

SACHBUCH

Rafael Ball

Viren in allen Dimensionen

Wie ein Informationscode Viren,
Software und Mikroorganismen steuert

EBOOK INSIDE

 Springer

Viren in allen Dimensionen

Rafael Ball

Viren in allen Dimensionen

Wie ein Informationscode
Viren, Software und Mikro-
organismen steuert

 Springer

Rafael Ball
Zürich, Schweiz

ISBN 978-3-658-34818-2 ISBN 978-3-658-34819-9 (eBook)
<https://doi.org/10.1007/978-3-658-34819-9>

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

© Der/die Herausgeber bzw. der/die Autor(en), exklusiv lizenziert durch Springer Fachmedien Wiesbaden GmbH, ein Teil von Springer Nature 2021

Das Werk einschließlich aller seiner Teile ist urheberrechtlich geschützt. Jede Verwertung, die nicht ausdrücklich vom Urheberrechtsgesetz zugelassen ist, bedarf der vorherigen Zustimmung der Verlage. Das gilt insbesondere für Vervielfältigungen, Bearbeitungen, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeicherung und Verarbeitung in elektronischen Systemen.

Die Wiedergabe von allgemein beschreibenden Bezeichnungen, Marken, Unternehmensnamen etc. in diesem Werk bedeutet nicht, dass diese frei durch jedermann benutzt werden dürfen. Die Berechtigung zur Benutzung unterliegt, auch ohne gesonderten Hinweis hierzu, den Regeln des Markenrechts. Die Rechte des jeweiligen Zeicheninhabers sind zu beachten.

Der Verlag, die Autoren und die Herausgeber gehen davon aus, dass die Angaben und Informationen in diesem Werk zum Zeitpunkt der Veröffentlichung vollständig und korrekt sind. Weder der Verlag noch die Autoren oder die Herausgeber übernehmen, ausdrücklich oder implizit, Gewähr für den Inhalt des Werkes, etwaige Fehler oder Äußerungen. Der Verlag bleibt im Hinblick auf geografische Zuordnungen und Gebietsbezeichnungen in veröffentlichten Karten und Institutionsadressen neutral.

Planung: Petra Steinmüller

Springer ist ein Imprint der eingetragenen Gesellschaft Springer Fachmedien Wiesbaden GmbH und ist ein Teil von Springer Nature.

Die Anschrift der Gesellschaft ist: Abraham-Lincoln-Str. 46, 65189 Wiesbaden, Germany

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Viren, Mikroorganismen und die Molekulargenetik	9
2.1	Entstehung und Entwicklung von Mikroorganismen	10
2.2	Grundbegriffe der Molekulargenetik	16
2.2.1	Transkription und Translation	19
2.2.2	Replikation	21
2.2.3	Der genetische Code: DNA und RNA	22
2.3	Was ist Leben? Definitionen und Entstehung	31
2.3.1	Definitionen von Leben	32
2.3.2	Die Entstehung des Lebens	39
2.4	Sind Viren Lebewesen? Viren und die frühe Genetik der RNA-Welt	46
2.4.1	Die Genetik der Viren	51

VI Inhaltsverzeichnis

2.4.2	Das Verhältnis der Viren zum Reich der Lebewesen und ihre Einordnung	55
2.4.3	Prionen	64
3	Algorithmen, Software und künstliche Intelligenz	67
3.1	Software und Hardware	68
3.2	Algorithmen und Computerprogramme	70
3.3	Evolutionäre Algorithmen	76
3.4	Künstliche Intelligenz	78
4	Computerviren, Computerwürmer und die Selbstreplikation von Programmen	83
4.1	„Brain“ und die Computerviren	84
4.2	Computerwürmer und Trojanische Pferde	89
4.3	Zur Analogie zwischen biologisch wirksamen Viren und Computerviren	91
5	Information, Genetik und die Entwicklung von Leben	99
5.1	Was ist Information? Daten – Information – Wissen	100
5.2	Die Codierung von Informationen in Biologie und Technik	105
5.3	Der genetische Code und die Informationstheorie	110
5.3.1	Epigenetik	117
5.3.2	Prionen	123
5.4	Informationscodierung in der Technik	127
5.5	Die Bedeutung von Information bei Viren und Algorithmen	131

6	Das große Kontinuum: die Konvergenz von Leben und Technik	135
6.1	Die Verselbstständigung der Systeme	136
6.2	Die Selbstreplikation künstlicher Intelligenz	141
6.3	Die Roboter kommen: technische Lösungen für autonome Systeme	146
7	Die Koevolution von Leben und Technik: Zusammenfassung und Ausblick	149
	Literatur	157

Abbildungsverzeichnis

Abb. 2.1	Bakterium und Virus im Vergleich (Größen nicht maßstäblich). (© C. Munz/AbiBlick.de)	11
Abb. 2.2	Bakterium, schematischer Aufbau. (© C. Munz/AbiBlick.de)	13
Abb. 2.3	Prinzip der Transkription: DNA wird in RNA übersetzt. (Quelle: NHGRI / Wikipedia – gemeinfrei)	18
Abb. 2.4	Der Aufbau von Proteinen aus der Erbinformation (Translation). (Quelle: LadyofHats / Wikipedia – gemeinfrei)	20
Abb. 2.5	Der genetische Code (Zuordnung von Aminosäuren zu codierenden Triplets). (Quelle: Mouagip/Wikipedia – gemeinfrei)	26
Abb. 2.6	Pantoffeltierchen (auch Geißeltierchen) als einfaches einzelliges Lebewesen mit Zellmembran und Kompartimentierung. (Quelle: udaix/Shutterstock (eigene Übersetzung))	34

X **Abbildungsverzeichnis**

- Abb. 2.7 Aufgewühlte, energiereiche Ursuppe als Basis für die Entstehung erster selbstreplizierender Moleküle. (Quelle: Tim Bertelink (2016): „Artist’s impression of the Hadean Eon“, <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Hadean.png> CC BY-SA 4.0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>) 39
- Abb. 2.8 Hyperzyklus nach Manfred Eigen: Aus RNA entstehen Proteine, die wiederum die Produktion von RNA bewirken. (Quelle: eigene Abbildung nach Manfred Eigen (vereinfacht)) 42
- Abb. 2.9 Das SARS-CoV-2 (elektronenmikroskopische Aufnahme). (Quelle: Alissa Eckert, MS; Dan Higgins, MAM – gemeinfrei) 46
- Abb. 2.10 Schematischer Aufbau eines Virus, hier Influenza. (Quelle: Designua/Shutterstock (eigene Übersetzung)) 49
- Abb. 2.11 Prionen in „normaler“ und in „krankmachender“ Form. (Quelle: Designua/Shutterstock) 65
- Abb. 3.1 Muhammad ibn Musa al-Chwarizmi. Auf ihn geht der Begriff des Algorithmus zurück. Quelle: Konterfei auf ehemaliger sowjetischer Briefmarke 72
- Abb. 3.2 Alan Turing (1912–1954), löste das Hilbert’sche Entscheidungsproblem © ARCHIVIO GBB / Alamy 74
- Abb. 4.1 Programmdatei des ersten PC-Virus „Brain“. Der Entwickler im gibt sogar seine Adresse an. Man kann sich an ihn wenden, um den Virus zu entfernen. © M. Zabel / Lektorat Freiburg 86

- Abb. 5.1 Zeichen – Daten – Information – Wissen.
Wissenspyramide nach Raffael Herrmann.
Abdruck mit freundlicher
Genehmigung. (Quelle: [https://
derwirtschaftsinformatiker.de](https://derwirtschaftsinformatiker.de)) 103
- Abb. 5.2 Funktionsweise von Epigenetik. Abdruck mit
freundlicher Genehmigung von Visionäre
der Gesundheit. (Quelle: [https://visionaere-
gesundheit.de/](https://visionaere-
gesundheit.de/)) 120



1

Einleitung

Zusammenfassung Viren sind zu Beginn des 21. Jahrhunderts in aller Munde. Gerade beschäftigt uns die Corona-Pandemie über alle Maßen, aber nicht vergessen dürfen wir darüber andere, von Viren induzierte Krankheiten wie die Vogelgrippe oder die klassische Influenza. Durch die Corona-Pandemie sind wir schon fast zu Virenspezialisten geworden und verstehen zunehmend, wie sich Viren verbreiten oder Impfstoffe wirken können. Grundlage ist dabei immer ein genetisches Programm, das auf Informationen beruht, die von Virus zu Virus weitergegeben werden. Die Art der Informationscodierung ist dabei dieselbe, wie sie durchgängig auch in Lebewesen – angefangen vom Bakterium bis zum Menschen – als Prinzip vorkommt. Gleichzeitig treten zunehmend Computerviren in unseren Alltag. Durch die Vernetzung der Computersysteme weltweit können Schadprogramme schnell übertragen werden und sich verbreiten. Hier interessieren uns die Grundlagen der

technischen Informationscodierung und der Vergleich zu Viren und Lebewesen. Letztlich führt das auch zur Frage einer möglichen Autonomie von Schadsystemen und dem Unbehagen, künftig von autonomen Robotern beherrscht zu werden.

Viren mutieren: Mit der Überschreitung diskursiver Grenzen verändert auch das Konzept des Virus unversehens und oft kaum wahrnehmbar seine Gestalt. (Mayer & Weingart, 2004)

Die Corona-Pandemie bringt Viren erneut ins Gespräch. Nachdem die Diskussion und teilweise auch das öffentliche Interesse an der durch das HI-Virus (Human Immunodeficiency Virus) verursachten AIDS-Erkrankung massiv abgenommen haben (obwohl noch immer pro Jahr mehr als zwei Millionen Menschen am HI-Virus sterben) und die durch andere Corona-Viren wie SARS und MERS verursachten Krankheiten nicht pandemisch waren, sondern lokal begrenzt und beherrschbar aufgetreten sind, tritt mit dem neuen Corona-Virus und der damit verursachten Lungen- und Systemkrankheit COVID-19 im Jahr 2020 das Interesse am Thema Viren, ihrer Wirkungsweise, Verbreitung und Beherrschung, erneut in den Vordergrund. Zwar sterben pro Jahr weltweit 80 Mio. Menschen an verschiedenen Infektionskrankheiten und 8,2 Mio. Menschen an Krebs (Mölling, 2015, S. 37); dennoch ist die Aufmerksamkeit um die Corona-Pandemie weitaus größer, denn diese Pandemie, die zum Jahreswechsel 2019/2020 von China ihren Ausgang nahm, kostet nicht nur viele Menschenleben und kann schwere Folgekrankheiten verursachen, sondern bedingt weltweit teils deutliche Einschränkungen der Bewegungsfreiheit durch den sogenannten Lockdown, der das öffentliche

und wirtschaftliche Leben massiv eingeschränkt hat und weit in die Grundrechte der Menschen eingreift.

Bei der direkten Bekämpfung des Virus steht nun weniger dessen epidemiologische Eingrenzung als vielmehr die Kenntnis seines Genoms im Vordergrund. Wer den genetischen Code der Viren kennt, kann nicht nur gezielt nach Therapiemöglichkeiten der Erkrankungen suchen und Impfstoffe entwickeln, sondern auch die Wirkungsweise des spezifischen Virus insgesamt besser verstehen lernen. Hier beobachten wir gerade einen sprunghaften Anstieg von Studien und wissenschaftlichen Fachartikeln zum Thema des Corona-Virus und der Krankheit COVID-19, die schnell und meist ohne die notwendige Qualitätskontrolle als Preprint auf den unzähligen Servern und Plattformen von Universitäten und Forschungseinrichtungen hochgeladen werden. Es ist prinzipiell richtig, wenn intensiv am Thema Corona geforscht wird, aber die Veröffentlichungen sind dann keine Bereicherung mehr, wenn auf ihre Inhalte und die zugrunde liegenden Daten kein Verlass ist. Schon gibt es Stimmen aus der Wissenschaft, die einen undurchschaubaren Dschungel an veröffentlichten Halbwahrheiten und den Verlust an Überblick beklagen.¹ Ganz offensichtlich bestätigt die Veröffentlichungspraxis in der Corona-Krise den alten Grundsatz, dass „mehr“ nicht immer „besser“ bedeutet. So resümiert der Psychiater und Universitätsprofessor Klaus Lieb zum Publikationsaufkommen in der Corona-Krise: „In der Tat ist die Krise unsere Chance, die riesigen

¹ Hier wird evident, dass geduldige Reflexion, Einordnung, Durchdringung, Widerlegung und Korrektur von Hypothesen das Wesen von Wissenschaft ausmachen. Der Wert einer Veröffentlichung geht dann verloren, wenn sie im „Quick-and-dirty-Modus“ nur noch Schnellergebnisse liefert. Dann kehrt sich Wissenschaft in ihr Gegenteil: Statt Erkenntnisse zu liefern, werden Halbwahrheiten oder sogar Fake News produziert.

Datenfluten und Datenpublikationen in Frage zu stellen“ (Bartenschlager, 2020, S. 2).

Chinesische Wissenschaftler haben nach dem Auftreten des SARS-CoV-2-Virus das vollständige Genom entschlüsselt und bereits am 11. Januar 2020 online weltweit zur Verfügung gestellt (Irmer & Müller-Jung, 2020, S. 11). Dabei stellte sich heraus, dass diese Viren sich wie die meisten anderen verhalten und Minimalisten sind: Sie beschränken ihre eigenen Aktivitäten auf ein Minimum und überlassen der Wirtszelle die Produktion notwendiger Proteine, indem sie sie über kurze RNA-Sequenzen instruieren. Viren sind also Minimalisten, was die eigenen Aktivitäten der Codierung von Informationen und der Beschaffung der benötigten Proteine angeht. Deshalb wird nicht nur ihre Stellung im Reich der Lebewesen diskutiert, sondern auch ihr Status als Lebewesen ganz generell.

Fragen nach der Lebens- und Wirkungsweise von Viren, ihrer Verbreitung und Vervielfältigung werden seit dem Ausbruch der Corona-Pandemie tagtäglich in den Medien der Welt diskutiert. Durch die intensive und tägliche Konfrontation mit dem Thema „Viren“ sind längst auch Fachbegriffe wie „Reproduktionsrate“, „Mutation“ oder „Replikation“ in aller Munde.

Ein besonderes Augenmerk richtet sich dabei auf die Frage, wie die Pandemie in den Griff zu bekommen ist und das Virus erfolgreich bekämpft werden kann.

Auch im Frühjahr des Jahre 2021 sind die besonderen Wirkungsweisen und Details der Infektion und ihrer Auswirkungen auf die Prozesse im menschlichen Körper noch lange nicht umfassend geklärt und im Detail verstanden. Gleichzeitig weisen Virologen darauf hin, dass sich das Virus ebenso wie alle Mikroorganismen permanent verändert und damit eine Bekämpfung über die Entwicklung von Medikamenten oder Impfstoffen weiter erschwert wird. So identifizierten Forscher im Oktober 2020 eine

Variante des SARS-CoV-2, die sich seit Sommer 2020 von Spanien ausgehend in ganz Europa neben der ersten Form des Virus ausgebreitet hat. (Hodcroft et al., 2020).

Ein Blick auf das Pockenvirus kann verdeutlichen, welches Ausmaß diese Mutationen annehmen können. Im 20. Jahrhundert starben noch eine halbe Milliarde Menschen an den Pocken. Unbehandelt hat diese Infektion eine sehr hohe Letalität. Durch Impfungen konnte sie so erfolgreich begrenzt werden, dass die Pocken heute als ausgerottet gelten. Das Pockenvirus existiert seit Tausenden von Jahren. Es konnte zunächst nur etwa 360 Jahre zurückverfolgt werden. Nun wurde es kürzlich an 1400 Jahre alten Skeletten aus der Wikingerzeit nachgewiesen und dabei ein enormer genetischer Unterschied zwischen der DNA dieser alten und der DNA jüngerer Varianten festgestellt (Schmitt, 2020, S. 8). Das zeigt exemplarisch, wie schnell sich Viren im Vergleich zu den Zeiträumen der natürlichen Evolution durch Mutationen verändern können.

Natürlich ist bei aller Verwandtschaft nicht Virus gleich Virus; es gibt viele Unterschiede: „HIV wiederum ist wahnsinnig variabel, was für SARS-CoV-1 und 2 nicht in dem Ausmaß gilt, obwohl es ebenfalls RNA-Viren sind“ (Bartenschlager, 2020). Was aber sind die Ursachen für permanente Veränderungen von Mikroorganismen wie Bakterien oder auch von Viren? Welche Mechanismen stecken dahinter? Wie funktioniert ihre Genetik eigentlich?

Wir wissen, dass Viren entwicklungsgeschichtlich sehr frühe und ursprüngliche Systeme sind, die sich mithilfe von Wirtszellen vervielfältigen und dabei ihre genetischen Informationen ständig ändern – und damit auch ihre Infektiosität. Die Mechanismen der genetischen Veränderungen, die Anpassungen an veränderte Umweltbedingungen oder reine Zufälle sind, sind so alt wie das

Leben selbst und die Basis sämtlicher phylogenetischer Entwicklungen der Lebewesen seit fast vier Milliarden Jahren. Grundlage dafür ist die Codierung der genetischen Informationen in Molekülen der RNA oder DNA (Ribonukleinsäure bzw. Desoxyribonukleinsäure) und die identische Weitergabe an nachfolgende Generationen.

Dieses Prinzip ist so universell, dass man darüber nachdenkt, ob es auch von unbelebten technischen Systemen beherrscht werden könnte, und ob die Beherrschung der identischen Replikation von Informationen und die Weitergabe an neue Individuen schon ein konstituierendes Merkmal von Leben ist. Wem kommen hier nicht Computerviren in den Sinn, die sich ebenfalls automatisch und identisch vervielfältigen und über deren Status wir in diesem Buch ausführlich sprechen wollen.

Auf die Beschreibung von Viren und ihren Mechanismen treffen wir fast ausschließlich in Biologiebüchern oder in Werken der Molekularmedizin und Infektiologie. Dabei ist meist klar, dass das Thema Viren zwar im Bereich der Mikrobiologie angesiedelt ist und behandelt wird, aber Viren nicht als „richtige“ Lebewesen gelten. Mal werden sie als „Teilzeitlebewesen“ bezeichnet (Schreiber, 2019, S. 247), mal als der „Übergang von der unbelebten Welt zum Lebendigen“ (Mölling, 2015, S. 21). Und tatsächlich fehlen den Viren wesentliche Eigenschaften, die als Voraussetzung für die Bezeichnung „Leben“ gelten, etwa eine Zellmembran oder ein eigener Stoffwechsel. Wir versuchen hier Klärung und Einordnung – immer mit dem Blick auf die Grundfrage der Codierung von Informationen in belebten und unbelebten Systemen.

Denn etwas haben Viren mit der ganzen lebenden Welt gemeinsam: die Mechanismen der Speicherung und der Reproduktion genetischer Informationen. Ausgehend von dieser faszinierenden Zwitterstellung der

Viren als ursprüngliche Systeme an der Grenze zwischen toten organischen Makromolekülen in der präbiotischen Zeit und der Entstehung der ersten Zellen und damit der „richtigen“ Lebewesen, drängt sich die Frage auf, ob es auch andere, sich selbst replizierende, aber technische, vom Menschen geschaffene Systeme geben könnte, die nicht nur ähnliche Prozesse und Verfahren ihrer Reproduktion und permanenten Veränderung, sogenannte Mutationen haben können wie die infektiösen Viren, sondern auch ähnliche Auswirkungen. Im technischen Bereich kommt man dabei schnell auf das Thema „Computerviren“, deren Entwickler wie Entdecker sich nicht nur den Namen bei den Mikroorganismen geliehen haben, sondern auch die Dimensionen der Abläufe. Auch Computerviren führen zu einer Störung oder Zerstörung eines Wirts, des Computersystems; sie reproduzieren und verbreiten sich automatisch und ihre Informationen sind im Gegensatz zu denen der Viren nicht als RNA oder DNA hinterlegt, sondern als „Programmcode“. Sie können letztlich nur durch die Unterbrechung von Infektionsketten wirkungsvoll gestoppt werden. Beim Computervirus nimmt man den Rechner vom Netz und kappt alle Außenverbindungen, beim „echten“ Virus kappt man im Lockdown die sozialen Kontakte zwischen den potenziellen Trägern, also den Menschen.

Nicht alle sich selbst replizierenden Computerprogramme sind Computerviren; es gibt eine ganze Reihe von Programmen und Algorithmen, die sich nicht nur selbstständig und automatisch kopieren und verbreiten, sondern – ähnlich wie Lebewesen in der Evolution – auch verändern und damit eine gewisse „Autonomie“ erreichen: Dies gilt für Computerwürmer und andere Softwaretypen. Ob solche Computerprogramme eine ähnliche Funktions- und Wirkweise haben oder haben können wie biologisch wirksame Viren, ist eine der Fragestellungen

dieses Buches. Dabei ist es von Bedeutung, die Basis der Codierung von Information in Lebewesen (Mikroorganismen), in Viren („Teilzeitlebewesen“), in der unbelebten organischen oder anorganischen Welt und schließlich in der technischen Welt zu untersuchen und zu vergleichen.

Die Beantwortung dieser Frage wird schließlich klären helfen, ob und inwieweit es Parallelen gibt zwischen den sich selbst replizierenden Systemen der noch unbelebten Natur (etwa organischen Molekülen), der Replikation der Viren, den (frühen) echten biologischen Replikationssystemen und ihren Vorfahren und den selbstreplizierenden technischen Computerprogrammen. Daraus folgt dann die Frage, ob und inwieweit solche sich selbst replizierenden technischen Systeme genauso gefährlich werden können wie infektiöse Viren bei der Auslösung von Pandemien, wie etwa der Corona-Pandemie im Jahr 2020. Denn „Viren sind Software – und wir ihre Hardware“ (Bartenschlager, 2020).