Entstehung eines Bakteriums, einer Fliege oder eines Menschen steuern?“

Weiter unten finden wir dieses Bild einer steuernden DNA schon um eine gravierende Wendung transformiert:

„Die DNA steuert die Proteinsynthese nicht selbst, sondern wirkt eher als Manager, der die verschiedenen Aufgaben an eine Gruppe von Arbeitern delegiert.“¹⁴³

Doch auch der Managerposten bleibt der DNA nicht erhalten, wenn es um die Frage geht, wie die Proteinsynthese in der Zelle konkret abläuft:

„Wie wird die Kontrolle der Genexpression durchgeführt? In Kapitel 7 haben wir gesehen, daß es auf dem Weg von der DNA zu den Proteinen viele Schritte gibt, die prinzipiell alle reguliert werden können. Eine Zelle kann also die Synthese ihrer Proteine auf mehreren Wegen kontrollieren: wann und wie oft ein bestimmtes Gen transkribiert wird ...“¹⁴⁴

Nicht nur die Akteurialität und Produktivität, sondern auch die Kontrollfunktion sind gemäß dieser Formulierung von der DNA auf die Zelle übergegangen. Die Zelle als Ganze scheint nun darüber zu bestimmen, wie die DNA verwendet, wie, wann und wo sie transkribiert oder – wie es auch heißt – gelesen wird („Wir haben gesehen, dass eine Zelle viele verschiedene tRNAs herstellt, um den genetischen Code der DNA lesen zu können.“)¹⁴⁵ Wir sehen also: die basale skriptomale Terminologie einer notationalen Sequenz bleibt gerade auch dort erhalten, wo der DNA überhaupt nicht die Position einer determinierenden Instanz zugeschrieben wird, wo sie – im Gegenteil – als eine passive Struktur konzipiert wird, die im Gesamtzusammenhang des organischen Stoffwechsels verwendet wird („Ob ein Gen exprimiert wird oder nicht, hängt von mehreren Faktoren ab, darunter der Zelltyp, die Umgebung der Zelle, ihr Alter und extrazelluläre Signale“¹⁴⁶).

Wir können also festhalten: Das fundamentale biologische ‚Rätsel‘, wie sich die gleiche organische Gestalt in der Generationenfolge immer wieder aus einer einzigen Zelle entwickeln kann, wird durch die skriptomalen Begriffe der Buchstabensequenz, des Ablesens, des Korrekturlesens, der Transkription (etc.) in einer phänomenal reichhaltigen Weise zum Ausdruck gebracht, wobei diese Ausdrucksweise auch dem Sachverhalt Rechnung trägt, dass die DNA nicht als eine akteuriale, produktive Instanz anzusehen ist, sondern als eine Struktur, die erst dann in ihrem gestalterischen Potenzial zur Geltung kommen kann, wenn ihre Ordnungsstruktur in einem zweiten Medium formbildend ausgetragen wird. Die Verwandtschaft dieser Konstellation zu Vorgängen des Lesens, bei denen die Schrift die Bewegung des Körpers und des Blicks genau dann und nur insofern steuert, als dieser zu lesen

143 Alberts 2001, S. 225.

144 Alberts 2001, S. 275.

145 Alberts 2001, S. 242.

146 Alberts 2001, S. 276.

beginnt und sich im Lesen befindet, tritt deutlich hervor, wenn man sie von den überlagernden Metaphern der Verschlüsselung, der handelnden Schrift und der Informationsübertragung befreit. Sicherlich birgt auch die skripturale Analogie die Gefahr in sich, Differentes und Spezifisches zu verdecken. Jedoch ist das Potenzial, das in der skripturalen Terminologie für eine phänomennahe Konzipierung fundamentaler Lebensvorgänge liegt, bei weitem nicht ausgeschöpft – zu schnell wurden diese Konzeptionsansätze durch solche überlagert, die weit mehr mit Möglichkeiten der Berechenbarkeit und Kontrollierbarkeit assoziiert sind als wir dies für Lesevorgänge annehmen können. Stellen wir aber Erkenntnis- vor Kontrollansprüche, dann ist durchaus zu erwarten, dass in der Perspektive der Schrift- und Leseforschung ein noch unausgeschöpftes heuristisches und konzeptuelles Potenzial zum Vorschein kommt, das erlaubt, ein vertieftes Verständnis für das ‚größte Räthsel der Abstammungslehre‘ zu gewinnen.

Literatur

Alberts, Bruce/ Bray, D./ Lewis, J./ Raff, M./ Roberts, K./ Walter, P.: *Lehrbuch der Molekularen Zellbiologie*, Weinheim 2001 (im Orig. 1998: *Essential Cell Biology. An Introduction to the Molecular Biology of the Cell*, Garland, New York and London).

Astbury, William T./ Bell, Florence O.: "Some Recent Developments in the X-ray Study of Proteins and Related Structures" in: *Cold Spring Harbor Symposia on quantitative Biology*, Nr. 6, 1938, S. 109-118.

Beadle, Georg W./ Tatum, Edward L.: "Genetic Control of Biochemical Reactions in Neurospora" in: *Proc. national Acad. Sci. U.S.A.*, 27, 1941, S. 499-506.

Bergmann, Max/ Niemann, Carl: "Newer Biological Aspects of Protein Chemistry", in: *Science*, Vol. 86, No. 2226, Aug. 27, 1937, S.187-190.

Blumenbach, Johannes Friedrich: *Über den Bildungstrieb und das Zeugungsgeschäft*, Göttingen 1781.

Chadarevian, Soraya de: "Sequences, Confirmation, Information: Biochemists and Molecular Biologists in the 1950s", in: *Journal of the History of Biology*, No. 29, 1996, S. 361-386.

Crick, Francis H. C./ Watson, James D.: "Molecular Structure of Nucleic Acids. A Structure for Desoxyribose Nucleic Acid", in: *Nature* 171, April 25, 1953, S. 737-738.

Crick, Francis/ Watson, James D.: "Genetical Implications of the Structure of Desoxyribonucleic Acid", in: *Nature* 171, May 30, 1953, S. 964-967.

Crick, Francis H. C.: "The Structure of Hereditary Material" in: *Scientific American*, Vol. 191, Oktober 1954, S. 54-61.

Flemming, Walther: *Zellsubstanz, Kern und Zellteilung*, Leipzig 1882.

Fischer, Emil: *Über Aminosäuren, Polypeptide und Proteine* (1899-1906), Berlin 1906.

Fischer, Ernst Peter: *Geschichte des Gens*, Frankfurt/M. 2003.

Galison, Peter: „Die Ontologie des Feindes. Norbert Wiener und die Vision der Kybernetik“, in: Michael Hagner (Hg.), *Ansichten der Wissenschaftsgeschichte*, Frankfurt/M. 2001, S. 433-485.

Hacking, Ian: *Was heißt ‚soziale Konstruktion‘? Zur Konjunktur einer Kampfvokabel in den Wissenschaften*, Frankfurt/M. 1999, S. 137-146.

- Hagner, Michael/ Hörl, Erich (Hg.): *Die Transformation des Humanen*, Frankfurt/ M. 2008.
- Hilbert, David: „Die Grundlagen der Mathematik“, in: *Abhandlungen aus dem mathematischen Seminar der Hamburgischen Universität*, Leipzig 1928, S. 65-85.
- Jacob, François: *Die Logik des Lebenden. Eine Geschichte der Vererbung*, Frankfurt/M. 2002.
- Jahn, Ilse (Hg.): *Geschichte der Biologie* (3.Aufl.), Heidelberg, Berlin 2000 (Sonderausgabe 2004).
- Janich, Peter: „Kritik des Informationsbegriffs in der Genetik“, in: *Theory in Biosciences*, 118, 1999, S. 66-84.
- Kay, Lily E.: *Das Buch des Lebens. Wer schrieb den genetischen Code?*, München u. a. 2001. (Im Orig.: *Who Wrote the Book of Life? A History of the Genetic Code*, Stanford University Press 2000).
- Kekulé, Friedrich A.: “The Scientific Aims and Achievements of Chemistry” in: *Nature*, 1878, June 20.
- Keller, Evelyn Fox: *Refiguring Life. Metaphors of Twentieth-Century Biology*, Columbia University Press, New York 1995.
- Keller, Evelyn Fox: *The Century of the Gene*, Harvard University Press, Cambridge (MA) u.a. 2000.
- Kogge, Werner/ Grube, Gernot: “Zur Einleitung: Was ist Schrift?”, in: Grube, Gernot/ Kogge, Werner/ Krämer, Sybille (Hg.): *Schrift. Kulturtechnik zwischen Auge, Hand und Maschine*, München 2005, S. 9-19.
- Kogge, Werner/ Grube, Gernot: “Der Begriff der Schrift und die Frage nach der Forschung in der Philosophie”, in: *Deutsche Zeitschrift für Philosophie* 2007 (1), S. 81-96.
- Koltzoff, Nikolaj K.: “Physikalisch-chemische Grundlagen der Morphologie” in: *Biologisches Zentralblatt* 48, 1928 (im Orig. 1927), S. 345-369.
- Kossel, Albrecht: “The Chemical Composition of the Cell” in: *The Harvey Lectures*, 1911-1912, S. 33-51.
- Krämer, Sybille: “‘Schriftbildlichkeit’ oder: Über eine (fast) vergessene Dimension der Schrift”, in: Krämer, Sybille/ Bredekamp, Horst (Hg.): *Bild-Schrift-Zahl*, München 2003, S. 157- 176.
- Leathes, John B.: „Function and Design“, in: *Science* , Vol. 64, No. 1660, Okt. 22, 1926, S. 387-394.

Mahner, Martin / Mario Bunge: *Philosophische Grundlagen der Biologie*, Berlin u.a., 2000 S. 280.

Maynard-Smith, John: „The Concept of Information in Biology“, in: *Philosophy of Science*, 67, June 2000, S.177-194.

Morgan, Thomas H./ Sturtevant A. H./ Muller H. J./ Bridges C. B.: *The Mechanism of Mendelian Heredity*, New York 1915.

Morgan, Thomas H.: *The Physical Basis of Heredity*, Philadelphia, London 1919 (dt. Ausgabe: *Die Stoffliche Grundlage der Vererbung*, Berlin 1921).

Nägeli, Carl Wilhelm: *Mechanisch-physiologische Theorie der Abstammungslehre*, München, Leipzig 1884.

Nöth, Winfried: *Handbuch der Semiotik*, Weimar u.a. 2000.

Olby, Robert: *The Path to the Double Helix. The Discovery of DNA*, New York 1994.

Oyama, Susan: *The Ontogeny of Information. Developmental Systems and Evolution*, Duke University Press 2000 (2. Aufl., 1. Aufl. 1985).

Penzlin, Heinz: „Die vergleichende Tierphysiologie“ in: Jahn 2000 (2004), S. 462-498.

Pfützner, Wilhelm: „Über den feineren Bau der bei der Zelltheilung auftretenden fadenförmigen Differenzirungen des Zellkerns. Ein Beitrag zur Lehre vom Bau des Zellkerns“, in: *Morphologisches Jahrbuch*, 7, 1881, S. 289- 311.

Pflüger, Eduard F. W.: „Beiträge zur Lehre von der Respiration. Über die physiologische Verbrennung in den lebendigen Organismen“, in: *Pflüger's Arch. Ges. Physiol.* 10, 1875.

Pierer's Universallexikon der Vergangenheit und Gegenwart oder: Neuestes encyclopädisches Wörterbuch der Wissenschaften, Künste und Gewerbe, Altenburg 1862, Band 15.

Rheinberger, Hans-Jörg, „Von Mendel zu Postgenomics“, in: Honnefelder, Ludger / Propping, Peter (Hg.): *Was wissen wir, wenn wir das menschliche Genom kennen?*, Köln 2001, S. 119-127.

Rheinberger, Hans-Jörg : „Kurze Geschichte der Molekularbiologie“, in: Jahn, Ilse (Hg.): *Geschichte der Biologie* (3.Aufl.), Heidelberg, Berlin 2000 (Sonderausgabe 2004), S. 642-663.

Roux, Wilhelm: *Über die Bedeutung der Kerntheilungsfiguren. Eine hypothetische Erörterung*, Leipzig, 1883.

Schrödinger, Erwin: *Was ist Leben? Die lebende Zelle mit den Augen des Physikers betrachtet*, München 2004.

Watson, James D.: *Die Doppelhelix. Ein persönlicher Bericht über die Entdeckung der DNS-Struktur*, Reinbek bei Hamburg 1973 (im Orig. 1968).

Weismann, August: *Amphimixis oder Die Vermischung der Individuen*, Jena 1891.

Weismann, August: *Die Continuität des Keimplasma. Als Grundlage der Theorie der Vererbung*, Jena 1892a (2. Aufl.; 1. Aufl. 1885).

Weismann, August: *Das Keimplasma. Eine Theorie der Vererbung*, Jena 1892b.

Weismann, August: „Die Keimplasmatheorie“, in: *Vorträge über Deszendenztheorie*, Jena 1902, Bd. 1, 3, Vortrag XVII.

Weismann, August: „Antheil der Eltern am Aufbau des Kindes“, in: *Vorträge über Deszendenztheorie*, Jena 1902, Bd. 1., Vortrag XXII.

Rezension zu: „A. Weismann: Die Continuität des Keimplasmas als Grundlage einer Theorie der Vererbung“, in: *Naturwissenschaftliche Rundschau*, Band 1, Heft 1, 1886, S. 6-7.

Weß, Ludger: *Die Träume der Genetik. Gentechnische Utopien von sozialem Fortschritt*, Nördlingen 1989.

Wrinch, Dorothy M.: „On the Molecular Structure of Chromosomes“ in: *Protoplasma* 25, 1936, S. 550-569.

Yoxen, E. J.: “Where does Schroedinger’s ‘What is Life?’ belong in the History of Molecular Biology?”, in: *History of Science* 17, 1979, S. 17-52.

MAX-PLANCK-INSTITUT FÜR WISSENSCHAFTSGESCHICHTE

Max Planck Institute for the History of Science

Preprints since 2009 (a full list can be found at our website)

- 364** Angelo Baracca, Leopoldo Nuti, Jürgen Renn, Reiner Braun, Matteo Gerlini, Marilena Gala, and Albert Presas i Puig (eds.) **Nuclear Proliferation: History and Present Problems**
- 365** Viola van Beek „Man lasse doch diese Dinge selber einmal sprechen“ – Experimentierkästen, Experimentalanleitungen und Erzählungen um 1900
- 366** Julia Kursell (Hrsg.) **Physiologie des Klaviers**. Vorträge und Konzerte zur Wissenschaftsgeschichte der Musik
- 367** Hubert Laitko **Strategen, Organisatoren, Kritiker, Dissidenten – Verhaltensmuster prominenter Naturwissenschaftler der DDR in den 50er und 60er Jahren des 20. Jahrhunderts**
- 368** Renate Wahsner & Horst-Heino v. Borzeszkowski **Naturwissenschaft und Weltbild**
- 369** Dieter Hoffmann, Hole Rößler, Gerald Reuther „Lachkabinett“ und „großes Fest“ der Physiker. Walter Grotrians „physikalischer Einakter“ zu Max Plancks 80. Geburtstag.
- 370** Shaul Katzir **From academic physics to invention and industry: the course of Hermann Aron's (1845–1913) career**
- 371** Larrie D. Ferreiro **The Aristotelian Heritage in Early Naval Architecture, from the Venetian Arsenal to the French Navy, 1500–1700**
- 372** Christof Windgätter **Ansichtssachen. Zur Typographie- und Farbpolitik des Internationalen Psychoanalytischen Verlages (1919–1938)**
- 373** Martin Thiering **Linguistic Categorization of Topological Spatial Relations**. (TOPOI – Towards a Historical Epistemology of Space)
- 374** Uljana Feest, Hans-Jörg Rheinberger, Günter Abel (eds.) **Epistemic Objects**
- 375** Ludmila Hyman **Vygotsky on Scientific Observation**
- 376** Anna Holterhoff **Naturwissenschaft versus Religion? Zum Verhältnis von Theologie und Kosmologie im 18. Jahrhundert** (TOPOI – Towards a Historical Epistemology of Space)
- 377** Fabian Krämer **The Persistent Image of an Unusual Centaur**. A Biography of Aldrovandi's Two-Legged Centaur Woodcut
- 378** José M. Pacheco **The mathematician Norberto Cuesta Dutari recovered from oblivion**
- 379** Tania Munz **“My Goose Child Martina”**. The Multiple Uses of Geese in Konrad Lorenz's Animal Behavior Studies, 1935–1988
- 380** Sabine Brauckmann, Christina Brandt, Denis Thieffry, Gerd B. Müller (eds.) **Graphing Genes, Cells, and Embryos**. Cultures of Seeing 3D and Beyond
- 381** Donald Salisbury **Translation and Commentary of Leon Rosenfeld's “Zur Quantelung der Wellenfelder”, *Annalen der Physik* 397,113 (1930)**
- 382** Jean-Paul Gaudillière, Daniel Kevles, Hans-Jörg Rheinberger (eds.) **Living Properties: Making Knowledge and Controlling Ownership in the History of Biology**
- 383** Arie Krampf **Translation of central banking to developing countries in the postwar period: The Case of the Bank of Israel**
- 384** Zur Shalev **Christian Pilgrimage and Ritual Measurement in Jerusalem**

- 385** Arne Schirrmacher (ed.) **Communicating Science in 20th Century Europe.** A Survey on Research and Comparative Perspectives
- 386** Thomas Sturm & Uljana Feest (eds.) **What (Good) is Historical Epistemology?**
- 387** Christoph Hoffmann und Lidia Westermann **Gottfried Benns Literaturreferate in der Berliner Klinischen Wochenschrift.** Faksimileabdruck und Einführung
- 388** Alfred Gierer **Wissenschaft, Religion und die deutungsoffenen Grundfragen der Biologie**
- 389** Horst Nowacki **The Heritage of Archimedes in Ship Hydrostatics: 2000 Years from Theories to Applications**
- 390** Jens Høyrup **Hesitating progress - the slow development toward algebraic symbolization in abacus- and related manuscripts, c.1300 to c.1550**
- 391** Horst-Heino v. Borzeszkowski & Renate Wahsner **Die Fassung der Welt unter der Form des Objekts und der philosophische Begriff der Objektivität**
- 392** Ana Barahona, Edna Suarez-Díaz, and Hans-Jörg Rheinberger (eds.) **The Hereditary Hourglass. Genetics and Epigenetics, 1868-2000**
- 393** Luis Campos and Alexander von Schwerin (eds.) **Making Mutations: Objects, Practices, Contexts**
- 394** Volkmar Schüller **Some Remarks on Prop. VIII Probl. II of Newton's Opticks Book I Part I**
- 395** Tamás Demeter **Hume's Experimental Method**
- 396** Fynn Ole Engler, Björn Henning und Karsten Böger **Transformationen der wissenschaftlichen Philosophie und ihre integrative Kraft - Wolfgang Köhler, Otto Neurath und Moritz Schlick**
- 397** Frank W. Stahnisch **«Der Rosenthal'sche Versuch» oder: Über den Ort produktiver Forschung - Zur Exkursion des physiologischen Experimentallabors von Isidor Rosenthal (1836-1915) von der Stadt aufs Land**
- 398** Angela Matyssek **Überleben und Restaurierung. Barnett Newmans *Who's afraid of Red, Yellow, and Blue III* und *Cathedra***
- 399** Susanne Lehmann-Brauns, Christian Sichau, Helmuth Trischler (eds.) **The Exhibition as Product and Generator of Scholarship**
- 400** Fynn Ole Engler und Jürgen Renn **Wissenschaftliche Philosophie, moderne Wissenschaft und Historische Epistemologie**
- 401** M. J. Geller **Look to the Stars: Babylonian medicine, magic, astrology and *melothesia***
- 402** Matthias Schemmel **Medieval Representations of Change and Their Early Modern Application (TOPOI - Towards a Historical Epistemology of Space)**
- 403** Frank W. Stahnisch **German-Speaking Émigré Neuroscientists in North America after 1933: Critical Reflections on Emigration-Induced Scientific Change**
- 404** Francesca Bordogna **Asceticism and Truth: The Case of 'Magic Pragmatism'**
- 405** Christoph Hoffmann and Alexandre Métraux (eds.) **Working with Instruments - Three Papers of Ernst Mach and Ludwig Mach** (Translated by Daniel Bowles)
- 406** Karin Krauthausen **Paul Valéry and Geometry: Instrument, Writing Model, Practice**
- 407** Wolfgang Lefèvre **Picturing the World of Mining in the Renaissance The *Schwazer Bergbuch* (1556)**
- 408** Tobias Breidenmoser, Fynn Ole Engler, Günther Jirikowski, Michael Pohl and Dieter G. Weiss **Transformation of Scientific Knowledge in Biology: Changes in our Understanding of the Living Cell through Microscopic Imaging**