

Bernhard Gill

Kettenmoleküle und Assoziationsketten - Metaphern in der Gentechnologie und Genomanalyse

Auch in den scheinbar so exakten Naturwissenschaften spielen Metaphern, Analogien oder Leitbilder eine große Rolle. Das ist wenig verwunderlich, weil naturwissenschaftliche Erklärungen und technische Entwürfe meist noch schwerer öffentlich zu vermitteln sind als sozialwissenschaftliche Befunde. Zwar wird über naturwissenschaftlich-technische Entwicklungen häufig nur in Fachkreisen entschieden, aufgrund ihres hohen Finanz- und Personalbedarfs sind sie aber auf allgemeine politische Zustimmung und auf bildungspolitische Zuarbeit angewiesen. Auch innerhalb der »Fachkreise« stellen sich vielfältige Vermittlungsprobleme: Zwischen den Spezialistengruppen oder Schulen in den einzelnen Disziplinen, die fachlich sehr stark »ausdifferenziert« bzw. zersplittert sind; zwischen den Fächern, die in der überwiegend instrumentengeleiteten Forschung und Entwicklung zusammenarbeiten müssen; und zwischen Wissenschaftlern, Ingenieuren, Administratoren und Konzernmanagern, die über konkurrierende Ansätze zu entscheiden haben. Doch selbst wenn nur die engsten Kreise der »Fachgemeinde« einbezogen wären, könnten sie sich nicht immer auf streng wissenschaftliche Darlegungen beschränken: Alle weitreichenderen Entwürfe enthalten notwendigerweise spekulative Momente, häufig auch einen utopischen Überschuß, der nur mit bildhaften oder narrativen Elementen imaginiert werden kann. Dieser Überschuß dient aber nicht nur zur Einwerbung äußerer Unterstützung, sondern auch der internen Überzeugung, Motivation und Stabilisierung (vgl. Dierkes 1992). Schließlich können Analogien unmittelbar heuristische Funktionen erfüllen, d.h. zur Generierung von Hypothesen und zum Entwurf von Experimenten beitragen (vgl. Kümmel 1989). Durch die Wahl der Analogien lassen sich auch technische bzw. kommerzielle Anschlußfähigkeiten und Synergismen suggerieren oder sogar erzeugen, wie dies etwa beim wechselseitigen Analogientransfer zwischen Molekularbiologie und Computertechnologie der Fall ist.

Doch nicht von Naturwissenschaft und Technik im allgemeinen, sondern nur von der Molekularbiologie und ihrer jüngsten Zuspitzung zu Genomprojekten soll hier die Rede sein. Die Molekularbiologie und mit ihr die Gentechnologie haben sich angeschickt, alles Lebendige, nicht zuletzt auch die Physis des Menschen, tiefgreifender zu erklären und weitrei-

chender umzugestalten. Ihre Analogien und Metaphern dürften daher gerade auch für Sozialwissenschaftler interessant sein, weil sie neue Expansionsansprüche der Biologie in den Bereich psychologischer oder gesellschaftlicher Zusammenhänge hinein markieren. Größere Aufmerksamkeit soll dabei den Genomprojekten gewidmet werden, weil hier die Ausdehnung der Erklärungsansprüche besonders deutlich wird.

1. Vom Gen zum Genom

In den 70er Jahren gelang es erstmals, Gene gezielt aus der DNS herauszuschneiden und in andere Organismen einzusetzen. Die Gentechnik eröffnete nun die Vorstellung, Gene als Merkmalsträger des Lebendigen über die natürlichen Erbschranken hinweg auf alle anderen Lebewesen übertragen zu können, um so ihre Eigenschaften in beliebiger Form, quasi wie in einem Baukastensystem, miteinander zu verknüpfen. Damit waren zugleich auch große kommerzielle Hoffnungen verbunden. Es eröffnete sich nun für die Pharmaindustrie die Perspektive, alle 50.000 - 100.000 Proteine des menschlichen Körpers relativ problemlos auf gentechnischem Wege herzustellen. Auch im Agrarsektor, in der Lebensmittelindustrie, bei der Abfall- und Giftmüllentsorgung, kurz: überall, wo Tiere, Pflanzen, Mikroorganismen und Enzyme im Spiel sind oder eingesetzt werden können, schienen viele lukrative Anwendungsmöglichkeiten in Sicht. *Genentech* wurde zum Prototyp von mit Wagniskapital gegründeten Forschungsfirmen, mit denen Akademiker ihre in der öffentlich finanzierten Wissenschaft erworbenen Erkenntnisse privat zu vermarkten suchten. Durch die Vergabe von Subventionen und den Abbau ordnungspolitischer Barrieren versuchten viele Industrieländer, den Technologietransfer von der Forschung zur Kommerzialisierung zu beschleunigen.

Es zeigte sich jedoch bald, daß zumindest die Hoffnungen auf schnelle kommerzielle Verwertung verfrüht waren. Die Denkweise, man könne mit den isolierten Genen oder Genprodukten auch isolierte Eigenschaften zwischen Organismen beliebig hin- und hertransferieren, ohne dabei die Wechselwirkung der Gene untereinander und mit den übrigen Bau- und Regulationsprinzipien der Spender- und Wirtsorganismen berücksichtigen zu müssen, stellte sich als zu grobe Vereinfachung heraus. Die ersten gentechnisch hergestellten Produkte auf dem Markt, wie Insulin, TPA und Interferon enttäuschten die hochgesteckten Erwartungen (vgl. Gill 1991). Die meisten der o.g. Forschungsfirmen gingen wegen ihrer dünnen Kapitaldecke in Konkurs oder wurden von großen Chemiekonzernen aufgekauft.

Trotz der kommerziellen Rückschläge wäre es sicher übertrieben, von »Krise« zu sprechen. Vielmehr lockt nach der Erforschung einzelner Gene und Genprodukte nun die Sequenzierung des gesamten Genoms. Was aber bedeutet »Sequenzierung des Genoms«? Die DNS wird als eine Aneinanderreihung von Basenpaaren aufgefaßt. Beim Menschen sind es ca. 2×3 Milliarden, bei einem Wurm ca. 2×100 Millionen, bei einem Bakterium ca. 1 Million, bei einem Virus ca. 1000 - um die ungefähren Größenordnungen anzugeben. Das Genom umfaßt die Summe aller Gene, einschließlich der Bereiche, die zwischen den einzelnen Genen liegen und nach heutiger Vorstellung keine Funktion haben. Als Sequenzierung bezeichnet man nun die Identifizierung der Reihenfolge der Basenpaare. Während man bisher schon einzelne, kleine Abschnitte des Genoms verschiedener Organismen sequenziert hat, stellt sich die Aufgabe der Gesamtsequenzierung vor allem als quantitatives Problem dar. Sie soll Rückschlüsse z.B. auf die Wechselwirkungen der Gene untereinander und ihre Gesamtregulation erlauben (Cantor 1988, S.11).

Das Projekt, das Genom eines Menschen zu sequenzieren, wurde erstmals 1984 und 1985 auf zwei Workshops in den USA diskutiert und dann von den beteiligten Wissenschaftlern der Fachöffentlichkeit vorgestellt. Dort löste es sofort heftige Kontroversen aus. Es wurde entgegengehalten, daß die Sequenz für sich genommen keinen wissenschaftlichen Wert besitze, weil man aus der Abfolge der Basenpaare allein die Funktion der betreffenden Gene nicht erschließen könne. Sinnvoller sei es, therapeutisch oder biologisch interessante Gene zu kartieren, zu sequenzieren und in ihrem Einfluß auf den Stoffwechsel zu bestimmen. Man einigte sich schließlich darauf, zunächst einmal eine genauere und flächendeckendere Kartierung des menschlichen Genoms vorzunehmen. Unter »Kartierung« versteht man die Zuordnung von leicht identifizierbaren DNS-Stücken, sog. Markern, zu Abschnitten auf den einzelnen Chromosomen. Die Kartierung war bisher schon im Rahmen der Erforschung von Erbkrankheiten zu diagnostischen Zwecken verfolgt worden. Sie wies aber besonders große Lücken vor allem dort auf, wo die Erforschung von Erbkrankheiten noch nicht weiter vorangekommen war bzw. keine Gene lagen, die bekannte Erbkrankheiten auslösen. Nun sollten in regelmäßigen Abständen über das Genom verteilt Marker erschlossen werden, an denen sich sowohl die Erforschung der Erbkrankheiten als auch die allgemeine Sequenzierung orientieren könnte. Außerdem sollten auch sog. Modellorganismen, wie z.B. die Maus, in das Programm einbezogen werden, um im Vergleich Rückschlüsse auf die evolutionäre und ontogenetische Bedeutung einzelner Sequenzen ziehen zu können - seither spricht man daher vom Genomprojekt in der Mehrzahl.

Hinter der inhaltlichen Auseinandersetzung stehen allerdings Interessensgegensätze, die als Konflikt zwischen *Big Science* und *Small Science* zu charakterisieren sind. Forciert wurde das Projekt in der Anfangsphase vor allem von Wissenschaftlern und Politikern, die in enger Beziehung zum *Department of Energy* (DoE) bzw. seinen Großforschungseinrichtungen (Los Alamos, Livermore, Berkeley) stehen (vgl. Singer 1990; Abels 1992). Da die Atomforschung für zivile und militärische Zwecke zunehmend an Bedeutung verlor, stellte sich die Frage nach deren Existenzberechtigung. Senator Domenici, in dessen Wahlkreis Los Alamos liegt, fragte 1987: »Was geschieht, wenn Frieden ausbricht?« (zit. n. Singer 1990, S.119). Schon in der Vergangenheit hatte man sich in den Laboratorien des DoE mit den Auswirkungen atomarer Strahlung auf das menschliche Genom befaßt. Außerdem standen große Rechenanlagen zur Verfügung. Besonders gut paßte die ursprüngliche Projektierung der Sequenzierungsinitiative aber zu den bürokratischen Strukturen des DoE: Die Genomsequenzierung würde eine organisierte Arbeitsteilung erfordern, bei der die einzelnen Arbeitsschritte planmäßig zugeteilt und die Ergebnisse zentral zusammengeführt würden. Dies steht im klaren Gegensatz zur bisherigen Vorgehensweise, bei der einzelne, vorwiegend universitäre Arbeitsgruppen in freier Kooperation und Konkurrenz sich die jeweils zu untersuchenden Genabschnitte gemäß ihren therapeutischen, kommerziellen oder intellektuellen Interessen wählen. Da zu erwarten war, daß das Geld für die Sequenzierung des menschlichen Genoms aus anderen Bereichen der biologischen Forschung abgezogen würde, mußten Gruppen, deren Forschung auf andere Organismen ausgerichtet war, Benachteiligungen fürchten.

Nachdem sich aber abzeichnete, daß die Genominitiative nicht aufzuhalten war, drängten einflußreiche Wissenschaftler und Politiker das *National Institute of Health* (NIH), das bisher die biomedizinische Forschung vorwiegend als *Small Science* gefördert hatte und deshalb auf breite Unterstützung in der *Community* rechnen konnte, sich zu beteiligen. Unter Vermittlung durch das *Office of Technology Assessment* (OTA), das National Research Council und den Kongreß kam es schließlich zur oben skizzierten inhaltlichen Kompromißlinie, zu einer Verständigung zwischen dem DoE und dem NIH sowie zur Etablierung einer Komplementärstruktur von *Big Science* und *Small Science*.

Mittlerweile hat ein neuer Konflikt für Aufruhr in der Fachöffentlichkeit gesorgt. Im Herbst 1991 meldete Craig Venter zusammen mit seiner Vorgesetzten, Bernadine Healy, der Direktorin des NIH, 337 Gen-Abschnitte aus dem menschlichen Gehirn zum Patent an. Anfang 1992 gaben sie einen zweiten Antrag über weitere 2.375 Gene ab. Gleichzeitig wurde be-

kannt, daß das *Medical Research Council* (MRC), das Zentrum der britischen Genomforschung, die Sequenzen von 2.000 menschlichen Gen-Abschnitten unter Verschuß hält. Die Patentierung von biologischen Proben ist zwar schon seit längerem üblich, nachdem das US-amerikanische Patentgericht Anfang der 80er Jahre »alles unter der Sonne mit Ausnahme des Menschen« für patentierbar erklärt hatte. Auch die Nicht-Weitergabe von wissenschaftlichen Informationen aus Gründen der Konkurrenz um Ruhm oder Geld war schon unter der Ägide von *Small Science* weitverbreitet.

Um aber die organisierte Arbeitsteilung zu ermöglichen, die mit den Genomprojekten angestrebt war, sollte nach Meinung vieler Forscher ein möglichst freier Informationsfluß aufrecht erhalten werden. Die meisten Wissenschaftler wollten das Projekt in internationaler Kooperation angehen und Konkurrenz um Nationalökonomie und Nationalprestige möglichst vermeiden. Zu diesem Zweck wurde auf supranationaler Ebene von Wissenschaftlern die *Human Genome Organization* (HUGO) gegründet, die die Genomforschung weltweit koordinieren soll, aber bisher von den nationalen Wissenschaftsadministrationen finanziell kaum unterstützt wurde. James Watson, der Miterfinder des Doppelhelix-Modells, unterdessen Direktor des Genomcenters am NIH, hatte eine frappierend einfache Idee, Nationalprestige und internationale Zusammenarbeit miteinander zu verbinden: Er wollte die einzelnen Chromosomen an die verschiedenen interessierten Länder austeilen. Die internationale Fachgemeinde wies diesen Vorschlag jedoch zurück, weil sie hierin die wissenschaftliche Autonomie durch nationale Bürokratien bedroht sah. In einem anderen Fall verlangte Watson von Japan größeres finanzielles Engagement in der Genomforschung und wollte andernfalls den Zugang der Japaner zu US-amerikanischen Datenbanken sperren lassen: »Es verstößt gegen das Amerikanische Nationalinteresse, das menschliche Genom zu entschlüsseln und die Daten dem Rest der Welt frei zur Verfügung zu stellen« (*Science*, Bd.246 (1989), S.576).

Aber mit der Patentierungsinitiative des NIH, die auf scharfe Kritik bei den meisten Wissenschaftlern stieß, will selbst Watson nichts zu tun haben. Er ist mittlerweile von seinem Posten beim NIH zurückgetreten. Venter hat jetzt eine Privatfirma gegründet, um die Sequenzen künftig selbst vermarkten zu können. Offenbar ist der Druck privater und nationaler Interessen zu groß, als daß das Genomprojekt nach den Prinzipien des freien wissenschaftlichen Austauschs gehandhabt werden könnte. Das US-Patentamt hat nun zu entscheiden, ob der Mensch, wenn schon nicht als ganzes, so doch immerhin stückchenweise zu patentieren ist.

2. Gebrauch und Semantik zentraler Metaphern

Gerade in der Gentechnik und Genomanalyse sind Wissenschaft, Technologie, Ökonomie und Politik tiefgreifend ineinander verwoben. Die sprachliche Verständigung innerhalb und zwischen diesen Subsystemen ist von vielen verschiedenen Metaphern begleitet. Es sind jedoch zwei zentrale Vorstellungskomplexe auszumachen, die durchgängig verbreitet sind und sich sowohl in wissenschaftlichen wie populärwissenschaftlichen Texten finden, aber unterschiedlich stark auf die umliegenden gesellschaftlichen Bereiche ausstrahlen.

Die mechanisch-materielle Metaphorik dient vor allem der räumlichen Veranschaulichung. Hier ein Beispiel aus dem Enquete-Bericht »Chancen und Risiken der Gentechnologie« (Herv. B.G.):

»Das genetische *Material* aller lebenden Organismen besteht aus DNA. Hierbei handelt es sich um ein *Fadenmolekül*, das aus nur vier *Bausteinen*, A, T, C und G (Basen/Nukleotide) besteht, die in zwei einander gegenüber liegenden *Ketten*, als sog. Doppelhelix, *spiralförmig* angeordnet sind. ... Die beiden in der Doppelhelix angeordneten *Fäden* lassen sich wie beim Öffnen eines *Reißverschlusses* voneinander trennen.« (Enquete 1987, S.11 f.)

Dagegen wird mit der informationellen Metaphorik vor allem auf die funktionelle Bedeutung des »genetischen Materials« hingewiesen. Hierzu ein anderes populärwissenschaftliches Beispiel (Herv. B.G.):

»Erst vor zwanzig Jahren knackten Forscher jenen *Code*, der die *Sprache* des Lebens ist, und der von allen Organismen *verstanden* wird. Das Geheimnis der *Erbinformation* liegt nämlich in der Reihenfolge der Nukleotid-*Bausteine*: Dem *Morsealphabet* vergleichbar, bilden jeweils drei Nukleotide - im Fachjargon Tripletts oder *Codon* genannt - die *Informationseinheit* für eine der zwanzig in der Natur vorkommenden Aminosäuren, den *Bausteinen* der *Eiweißstoffe*. Die Tripletts können mit einem *Wort* verglichen werden, das jeweils aus drei *Buchstaben* (A, T, G oder C in unterschiedlicher Kombination) zusammengesetzt ist. Mehrere *Wörter* - Tripletts bilden einen *Satz* - ein Gen - mit der *Bauanweisung* für den kompletten *Eiweißstoff*, der aus hunderten von Aminosäuren bestehen kann. Entsprechend umfangreich ist auch die Anzahl der *Wörter* in diesem *Satz*.« (Ritzert 1987, S.10 f.)

Wir sehen hier, wie Bausteine plötzlich zu Buchstaben mutieren, allgemeiner Stoff zu Information wird. Dieser Metaphernmix ist in populärwissenschaftlichen Darstellungen - soweit ich sehen kann - durchweg gebräuchlich. Er findet sich aber auch in dem Aufsatz, in dem James Watson und Francis Crick ihr Modell der Doppelhelix 1953 der wissenschaftlichen Fachöffentlichkeit vorgestellt haben (Herv. B.G.):

»The phosphate-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*.« (1953b, S.965 f.)

Die fast ausschließlich theoretische Leistung von Watson und Crick bestand darin, die biochemischen und röntgenkristallographischen Befunde, die man bis dahin über die Struktur der DNS gesammelt hatte, mit den

funktionellen Erfordernissen für die Erbsubstanz, die sich aus der Genetik ergaben, in einem chemischen Raummodell plausibel zu verknüpfen. Dabei haben sie die materiell-mechanischen Metaphern jeweils dort verwendet, wo sie die *strukturellen Aspekte* ihres Modells beschrieben haben, und die informationellen Metaphern da benutzt, wo sie auf dessen *funktionellen Aspekte* hingewiesen haben.

Wie Gunther Stent (1967), der selbst als Molekularbiologe in dieser Zeit aktiv war, in einer wissenschaftshistorischen Rekonstruktion herausgearbeitet hat, kann man die Etablierung des Doppelhelix-Modells, das die Formulierung des Zentralen Dogmas¹ zur Folge hatte, als »Sieg« der »informationellen Schule« und ihrer deduktiven Perspektive über die am dreidimensionalen stofflichen Kontext ansetzende »strukturalistische Schule« und ihre induktive Vorgehensweise interpretieren. Daß einzig die Bedeutung der informationstheoretischen Metaphorik für die Molekularbiologie stärker beachtet wurde, scheint darin begründet zu liegen, daß die informationelle Metaphorik - im Gegensatz zur im Laufe der Jahrhunderte stark abgenutzten mechanischen Metaphern - via »Entropie«, »Chaos«, »Bibliothek«, »neuronalen Netzwerke« und »System« weite Räume eröffnet für romantische Spekulationen oder technokratische Visionen, die die unbelebte Materie, das Reich des Lebendigen, die Natur- und Geistesgeschichte, die Gesellschaft und ihre technischen Artefakte umfassen. Hans Blumenberg (1989) hat die informationelle Metaphorik schon bei Friedrich Miescher aufgespürt, der sich am Ende des 19. Jahrhundert Gedanken über Struktur und Funktion der DNS machte. Hier habe bereits, so Blumenberg, der »Durchbruch« von der alten mechanischen Metapher des Uhrwerks zu der des »Sprachwerks« stattgefunden. Spätestens in ihrer zwar noch spekulativen, aber den bald darauf folgenden Entdeckungen schon sehr ähnlichen Ausformulierung in Erwin Schrödingers 1945 erschienenen Buch *Was ist Leben?* habe sie auch heuristische Wirkung entfaltet. Den Übergang vom Uhrwerk zum »Sprachwerk« deutet Blumenberg als Anknüpfen an die »große Metaphertradition« vom »Buch der Natur«. Wenn man indes auch die Einflüsse der Informationstheorie Claude Shannons und der Kybernetik Norbert Wiensers auf die Molekularbiologie berücksichtigt (vgl. Yoxen 1977), ist dieser Übergang eher als Metamorphose von der strukturell determinierten »klassischen Maschine« zur funktionell programmierbaren »transklassischen Maschine« (Bammé 1983), dem Computer, zu verstehen.

1 Das Zentrale Dogma besagt, daß die DNS die RNS, und die RNS die Proteine prägt, aber nicht umgekehrt. M.a.W.: Das in den somatischen Zellen vorliegende Erbmaterial determiniert (in gewissen Grenzen) die Lebensvorgänge, von denen es umgekehrt nicht beeinflusst wird.

Im Zuge des Ausbaus der Molekulargenetik seit Watson und Crick sind weitere mechanische und linguistische Metaphern in den Fachwörtern dieser Disziplin »versenkt« worden. So spricht man von »Transfer-RNS«, »Reparaturmechanismus«, »Restriktionsenzymen« bzw. von »Boten-RNS«, »Transkription« und »Translation« etc. Die informationellen Metaphern haben dazu geführt, die Vorgänge im Zellinnern in Analogie zum Kopier-, Speicher- und Zeichenverarbeitungsautomaten, kurz: dem Computer, zu begreifen. Etwa indem man davon spricht, daß der Stoffwechsel in den Genen »programmiert« sei. Was liegt näher, als ihn mittels Gentechnik »umzuprogrammieren«? So werden dann die Grenzen zwischen Analogie und Gegenstand zwar nicht erkenntnistheoretisch (vgl. Poser 1989), aber immerhin praktisch aufgehoben. Aber auch die umgekehrte Richtung wird eingeschlagen. Manfred Eigen (1987) versucht, die Evolution der DNS aus der »Ursuppe« - diese Idee vom Ursprung des Lebendigen hat er von Jacques Monod (1970) übernommen - im Computer zu simulieren.

Im Übergang der an einzelnen Genen orientierten Forschung zu den Genomprojekten wurden die informationelle und die strukturelle Metaphorik zu neuen, umfassenderen Bildkomplexen - zur Bibliotheks-Metapher und zur Landkarten-Metapher - ausgebaut.

Die Bibliotheks-Metapher - die Gesamtheit aller »Sätze« bzw. Gene (s.o.) - wurde zu Beginn des Genomprojekts, als die Sequenzierung allein des menschlichen Genoms im Mittelpunkt stand, mit theologischen Konnotationen überhöht. Die kybernetischen Aspekte der Informations-Metaphorik im Sinne von »Kommando« und »Kontrolle« hatten schon vorher erbbiologische Reduktionismen nahegelegt. Besonders zugespitzt wurden sie in der Soziobiologie z.B von Edward Wilson und Richard Dawkins. Die Semantik der Informations-Metapher erzwingt solche Kurzschlüsse allerdings nicht von sich aus, wie etwa die sehr differenzierte - und deshalb wohl viel zu wenig beachtete - Interpretation von Francois Jacob (1970) zeigt. Watson verspricht nun allerdings, mit dem Genomprojekt »herauszufinden, was es heißt, Mensch zu sein« (*Science*, Bd.243 (1989), S.167). Walter Gilbert, ebenfalls Nobelpreisträger und einer der engagiertesten Fürsprecher des Genomprojekts, kündigt an: »In 10 oder 15 Jahren gebe ich Ihnen sechs Computer-Disketten in die Hand und sage: Hier habe ich menschliche Wesen« (zit. n. Gotter 1990, S.5). Ein Programm, mit dem das evolutionsgeschichtliche Arrangement der Gene zeitkomprimiert simuliert werden soll, erhielt den Namen »GENESIS« (*Science*, Bd.240 (1988), S.603).

Die Bibliotheks-Metapher ist fachöffentlich jedoch stark entzaubert worden, indem deutlich gemacht wurde, daß man mit der Sequenzierung zwar

die »Buchstabenfolge« der DNS »entziffern«, aber nicht sogleich in irgendeinem anspruchsvolleren Sinne »lesen« können würde. Der daraufhin vollzogene Kompromiß rückte die Kartierung in den Vordergrund (s.o.). Diese ist, wie die Bezeichnung »Kartierung« schon nahelegt, von einer Landschafts-Metaphorik begleitet, die auf die räumliche Ordnung von DNS-Sequenzen im Genom anspielt. In einer Abbildung des OTA-Reports »Mapping Our Genes« (1988, S.5) wird die Zelle als ganzes mit der Erde, die Chromosomen mit Ländern und die Gene mit Städten verglichen. Mit dieser Analogiebildung werden nicht nur die Größenordnungen verständlich gemacht, sondern auch die Orientierungsschwierigkeiten verdeutlicht, die sich aus dem Wechsel von Maßstäben ergeben. Jeder Reisende, der zugleich mit dem Flugzeug, dem Überlandbus und zu Fuß unterwegs ist, fühlt sich an wohlbekannte Probleme erinnert, wenn die Genomforscher von Orientierungsschwierigkeiten sprechen, die sich aus der Verwendung von Genkarten mit verschiedener Auflösung ergeben (Cantor 1988, S.12 f.). Dabei ist der topologische Sprachgebrauch auch in wissenschaftlichen Texten zur Genom-Kartierung üblich, wie hier in einem Review-Artikel in *Science* (Herv. B.G.):

»Cytogenetic maps have a scale and coordinate system corresponding to the chromosome banding pattern. The large-scale restriction maps have a scale on the order of kilobases of DNA (kb) and have not been related to specific chromosome bands. Conversion and comparison between physical maps with such different types of scales is a high priority, but common reference points will have to be mapped and the conversion factor determined empirically.« (Stephens 1990, S.237)

Auch wenn die Landkarten-Metapher mehr auf die Erdschwere der Materie als auf die Höhenflüge des Geistes verweist, kann sie gelegentlich kräftig mit den Flügeln schlagen. In den Schlußreden auf dem 7. Internationalen Kongreß für Humangenetik 1986 in Berlin wurden die Ausgangsbedingungen des neuen Projekts mit der Situation in der Renaissance verglichen, als mit den ersten Weltkarten neue Kontinente entdeckt wurden (vgl. Weiß 1987). Nun gelte es, mit den ersten Genkarten die innere Natur zu erschließen. Das »goldene Zeitalter der Genetik« sei angebrochen. »Kartierung von Terra Incognita« ist ein perspektivischer Artikel in *Science* überschrieben (Bd.250 (1990), S.210 ff.).

Die utopischen Konnotationen der Landkarten-Metapher dienen eher der fachinternen Sinnstiftung. Nach außen wird dagegen häufiger die Bibliotheks-Metapher benutzt, wie Ch. Cantor, Forschungsdirektor der Genominitiative des DoE, im Gespräch mit einem deutschen Journalisten ausführt: »Das hat nur etwas mit der Geldbeschaffung zu tun. Deshalb haben wir dort auch so viel von der Sequenzierung geredet. Was eine genetische Karte ist, versteht doch kein Mensch im Kongreß« (Greffrath 1990, S.27).

3. Erkenntnistheoretische Funktionen der Metaphern

Wenn Metaphern, wie ihre Verwendung in den verschiedenen Textarten nahelegt, gleichsam Brücken zwischen dem »esoterischen« und dem »exoterischen Denkverkehr« (vgl. Fleck 1935) sind, aber auch innerhalb eines Fachs und in der Öffentlichkeit auf Traditionen zurückverweisen, so könnten sie das Medium sein, in dem sich unsere Weltansicht und unser Weltentwurf konstituiert. Dieser Frage ist zunächst unter erkenntnistheoretischen Aspekten nachzugehen.

Daß Analogien für die Heuristik, d.h. für die Hypothesenbildung, unabdingbar sind, ist schon fast ein erkenntnistheoretischer Allgemeinplatz (vgl. Poser 1989). Da man von dem zu Erforschenden noch nicht weiß, wie es ist, muß man sich eine Vorstellung bilden, wie es sein könnte, um diese dann empirisch zu überprüfen. Um eine Vorstellung zu gewinnen, benützt man irgendeine Analogie aus einem bekannten Bereich. Ich behaupte aber nun: eine sowohl kognitiv wie sozial geeignete. Da man bestimmte Vorkenntnisse über den Gegenstand besitzt, wird man die Analogie so wählen, daß sie zu diesen Vorkenntnissen in bestimmter Hinsicht: strukturell, funktionell etc. analog ist, d.h. eine vergleichbare Binnenbeziehung aufweist und zugleich mehr bekannte Elemente enthält als der Forschungsgegenstand. Um diese Bedingung aber zu erfüllen, generiert man eine Analogie, indem man ältere Analogien modifiziert, die bisher schon bei der Erklärung der bekannten Elemente nützlich gewesen sind. Watson und Cricks Doppelhelix-Modell war keineswegs so originell wie es heute im Licht retrospektiver Heroisierung erscheint, sondern hatte seine Vorläufer, auf dessen nächstliegenden Vertreter (Linus Pauling) auch in der Erstveröffentlichung verwiesen wird (1953a).

Wenn man nun Glück und ein »gutes Händchen« bei der Manipulation der Randbedingungen hat, kann man die so gewonnene Hypothese experimentell bestätigen. Der Rückgriff auf ältere Analogien hat zugleich einen sozialen Vorteil. Das aufgestellte Modell muß von den Kollegen - des Fachs, der Subdisziplin oder wenigstens der »Schule« - anerkannt und ggf. auch durch weitere Experimente bestätigt werden. Die Anerkennung ist aber umso leichter zu erreichen, als das postulierte Modell auf vertrauten Analogien hergeleitet ist und der angestammten, metapherngeprägten Denkweise nicht zu sehr widerspricht. Und es wird durch weitere Experimente dann am ehesten bestätigt, wenn diese auf Hypothesen beruhen, die wiederum aus dem gemeinsamen Metaphernschatz generiert wurden (vgl. Fleck 1935, S.158 f.). Gerade die Computer-Metapher scheint dabei besonders geeignet, weil sie sogar die alte Kluft zwischen »neovitalistischen Organizisten« und »neomechanistischen Reduktionisten« in der

Biologie überbrückt (Haraway 1976, S.205).

Viele Elemente des nun anerkannten Modells werden dann wieder in die metapherngetränkte Theoriesprache absinken: Wenn man den Text von Watson und Crick genau liest, stellt man fest, daß sie Vergleiche nur dort als solche sprachlich kennzeichnen - ihre Metaphern also zur Analogie erheben (vgl. Kümmel 1989) -, wo sie nicht ohne weiteres mit Zustimmung rechnen können. »Backbone« (Rückgrat) als Metapher für lineare Strukturen in Polymeren (s.o.) war aber zu dieser Zeit offensichtlich schon so gebräuchlich und eingängig, daß sie sie nicht - mit Anführungszeichen, »as if«, etc. - als Analogie markieren mußten. Selbst wenn die oben beschriebenen Metaphern in späteren, spezialisierten Fachartikeln zu technischen Termini sublimiert sind, kann es sich dabei immer noch um Operationalisierungen handeln, deren Bedeutung nach wie vor auf der metapherngestützten Theorie beruht.

So können Metaphern weit über ihre heuristische Funktion fortwirken und im zyklischen Durchgang - von der Theoriesprache zur Analogie zum Modell wieder zur Theoriesprache - auch den Begründungszusammenhang in sublimer Form mitgestalten. Diese Sublimierung scheint noch bei Blumenberg durch, wenn er den Entdeckungs- und Begründungszusammenhang deutlich voneinander zu trennen sucht: »Metaphorologie ist ein Verfahren der Sichtung von notwendigen Wagnissen und unverantwortlichen Suggestionen. In der Biochemie und Genetik kann man beobachten, wie der theoretische Fortschritt die metaphorischen Zwischenkonstruktionen, deren er sich so erfolgreich bedient hat, wieder abbaut, an die Stelle der Lesbarkeit nichts anderes setzt als die Wechselwirkungen stereospezifischer *Erkennungseigenschaften* [Herv. B.G.] von Molekülen, die zur Bildung geordneter Aggregate veranlassen« (S.405 f.). Jacob hat dagegen die Theoriegeschichte der Biologie konsequent in ein konstruktivistisches Licht gesetzt: »Wissenschaft ist in ihr eigenes Erklärungssystem eingeschlossen, aus dem sie nicht entkommen kann. Heute besteht die Welt aus Botschaften, Codes und Information. Welche Analyse wird morgen unsere Objekte zerlegen, um sie in einem neuen Raum zusammenzusetzen? Welche neue russische Puppe wird daraus hervorgehen?« (1970, S.345)

4. Ideologische Funktionen der Metaphern

Mit solchen historisierenden und relativistischen Feststellungen begnügt sich der radikale Konstruktivismus meistens. Eine Wirklichkeit ist ihm so gut wie die andere, ganz gleich, welche Folgen sie für die Gesellschaft und die Natur hat. Es ist vielfach zu bemerken, daß Wissenschaftler ihre gesellschaftspolitischen Anschauungen und philosophischen Überzeugun-

gen in die Molekularbiologie hineinprojiziert haben: Erwin Schrödinger z. B. sieht die Gene als konservative, ordnungsstiftende Elite, als »Fels in der Brandung« der andernfalls der »Entropie«, d.h. dem »Wärmetod«, zustrebenden Atome (vgl. Yoxen 1977, S.120 ff.). Benno Müller-Hill (1981), ein Kölner Molekulargenetiker, hat Monod die Äußerung zugeschrieben, daß »das Lactose-System ... cartesianisch und nicht hegelianisch« operiere (S.161). Dagegen versucht Müller-Hill selbst, Engels *Dialektik der Natur* in der Molekularbiologie nachzuweisen. An der Zusammenschau dieser Beispiele ist zu erkennen, daß es sich um persönliche Vorlieben handelt, die weitgehend konsequenzlos bleiben. Es resultieren daraus nämlich keine unterschiedlichen: konservativen, cartesianischen, dialektischen etc. Molekularbiologien, wie sich etwa daran zeigt, daß Monod und Jacob - und peripher auch Müller-Hill - am selben Modell (lac-Operon) gearbeitet haben, aber gegensätzliche philosophische Standpunkte vertreten.

Anders verhält es sich, wenn widerstreitende politische Metaphern konkurrierenden Schulen zugeordnet werden können, wie es Jonathan Harwood (1989) für die deutsche Genetik in der Weimarer Zeit zeigt. Die »Kernmonopolisten« betrachteten die Gene als »herrschende Instanz«, während die »Plasmontheoretiker« eine »ganzheitlichere« Auffassung vertraten und von der »Ebenbürtigkeit und Gleichberechtigung« von Genen und Zytoplasma ausgingen. Dieser Streit hatte auch eine interessante transnationale Dimension: In den USA waren damals die »Kernmonopolisten« vorherrschend, während sich der paradigmatisch differierende Ansatz der »Plasmontheoretiker« nur in Deutschland und Frankreich behaupten konnte (vgl. Sapp 1987). Wissenschaftspolitische Bedingungen schlagen dann tatsächlich auf die Theoriebildung durch, wobei die metaphorische Bezugnahme auf politische Weltanschauungen in bestimmten historischen Situationen die Durchsetzungschancen neuer Paradigmen erhöhen kann.

Die mechanischen und die informationellen Metaphern konvergieren nun häufig in kybernetischen Maschinen-Bildern. Changeux, ein Mitarbeiter von Monod und Jacob schreibt:

»Die neuen Entdeckungen der Molekularbiologie zeigen, daß die Zelle ein mechanischer Mikrokosmos ist: Eine chemische Maschine, in der verschiedenen Strukturen unabhängig sind, aber von einem Feedback-System kontrolliert werden ... Wir können die Zelle als eine vollständig automatische chemische Fabrik auffassen, die so entworfen ist, daß sie den rationellsten Gebrauch von der verfügbaren Energie macht.« (zit. n. Yoxen 1977, S.218).

Indem der britische Sozialwissenschaftler Edward Yoxen nachweist, daß die Fabrik-Metapher als kybernetisches Regulationsmodell in der Molekularbiologie tatsächlich sehr weit verbreitet ist, kann man ihm

zustimmen, wenn er darin die Naturalisierung gegenwärtiger Herrschaft und die herrschaftliche Überformung des Naturbegriffs - in wechselseitiger Stützung - erblickt:

»Die Fabrik wird entdeckt im Zellinnern auf molekularer Ebene, und die Zelle wird wiederentdeckt in der idealen Fabrik. Diese naturalisierende Verschmelzung von biologischer, physiologischer, sozialer und industrieller Organisation durchzieht die Literatur ... von der Soziologie Spencers und Durkheims, durch die Werke von Pareto, Henderson und Cannon, von Weaver und Wiener, bis hin zu den Systemtheorien von Talcott Parsons, Daniel Bell und Stafford Beer.« (1977, S.219 f.)

Die kybernetische Metapher suggeriert, man könne Organismen mittels Gentechnik »umprogrammieren« wie Computer. Hier gibt es aber einen kategorischen Unterschied im Gegenstandsbereich. Der Computer ist ein technisches Artefakt, d.h. von Menschenhand geschaffen. Man könnte zwar auch sagen, daß Organismen in gewisser Hinsicht »funktionieren«, wir wissen aber nicht *warum*. Was im technischen Artefakt der Materie, zumal der anorganischen, die vermutlich weitaus weniger komplex ist, in jahrhundertelangen Versuchen und zum Teil folgeschweren Irrtümern, an instrumenteller Regelmäßigkeit abgerungen wurde, kann nicht ohne weiteres auf lebendige Materie übertragen werden. Ebenso wenig übertragbar ist die informationstheoretische Metaphorik: Die Gentechniker sind nicht die »Autoren« der Organismen, sie haben die »Programme« nicht geschrieben, die sie jetzt »umprogrammieren« wollen. Zum quantitativ beschränkten Wissen kommt eine qualitative Differenz: Während die Zeichen im Computer logisch interagieren, weil er gebaut wurde, um logische Operationen zu vollziehen, wissen wir nicht, nach welchen Regeln - »logischen«, »dialektischen«, »holistischen« etc? - organische Strukturen sich aufeinander beziehen.

Aus der hier skizzierten Differenz erklärt sich, warum die mit der Computer-Metapher geweckten Erwartungen irreführend sind. Gentechnische Produkte, die das Labor mit seinen künstlich gesetzten Randbedingungen verließen - Medikamente oder manipulierte Organismen - haben sich bisher, bei näherem Hinsehen, immer anders verhalten, als prognostiziert wurde. Sie sind nicht nur in technisch-kommerzieller Hinsicht problematisch. Auch die stets proklamierte »Sicherheit« der Gentechnik muß in Frage gestellt werden (vgl. Bonß 1990). Gleichwohl hat sich die Politik in vielen Industrieländern darauf verlegt, Gentechnologie als »Schlüsseltechnologie« zu fördern, einerseits durch Subventionen, andererseits durch ordnungspolitische Eingriffe, die auf einen stärkeren inhaltlichen und organisatorischen Anwendungsbezug öffentlich finanzierter Wissenschaft zielen. Gentechnologie wird dabei meistens in einem Atemzug mit der Computertechnologie genannt, ungeachtet des technisch sehr unterschiedlichen Reifegrads.

5. Molekulargenetische Restrukturierung von Biologie und Medizin

Eines hatte die überproportionale Förderung - früher der reduktionistischen Molekularbiologie (Wright 1978) und später der Gentechnologie (Gill 1991, S.100) - durch politisch beeinflusste Drittmittel aber zur Folge gehabt: Die Biologie wurde in ihrer fachlichen und kognitiven Struktur immer stärker auf Molekulargenetik ausgerichtet (Kay 1992) - mit affirmativen erkenntnistheoretischen Rückwirkungen auf die »Bestätigung« des Zentralen Dogmas der Molekularbiologie durch das gesamte Fach. Durch die weitere, drittmittelforcierte Ausbreitung der Gentechnik in anderen Fächern - zunächst nur als Methode, die aber die Semantik ihrer Genese transportiert - wird eventuell der Boden bereitet, auch die klinische Medizin bis hin zur Psychiatrie auf das Zentrale Dogma zu reduzieren.

Eine besondere Rolle nehmen dabei die Genomprojekte ein, die im Gegensatz zur bisher nur partikular an einzelnen Genen ausgerichteten Vorgehensweise nun auf eine systematische Erklärung aller Erscheinungen des Lebendigen drängen. Die Bibliotheks- bzw. die Landkarten-Metapher stiften hier den größeren Zusammenhang. Gilbert sieht die zukünftige Aufgabe der Biologie darin, die »Bibliothek« bzw. »Datenbank« der Erbinformation zu interpretieren: »Entwicklungsbiologie schaut nun zuerst nach dem Gen, um eine Form des Embryos zu bestimmen. Zellbiologie schaut nach dem Gen, um ein Strukturelement zu bestimmen. Und Medizin schaut nach Genen, um körperidentische Proteine zu gewinnen oder die Ursachen von Krankheiten zurückzuverfolgen. Fragen der Evolution - vom Ursprung des Lebens bis zur Artendifferenzierung der Vögel - sind alle abgesteckt durch Muster in den DNS-Molekülen. Ökologie charakterisiert natürliche Populationen durch die Vermehrung ihrer DNS. Das Sozialverhalten von Löwen, die Wanderungen der Schildkröten, die Migration menschlicher Populationen hinterlassen alle Spuren in ihrer DNS. Gerichtliche Entscheidungen über Leben und Tod können mit dem genetischen Fingerabdruck gekippt werden« (1991, S.99).

Victor McKusick, ein Pionier der Gen-Kartierung, ist schon dabei, den geschichtlichen »Sockel« für die Neustrukturierung der Medizin zu errichten: »Eine wahrhaftige Revolution hat stattgefunden, dramatisch in der Praxis klinischer Genetik, aber auch allgemein in der Medizin - Zeugnis dafür ist, was in der Onkologie geschehen ist. Genauso wie Vesalius' Werk *De humani corporis* (1543) die Basis für Harveys Physiologie (1628) und Morgagnis Pathologie (1761) war, so ist die Information über die chromosomale und genetische Anatomie das Fundament für unser Verständnis und unsere Behandlung genetischer Krankheiten.« (1987,

S.83). Nach Michel Foucault (1976) war die pathologische Anatomie der »feste Boden«, auf dem in der Zeit um die französische Revolution das Gebäude der naturwissenschaftlichen Medizin und ihrer auf Lokalisierung im Organismus gegründeten Krankheitslehre errichtet wurde. In Morgagnis Werk »De sedibus et causis morborum«, auf das sich McKusick bezieht, war mit dem Begriff des Manifestationsortes der Krankheiten in den Organen der ihrer Ursache verbunden. Das neue Fundament der pathologischen Anatomie soll nun, gleichsam etwas tiefer, im submikroskopischen Raum der Genom-Karte gelegt werden. Damit wird auch die erneute Hoffnung auf eine rationale, weil an den Ursachen ansetzende, Medizin verbunden. Sie wird nicht nur die im bisherigen Sinne »reinen«, relativ seltenen Erbkrankheiten erfassen.

Allein schon der durch die hohen Ausgaben und großen Versprechungen erzeugte Erwartungsdruck führt dazu, daß auch die häufigeren »Volkskrankheiten«, z.B. »Psychosen«, eingemeindet werden. Für sie mag es eine gewisse erbliche Vulnerabilität geben, aber anhand von Anfälligkeiten werden sie schnell zu regelrechten Erbkrankheiten umdefiniert. Schon häufen sich die Artikel in den angesehensten Zeitschriften wie *Nature* und *Science*, in denen die »Entdeckung« der Genorte von »Schizophrenie« verkündet werden - jedesmal auf einem anderen Chromosom. Weil die Korrelationen zwischen der psychiatrischen Diagnose und den molekulargenetischen Tests bei näherer Prüfung bisher regelmäßig gescheitert sind, beginnt man nun, »Schizophrenie« anhand von genetischen und biochemischen Besonderheiten aufzuteilen, die wahrscheinlich nicht nur bei »schizophrenen« Personen zu finden sind (Lander 1988). Psychische Störungen werden also auf der Grundlage der molekulargenetischen »Anatomie« neu definiert, während man die bisherigen, klinischen Diagnosekriterien einfach aufgibt. Polemisch formuliert: Da man nicht nachweisen kann, daß »Schizophrenie« im heutigen Sinne erblich ist, sucht man nach physischen Merkmalen, die tatsächlich erblich sind, wahrscheinlich aber keine Leiden verursachen außer denen, die durch die diagnostische Stigmatisierung selbst produziert werden.

Diese Strategie wird sowohl an Verhaltensabweichungen wie »Manische Depression«, »Alzheimer«, »Autismus«, »Alkoholismus«, als auch an eher somatischen Krankheiten wie Krebs, Herzinfarkt und Diabetes erprobt. In den USA gibt es, Umfragen des OTA zufolge, schon eine sehr hohe Zahl (37 %) von Menschen, die generell eine »genetische Belastung« in ihrer Familie vermuten (OTA 1987, S.69 ff.). Da diese Zahl relativ zu besserer Ausbildung und höherem Einkommen steigt, ist davon auszugehen, daß hier die populärwissenschaftliche »Aufklärung« schon gewirkt hat, die die Unterschichten normalerweise langsamer erreicht. Die voraussichtliche

»Akzeptanz« für genetische Tests wird, den Umfragen zufolge, als ziemlich hoch eingeschätzt. Das scheint damit zusammenzuhängen, daß die Selbstwahrnehmung der Patienten ebenfalls metapherngeleitet ist. Indem sie sich ihren Körper als Maschine vorstellen, akzeptieren sie auch den »Sinn« von objektivierenden Testmethoden, mit denen man einzelne biochemische Parameter mißt (Nelkin 1989, S.16 f.).

Die therapeutischen Angebote der Gentechnik sind bisher im klinischen Alltag häufig gescheitert, weil es dort noch vom molekulargenetischen Paradigma unabhängige Prüfkriterien gibt. Wenn sich aber McKusicks Ankündigung durchsetzen sollte und die Medizin auf der Basis einer genetischen Anatomie durchstrukturiert würde, wäre die Tautologisierung erfolgreich abgeschlossen. Krankheiten würden schließlich nur noch durch die »Brille« der molekulargenetischen Testergebnisse gesehen, ebenso wie die Wirkung der Medikamente nur noch im Bereich der identifizierten biochemischen Stoffwechselfade gemessen würde, deren Identifizierung sich auch ihr »humanidentischer« Nachbau außerhalb des Körpers verdankt. Der »Wahrheitsbeweis« wäre dann auch im technologischen Verwendungszusammenhang erbracht, weil dieser selbstreferentiell hermetisiert wäre.

6. Metapherngeleitete Eigentumsstreitigkeiten

Metaphern beeinflussen nicht nur die wissenschaftliche und wissenschaftspolitische Generierung von Wissen, sondern wirken auch in den Diskussionen um die soziale Aneignung fort. »Wem gehört das menschliche Genom?« hatte die Zeitschrift *Science* schon 1987 gefragt (Bd.237, S.358 ff.). Land kann man besitzen, es ist eine Immobilie, die selbst ein Dieb nicht forttragen kann. Die Erde gibt es nur einmal; das menschliche Genom - mit der Erde verglichen (s.o.) - liegt in allen Zellen eines jeden Menschen vor. Aus jeder dieser Zellen kann, wer will, Sequenzdaten, also Informationen, generieren. Diese sind mit einem Copyright zwar immerhin rechtlich, aber praktisch kaum gegen unbefugte Weitergabe und Kopie zu schützen. Ob es rechtlich ein biologisches Eigentum eines Menschen an seinen Zellen geben kann, ist sehr umstritten. In den USA klagte John Moore gegen seine Ärzte, die ohne sein Wissen aus dem Zellmaterial seines Tumors eine pharmazeutisch sehr einträgliche Gewebekultur angelegt hatten, auf Gewinnbeteiligung - in zweiter Instanz erfolgreich. Gegen die Ausschließlichkeit des »intellektuellen Besitzes« der Ärzte formulierte das Gericht eine Art Urheberrecht Moores am Zellmaterial seines eigenen Körpers: »Das Genom, das alle spezifischen Informationen einer Person enthält, repräsentiert die Persönlichkeit ebenso wie der

Name und das Bild« (zit. n. Koch 1990, S.945). Der Oberste Gerichtshof von Kalifornien hat in dritter Instanz den Anspruch auf Gewinnbeteiligung abgewiesen, die Ärzte aber verurteilt, weil sie ihrer Informationspflicht nicht nachkamen. Die Rechtslage bleibt aber weiterhin widersprüchlich (vgl. Hermitte 1992). Ob man die Sequenzdaten von Genen patentieren kann, ist ebenfalls sehr umstritten. Es handelt sich schließlich nicht um Erfindungen. Lassen sich Gene, indem man sie sequenziert, als »geistiges Eigentum« z.B. des NIH und damit der Vereinigten Staaten aneignen? Die Rechtsinstitution des Eigentums zielte auf traditionelle Güter und wird nun in neue Bereiche hinein ausgedehnt. Sie folgt dabei offenbar der Suggestion der Metaphern, die ebenfalls auf bekannte Gegenstandsbereiche - Land, Buch, Computer - anspielen. Gerade dort, wo die Analogien offensichtlich unhaltbar werden, scheinen sie zu schier unlösbaren Rechtsstreitigkeiten zu führen.

Diese Mißverständnisse setzen sich aber auch in der Debatte um den Mißbrauch von genetischen Tests fort. Gegen die Utopie von der »Lesbarkeit« wird hier die Schreckensvision vom »gläsernen Menschen« vorgebracht, deren Metaphorik ihrerseits wiederum der Computer-Debatte entlehnt ist. Das »Recht auf genetische Selbstbestimmung«, in den USA schon als »Genetic Privacy Act« eingebracht, verrät nicht nur seine Entlehnung aus dem »informationellen Selbstbestimmungsrecht«, sondern ist auch wie dieses als individueller Besitz der eigenen Daten konzipiert (vgl. Hase 1984). Die New York Times referiert: »[Watson] glaubt, daß viele Leute sich ziemlich unwohl fühlen bei dem Gedanken, irgendeine Behörde 'besäße' das menschliche Genom. Es muß klar gestellt werden, sagte Dr. Watson, daß die DNS eines Menschen sein persönliches Eigentum ist und nicht ohne seine Zustimmung von der Regierung oder dem Arbeitgeber benutzt werden kann« (4.10.1988, S.B8).

Das »genetische Selbstbestimmungsrecht« war anfangs von Kritikern als Abwehrrecht gegen Zwangsdiagnosen und -eingriffe formuliert worden (vgl. Krahen 1989). Es kann jedoch sofort als individueller Anspruch auf gentechnische Reparatur und Verbesserung des »Selbst« - und seiner Nachkommen - umgedeutet werden. Deshalb wurde diese Initiative auch sehr schnell von vielen Gentechnikern aufgegriffen. Der US-amerikanische Bioethiker Leroy Walters propagierte schon 1984 Eingriffe in menschliche Keimzellen: »Wenn sich die Technik als sicher und wirksam herausstellt ... und wenn Menschen die Verbesserung ihres Langzeitgedächtnisses für sich wünschen, denke ich, daß das in die Kategorie persönlicher Wahlfreiheit fällt, die zu schützen ist« (zit. n. Rawls 1984, S.44). Die genetische »Selbstbestimmung«, die er meint - vermittelt nur durch Zwänge des »freien« Arbeitsmarkts -, wird durch Gentechnik erst

möglich. Dagegen ist mit »informationeller Selbstbestimmung« der uralte Anspruch auf individuelle oder kollektive Selbstdarstellung gemeint, der durch die Fortschritte des automatischen Datenabgleichs seitens mächtiger Institutionen heute besonders stark bedroht wird.

7. Die Wahl der Metaphern

Wie sich gezeigt hat, entfalten die zentralen Metaphern der Molekulargenetik eine umfassende Wirkung - in den inneren Kreisen einer Fachdisziplin, wie selbst noch in der Rede von Technikkritikern. Dabei durchdringen sie nicht nur den Entdeckungs- und Verwendungskontext, sondern auch den angeblich kognitiv autonomen Begründungszusammenhang, in dem sich - der neopositivistischen Fiktion zufolge - die »Gültigkeit« naturwissenschaftlicher Theorie konstituieren soll. Sie integrieren die unterschiedlichen gesellschaftlichen Sphären, indem sie gemeinsame Bezugs- bzw. Reibungspunkte schaffen. Im Sinne der Internalismus-Externalismus-Debatte läßt sich dabei kaum angeben, ob über das Medium der Metaphern die Wissenschaft stärker auf die Gesellschaft, oder umgekehrt, die Gesellschaft stärker auf die Wissenschaft einwirkt. Es scheint vielmehr so, als ob sich die Metaphernverwendung in den unterschiedlichen Sphären aus gemeinsamen Traditionen speiste. Aufgrund ihrer Flexibilität und Dehnbarkeit sind die Metaphern zugleich in der Lage, Neues anzuverwandeln und so einen Zusammenhang zwischen Vergangenheit und Zukunftsentwürfen zu stiften.

Freilich darf man Metaphern nicht zur geschichtsmächtigen Kraft per se stilisieren. Die Akteure können die Assoziationsketten nicht nur relativ freihändig knüpfen, sie können auch zwischen verschiedenen Metaphern wählen. Die Grünen in der BRD versuchten die Gentechnologie anfangs in Analogie zur Kerntechnik zu thematisieren. Die Mehrheit in der Enquete-Kommission hat es dagegen vorgezogen, die Gentechnologie in Analogie zur Computertechnik als »Querschnittstechnologie« zu diskutieren (vgl. Radkau 1988). Gegen das Genomprojekt wurde in den USA vorgebracht, es sei »das Manhattan-Projekt der Biologie«. Damit wurde nicht nur auf die Etablierung fremdbestimmter, militärischer Großforschung während des 2. Weltkriegs angespielt, sondern auch auf die Beteiligung des DoE, in dessen Laboratorien damals die Atombombe entwickelt worden war. Befürworter benutzten häufig den Vergleich zum Apollo-Projekt (auch einer Art Landnahme), um im gleichen Atemzug zu betonen, daß allerdings beim Genomprojekt mit unmittelbarem praktischen Nutzen zu rechnen sei.

Manchmal erscheint es auch opportun, auf Metaphernverwendung ganz

zu verzichten. In der BRD hatten Wissenschaftler 1988 auf einer von der DECHEMA und der DFG organisierten Tagung gefordert, daß jährlich 100 Millionen DM für die Genomforschung bereitgestellt werden sollten. Im »vertraulichen« Protokoll wurde festgehalten: »Schon wegen möglicher Rückwirkungen auf die Ethik-Diskussion der Genomanalyse in der Öffentlichkeit sollten übersteigerte Formulierungen politisch motivierter Forschungsziele vermieden und auf die weniger anspruchsvolle Überschrift 'Strukturforschung im 200 kb-Bereich' zurückgegriffen werden. Ferner wurde vorgeschlagen, den Begriff 'Genomanalyse' durch 'Genomforschung' zu ersetzen« (S.8). Der Förderungsvorschlag wurde vom Bundesforschungsministerium abgelehnt mit der Begründung, daß er nur von einer kleinen Gruppe getragen sei (Nature, Bd.350 (1991), S.261).

Die Wahl der Metaphern ist also nicht vorherbestimmt, sondern ergibt sich aus den Interessen und taktischen Überlegungen der Akteure. Sie kann aber - in längerfristig kaum vorhersehbarer Weise - den Ein- und Ausschluß von Argumenten, Bündnispartnern und Arenen beeinflussen und damit die Anschlußfähigkeit und den Erfolg der betreffenden Initiative determinieren.

Zum Schluß sei ein kleiner Schlenker zur Metaphernverwendung in den Sozialwissenschaften erlaubt. Die dort verbreitete Vorstellung von der »Selbstorganisation« stammt aus der Molekularbiologie. Maturana und Varela, die das Konzept entwickelt haben, wenden sich aber ausdrücklich gegen Gentechnik, da man ihrer Ansicht nach nicht in »autopoietische Systeme« eingreifen dürfe. Kein Wunder, daß sie bei praktizierenden Gentechnikern auf wenig Resonanz stoßen. Ihr Konzept hat in der Molekularbiologie keinerlei Bedeutung. In den Sozialwissenschaften wird es dagegen eifrig angewandt, so als ob gesellschaftliche Subsysteme, wie z.B. die Wissenschaft, Organismen wären. In diese Subsysteme, soll man, den autopoietischen Vorstellungen zufolge, nicht eingreifen, weil man nur alles durcheinanderbringen würde. Soweit kein ungewöhnlicher Metapherntransfer. Die ironische Konsequenz ist nur, daß die Gentechnik in Organismen eben doch eingreift, während Sozialwissenschaftler davor warnen, in die Gentechnik einzugreifen. Oder allgemeiner formuliert: Technik bricht sich ungehindert ihre Bahn durch die menschliche wie außermenschliche Natur, während das bestehende Gesellschaftssystem zum Naturschutzgebiet erklärt wird.

Literatur

- Abels, G. (1992): Konstruktion großer Forschung - Das »Human Genome Project«, in: *Forum Wissenschaft*, Jg.9, Nr. 1/92, Dossier
- Bammé, A. u.a. (1983): *Maschinen-Menschen - Mensch-Maschinen*, Reinbek bei Hamburg
- Blumenberg, H. (1989): *Die Lesbarkeit der Welt*, Frankfurt
- Bonß, W. u.a. (1990): *Risiko und Kontext*, Diskussionspapier Nr.5-90 des Hamburger Instituts für Sozialforschung, Mittelweg 36, 2000 Hamburg 13
- Cantor, C. (1988): Mapping the Genome, in: Woodhead, A. (Ed.), *Biotechnology and the Human Genome*, New York u.a., S.11 ff.
- Dierkes, M. u.a. (1992): *Leitbild und Technik*, Berlin
- Eigen, M. (1987): *Stufen zum Leben - die frühe Evolution im Visier der Molekularbiologie*, München u.a.
- Enquete-Bericht des Dt.Bundestages (1987): *Chancen und Risiken der Gentechnologie*, BT-DR 10/6775 [auch: Campus Vlg.]
- Fleck, L. (1935): *Entstehung und Entwicklung einer wissenschaftlichen Tatsache*, Frankfurt [benutzte Ausgabe: 1980]
- Foucault, M. (1976): *Die Geburt der Klinik*, Frankfurt u.a.
- Gilbert, W. (1991): Towards a paradigm shift in biology, in: *Nature*, vol.349, S.99
- Gill, B. (1991): *Gentechnik ohne Politik*, Frankfurt u.a.
- Gotter, S. (1990): *Anfang ohne Ende - Die menschlichen Erbanlagen im Griff der Wissenschaft*, Berlin
- Greffrath, M. (1990): Der lange Arm von Chromosom Nr.7, in: *Transatlantik* 12/1990, S.15 ff.
- Haraway, D. (1976): *Crystals, Fabrics and Fields - Metaphors of Organicism in Twentieth-Century Developmental Biology*, New Haven u.a.
- Harwood, J. (1989): Gesellschaftsstruktur als Analogie - Genetiker stellen sich die Zelle vor, in: *Berichte zur Wissenschaftsgeschichte*, Jg.12, S.157 ff.
- Hase, F. (1984): Das Recht auf »informationelle Selbstbestimmung«, in: *Demokratie und Recht*, 1/84, S.39 ff
- Hermitte, M. (1992): Die Kommerzialisierung des menschlichen Körpers im 20. Jahrhundert, in: *Österreichische Zeitschrift für Politikwissenschaft*, Heft '92/1, S.17 ff.
- Jacob, F. (1970): *La logique du vivant*, Paris
- Kay, L. (1992): *The molecular vision of life - Caltech, the Rockefeller Foundation, and the Rise of the New Biology*, Oxford University Press.
- Koch, C. (1990): Überleben durch Regression - Vor der Biologisierung des Staates, in: *Merkur*, Nr.500 (1990), S.938 ff.
- Krahnen, K. (1989): Chorea Huntington - Das Recht auf Wissen versus das Recht auf Nicht-Wissen, in: Schroeder-Kurth, T. (Hrsg.), *Medizinische Genetik in der Bundesrepublik Deutschland*, Frankfurt u.a., S.66 ff.
- Kümmel, F. (1989): Analogien in der Wissenschaft, in: *Berichte zur Wissenschaftsgeschichte*, Jg.12, S.1 ff.
- Lander, E. (1988): Splitting schizophrenia, in: *Nature*, vol. 336, S.105 f.
- McKusick, V. (1987): Human Genomics 1986 - Toward a Complete Map and Nucleotide Sequence of the Human Genome, in: Vogel, F./Sperling, K. (Eds.), *Human Genetics - Proceedings of the 7th International Congress in Berlin 1986*, Berlin u.a., S.61 ff.

- Monod, J. (1970): *Le hasard et la nécessité*, Paris
- Müller-Hill, B. (1981): *Die Philosophen und das Lebendige*, Frankfurt u.a.
- Nelkin, D./Tankredi, L. (1989): *Dangerous Diagnostics - The Social Power of Biological Information*, New York
- OTA (Office of Technology Assessment) (1987): *Public Perceptions of Biotechnology*, Washington DC., OTA-BP-BA-45
- OTA (1988): *Mapping Our Genes*, Washington DC., OTA-BA-373
- Poser, H. (1989): Vom Denken in Analogien, in: *Berichte zur Wissenschaftsgeschichte*, Jg.12, S.145 ff.
- Radkau, J. (1988): Hiroshima und Asilomar - Die Inszenierung des Diskurses über Gentechnik vor dem Hintergrund der Kernenergie-Kontroverse, in: *Geschichte und Gesellschaft*, Bd.14, S.329 ff.
- Rawls, R. L. (1984): Progress in Gene Therapy Brings Human Trials Near, in: *Chemical & Engineering News*, vol.62, No. 33, S.42 ff.
- Ritzert, B. (1987): *Gene, Zellen, Moleküle*, Frankfurt u.a.
- Sapp, J. (1987): *Beyond the Gene - Cytoplasmic Inheritance and the Struggle for Authority in Genetics*, New York
- Singer, K. (1990): *Die Genese und Metamorphose des Human Genome Project*, Berlin, Diss. an der Humboldt-Universität
- Stent, G. (1967): So war das mit der Molekularbiologie, in: Herbig, J./Hohlfeld, R. (Hrsg.), *Die zweite Schöpfung*, München u.a., 1990 [Nachdruck], S.329 ff.
- Stephens, J. (1990): Mapping the Human Genome - Current Status, in: *Science*, vol. 250, S.237 ff.
- Watson/Crick (1953a): A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid, in: *Nature*, vol. 171, S.737 f.
- Watson, J./Crick, F. (1953b): Genetical Implications of the Structure of Deoxyribonucleic Acid, in: *Nature*, vol. 171, S.964 ff.
- Weß, L. (1987): 7.Internationaler Kongress für Humangenetik, Berlin, in: 1999, Heft 1/87, S.157 ff.
- Wright, S. (1978): Molecular Politics in Great Britain and the US, in: *Southern California Law Review*, vol.51, S.1383 ff.
- Yoxen, E. (1977): *The social impact of molecular biology*, Dissertation, Cambridge (UK)