

AUDIOVISUELLE
AUSEINANDERSETZUNG
MIT DEM GENETISCHEN CODE



1. Einleitung	7
2. Zeichen und Zeichensysteme	9
Zeichen	10
Zeichenarten	10
Zeichenrelationen	11
Zeichensysteme / Codes	11
3. Der genetische Code	15
Proteine und Aminosäuren	16
Chromosomen, DNA, und Gene	16
Der genetische Code und seine Mechanismen	17
4. Genetische Mechanismen als künstlerische Methode	23
Transkription	24
Translation	32
5. Audiovisuelle Inszenierung im semiotischen Kontext	49
Der Medienbegriff in der Zeichentheorie	50
Inszenierung im Raum	50
Literaturnachweis	

Einleitung

Wir sind alltäglich mit Zeichen und Zeichensystemen, also Codes, konfrontiert. Einige davon sind einfach und direkt intuitiv erfassbar. Andere sind komplex und für den Laien schwer verständlich. Trotzdem spielen sie eine fundamentale Rolle in unserem gesellschaftlichen Alltag. Ein prominentes Beispiel sind die verschiedenen in der digitalen Informationstechnik verwendeten Codes. Diese wurden über Jahrzehnte entwickelt und optimiert und können als einen der zahlreichen Triumphe des menschlichen Geistes angesehen werden.

Es ist eine faszinierende Einsicht, dass die Natur hier ein Vorreiter war. Der genetische Code, der die Grundlage allen Lebens ist, ist strukturell den von Menschen entwickelten Codes in der Informationstechnik sehr ähnlich und man versteht inzwischen wie hoch entwickelt und effizient dieser Code ist. In unserem Körper, wie im Körper aller Lebewesen, spielen sich also ständig und jederzeit Vorgänge ab, die den Vorgängen in einem Computer ähneln, die für die meisten von uns aber eher abstrakt anmuten. Ziel dieser Arbeit ist es daher, diese Faszination erfahrbar zu machen. Dazu wird der genetische Code aus semiotischer, also Zeichentheoretischer Sicht untersucht. Inspiriert vom Code selbst, wird ein audiovisuelles Zeichensystem entwickelt, mit dessen Hilfe sich wichtige Mechanismen des genetischen Codes, die Transkription und Translation, als audiovisuelle Prozesse darstellen lassen. Insbesondere sollen dadurch die für uns nicht sichtbaren mikroskopischen molekularbiologischen Prozesse in die makroskopische Realität übertragen werden. Dieses Ziel soll durch eine audiovisuelle Rauminstallation erreicht werden.

ZEICHEN UND ZEICHENSYSTEME

Ein Zeichen kann etwas Sichtbares, Hörbares oder Spürbares sein, das für etwas anderes steht. Wofür genau es steht, d.h. die Bedeutung des Zeichens, ist im Allgemeinen kontextabhängig. Die Bedeutung eines Zeichens muss zunächst einmal definiert werden und es ist oft der Fall, dass ein Zeichen, je nach Kontext, für verschiedene Objekte oder Sachverhalte steht. Ein Kontext kann dabei unter anderem kulturell festgelegt sein, durch eine bestimmte Gruppe von Personen, oder durch einen bestimmten größeren thematischen Rahmen.¹ Als Beispiel eignet sich das Handzeichen, das aus einer geballte Faust mit hochgeklappten Zeigefinger und kleinem Finger besteht. In Texas bedeutet es »Hi«, in der Heavy-Metal-Musikszene ist es ein Zeichen für die Hörner des Teufels und in Südeuropa bedeutet es »Deine Frau geht fremd.«.²

Zeichen

In der Semiotik - der Zeichentheorie - werden Zeichen, nach dem amerikanischen Philosoph Charles S. Peirce (19. Jahrhundert), in drei Bereiche unterteilt³: ikonische, indexikalische und symbolische Zeichen. Die unterschiedliche Klassifikation gibt dabei den Grad des Zusammenhangs zwischen dem Zeichen selbst und dem bezeichneten Gegenstand wieder.

Zeichenarten

Ikonische Zeichen sind eine direkte Analogie zum bezeichneten Gegenstand oder eine stilisierte Version desselben. Beispiele sind die stilisierten Grafiken für Mann und Frau auf Toiletten, oder Grafiken von Wolken mit und ohne Regentropfen, oder von einer Sonne, die einen bestimmten Wettertypus anzeigen.

Indexikalische Zeichen stehen wie ikonische Zeichen in einem realen oder, im Sinne der Sprachtheorie, natürlichen Zusammenhang zum bezeichneten Gegenstand, jedoch ist dieser Zusammenhang weniger direkt als bei ikonischen Zeichen. Kommt man in einen Raum und riecht ein Parfum, das nicht dem eigenen entspricht, ist das ein Zeichen dafür, dass sich eine weitere Person in diesem Raum befindet oder befunden hat. Eine Grafik die eine durchgestrichenes Speiseeis abbildet, ist ein Zeichen dafür, dass der Verzehr von beliebigen Speisen, also nicht nur Speiseeis selbst, in dem entsprechenden Raum nicht erlaubt ist.

Symbolische Zeichen stehen schließlich in keinem realen Zusammenhang zum entsprechenden Gegenstand, sondern sind vollständig willkürlich festgelegt, d.h. durch eine Konvention definiert. Beispiele sind Eigennamen von Personen, oder etwa der Buchstabe »A« als Entsprechung des Vokals »A«.

Zusätzlich zur Klassifikation der Zeichen selbst hat der Semiotiker Charles William Morris im 20. Jahrhundert die möglichen Relationen von Zeichen klassifiziert und drei Zusammenhangskategorien

Zeichenrelationen

definiert.⁴ Die Semantik umfasst zum einen die Bedeutung des Zeichens, also den bezeichneten Gegenstand, und die Beziehung des Zeichens zu diesem Gegenstand, etwa wie genau dieser durch das Zeichen repräsentiert wird. In der Syntaktik geht es um die Bedeutung eines Zeichens in Relation zu anderen Zeichen im Rahmen eines Zeichensystems. Allgemein kann man fragen, wie unterschiedliche Zeichen in einem System zu neuen Zeichen kombiniert oder zu größeren Sinneinheiten verknüpft werden können. Ein Beispiel sind die Buchstaben eines Alphabets. Diese können nach festen Regeln zu Worten verknüpft oder durch diakritische Zeichen modifiziert werden. Die Aussprache eines Buchstabens, also der ihm entsprechende Klang, hängt im Allgemeinen von den in einem Wort benachbarten Buchstaben ab. Die Pragmatik umfasst die Art und Weise der Produktion und Verwendung eines Zeichens, aber auch die konkrete Handlung des Zeichenbenutzers, die dieser bei der Verwendung eines Zeichens oder Zeichensystems vollführt.

Zeichensysteme / Codes

Die möglichen Anwendungen von Zeichen sind vielfältig. Zeichen werden dazu verwendet um Informationen direkt zu vermitteln oder um diese zu speichern und weitergeben zu können. Die Vermittlung kann dabei zwischen verschiedenen Lebewesen erfolgen, oder zwischen einem Menschen und einer technischen Maschine, aber auch zwischen biologischen Systemen, die Teil eines Lebewesens sind. Soll eine größere Menge an Informationen oder ein komplexerer Sachverhalt vermittelt werden, greift man dabei in der Regel nicht nur auf ein einfaches Zeichen, sondern auf ein komplexes Zeichensystem, auch Code genannt, zurück. Die Verwendungen eines Zeichensystems ist dabei oft effizienter als die Verwendung von immer neuen Zeichen für verschiedene, aber zusammenhängende Gegenstände. Beispiele von Zeichensystemen sind verschiedene Schriftsprachen (z.B. Schreibschriften oder Blindenschriften), das Morse-Alphabet, Codes verschiedener Computerprogrammiersprachen wie z.B. Lochkarten-Codes, Notenschriften in der Musiknotation oder das Periodensystem der Elemente in der Chemie und seine Verwendung in chemischen Strukturformeln. Nicht zuletzt ist der genetische Code, der in dieser Arbeit behandelt wird, ein solches Zeichensystem. Der Vorgang des Codierens bezeichnet allgemein das Ersetzen eines Gegenstandes durch ein ihm entsprechendes Zeichen, oder anders ausgedrückt, das Zuordnen eines Zeichens zu einem Gegenstand. Der inverse Prozess, also Zuordnen eines Gegenstandes zu einem Zeichen wird Decodieren genannt. Eine Information oder ein komplexer Sachverhalt kann in verschiedenen Zeichensystemen ausgedrückt oder codiert werden. Man kann also die in einem Zeichensystem

codierte Information in ein anderes Zeichensystem übersetzen oder neu codieren. Als Beispiel kann das Wort »BAUM« von dem Zeichensystem der deutschen Schriftsprache in das Wort »TREE«, im Zeichensystem der englischen Sprache übersetzt werden, wobei die codierte Information gleich bleibt. Beim Aussprechen oder Hinschreiben des Wortes »BAUM« wird die Information »Baum« codiert. Beim Lesen oder Hören des Wortes »BAUM« wird im Gehirn des Lesers oder Hörers diesem Wort die Information »Baum« wieder zugeordnet. Der Prozess des Lesens bzw. Hörens und anschließenden Verstehens ist also die Decodierung des Wortes »BAUM«. Umgangssprachlich werden die Begriffe »Code« und »codieren« oft nur für Zeichen oder Zeichensysteme verwendet, die derart gestaltet sind, dass sie nur einem kleinen Personenkreis bekannt sind und damit die »geheime« Vermittlung von Informationen ermöglichen. In diesem Zusammenhang würde man bei der Übersetzung von einem geheimen Zeichensystem in ein weithin bekanntes von Dechiffrieren sprechen. Diese engen Begriffsdefinitionen sollen hier jedoch nicht verwendet werden.

DER GENETISCHE CODE

Proteine werden umgangssprachlich auch Eiweiße genannt und sind unabdingbare Bestandteile aller Lebewesen. Im menschlichen Körper finden sich mehr als 100.000 verschiedene Proteine. Ihre Aufgabe ist es, die Struktur und Funktion einer Zelle zu bilden bzw. zu bestimmen. Beispielsweise sorgen Proteine als Enzyme für einen geregelten Ablauf der chemischen Reaktionen des Stoffwechsels, oder sie sind für die Steuerung der Genaktivitäten von entscheidender Bedeutung.⁵ Strukturell sind Proteine Aminosäurenketten. Dabei besteht ein Protein aus mehr als 100 Aminosäuren und die Abfolge der Aminosäuren in einem Protein ist genetisch festgelegt. Aminosäuren sind Carbonsäuren die in ihrem Aufbau eine oder mehrere sogenannte Aminogruppen enthalten. Bisher sind über 260 Aminosäuren bekannt. 20 davon sind proteinogene Aminosäuren, d.h. sie eignen sich für die Proteinherstellung. Die übrigen Aminosäuren kommen in Proteinen nicht vor. Die proteinogenen Aminosäuren mit ihren ein- und dreibuchstabigen Abkürzungen sind in Tabelle 1 aufgeführt.⁶ Nicht alle proteinogenen Aminosäuren können von allen Lebewesen selbst synthetisiert werden. Diese »essentiell« genannten Aminosäuren müssen dann von diesen Lebewesen über die Nahrung aufgenommen werden. Beispielsweise ist Leucin für den Menschen eine essentielle Aminosäure, die für die Proteinsynthese in Muskeln benötigt wird. Sie kann unter anderem über Rindfleisch oder Reis aufgenommen werden.^{7,8}

Proteine und Aminosäuren

Bei höheren Lebewesen, d.h. Tieren, Pflanzen und Pilzen, wird fast das gesamte Erbgut in Chromosomen gespeichert. Diese befinden sich im Zellkern einer Zelle und sind nichts anderes als mit zusätzlichen Proteinen verpackte Desoxyribonukleinsäure, abgekürzt DNS oder DNA (für »Desoxyribonucleinacid«). Chromosomen werden oft als X-förmige Gebilde dargestellt. Tatsächlich haben sie diese Form aber nur während einer sehr kurzen Phase der Zellteilung, normalerweise liegen sie in einer ungeordneten Form vor. Da diese Form aber im Gegensatz zur X-Form nicht gut unter dem Mikroskop sichtbar ist, hat sich letztere Darstellung durchgesetzt. Die in den Chromosomen verpackte DNA ist eine doppelsträngige verdrehte Kette, auch »DNA-Doppelhelix« genannt. Jeder Einzelstrang dieser Kette besteht aus einem Träger analog zu der Schnur einer Perlenkette und darüber hinaus aus vier verschiedenen Bausteinen, den sogenannten Nukleotidbasen Adenin (A), Guanin (G), Thymin (T) und Cytosin (C). Die zwei Einzelstränge sind zueinander komplementär, d.h. die einzelnen Nukleotidbasen der Stränge bilden jeweils sich ergänzende Basenpaare. Die in der DNS gespeicherten genetischen Informationen sind unter anderem Bauanleitungen zur Herstellung von Ribonukleinsäuren

Chromosomen, DNA, und Gene

(RNA) und Proteinen.

Sequenzabschnitte des DNA-Strangs die zusammen-hängende Informationseinheiten enthalten werden Gene genannt. Die Bauanleitung für ein Protein wird beispielsweise in einem einzelnen Gen gespeichert. Als Genom wird die Gesamtheit aller Gene in der DNA eines Lebewesens bezeichnet.⁹

Der genetische Code und seine Mechanismen

Der genetische Code gibt an, wie genau die Erbinformationen, d.h. insbesondere der Aufbau der Proteine, in der DNA gespeichert sind. Er ist aus semiotischer Sicht ein komplexes Zeichensystem auf Molekularebene das mit einer Vielzahl von Mechanismen verbunden ist. Eine wichtige Rolle beim Verständnis des genetischen Codes spielen Ribonukleinsäuren, abgekürzt RNA. Im Gegensatz zur DNA liegen diese Nukleinsäuren als Einzelstrang in einer Zelle vor. Analog zur DNA besteht RNA aus vier Nukleotidbasen, allerdings taucht anstatt Thymin (T) die Base Uracil (U) auf. Es gibt zwei Arten von RNA die als Vermittler zwischen dem Informationsspeicher DNA und dem finalen Syntheseprodukt Protein fungieren und dabei für die Zwischenstufen Transkription und Translation von Bedeutung sind: die Boten-RNA (messenger-RNA, mRNA), sie erhält während der Transkription die genetischen Informationen von der DNA, und die Transfer-RNA (tRNA), sie decodiert bei der Translation die Informationen und ordnet diesen die passenden Aminosäuren zu.

Transkription: Die Synthese der mRNA

Bei der Transkription werden bestimmte Abschnitte eines Gens von der DNA zur mRNA überschrieben um später außerhalb des Zellkerns weiterverarbeitet werden zu können. Aus Sicht der Semiotik findet bei der Transkription also ein Wechsel des Zeichensystems statt. Dazu wird durch ein Enzym, die RNA-Polymerase, die DNA-Doppelhelix aufgespalten und ein RNA-Einzelstrang Base

AMINOSÄURE	3-B.-ABK.	1-B.-ABK.	AMINOSÄURE	3-B.-ABK.	1-B.-ABK.
Alanin	Ala	A	Leucin	Leu	L
Arginin	Arg	R	Lysin	Lys	K
Asparagin	Asn	N	Methionin	Met	M
Asparaginsäure	Asp	D	Phenylalanin	Phe	F
Cystein	Cys	C	Prolin	Pro	P
Glutamin	Gln	Q	Serin	Ser	S
Glutaminsäure	Glu	E	Threonin	Thr	T
Glycin	Gly	G	Tryptophan	Trp	W
Histidin	His	H	Tyrosin	Tyr	Y
Isoleucin	Ile	I	Valin	Val	V

Tabelle 1. Die proteinogenen Aminosäuren

für Base als identische Kopie eines der beiden DNA-Stränge aufgebaut, wobei wie bereits vorweggenommen beim Kopieren Thymin (T) durch Uracil (U) ersetzt wird. Die dabei entstehende vorläufige Version der mRNA besteht aus Exons, also codierenden, und Introns, also nichtcodierenden Sequenzen. In einem weiteren Schritt werden nun die Intronsequenzen aus der vorläufigen mRNA herausgeschnitten und die freien Enden jeweils zusammengefügt. Als Ergebnis entsteht die finale Version der mRNA, eine proteincodierende Abfolge von Nukleotidenbasen.

Bei der Translation werden die in der mRNA gespeicherten genetischen Informationen decodiert um ein entsprechendes Protein zu synthetisieren. Dabei spielt es eine wichtige Rolle, dass sowohl die Informationsträger DNA und RNA, als auch das Syntheseprodukt Protein kettenförmige Moleküle sind. Die Decodierung bzw. die Proteinsynthese kann also vergleichsweise einfach und ohne viele Zwischenschritte sequenziell erfolgen. Die Syntaktik und Semantik des genetischen Codes sind dabei die Folgenden. Jeweils drei aufeinanderfolgende Nukleotidbasen des mRNA-Strangs bilden eine zusammenhängende Informationseinheit oder syntaktische Einheit, ein Codon. Jedes Codon speichert die Information für eine Aminosäure. Weil die mRNA zusätzlich zu dem codierenden Hauptteil aus praktischen Gründen noch einen nichtcodierenden »Kopf« und »Schwanz« besitzt, können Codons auch die Information »Start« oder »Stop« speichern um Anfang und Ende des Hauptteils der mRNA zu markieren. Durch die Reihenfolge der Codons in der mRNA wird also eins-zu-eins die Reihenfolge der Aminosäuren im Protein gespeichert. Semiotisch sind die Nukleotidbasen bzw. die Codons als symbolische Zeichen einzuordnen, da sie, biologisch, als Konvention festgelegt sind und in keinem direkten Zusammenhang zu der codierten Aminosäure stehen. Da ein Codon aus drei Nukleotidbasen besteht und es vier verschiedene Nukleotidbasen gibt, existieren $4 \times 4 \times 4 = 64$ verschiedene Codons. Es müssen aber nur die Information über 20 proteinogenen Aminosäuren gespeichert werden können. Tatsächlich können einige Aminosäuren durch verschiedene Codons gespeichert werden, z.B. entsprechen die sechs Codons CUU, CUC, CUA, CUG, UUA, UUG alle der Aminosäure Leucin. Diese Flexibilität der Beziehung zwischen semantischen und syntaktischen Einheiten des genetischen Codes macht diesen weniger anfällig für Fehler die z.B. bei der Transkription entstehen.¹⁰ Wird beispielsweise CUU (bzw. CTT) fälschlicherweise als CUC kopiert, ist das letztendlich kein Fehler, weil das Codon immer noch dieselbe Aminosäure Leucin codiert. Die Zuordnung der 64 möglichen Codons ist in Tabelle

Translation: Die Synthese eines Proteins

2 dargestellt. Diese gibt den sogenannten »Standardcode« an zu dem es je nach Lebewesen Abweichungen geben kann.¹¹ Da diese Abweichungen aber minimal sind, kann man den genetischen Code als universell und für alle Lebewesen gültig ansehen. Für das Startcodon gilt die Regel, dass eine Proteinkette immer mit Methionin (M) beginnt. Ist also UUG oder CUG das Startcodon, dann entspricht es in diesem Fall ausnahmsweise nicht Leucin (L) sondern Methionin (M). Im Detail - d.h., aus zeichentheoretischer Sicht, pragmatisch - läuft das Ablesen und Decodieren der mRNA und die Proteinsynthese (etwas vereinfacht) folgendermaßen ab.¹² Ein Ribosom, ein sehr großes Molekül das aus RNA und Proteinen besteht, fährt nach und nach die mRNA ab. Das Ribosom hat drei Andockstellen für Transfer-RNA (tRNA), die A-, P- und E-Ort genannt werden (für »Aminoacyl«, »Peptidyl« und »exit«). tRNA kann man sich als verknäueltes Stück RNA vorstellen, das an einer Stelle drei exponierte Nukleotidbasen hat, die zu jeweils einem der Codons komplementär sind. Es gibt also 64 Sorten tRNA. An einer anderen Stelle hat eine tRNA eine Andockstelle für eine Aminosäure. Bestimmte Enzyme, sogenannte Aminoacyl-tRNA-Synthetasen, beladen die tRNAs mit den jeweils passenden Aminosäuren. Die Proteinsynthese läuft nun in mehreren Phasen ab. Erstens dockt eine zum gerade abzulesenden Codon passende tRNA am A-Ort im Ribosom an. Handelt es sich um ein Startcodon, führt die tRNA also die Aminosäure Methionin (M) mit sich. Zweitens fährt das Ribosom ein Codon weiter. Die Methionin-tRNA ist dann am P-Ort und der A-Ort ist wieder frei. Drittens dockt eine weitere tRNA, z.B. eine Leucin-tRNA, am A-Ort an. Viertens rückt das Ribosom wieder ein Codon weiter. Die Methionin-tRNA ist dann am E-Ort und die Leucin-tRNA am P-Ort. Bei diesem Schritt gibt die Methionin-tRNA ihr Methionin an die Leucin-tRNA ab, so dass diese nun ein Methionin-Leucin Proteinstück, ein sogenanntes Polypeptid, trägt. Es dockt wieder eine tRNA am A-Ort an und der Prozess wiederholt sich, wobei die leere tRNA am E-Ort sich jeweils vom Ribosom löst und wieder neu beladen werden kann. Das Polypeptid an der tRNA am P-Ort wird also bei jedem Schritt um eine Aminosäure länger bis das Ribosom ein Stop-Codon erreicht und das Protein fertig ist. Dieser Vorgang wird in Abbildung 1 schematisch veranschaulicht.¹³

P	H	H	Q	Q	R	R	R	R
C	C	C	C	C	C	C	C	C
C	A	A	A	A	G	G	G	G
G	U	C	A	G	U	C	A	G
A	D	D	E	E	G	G	G	G
G	G	G	G	G	G	G	G	G
C	A	A	A	A	G	G	G	G
G	U	C	A	G	U	C	A	G

Tabelle 2. Der genetische Standardcode

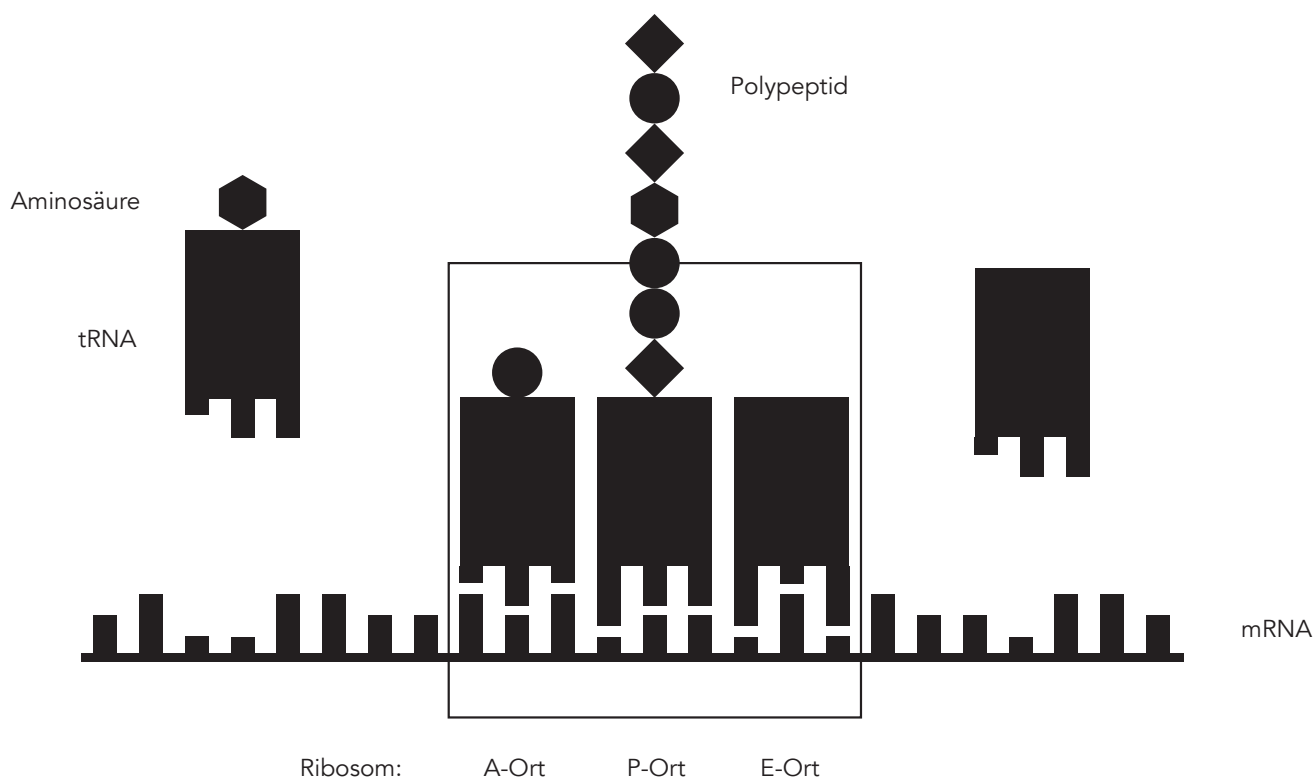


Abbildung 1

GENETISCHE MECHANISMEN
ALS KÜNSTLERISCHE METHODE

Die genetischen Mechanismen Transkription und Translation sind die Schlüsselemente, die benötigt werden, um einen direkten Zugang zum genetischen Code zu erlangen. Sie sind in der biologischen Realität zwei komplexe Mechanismen die sich aus vielen kleinen Prozessen zusammensetzen. In der Gestaltung stellten sich mir dabei zwei grundlegende Fragen. Wie kann man komplexe Mechanismen vereinfachen? Und wie können diese Schlüsselemente erfahrbar werden? Die Antwort liegt in den Mechanismen und dem genetischen Code selbst: Informationen werden nach festen und nachvollziehbaren Regeln codiert und decodiert. Ich habe einen Zeichensatz entwickelt mit dem genetische Information visuell codiert werden kann. Diese Information und damit das finale Syntheseprodukt selbst, ist audiovisuell. Dabei wird die Verbindung zwischen dem visuellen und akustischen Teil des finalen Syntheseproduktes hergestellt indem ersterer als Partitur interpretiert wird. Der Prozess des Codierens und Decodierens kann daher in einer audiovisuellen Installation erfahrbar werden.

Genetische Mechanismen als künstlerische Methode

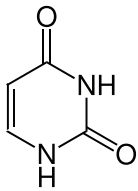
Bei der Transkription findet in der Biologie im wesentlichen ein Wechsel des Zeichensystems vom System der DNA mit den Nukleotidbasen Adenin, Cytosin, Thymin, Guanin (A, C, T, G) zum System der RNA mit den Nukleotidbasen Adenin, Cytosin, Uracil, Guanin (A, C, U, G) statt. Ich habe diesen Vorgang derart interpretiert, dass ein Wechsel vom Zeichensystem der chemischen Strukturformeln zu einem neuen Zeichensystem mit einem von mir entwickelten Zeichensatz "Base" geschieht. Im ursprünglichen Zeichensystem sind die möglichen Zeichen die chemischen Strukturformeln der vier Nukleotidbasen Adenin, Uracil, Cytosin und Guanin. Diese lassen sich als ikonologische Zeichen für die real existierenden Basen auffassen. Wie später deutlich werden wird, spielen sie in meiner Darstellung des genetischen Codes allerdings die Rolle von Zeichen die Aspekte von indexikalischen und symbolischen Zeichen haben. In den Strukturformeln der Basen werden die Atome N (Stickstoff), H (Wasserstoff) und O (Sauerstoff) dargestellt, die auch in zusammengefassten Verbindungen wie NH_2 oder NH vorliegen können. Das Grundskelett der Formel besteht aus einer Pentagon-Hexagon-Kombination bei Adenin und Guanin oder aus einem Hexagon bei Uracil und Cytosin. Die Ecken dieser Skelette sind entweder frei, dann entsprechen sie einem Kohlenstoffatom, das nicht explizit dargestellt wird, oder tragen die Atome oder Gruppen N, O, NH, NH_2 . Diese können sich als Verlängerung der Polygonecken auch an diese anschließen. Die strukturelle Ähnlichkeit der vier Basen inspirierte mich zu der Idee, jedem einzelnen dargestellten Atom oder jeder einzelnen

Transkription

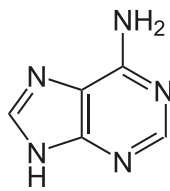
dargestellten Gruppe eine geometrische Form zuzuordnen in Abhängigkeit von der Anzahl und Form der Schriftzeichen die sich in den entsprechenden Abkürzungen befinden. Somit entstanden für den Wechsel des Zeichensatzes, also für die Neucodierung der genetischen Information, folgende Zuordnungsregeln. N wird zu einem Quadrat, NH zu einem Rechteck aus zwei Quadraten und NH_2 zu einem Rechteck aus drei Quadraten. NH kann dabei nach der Vorlage vertikal oder horizontal vorliegen. O wird zu einem Kreis, da sich N und O chemisch unterscheiden und deshalb visuell unterscheiden müssen.

Die Striche in den chemischen Strukturformeln, die Verbindungen zwischen den Atomen oder Gruppen darstellen, werden im neuen Zeichensatz nicht abgebildet. Es entstehen also Zeichen, die aus Quadraten, Rechtecken und Kreisen zusammengesetzt sind, die sich an festgelegten relativen Positionen befinden. Inspiriert von der Schlichtheit dieser geometrischen Formen und ihrer Anordnung werden ihre Positionen im Vergleich zu den Positionen in den Strukturformeln leicht angepasst, so dass sie sich in ein 12 x 12 Raster einfügen. Dies unterstreicht die Funktionalität der Zeichen. Das jeweils umschließende Quadrat eines Zeichen im Zeichensatz »Base« ist dabei nicht Teil des Zeichens sondern soll den typographisch relevanten Weißraum und das Grundraster verdeutlichen. Es soll betont werden, dass die erste Spalte dieser Tabelle nur dem Verständnis dient. Die Transkription selbst wird durch die Relation zwischen der zweiten und dritten Spalte definiert, die erste Spalte spielt dabei keine Rolle. In meiner Darstellung der Transkription ist die DNA eines Gens (bzw. seine codierenden Abschnitte) also eine lange Zeichenkette im Zeichensatz der Strukturformeln, während die transkribierte mRNA eine lange Zeichenkette im Zeichensatz »Base« ist.

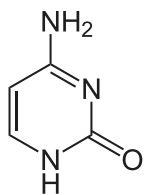
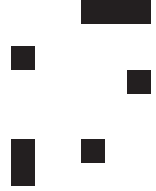
N ■ NH ■ NH2 ■ O ●



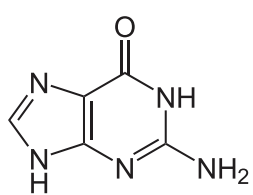
Uracil



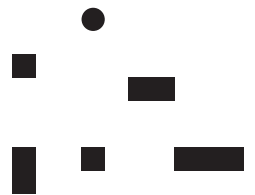
Adenin

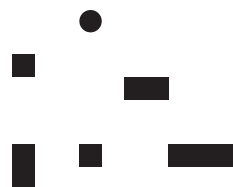
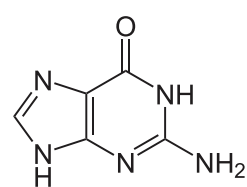
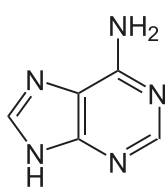
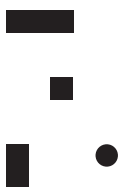
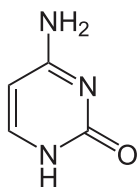
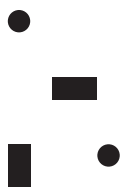
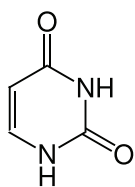


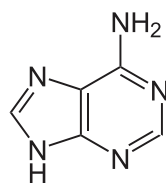
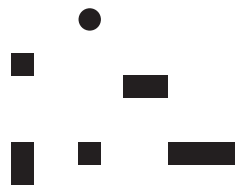
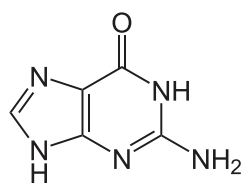
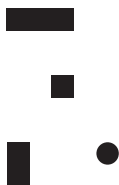
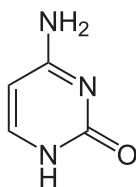
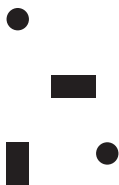
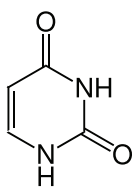
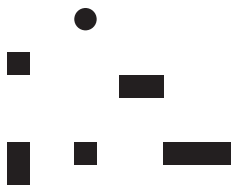
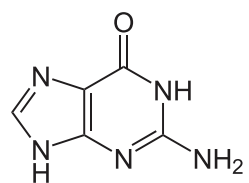
Cytosin

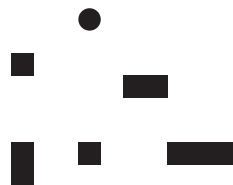
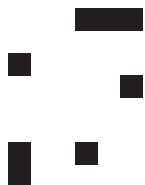
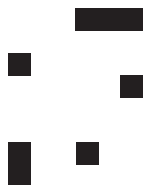
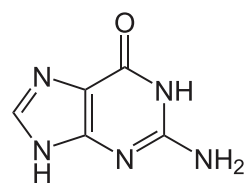
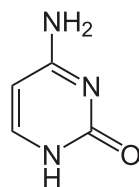
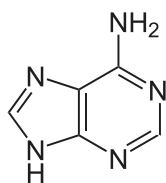
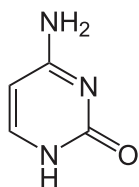
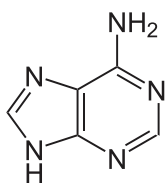


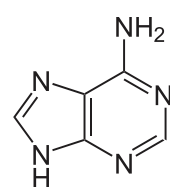
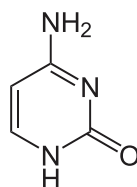
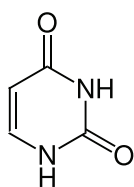
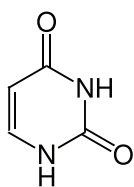
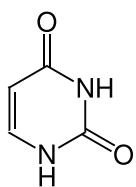
Guanin











In der biologischen Realität wird bei der Translation die in der mRNA gespeicherte Information abgelesen und decodiert und dabei ein entsprechendes Protein synthetisiert. Dieses ist eine Kette aus vielen verschiedenen Aminosäuren, von denen 20 verschiedene vorkommen. In meiner Darstellung der Translation wird eine lange Zeichenkette im Zeichensatz »Base« decodiert und ein audiovisuelles Gesamtobjekt synthetisiert. Dieses ist eine Kette aus vielen verschiedenen audiovisuellen Bausteinen, von denen 20 verschiedene existieren und verwendet werden. Analog zur biologischen Realität wird dabei jeweils drei Zeichen in der Kette als syntaktischer Einheit, also jeweils einem Codon, nach festen Regeln ein audiovisuelles Teilobjekt zugeordnet. Grundlage für diese Regeln ist der genetische Code, der hier gewissermaßen neu definiert wird. Die Semantik des neuen audiovisuellen genetischen Codes besteht dabei aus einer visuellen und einer akustischen Komponente, wobei letztere auf erstere aufbaut.

Translation

Die Grundidee der visuellen Semantik ist, dass einem Codon, das aus drei »Base«-Zeichen besteht, die visuelle Überlagerung der drei Zeichen zugeordnet wird. Der biologische genetische Code lässt sich auf diese Art und Weise jedoch nicht eins-zu-eins in einen visuellen Code umsetzen, da folgende Probleme auftreten.

Visuelle Semantik: Kombinationsfaktoren

Problem 1: Es gibt im biologischen Code mehrere verschiedene Dreierkombinationen aus Nukleotidbasen, die dieselbe Aminosäure codieren, z.B. wird Phenylalanin durch UUU oder UUC kodiert. Visuell würden diese zwei Kombinationen verschiedenen Objekten entsprechen. Da die Translation aber ein eindeutiges Resultat liefern soll, muss eine Kombination aus den verschiedenen im biologischen Code möglichen ausgewählt werden.

Problem 2: Ohne weitere Modifikation sieht die visuelle Überlagerung verschiedener Dreierkombinationen in einigen Fällen gleich aus. Zum einen kann die Reihenfolge der Zeichen im Codon nach der visuellen Addition nicht mehr unterschieden werden, z.B. UUC = UCU, und es ist nach der Addition nicht erkennbar wie oft eine Base vorgekommen ist, z.B. UUC = UCC. Durch die Ähnlichkeiten der Basen-Strukturformeln sehen darüber hinaus einige Kombinationen verschiedener Zeichen visuell überlagert identisch aus, z.B. AGC = AGU. Die Lösung für dieses Problem ist folgendermaßen: man dreht und spiegelt die sich durch visuelle Überlagerung ergebenden Objekte nach festen Regeln und sucht sich eine der möglichen biologischen Codierungen einer Aminosäure aus, um am Ende jeder der 20 Codongruppen, die in der biologischen Semantik jeweils einer Aminosäure entspre-

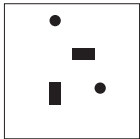
chen, ein eindeutiges und unterschiedliches visuelles und in Folge audiovisuelles Teilobjekt zuzuordnen. Der zur biologischen Stoppcodon-Gruppe äquivalenten Gruppe wird dabei kein audiovisueller Baustein zugeordnet. Sie markiert einfach das Ende des synthetisierten audiovisuellen Gesamtobjektes. Es ergibt sich also folgende visuelle Semantik.

1. Regel: Aus den 20 Codongruppen im »Base« - Zeichensatz,

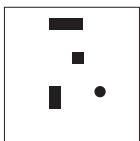
die im entsprechenden biologischen Gencode eine äquivalente Information, also ein und dieselbe Aminosäure codieren, wird jeweils ein bestimmtes Codon ausgewählt. Die Auswahl geschieht derart, dass sie am Ende zu einem Objekt führt, das sich von den Objekten die den anderen 19 Codongruppen zugeordnet werden, unterscheidet.

2. Regel: Die drei »Base«-Zeichen eines Codons werden visuell addiert, d.h. übereinandergelegt.

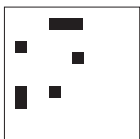
3. Regel: Das addierte Zeichen wird im Uhrzeigersinn gedreht abhängig von der ersten Base im Codon (U = 0 Grad, G = 90 Grad, A = 180 Grad, C = 270 Grad). Das gedrehte Zeichen wird horizontal gespiegelt abhängig von der dritten Base im Codon (U, A = nicht gespiegelt, C, G = gespiegelt). Diese visuelle Semantik lässt sich analog zur Standardcodetabelle des biologischen Gencodes in einer visuellen Codetabelle, zusammenfassen. Dabei soll betont werden, dass die Bezeichnungen »Aminosäure« und die Abkürzungen A, U, C, G in der obigen Beschreibung nur zum besseren Verständnis dienen. Die visuelle Semantik des audiovisuellen Gencodes selbst besagt nur, dass einer syntaktischen Gruppe von drei visuellen Zeichen ein bestimmtes visuelles Objekt zugeordnet wird. Die biologischen Termini und Abkürzungen spielen dabei keine Rolle. In den folgenden Abbildungen werden umschließende Quadrate wieder nur zur Raster- und Weißraumindikation verwendet. Senkrechte schwarze Balken markieren zum Verständnis das zur visuellen Kombination ausgewählte Codon.



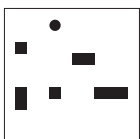
+
0°



/
+
270°

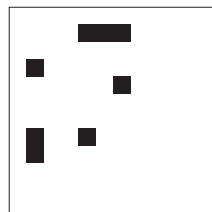
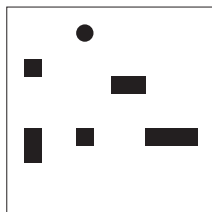
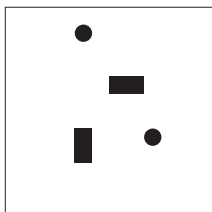


+
180°



+ = addieren
/ = spiegeln
90° = drehen

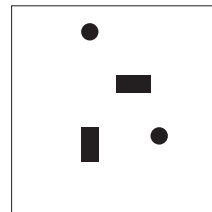
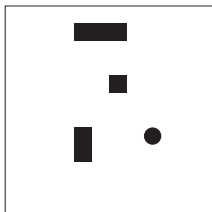
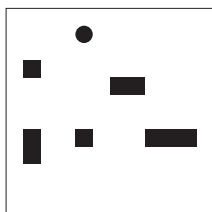
1. BASE



+

+ 90°

+ 180°

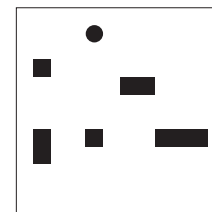
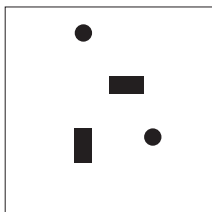
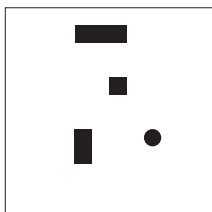


+

+

+

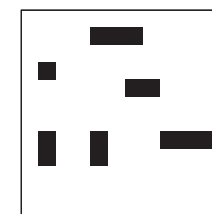
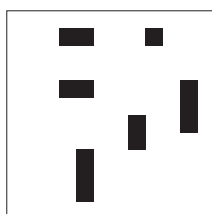
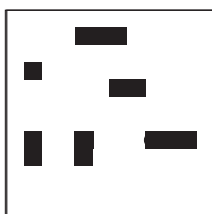
3. BASE



|

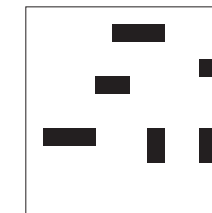
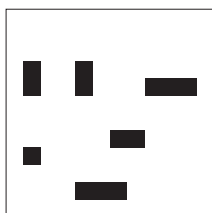
|

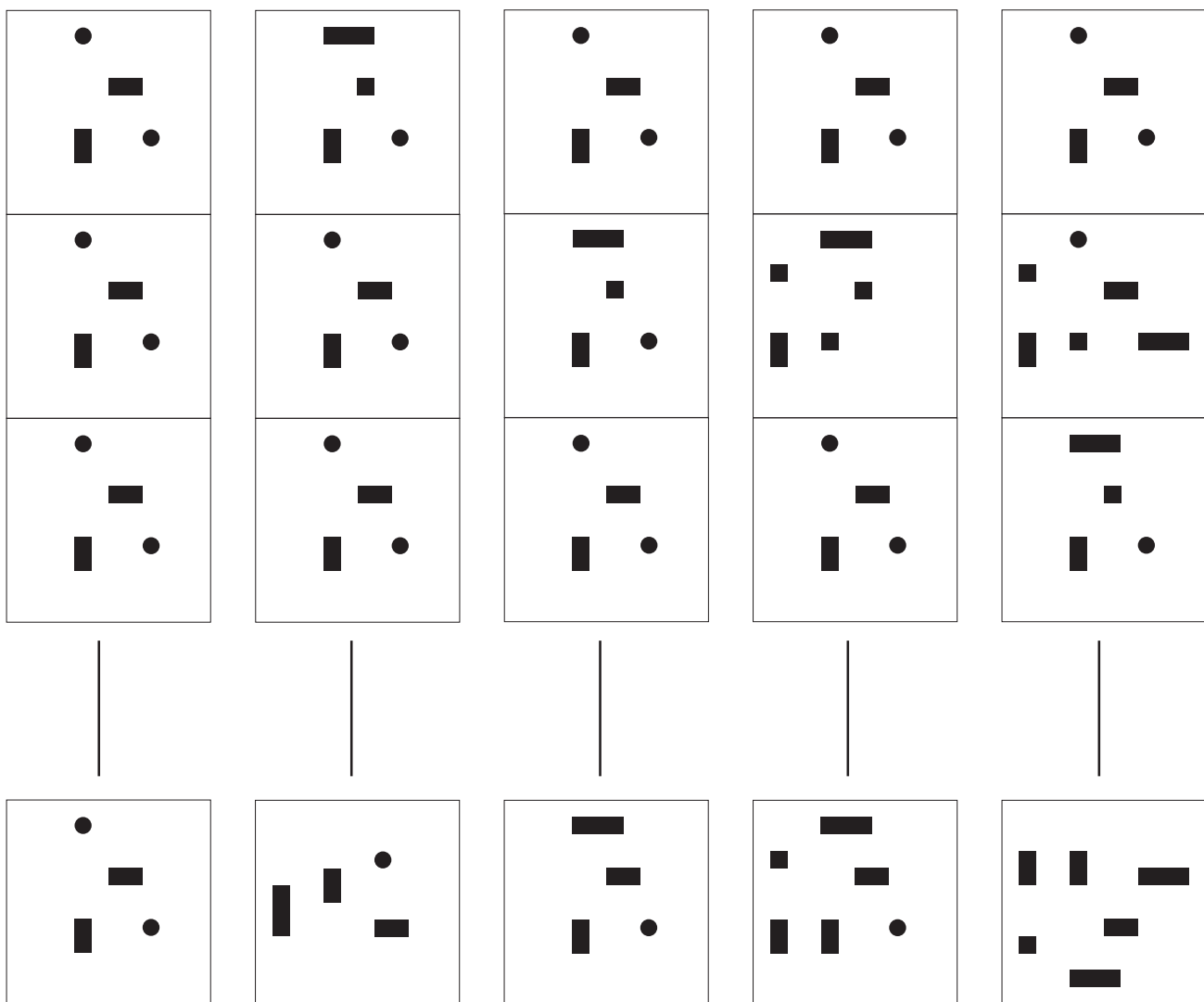
|

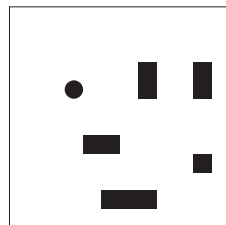
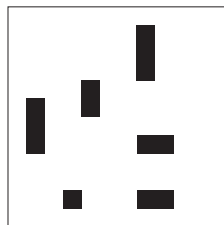
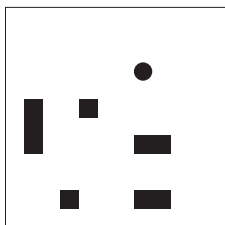
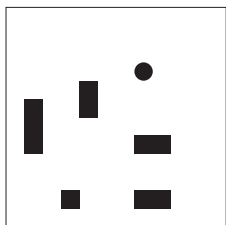
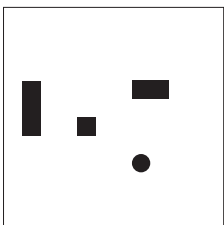


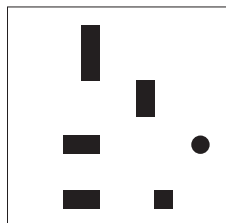
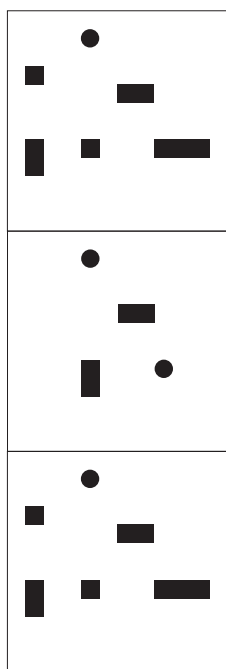
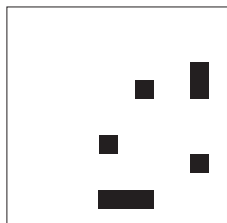
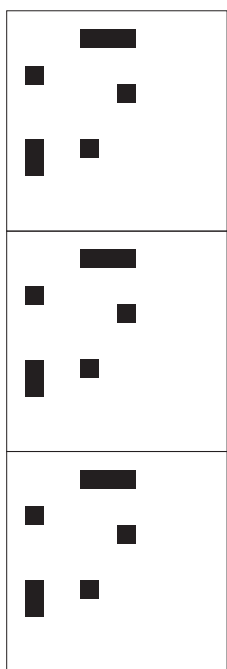
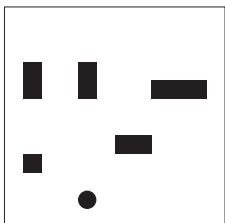
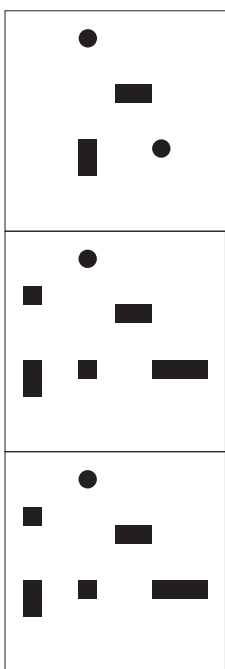
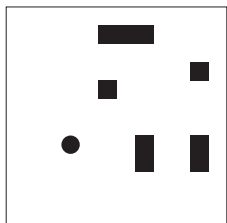
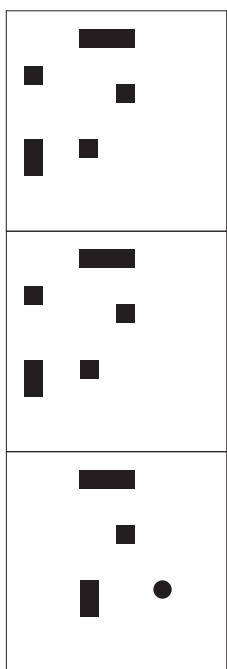
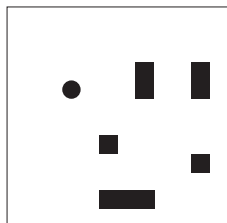
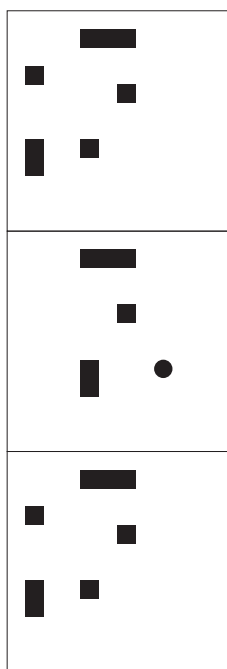
| /

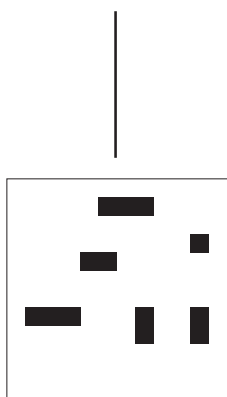
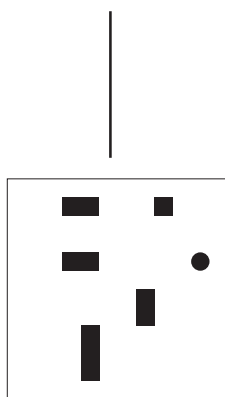
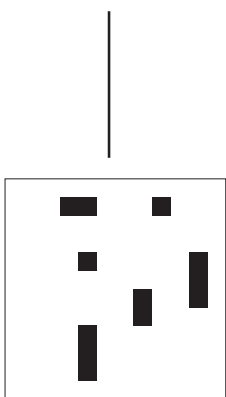
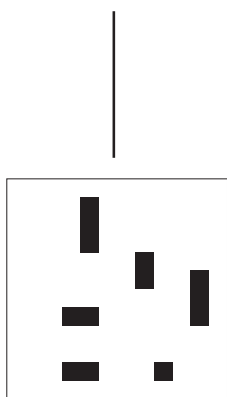
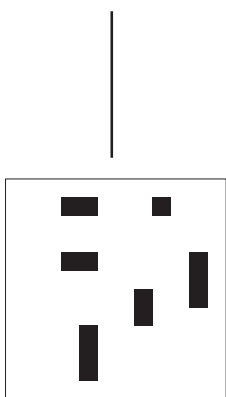
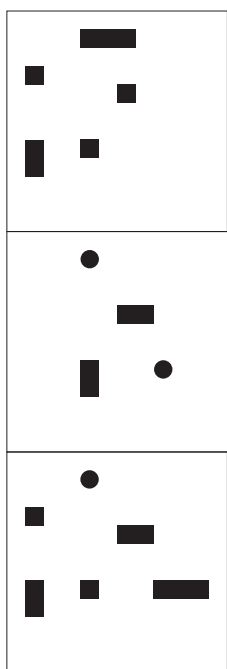
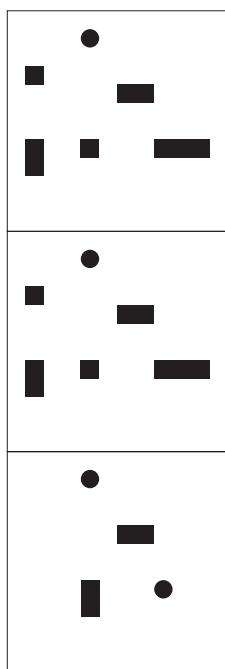
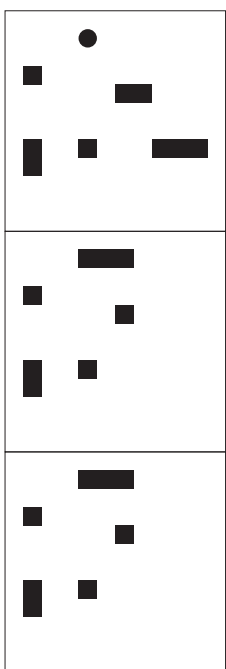
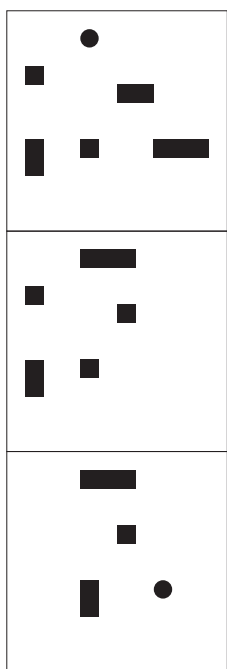
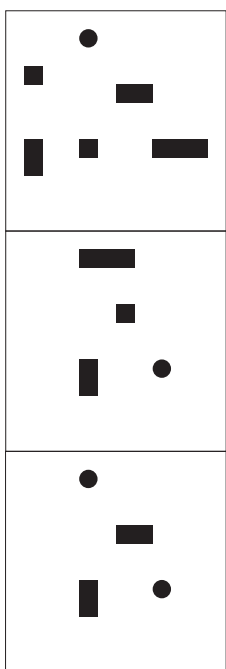
| /











Als Partitursynthese bezeichnet man eine algorithmische Kompositionsweise die aus programmierten Handlungsabläufen besteht.¹⁴ Die einfachste Form der Partitursynthese ist die des sequentiellen Komponierens. Dafür werden Datensequenzen festgelegt und von einer analogen Maschine oder einem Computer nach einem bestimmten Algorithmus linear abgearbeitet. Eine der ersten Umsetzungen dieser Kompositionsform verwendeten die Komponisten Paul Hindemith und Conlon Nancarrow. Sie nutzen (ca.1927) die Lochstreifentechnik der selbstspielenden Klaviere um ihre eigenen Kompositionen direkt in Lochstreifen zu stanzen und abzuspielen.¹⁵ Die Lochmustertechnik wurde bereits im 18. Jahrhundert zur Steuerung von Webstühlen verwendet. Seitdem entstanden auf Grundlage dieser Technik selbstspielende Klaviere und sogar komplexe Datenträger für die ersten Computersysteme. Das charakteristische an dieser Technik ist, dass die Anordnung von Löchern in einem Datenstreifen nach einem bestimmten Raster erfolgt, bei Hindemith und Nancarrow ist dieses Raster die Partitur. Die Lochstreifentechnik war eine Inspirationsquelle für die von mir verwendete Partitursynthese, mit der während der Translation einem Codon ein Melodiefragment zugeordnet wird. Inspiriert wurde ich auch durch einige Arbeiten von John Cage und Hanne Darboven. In seinem »Atlas Eclipticalis« verwendete Cage Sternenkarten die er als Partitur interpretierte. In einem zufälligen Koordinatensystem entsprach dabei die vertikale Position eines Sterns der Tonhöhe und die horizontale Position der Position in der Zeitachse. Schließlich wurde die Helligkeit eines Sterns als Lautstärke interpretiert.¹⁶ Darboven hingegen arbeitete mit mathematischen und zeichnerischen Algorithmen und komponierte damit Partituren die in Zusammenarbeit mit dem Musikwissenschaftler Wolfgang Marx in über 61 »Opera« mündeten, die heute noch regelmässig aufgeführt werden.¹⁷ Die grundlegende Idee der von mir entwickelten Partitursynthese ist folgende. Der sich aus der visuellen Semantik ergebende visuelle Baustein besteht wie bereits die »Basen«-Zeichen aus einfachen geometrischen Formen, d.h. aus Quadraten, Rechtecken und Kreisen. Diese werden nach festgelegten Regeln als Partitur interpretiert. Die Partitur wird mit einem Sequenzer, also einem Computerprogramm zum sequentiellen Komponieren, in ein Melodiestück umgewandelt. Die von mir verwendeten Kompositionsregeln sind folgende.

1. Regel: Das Raster der visuellen Form wird mit einem Tonhöhenraster identifiziert. Das visuelle Raster besteht aus 12 Zeilen und 12 Spalten, es können also 12 Halbtöne wiedergegeben werden. Die 2. Zeile von oben wird als Ton »C« festgelegt.

2. Regel: Die geometrischen Formen werden in drei Gruppen unterteilt. Waagerechte Formen (Quadrat, waagerechte Rechtecke aus zwei oder drei Quadraten), senkrechte Formen (senkrechte Rechtecke aus zwei oder drei Quadraten) und Kreise. Jeder Gruppe wird ein bestimmter Klang zugeordnet, dessen Tonhöhe dann je nach vertikaler Position in der Partitur moduliert wird. Diese Klänge werden durch Softwaresynthesizer des Computersequenzers generiert und sind von mir ausgewählt und eingestellt worden.

3. Regel: Die Sequenz wird von links nach rechts horizontal abgelesen. Die horizontale Länge einer geometrischen Form ergibt die Klanglänge eines jedes Zeichen. Die gesamte Länge der visuellen Form entspricht einem Takt.

4. Regel: Es können mehrere Klänge gleichzeitig in unterschiedlichen Tonhöhen vorhanden sein. Diese bilden dann Akkorde. Durch diese akustische Semantik wird damit bei meiner Interpretation der Translation ein Musikstück synthetisiert, das in dem langen, der biologischen mRNA entsprechenden Zeichenkette bestehend aus »Base«-Zeichen codiert ist. Zusammenfassend kann mit der hier entwickelten audiovisuellen Semantik jedes Gen, das ein Protein codiert, audiovisuell dargestellt werden. Die dabei in der Transkription als Zwischenschritt verwendeten »Base«-Zeichen bilden einen Zeichensatz der aus semantischer Sicht symbolische und indexikalische Aspekte aufweist. Andererseits wird durch die visuelle Komposition und die Partitursynthese ein direkter Bezug zwischen dem Zeichensatz und dem codierten Objekt hergestellt. Andererseits ergibt sich der dafür verwendete Algorithmus nicht zwingend aus den Zeichen oder dem Objekt selbst und ist daher zu einem großen Teil konventionell festgelegt.



> ein Klang



> ein Klang



> ein Klang



C
H
A
S
A
G
I
S
G
F
I
S
F
E
D
I
S



Klanglänge abhängig von der geometrischen Form

Tonhöhe wird je nach vertikaler Position in der Partitur moduliert.

CHAS
AGIS
GFIS
FE
DIS



|

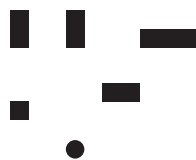
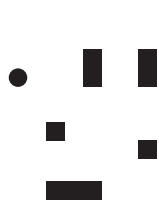
•
—
| •

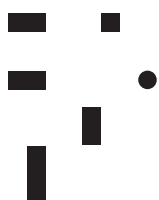
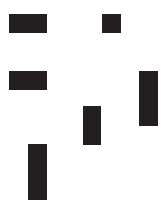
|
| •
—

—
—
| •

—
•
| | •







AUDIOVISUELLE INSZENIERUNG
IM SEMIOTISCHEN KONTEXT

Audiovisuelle Prozesse stellen eine Verbindung zwischen Ton, Bild und Betrachter/in her. Die Verbindung kann zeitlich kontinuierlich verlaufen oder in unterschiedlichen zeitlichen Intervallen. Die visuelle Komponente kann dabei ein Standbild oder ein Bewegtbild sein. Die akustische Komponente kann aus einem oder mehreren Klängen bestehen oder ein Musikstück sein. Bild und Ton können variabel im Raum angeordnet werden und damit gar einen neuen Raum definieren. Das ermöglicht eine verstärkte sensibilisierung der Sinne bei dem/der Betrachter/-in. Die Art und Weise der Darstellung der in dieser Arbeit entwickelten audiovisuellen Semantik des genetischen Codes, also seine Pragmatik, spielt daher eine wichtige Rolle und soll im Folgenden erläutert und eingeordnet werden.

Audiovisuelle Inszenierung im semiotischen Kontext

Zunächst einmal kann ein Medium semiotisch als Informationsträger, also als Zeichen oder Zeichensatz angesehen werden. Bei genauerer Betrachtung stellt man aber fest, dass, zumindest unterbewusst aus Sicht des/der Rezipient/-in, oft eine so starke Beziehung zwischen Medium und Botschaft, also Zeichen und codiertem Gegenstand besteht, dass diese zeichentheoretisch so wichtige Unterscheidung nicht mehr aufrecht-zuerhalten ist. Ursula Brandstätter stellt dazu fest: »Das Medium schreibt sich gewissermaßen in die Bedeutung ein. In besonderer Weise ist dies bei den ästhetischen Medien zu beobachten, bei denen aufgrund der vielfach vorherrschenden repräsentativen Zeichenfunktionen eine besonders enge Bindung zwischen Zeichen und Bezeichnetem [...] gegeben ist.«¹⁸ Es ist also möglich, durch eine geeignete mediale Darstellung des genetischen Codes den Betrachter derart in dieses Zeichensystem einzubinden, dass er gewissermaßen Teil der Semantik wird und diese für ihn daher natürlich erfahrbar wird.

Der Medienbegriff in der Zeichentheorie

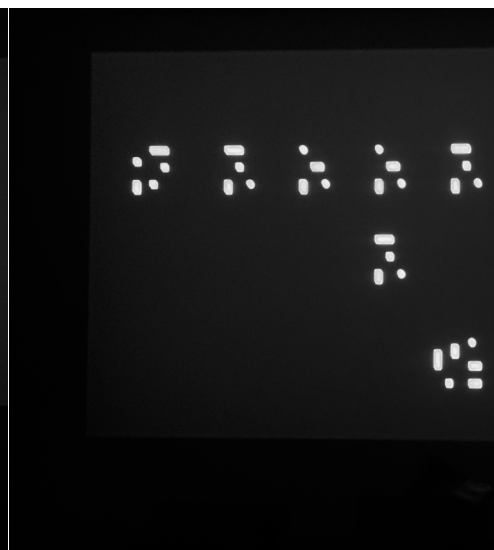
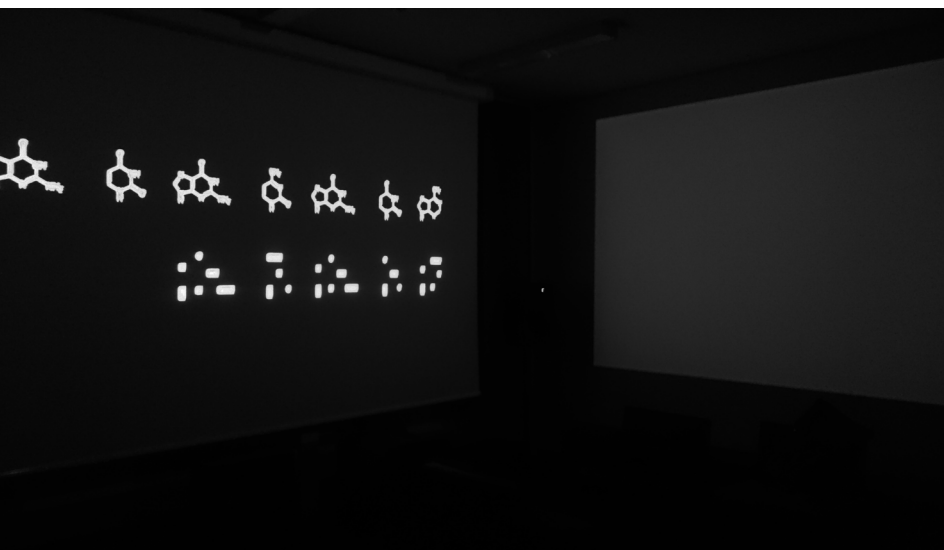
Motiviert durch die obigen Überlegungen sollen die Semantik und die Mechanismen des genetischen Codes in einem zweigeteilten Raum inszeniert werden.

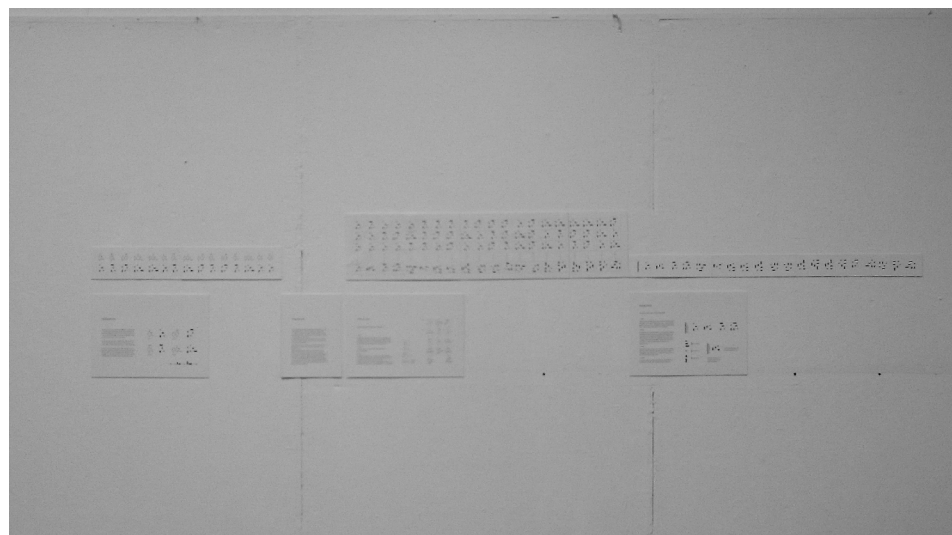
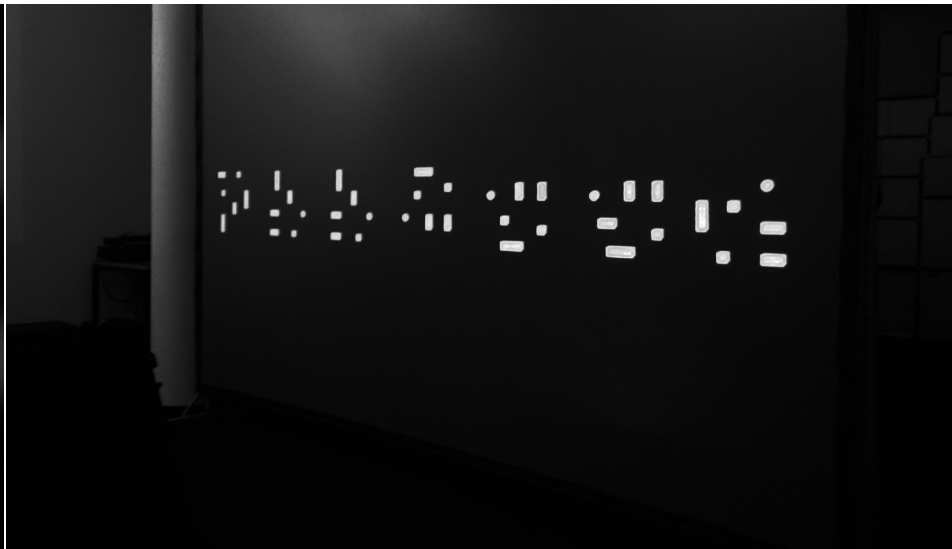
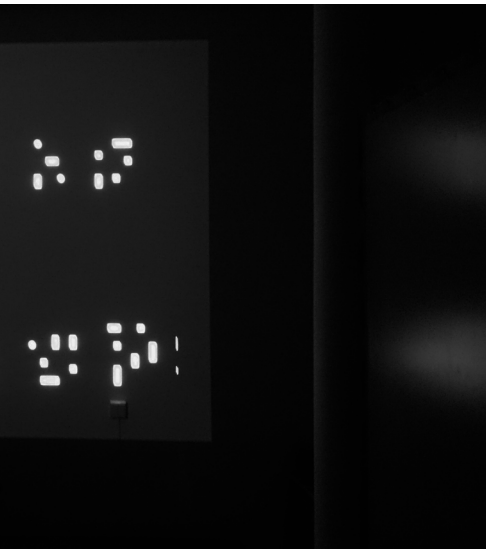
Inszenierung im Raum

Der audiovisuelle Raum-Der/die Betrachter/-in soll die Schwelle zwischen Makrokosmos und Mikrokosmos überschreiten und dabei zwei Erfahrungsebenen durchlaufen. In dem audiovisuellen Raum wird der/die Betrachter/-in dazu von drei Projektionsflächen umgeben, die drei audiovisuelle Ebenen definieren. Die dabei entstehende geschlossene Raumatmosphäre soll dem/der Betrachter/-in das Gefühl geben, sich mitten innerhalb der Mechanismen der Transkription und Translation zu befinden. Auf den drei Projektionsflächen werden aufeinander aufbauende Videosequenzen gezeigt. Das erste Video zeigt dabei den Mechanismus der

Transkription, das zweite den Mechanismus der Translation und das dritte das Ergebnis von Transkription und Translation, eine decodierte Zeichenkette, die einem Sequenzabschnitt eines Beispiels entspricht. Die drei audiovisuellen Sequenzen werden zunächst in aufeinander-folgenden Intervallen einzeln abgespielt. Der/die Betrachter/-in kann sich somit zunächst ungestört auf die zwei Mechanismen und deren Produkt konzentrieren. Nachdem der Durchlauf der einzelnen Projektionsintervalle beendet ist, werden alle drei Ebenen zusammen abgespielt, um zu verdeutlichen, dass in der biologischen Realität alle Prozesse gleichzeitig ablaufen. Dadurch soll der/die Betrachter/-in zu der sinnlichen Erkenntnis geführt werden, dass sich hinter einem komplexen Zeichensystem wie dem des genetischen Codes eine Vielfalt von Mechanismen verbergen, die im Falle dieses Codes ständig und jederzeit in uns stattfinden und die Grundlage allen Lebens bilden.

Der informative Raum-vermittelt komplementär zum audiovisuellen Raum wichtige Aspekte und Erkenntnisse meiner theoretischen Arbeit. Der/die Betrachter/-in kann darin aus der Makroebene heraus den genetischen Code und seine Mechanismen studieren.





1 vgl. Friedrich Thomas; Schweppenhäuser, Gerhard: Bildsemiotik: Grundlagen und exemplarische Analysen visueller Kommunikation. Basel 2009, S.26.

2 vgl. <http://www.sueddeutsche.de/karriere/bedeutung-von-handzeichen-andere-laender-andere-gesten-1.54682-6> (Abrufdatum: 27.12.2015)

3 vgl. Friedrich u.a.: Bildsemiotik, S.32.

4 vgl. Friedrich u.a.: Bildsemiotik, S.28.

5 vgl. Will, Horst: Molekularbiologie kurz und bündig. Berlin 2014, S.63ff.

6 vgl. ebd.

7 gl. <http://www.aminosaeuren.biz/l-leucin/> (Abrufdatum: 06.01.2016)

8 vgl. <http://www.spektrum.de/lexikon/biologie-kompakt/aminosaeuren/523> (Abrufdatum: 06.01.2016)

9 vgl. Will: Molekularbiologie, S.5ff.

10 vgl. Watson, James D.; Baker, Tania A.; Bell, Stephen P.; Gann, Alexander; Levine, Michael; Losick, Richard: Molecular Biology of the Gene. San Francisco 2008, S.531–532.

11 gl. Elzanowski, Andrzej; Ostell, Jim; Leipe, Detlef; Soussov, Vladimir: The Genetic Codes. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/taxonomy-home.html/index.cgi?chapter=cgencodes> (Abrufdatum: 04.01.2016)

12 vgl. Will: Molekularbiologie, S.21ff.

13 vgl. Will: Molekularbiologie, Abb 2.10, S.22.

14 vgl. Supper, Martin: Elektroakustische Musik und Computermusik. Hofheim 1997, S. 63ff.

15 vgl. ebd. S.65.

16 http://johncage.org/pp/John-Cage-Work-Detail.cfm?work_ID=31 (Abrufdatum: 08.01.2016)

17 Gallwas, Florentine: Die Komponistin. <http://www.hanne-darboven.org> (Abrufdatum: 08.01.2016)

18 Brandstätter, Ursula: Grundfragen der Ästhetik. Köln 2008, S.122.

Audiovisuelle Auseinandersetzung mit dem Genetischen Code

Bachelorarbeit 2016

Kathrin Hunze

HAW Hamburg

Department Design

Einen besonderen Dank an:

Meine Professoren

Almut Schneider

Jovica Velović

Anke Haarmann

Meine Naturwissenschaftler

Eva- Maria Nichols

Thomas Hack

Meine Freunde

Chiara Kramer

Stefan Troschka

