

Metaphern

Ihre Rolle für CRISPR
und andere Genome
Editing-Verfahren

Christina Brandt



Herausgeber: Eidgenössische Ethikkommission für die Biotechnologie
im Ausserhumanbereich EKAH und Ariane Willemsen, Bern

© EKAH

Gestaltung: Atelier Bundi, Boll

Titelbild: Stephan Bundi

Satz: Atelier Bläuer, Joel Kaiser, Bern

Verlag: Bundesamt für Bauten und Logistik BBL, Bern, 2026

Vertrieb: BBL, Verkauf Bundespublikationen, CH-3003 Bern

www.bundespublikationen.admin.ch, Artikelnummer 810.020.d

ISBN: 978-3-9526139-0-0

Angaben zur Autorin

Christina Brandt ist Professorin für Geschichte und Philosophie der Naturwissenschaften mit Schwerpunkt Lebenswissenschaften und Leiterin des Ernst-Haeckel-Hauses an der Friedrich-Schiller-Universität Jena. Sie erforscht die historischen Bedingungen für Veränderungen in Wissenskonstellationen und fragt nach den sich wandelnden kulturellen Auseinandersetzungen mit Wissenschaften. Einer ihrer Arbeitsschwerpunkte ist die Entstehung von neuem Wissen und die Dynamik von Wissenspraktiken in den Biowissenschaften des 20. Jahrhunderts.

Danksagung

Die Autorin dankt Astrid Lamm (Berlin) für die sorgfältige und wertvolle Unterstützung beim Lektorat und Ariane Willemsen (EKAH Bern) für die hilfreiche Begleitung und hervorragende Koordination während der Erstellung des Gutachtens.

Inhalt

1.	Einleitung	7
1.1	Die CRISPR-Revolution und ihre Metaphern	7
1.2	Fragestellung und Aufbau des Gutachtens	14
2.	Mehr als Rhetorik: Der Gebrauch von Metaphern in den Naturwissenschaften	20
2.1	Metapher: Erste Annäherung und Definitionen	20
2.1.1	Die Metapher in der Tradition der Rhetorik	22
2.1.2	Ein kurzer Überblick: Metapherntheoretische Positionen	25
2.2	Die Funktion von Metaphern in den Wissenschaften: Ansätze der Wissenschafts- forschung	34
2.2.1	Die kognitive Funktion von Metaphern	34
2.2.2	Die epistemische Funktion von Metaphern	37
2.2.3	Die kommunikative und diskursive Funktion von Metaphern	39
2.3	Wissenschaftshistorische Perspektiven: Metaphern in der Geschichte der Biowissenschaften	42
3.	Die Metaphorik des «Genome Editing»: Analysen und Einordnungen	49
3.1	Ein Paradigmenwechsel? Alte Gentechnik und Neue Genomische Techniken: «Genkanone» versus «Genschere»	49
3.2	Identifizierung von Metaphern und Bildfeldern im Bereich der Neuen Genomischen Techniken – CRISPR	53
3.3	Differenzierung und Analyse der Bildfelder	67
3.3.1	Genres	68
3.3.2	Hintergrundmetaphorik	70

3.3.3	Bildfelder zur Beschreibung der molekularen Entität (‹was CRISPR ist›)	73
3.3.4	Differenzierung von vier Bildfeldern in den Darstellungen des biotechnischen Verfahrens (‹was CRISPR macht›)	78
3.3.4.1	Genome Engineering	79
3.3.4.2	Gene Targeting	79
3.3.4.3	Genome Editing	82
3.3.4.4	Genomchirurgie	85
3.4	Epistemischer Status und diskursive Bedeutungseffekte der Bildfelder im historischen Kontext	88
3.5	Die ‹CRISPR-Revolution› im öffentlichen Diskurs: Rhetorik und Metaphern	94
3.5.1	‹Editing Humanity› und ‹CRISPR-Zoo›: Rhetorik der Macht und Kontrolle	97
3.5.2	CRISPR als naturwüchsige Kraft und lebendige Entität	100
3.5.3	Die Rhetorik der Präzision in verschiedenen Phasen der Technikentwicklung	103
4.	Eine kurze Geschichte der biowissenschaftlichen Forschungsfelder: Praktiken und Metaphern	106
4.1	Die 1970er-Jahre: Das Bildfeld ‹Genetic Engineering› und Beginn der Gentechnikdebatten	106
4.2	Die 1980er-Jahre: Transgene Tiere und die Entstehung des Bildfelds ‹Gene Targeting›	115
4.3	Die frühen 2000er-Jahre: Die Metapher des ‹Genome Editing› im Kontext	121
4.4	Ein metaphorologischer Paradigmenwechsel: Von der Hardware (‹Engineering›) zur Software (‹Editing›)	125
5.	Zusammenfassung	129
	Abbildungsverzeichnis und Abbildungen	137
	Literaturverzeichnis	148

1. Einleitung

1.1 Die CRISPR-Revolution und ihre Metaphern

Vor zehn Jahren kürte das Wissenschaftsjournal *Science* die «CRISPR genome-editing technology» zum «breakthrough of the year» (Travis 2015a: 1456). Seither wird die Entdeckung und der molekularbiologische Einsatz des CRISPR-Systems auch weit über die Fachwelt hinaus als Revolution in den Biowissenschaften wahrgenommen. Der Name CRISPR ist ein Akronym und leitet sich von «Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats» ab. In der Öffentlichkeit ist das System hingegen als sogenannte Genschere bekannt. Diese palindromischen Sequenzen sind, vereinfacht dargestellt, sich wiederholende DNA-Abschnitte, die in Bakterien und Archaeen natürlich vorkommen. Sie fungieren dort als eine Art molekulares Gedächtnis, da es sich im Prinzip um Fragmente viraler DNA handelt, die in das Genom der Bakterien und Archaeen integriert wurden. In seiner natürlichen Umgebung ist CRISPR ein Element des bakteriellen Abwehrsystems, das eindringende DNA von Viren, die Bakterien befallen, zerschneiden und diese dadurch unwirksam machen kann. Diese Eigenschaft wurde gentechnisch nutzbar gemacht: In Kombination mit dem Cas-Komplex («CRISPR associated Protein») wurde CRISPR zu einem molekularen Schneidwerkzeug abgewandelt, das äußerst zielgenau DNA in jeder beliebigen Zelle in gewünschter Form verändern kann: Der erste Schritt ist dabei das Zerschneiden der DNA an spezifischen Stellen im Genom der Zelle. Im zweiten Schritt wird der anvisierte Sequenzabschnitt verändert, wobei hier mittels des zelleigenen Reparatursystems die angestrebte DNA-Sequenz hergestellt wird.

Nachdem mehrere Forschergruppen 2012 und 2013 ihre ersten Ergebnisse zur gentechnischen Nutzung des CRISPR/Cas9-Systems publiziert hatten, wurde diese Technik der gezielten Verän-

derung von DNA-Sequenzen weltweit in einem atemberaubenden Tempo weiterentwickelt. CRISPR ist für die Forschungslabore eine wesentlich kostengünstigere und leichter einsetzbare Methode als ältere Genscheren. Aufgrund der hohen Zielgenauigkeit galt CRISPR sofort als ‹präziser› als vorherige gentechnische Verfahren. Als ‹zielsequenz-spezifisches Schneidewerkzeug› kann das künstliche CRISPR-System zudem in nahezu allen Zellen eingesetzt werden (Fehse et al. 2021: 222).

Das CRISPR-System ist eine Gentechnik, die eine gänzlich neue Dimension der biotechnologischen Veränderung von Organismen – inklusive des menschlichen – eröffnet. Schnell wurde CRISPR in Wissenschaft und Öffentlichkeit als die Revolution der Biowissenschaften im 21. Jahrhundert verhandelt. Dabei hat es sich eingebürgert, von ‹Genome Editing› (in deutscher Übersetzung meist ‹Genomeditierung› oder ‹Genom-Editierung›) zu sprechen, wenn diese neue Gentechnik und die Verfahren und Prozesse zur Veränderung von DNA und Genomen beschrieben werden. Auch von einem ‹Redigieren von Genen› oder einer ‹Genomchirurgie› ist oftmals die Rede. Hierbei handelt es sich um metaphorische Ausdrucksweisen – was allerdings vielen Wissenschaftler*innen (ebenso wie der Öffentlichkeit) nicht immer mehr bewusst ist.

Diese Metaphern haben zwar alle eine weitaus längere Geschichte in den Biowissenschaften, aber erst in den letzten zehn Jahren, durch die grosse mediale Aufmerksamkeit, die die ‹CRISPR-Revolution› erfahren hat, ist das Bildfeld des ‹Genome Editings› im öffentlichen Raum geradezu ubiquitär. Der Wissenschaftshistoriker Michel Morange vergleicht die Geschwindigkeit und die Wirkmacht des revolutionären Metaphernwandels, den wir gegenwärtig erleben, mit dem Paradigmenwechsel, der sich in den 1950er-Jahren in der Biologie vollzogen hatte, als das Bildfeld der genetischen Informationsübertragung mit der dazugehörigen Vorstellung eines in der DNA eingeschriebenen genetischen Codes eine gänzlich neue biowissenschaftliche Perspektive in die Forschung einbrachte (Morange 2016; Morange 2015).

Mitte des 20. Jahrhunderts hatte sich innerhalb nur eines Jahrzehnts aus der vagen Idee eines genetischen Informationsflusses und den zunächst metaphorischen Beschreibungen eines ‹genetischen Codes› oder ‹genetischen Programms› das konzeptionelle Grundgerüst der Molekularbiologie konstituiert (Kay 2000; Keller

1995). Diese radikal neue molekularbiologische Perspektive auf die grundlegenden Lebensprozesse bildete das Fundament für alle weiteren Entwicklungen der Gentechniken in den folgenden Jahrzehnten. Die Metapher des Genome Editings muss einerseits in diesem weitaus grösseren historischen Zusammenhang betrachtet werden. Andererseits hat sie den gegenwärtigen Diskurs über die neuen Gentechnologien auch neu ausgerichtet und in einer bislang noch nicht dagewesenen Dimension geprägt, insbesondere mit Blick auf die öffentliche Reichweite der Diskussion. Dies wirft zentrale Fragen nach der epistemischen Funktion und der kommunikativen Rolle dieser Metaphern und Bildfelder auf. So wird auch im Fünften Gentechnologiebericht der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften (BBAW) von 2021 auf die Grenzen des Wissens und der Kommunikation verwiesen, die im Akt des metaphorischen Sprechens begründet liegen. Die Omnipräsenz der Metaphorik einer Genomeditierung sollte nicht über die ihr inhärenten Reduktionismen hinwegtäuschen. Die Autor*innen des Gentechnologieberichts führen dazu aus:

«Den sich rasant wandelnden und hoch spezialisierten Forschungsstand allgemeinverständlich darzustellen und dabei keine überzogenen Erwartungen und verzerrten Vorstellungen zu wecken, stellt sehr hohe Anforderungen an Wissenschaftskommunikation und -journalismus. (...) Darüber hinaus ist der Rückgriff auf Metaphern zur Erläuterung wissenschaftlicher Methoden, Objekte und Technologien gleichermaßen notwendig wie problematisch, wie die vielfach kritisierte (...), jedoch omnipräsente Metapher des «Editierens» des Genoms zeigt. Diese Metapher stellt die betreffenden komplexen biologischen Vorgänge in stark vereinfachender Form dar und lädt durch diesen Reduktionismus zu überzogenen Erwartungen hinsichtlich der Präzision, Sicherheit und Machbarkeit von gezielten therapeutischen und sonstigen Eingriffen ins Genom ein.» (Fehse et al. 2021: 224)

Eine kritische Auseinandersetzung mit dem metaphorischen Gehalt des biowissenschaftlichen Diskurses ist eine wichtige, vielleicht sogar notwendige Voraussetzung für eine sachliche Einschätzung der Chancen und Risiken dieser neuen Gentechniken.

Innerhalb kürzester Zeit wurde ein enormes Spektrum an Anwendungen diskutiert, die mit CRISPR und seinen vielfältigen Weiterentwicklungen radikal neu gestaltet würden. Dabei sind in vielen Bereichen auch überzogene Erwartungen entstanden. Bereits im Jahr 2015 betonte John Travis, leitender Nachrichtenredakteur des Wissenschaftsjournals *Science*, die tiefgreifende Zäsur: «For better or worse, we all now live in CRISPR's world» (Travis 2015a: 1457). CRISPR bringe eine stetig anwachsende «Menagerie» gentechnisch veränderter, neuartiger Organismen hervor: «Researcher harnessed the technique to create a growing menagerie of genetically engineered animals and plants: extra-muscular beagles, pigs resistant to several viruses, and wheat that can fend off a widespread fungus. Longer-lasting tomatoes, allergen-free peanuts, and biofuel-friendly poplars are all on the drawing board» (Travis 2015a: 1457). CRISPR wird in demselben *Science* Artikel als enormer Demokratisierungsschub für die weltweite Forschung dargestellt. Auch andere Vergleiche sollen diesen bahnbrechenden Charakter der technischen Revolution veranschaulichen, etwa wenn CRISPR mit dem Modell T von Ford gleichgesetzt wird, dem ersten Automobil, das Anfang des 20. Jahrhunderts für eine breite Masse erschwinglich war und damit nicht nur die Individualmobilität radikal veränderte, sondern auch die Gesellschaft revolutionär transformiert hat (Travis 2015a: 1456).

CRISPR hat die Forschung radikal verändert und verspricht Einsatzmöglichkeiten, die weit über das bisher Bekannte hinausgehen. Gerade aber in jenen Anwendungsfeldern der modernen Gentechniken, die gesellschaftlich schon lange kontrovers diskutiert werden, lösen die Neuen Genomischen Techniken (NGT) allerdings auch erneut Diskussionen aus. Im ausserhumanen Bereich betrifft dies vor allem den Einsatz von Genomeditierung zur Entwicklung neuer Pflanzensorten. So herrscht zur Zeit eine intensive Debatte darüber, ob die Anwendung von CRISPR in der agrarwissenschaftlichen Pflanzenzüchtung auf Ebene der EU-Richtlinien weiter dereguliert werden soll. Diese Frage hängt eng damit zusammen, ob genomedierte Pflanzen rechtlich als GVO (gentechnisch veränderte Organismen) gelten oder nicht. Aber auch die Forschung zu (und Herstellung von) transgenen Tieren wurde durch das CRISPR-System grundlegend verändert, insbesondere im Bereich gentechnisch veränderter Nutztiere. Hier lösen

die neuen Verfahren der Genomeditierung die klassischen – und jetzt in der Fachwelt zumeist als wenig effektiv bezeichneten – gentechnischen Verfahren ab.

Ein weiteres Forschungsfeld, das vor allem in den letzten Jahren zunehmend in den Fokus geraten ist, betrifft den Einsatz von CRISPR im Bereich der sogenannten *Gene Drives*. Hierbei wird angestrebt, dass mittels Genomeditierung erzeugte genetische Eigenschaften sich schnell in (Wildtier-)Populationen ausbreiten können. Prominent diskutiertes Beispiel für den möglichen Einsatz solcher durch CRISPR vereinfachter Gene Drives ist die genetische Veränderung von Mücken-Populationen, die Malaria übertragen, um die Ursache und Ausbreitung dieser Krankheit zu unterbinden (vgl. z. B. Harvey-Samuel et al. 2023). Aufgrund ökologischer Risiken wird der mögliche Einsatz von Gene Drives derzeit allerdings höchst kontrovers diskutiert (Nerlich/Stelmach 2022).

Die mögliche Anwendung der Genomeditierung beim Menschen wirft grosse ethische Bedenken auf. Bereits unmittelbar nach der Entdeckung und Indienstnahme des CRISPR-Systems als sogenannte «Genschere» wurden die medizinischen Anwendungsmöglichkeiten am Menschen kontrovers diskutiert, speziell das sogenannte «Human Genome Editing» (vgl. z. B. Chan et al. 2015; Evitt 2015; Harris 2015; Bonas et al. 2017). CRISPR war dabei nicht die erste «Genschere», sondern die Biowissenschaften kannten bereits seit Mitte der 1990er-Jahre molekularbiologisch hergestellte Enzymkomplexe (die sogenannten Zinkfinger-nukleasen) die als molekulare «Genschere» bezeichnet wurden. Die Forschung hieran war schon früh mit grossen Hoffnungen für die «Gentherapie» verbunden, also einer «Korrektur» defekter Gene durch gentechnische Verfahren. Der durch CRISPR ermöglichte niedrigschwellige Einsatz der Genomeditierung hat in den 2010er-Jahren dazu geführt, dass sowohl das Thema Gentherapie als auch die Möglichkeit der gentechnischen Eingriffe in die menschliche Keimbahn in neuer Weise zur Verhandlung standen. Seit 2015 haben Wissenschaftler*innen, darunter auch die führenden CRISPR-Forscher*innen, in verschiedenen Aufrufen ein Moratorium für Forschungen zu Keimbahneingriffen am Menschen gefordert und auf die dringende Notwendigkeit einer neu zu führenden Risiko-debatte bei gleichzeitiger Intensivierung der Grundlagenforschung

hingewiesen (Lanphier et al. 2015; Baltimore et al. 2015; Lander et al. 2019). Die bioethische Auseinandersetzung erfuhr eine gänzlich neue Dimension, als im Jahr 2018 bekannt wurde, dass in China erstmals gentechnisch veränderte Menschen, Zwillingmädchen mit den Decknamen Lulu und Nana, geboren wurden. Der chinesische Biophysiker Jiankui He hatte mittels CRISPR erstmals menschliche Embryonen gentechnisch verändert, indem er bei ihnen ein Gen für eine HIV-Resistenz modifizierte. Dies löste weltweit Entsetzen aus und wurde in der internationalen Fachwelt umgehend und einhellig als Tabubruch und unerlaubter Menschenversuch kritisiert.¹

Gleichwohl hat CRISPR die bioethische Debatte zu Eingriffen in die menschliche Keimbahn auch grundlegend verändert: Während in der bioethischen Diskussion der 1990er-Jahre noch ein gewisser Konsens darüber bestand, dass solche Eingriffe am Menschen aufgrund ihrer Irreversibilität grundsätzlich verboten sein sollten, geht es gegenwärtig eher darum, die Bedingungen zu erörtern, unter denen Eingriffe in die Keimbahn aus medizinischen Gründen in der Zukunft ermöglicht werden könnten. Die nationalen Ethikkommissionen in Grossbritannien, Frankreich und Deutschland haben sich in den letzten Jahren dahingehend positioniert, dass eine kategorische Unantastbarkeit der menschlichen Keimbahn nicht mehr zeitgemäss sei. Auch wenn sich ihre Statements im Detail durchaus unterscheiden, plädieren sie für die weitere Erforschung der Techniken und schliessen gentechnische Keimbahnmodifikationen unter bestimmten, restriktiv zu handhabenden Bedingungen zukünftig nicht mehr aus.²

¹ Jiankui He wurde in China aufgrund wissenschaftlichen Fehlverhaltens zu einer dreijährigen Haft und weiteren Geldstrafe verurteilt (vgl. Fehse et al. 2021, S. 239).

² In dem 2020 verfassten gemeinsamen Positionspapier heisst es: «Alle drei Räte können sich Fälle vorstellen, in denen die klinische Anwendung erblichen Genome-Editings moralisch zulässig sein könnte. Wir halten also die menschliche Keimbahn nicht für kategorisch unantastbar. Die Räte unterscheiden sich jedoch in den Spielräumen, in denen sie eine solche Zulässigkeit für möglich halten. Während alle drei Berichte Argumente für die Schlussfolgerung anbringen, dass Keimbahneingriffe akzeptabel sein könnten, um die Vererbung schwerer

In der zurückliegenden Dekade hat CRISPR die Biowissenschaften radikal verändert und konfrontiert uns gegenwärtig damit, die zukünftigen gesellschaftlichen Folgen dieser Technologie zu reflektieren. CRISPR hat nicht nur die biowissenschaftliche Forschung revolutioniert und neue gentechnologische Anwendungsfelder entstehen lassen, sondern vor allem auch neue rechtliche Fragen aufgeworfen und die ethische Debatte zur Gentechnik in neue Bahnen gelenkt. Somit ist CRISPR ein weiteres Beispiel dafür, wie die rasanten Entwicklungen technischer Möglichkeiten das Wissen um die Auswirkungen ihrer Anwendungen bei Weitem übersteigen – ein Grunddilemma, das spätestens in den Wissensgesellschaften des 20. Jahrhunderts ethische Reflexion und gesellschaftliche Technikfolgenabschätzung erfordert und zugleich herausfordert. So heben auch die Autoren des Fünften Gentechnologieberichts der BBAW hervor, dass zwar «die Spannung zwischen anscheinend exponentiell anwachsenden Fähigkeiten der gentechnologischen Veränderung und Kontrolle biologischer Abläufe und dem begrenzten Wissen über Funktion und Interaktion von Genen» nicht erst mit der Weiterentwicklung von CRISPR/Cas aufgetreten sei. «Jedoch könnte dessen vergleichsweise niedrigschwellige Einsetzbarkeit dank der einfachen und kostengünstigen Anwendung und hoher Erwartungen zu einem breiteren und verfrühten Einsatz führen» (Fehse et al. 2021: 225).

Erkrankungen zu verhindern, lehnt das CCNE jegliche «Enhancement»-Anwendungen vollständig ab. Der Deutsche Ethikrat empfiehlt, dass die Beurteilung solcher Anwendungen von Fall zu Fall erfolgen sollte. Der NCOB spricht sich nicht dafür aus, akzeptable und inakzeptable Anwendungen kategorisch zu unterscheiden, sondern erkennt an, dass bei Beurteilungen die Interessen und Verantwortlichkeiten der Betroffenen im konkreten soziotechnischen Kontext berücksichtigt werden müssen.» National Advisory Committee on Ethics in Life Sciences and Health (France), German Ethics Council, Nuffield Council on Bioethics: Joint Statement on the Ethics of Heritable Human Genome Editing, 2020, S. 5/6; <https://www.ethikrat.org/fileadmin/Publikationen/Ad-hoc-Empfehlungen/englisch/joint-statement-on-the-ethics-of-heritable-human-genome-editing.pdf>; vgl. auch Deutscher Ethikrat: Eingriffe in die menschliche Keimbahn. Stellungnahme 2019, <https://www.ethikrat.org/fileadmin/Publikationen/Stellungnahmen/deutsch/stellungnahme-eingriffe-in-die-menschliche-keimbahn.pdf>.

Dies verleiht der bioethischen und gesellschaftlichen Diskussion eine neue Dringlichkeit. Zugleich wird die Auseinandersetzung über Chancen und Risiken der neuen Gentechnologien durch die stark metaphorische Wissenschaftssprache und die in der Wissenschaftskommunikation derzeit dominierende Rhetorik vorgeprägt. Die mit den Metaphern der «Genomeditierung» und der «Genschere» verbundenen bildlichen Vorstellungswelten von Präzision, Einfachheit und Machbarkeit erschweren einen nüchterneren, realistischen Blick auf die Möglichkeiten und Grenzen der zur Diskussion stehenden neuen Gentechnologien. Eben hier setzt das vorliegende Gutachten an.

1.2 Fragestellung und Aufbau des Gutachtens

Das Gutachten analysiert die Rolle von Metaphern im Bereich der Genomeditierung. Damit wird nicht der Anspruch verfolgt, dass die vorgelegte Metaphernanalyse unmittelbar zur bioethischen Diskussion oder rechtlichen Argumentation beitragen könnte. Vielmehr zielt das Gutachten darauf ab, die Geschichte, Wirkungsweise und die Veränderungen im Metapherngebrauch im Bereich der neuen Gentechnologien aufzubereiten. Gleichwohl kann ein grundlegend historisches und systematisches Verständnis der Rolle und der Entwicklung von Metaphern in den Wissenschaften dazu beitragen, gesellschaftliche Kontroversen und bioethische Debatten reflektierter nach der Art der thematischen Fokussierungen, die durch ihre notgedrungenen metaphorische Sprache hervorgerufen wird, zu befragen.

Metaphern bringen in den Wissenschaften nicht nur neue Perspektiven ein, sondern der metaphorische Akt blendet immer auch andere Aspekte aus, die ausserhalb des Bildfelds der metaphorischen Beschreibung liegen. Eine historische und systematische Beschäftigung ermöglicht es daher, eine grössere Sensibilisierung für diese blinden Flecken zu erzeugen, die im wissenschaftlichen Diskurs durch die spezifische Bildlichkeit eines Genome Editing – für die Akteure oftmals unbewusst – entstehen.

Was ist nun aber eine Metapher? Und welche Rolle spielen Metaphern in den (Natur-)Wissenschaften? Beruht die Wissenschaft nicht eigentlich auf faktischer und nüchterner Fachsprache,

während Metaphern der Literatur oder allenfalls dem Journalismus zugehören? Traditionell wurde die Metapher tatsächlich als Gegensatz zur Wissenschaft betrachtet. Metaphern, die eher mit Sprachspielen in der Poesie oder allgemein den sprachlichen Künsten verbunden werden, erscheinen in den Naturwissenschaften manchen geradezu zweckwidrig, da sie dem wissenschaftlichen Selbstanspruch, klare, präzise und objektive Aussagen über naturwissenschaftliche Fakten zu generieren, entgegen zu stehen scheinen (Reynolds 2022, 1–2). Allenfalls als ein kommunikatives Mittel, das abstrakte wissenschaftliche Sachverhalte dem Laien vermitteln soll, haben Metaphern – in dieser tradierten Sichtweise – eine gewisse Akzeptanz erfahren.

Die Wissenschaftstheorie und Wissenschaftsforschung hat allerdings diese tradierte Sichtweise in den letzten Jahrzehnten grundlegend infrage gestellt. Anhand vieler konkreter Beispiele aus der Geschichte der Naturwissenschaften konnte dargelegt werden, dass Metaphern in vielen Bereichen ein grundlegender Bestandteil auch der wissenschaftlichen Sprache sind und ihre Funktionen in den Wissenschaften weitaus umfassender sind.

Der Molekularbiologe und Wissenschaftshistoriker Hans-Jörg Rheinberger betont zu Recht, dass dabei nicht der Metapherngebrauch in den Wissenschaften *per se* problematisch sei, sondern die fehlende Reflexion über diesen Gebrauch: «Keine natürliche Sprache, aber auch keine Wissenschaftssprache, ob in Bild oder in Wort, kommt ohne Metaphern aus. Das Problem sind nicht die Metaphern selbst. Das Problem ist ihre unkritische und irreführende Verwendung. Man könnte auch sagen: Das Problem entsteht dort, wo die Metaphern aufhören, Metaphern zu sein und für bare Münze genommen werden.» (Rheinberger 2023: 314).

Dies leitet zu einer grundlegenden Schwierigkeit über: Die im vorliegenden Gutachten zur Diskussion stehenden Metaphern werden in der Fachwissenschaft als solche kaum noch wahrgenommen. Für die meisten tätigen Biowissenschaftler*innen haftet der Rede vom «Genome Editing» und dem damit verbundenen grossen Spektrum weiterer sprachlicher Ausdrucksweisen wie z. B. das «Redigieren von Genen», das «Cut and Paste», die «Gen-Korrektur» oder die «Programmierung von Schneidwerkzeugen» (um nur einige Beschreibungen und Ausdrucksweisen zu nennen) nun gerade *kein* metaphorischer Charakter mehr an. Im Raum der Bio-

wissenschaften haben derartige Beschreibungen einen geradezu terminologischen Status bekommen. Bildfelder, die die DNA als Text, Schrift und Programm darstellen oder mechanistische Beschreibungen (vom «Schneiden» der DNA bis zum «Engineering» von Organismen) gehören mittlerweile zum alltäglichen terminologischen Wortschatz der Wissenschaft. Auch ihre metaphorischen Ursprünge werden meist nicht mehr reflektiert. In den seltenen Fällen, wo ihre metaphorische und bildliche Dimension thematisiert wird, wird oft darauf hingewiesen, dass man sich ihrer Verwendung in Ermangelung besserer Alternativen nicht entziehen könne (vgl. Fehse et al. 2021: 224).

Das vorliegende Gutachten widmet sich vor diesem Hintergrund einer grundlegenden Analyse des Metapherngebrauchs im Feld der sogenannten «Genome Editing»-Verfahren. Dabei geht es den folgenden Fragestellungen nach:

- Welchen epistemischen und kommunikativen Status hat die Metaphorik von «Genome Editing» in der Wissenschaft und in der Öffentlichkeit?
- Wie ist die Metaphorik historisch entstanden, welche Transformationen zeichnen sich gegenwärtig ab und wie lässt sich der Metapherngebrauch wissenschaftshistorisch verstehen?
- Welche Metaphern und Bildfelder gehen mit der Metaphorik des «Genome-Editing» im Einzelnen einher?
- Welche Wirkung erzielen die Metaphern im Bereich der Wissenschaft und im öffentlichen Raum? Gibt es unterschiedliche Metaphernverwendungen in Wissenschaft und Öffentlichkeit?
- Welche Implikationen bringt der Metapherngebrauch für die bioethische Diskussion der Neuen Genomischen Techniken (nach CRISPR) mit sich?

Um diese Fragen zu beantworten, werden im (folgenden) Kapitel 2 zunächst einige grundlegende wissenschaftstheoretische und wissenschaftshistorische Ansätze der Metapherntheorien rekapituliert. Dass der Gebrauch von Metaphern in den Naturwissenschaften mehr ist als «blosse Rhetorik», ist in der Wissenschaftsforschung schon vielfach dargelegt worden. Die Frage, welche Rolle Metaphern in den Naturwissenschaften spielen, begleitet die philosophische und wissenschaftshistorische Forschung (spätestens) seit Mitte des 20. Jahrhunderts – und sie hat seitdem immer wieder

Phasen einer Renaissance erfahren, sodass die Diskussion keinesfalls abgeschlossen ist. Das Kapitel erhebt daher nicht den Anspruch einer auch nur annähernd vollständigen Darlegung des aktuellen Forschungsstandes – dies würde bei weitem den Rahmen des vorliegenden Gutachtens sprengen. Vielmehr werden einige metaphorntheoretische Positionen dargelegt, die die philosophische und historische Forschungsperspektive der letzten Jahrzehnte massgeblich geprägt haben. Aus der Diskussion dieser metaphorntheoretischen Positionen heraus wird die epistemische, kognitive, diskursive und kommunikative Funktion von Metaphern in den Wissenschaften allgemein (und speziell in den Biowissenschaften) anhand einiger konkreter historischer Fallbeispiele bestimmt.

Das anschließende Kapitel 3 widmet sich der Analyse der epistemischen und diskursiven Funktion der Metaphern und Bildfelder, die gegenwärtig zur Beschreibung der neuen, durch CRISPR ermöglichten gentechnischen Verfahren verwendet werden. Dabei werden verschiedene Bildfelder voneinander differenziert und ihre diskursive Wirkungsweise analysiert, konkret das Bildfeld des Genome Engineering, des Genome Editing, des Gene Targeting und das Bildfeld der Genomchirurgie. Die Analyse wird zeigen, dass es sich hierbei zwar einerseits um semantisch überlappende Bildfelder handelt, sie aber andererseits ganz unterschiedliche Implikationen und Konnotationen in den gegenwärtigen Diskurs einbringen und auch hinsichtlich ihrer kultur- und wissenschaftshistorischen Verortung durchaus sehr unterschiedlich grundiert sind. Das Kapitel geht der Dynamik und Wirkmächtigkeit dieser Bildfelder nach, widmet sich den Effekten des biowissenschaftlichen Metapherngebrauchs in der öffentlichen Wahrnehmung und diskutiert diese vor ihrem wissenschaftshistorischen Hintergrund. Eine weitere Analyseebene des Kapitels bezieht sich auf die Rhetorik einer «CRISPR-Revolution». Das Kapitel untersucht, mit welchen Bildern, Vergleichen und Metaphern die wissenschaftliche Entdeckung von CRISPR/Cas (vor allem in den Jahren nach 2015) rhetorisch dargestellt wurde. Die Analyse wird zeigen, dass CRISPR und die Neuen Genomischen Techniken nicht nur als biotechnologische Zäsur, sondern als geradezu naturwüchsiges Phänomen mit unausweichlichen Folgen beschrieben werden.

Kapitel 4 wirft einen Blick in die Wissenschaftsgeschichte, um sowohl die Forschungspraktiken als auch die Metaphern

und Bildfelder historisch weitergehend zu kontextualisieren. Die Rhetorik der CRISPR-Revolution hat in den 2010er-Jahren das in der Öffentlichkeit weit verbreitete Bild entstehen lassen, dass die Entdeckung von CRISPR als molekulares Schneidwerkzeug plötzlich und unerwartet geschehen sei. Tatsächlich waren die «Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats» bei einigen Bakterien und Archaeen schon seit langem bekannt: sie wurden bereits 1987 von Wissenschaftler*innen beschrieben, aber erst in den 2000er-Jahren zeichnete sich ab, dass die CRISPR-Sequenzen zu einer Art adaptivem Abwehrsystem dieser einzelnen Organismen gehörten. Zu dieser Zeit arbeiteten nur wenige Wissenschaftler*innen an dem Phänomen CRISPR (vgl. Doudna/Charpentier 2014: 2; Lander 2016). Erst in den 2010er-Jahren begannen mehrere Forschungsgruppen an CRISPR mit ganz anderer Zielstellungen zu arbeiten, nämlich für die Entwicklung einer neuartigen «Genschere». So wurde aus einem Nischenbereich ein hochdynamisches, rasant anwachsendes Forschungsfeld. Aus der Perspektive der CRISPR-Forschung stellten die Ereignisse in den frühen 2010er-Jahren also tatsächlich einen grossen Umschwung dar: Die «Entdeckung» und gentechnische Adaption von CRISPR als neue Genschere wurden als revolutionärer und unerwarteter Durchbruch des ehemals unauffälligen Forschungsfeldes gefeiert.

Die gängige Narration zeichnet also das Bild einer unerwarteten Entdeckung – was auch die Wahrnehmung im öffentlichen Raum in der Folgezeit prägte. Es gibt jedoch auch eine andere Geschichte der CRISPR-Revolution – in deren Kontext stellt sich CRISPR zwar auch als Zäsur dar, aber als eine solche, die sich in eine durchaus längere Geschichte des «Genome Editing» und des «Gene Targeting» einreicht. In der Forschung im Bereich der Endonukleasen wurden bereits in den 1990er-Jahren «Zinkfinger-nukleasen» (ZFN) und in den 2000er-Jahren die sogenannten TALEN («Transcription Activator-Like Effector Nucleases») als molekular «designte» Genschere genutzt (Chandrasegaran/Carroll 2016; Boch et al. 2009). Das Kapitel legt sehr kurz und überblicksartig die Entwicklungen der letzten fünf Jahrzehnte dar und spannt einen historischen Bogen von der frühen Gentechnik der 1970er-Jahre zu den biotechnologischen Forschungen im frühen 21. Jahrhundert. Dabei werden nicht nur die Etappen, die zu den molekularen «Werkzeugen» des «Genome Editing» geführt

haben, skizzenartig umrissen, sondern es wird auch den historischen Ursprüngen der Bildfelder des Genome Editing, des Gene Targeting, des Genome Engineering und der Genomchirurgie nachgegangen. Das Gutachten schliesst mit einem kurzen zusammenfassenden Kapitel 5, das die Ergebnisse der vorliegenden Metaphernanalyse auch noch einmal mit Blick auf bioethische Fragen rekapituliert.

2. Mehr als Rhetorik: Der Gebrauch von Metaphern in den Naturwissenschaften

2.1 Metapher: Erste Annäherung und Definitionen

Bereits 1983 hob der Literaturtheoretiker Anselm Haverkamp hervor: «es [gibt] keine einheitliche Metaphernforschung und eine Theorie der Metapher nur als Sammelnamen konkurrierender Ansätze» (Haverkamp 1983: 2). In die gleiche Richtung geht ein Statement von Katrin Kohl, die 2007 resümierend zum Überblick über verschiedene Metaphertheorien ausführte:

«Im Laufe des 20. Jahrhunderts stellt sich zunehmend die Frage, was mit dem Terminus ‹Metapher› eigentlich bezeichnet ist: ein technisches Merkmal des sprachlichen Ausdrucks, ein klar definierbares semantisches Phänomen oder ein komplexer, mit anderen mentalen Vorgängen zusammenhängender Prozess. Dabei ist die Antwort meist abhängig von dem jeweiligen disziplinären Interesse an der Beziehung zwischen Denken und Sprache. So steht tendenziell in der Literaturwissenschaft die sprachliche Form oder rezeptionsästhetische Funktion der Metapher im Vordergrund; in der Rhetorik die psychologische Wirkung; in der Philosophie die Ausgrenzung der Metapher oder Definition ihrer kognitiven Leistungen; in der kognitiven Linguistik, Psychologie und Neurologie ihre mentale Struktur und Wirkung; in den Naturwissenschaften ihre Gefahr als ‹Denkfalle› oder ihr Beitrag zur Erkenntnisgewinnung; in Politik und Wirtschaft ihr Einfluss auf das Handeln. Generell besteht die Neigung, je nach Interesse einen Teil des metaphorischen Prozesses zu isolieren.» (Kohl 2007: 1–2).

Es gibt also nicht die *eine* Metaphertheorie – weder in der Ästhetik, Rhetorik oder Literatur- und Sprachwissenschaft noch in

Philosophie und Wissenschaftstheorie. Gerade diese Vielstimmigkeit der metaphortheoretischen Positionen treibt die Forschung zu dem Phänomen bis heute weiter an. Dies hat dazu geführt, dass eine geradezu unüberschaubare Forschungslandschaft zur Theorie der Metapher vorliegt, die im Rahmen dieses Gutachtens bei weitem nicht erschlossen werden kann (vgl. nur exemplarisch Brown 2008; Junge 2010; Beger/Smith 2020).

Die Dynamik dieser Auseinandersetzung verdankt sich unterschiedlichen Forschungsbereichen: Ursprünglich wurde die Metapher als Stilmittel in der antiken Rhetorik und Poetik definiert. Bis ins 19. Jahrhundert blieb die Metapher vor allem ein Element, das in Rhetorik, Poetik und Ästhetik verhandelt wurde. Erst seit Mitte des 20. Jahrhunderts entwickelten sich in weiteren Bereichen, v.a. auch in der Philosophie und Wissenschaftstheorie und nicht zuletzt in den Kognitionswissenschaften, eine Vielzahl verschiedener theoretischer Ansätze, die versucht haben, das Phänomen Metapher und ihre Wirkungsweise in weiteren Zusammenhängen zu begreifen. Der antike Ursprung der Metaphertheorie, der im nächsten Teilkapitel skizziert wird, hat dabei ein weitreichendes Erbe hinterlassen, das unsere Vorstellungen von der Metapher bis heute grundlegend geprägt hat: So unterschiedlich die Bestimmungsversuche der Metapher in den einzelnen Feldern theoretisch ausgerichtet sind, so nehmen sie doch alle ihren Ausgang bei der Vorstellung von der Metapher als einer «Übertragung» – eine Definition der Metapher, die bei Aristoteles ihren Ursprung hat (s. u.). Es gibt weitere Metapherdefinitionen, die ein ambivalentes Erbe hinterlassen haben: so der bereits in der Antike formulierte Ansatz, in der Metapher einen verkürzten *Vergleich* zu sehen, und die Bestimmung der Metapher als bloss *bildhafte Rede*. Auch diese Sichtweisen prägen oftmals bis heute, wie wir den Gebrauch von Metaphern einschätzen, gerade wenn es um die Frage geht, welche Rolle Metaphern in den Wissenschaften spielen.

Dass Metaphern nicht nur in der Poesie, sondern auch in den Naturwissenschaften zu finden sind, wirft die zentrale Frage nach ihrer Funktion in diesen Kontexten auf. Diese Frage wird auch heutzutage noch unterschiedlich bewertet: Lange galt die Metapher in den Naturwissenschaften, zumal in einer positivistischen Denktradition, als «gefährliche Verunreinigung» (Sarasin 2003: 212). Jene, die auch heute noch die Metapher in den Naturwis-

senschaften als ein blosses Mittel zur Veranschaulichung sehen und sie in dieser Form bestenfalls als einen didaktischen Gewinn und schlimmstenfalls als eine Gefahr für die Erkenntnis oder gar «Denkfalle» (Kohl 2007: 1) betrachten, bewegen sich in der angesprochenen Rhetorik-Tradition, welche die Metapher auf eine nur *bildhafte Rede* reduziert. Andere hingegen betonen gerade das Potential der Metapher für die Erkenntnisgewinnung: Denn es gibt eine ebenso lange, sich von positivistischen Positionen abgrenzende wissenschaftstheoretische Tradition, die nun gerade das kreative Potential der Metapher für die Wissensgewinnung auch in naturwissenschaftlichen Zusammenhängen hervorhebt. In diesen Positionen wirkt die antike Bestimmung der Metapher als *Vergleich* nach, die eine Grundlage dafür bildet, in dem Metapherngebrauch in den Wissenschaften eine Form der wissenschaftlichen Analogiebildung zu sehen. Insofern haben antike Ursprünge verschiedene Strömungen der Metapherndebatte bis heute geprägt.

2.1.1 Die Metapher in der Tradition der Rhetorik

Eine der ältesten Definitionen der Metapher geht auf den Philosophen Aristoteles (384–322 v. Chr.) zurück. Aristoteles beschrieb als Metapher die «*Übertragung* eines Wortes, das eigentlich eine andere Bedeutung hat, entweder von der Gattung auf die Art oder von der Art auf die Gattung oder von einer Art auf die andere oder durch Analogie» (Aristoteles 1972: 85). Die Bezeichnung *Metapher* leitet sich dabei vom griechischen Wort «*metaphorá*»/«*Übertragung*» ab. Schon bei Aristoteles war damit vorgezeichnet, was bis heute die Grundannahmen der meisten metaphertheoretischen Positionen bildet: Als Metapher wird ein sprachlicher Ausdruck verstanden, bei dem ein Wort oder ein semantisches Element, das in einem bestimmten Bedeutungszusammenhang verwendet wird, in einen anderen, neuen Zusammenhang, in dem es sonst nicht verwendet wird, «übertragen» wird.

Diese Übertragung zeichnet den metaphorischen Prozess aus – und zugleich hat dies Folgen für das Verständnis des Resultats dieses Prozesses: Die Metapher (als Übertragung) wurde lange als ein Phänomen verstanden, bei dem ein «eigentlicher» Begriff durch einen «uneigentlich» verwendeten Begriff ersetzt wird. In der Aristotelischen Definition ist die Metapher die Ersetzung eines

Wortes durch ein anderes (vgl. dazu auch Kohl 2007, 21–22). Das «Paradigma der Übertragung» (Haverkamp 2007: 26) ist wohl die grundlegende Beschreibung der Metapher bzw. des metapherischen Akts, auf die sich auch alle späteren Metaphertheorien, so unterschiedliche Akzente sie auch setzen mögen, beziehen – wobei allerdings die folgeschwere Implikation einer Differenz von «eigentlicher» und «uneigentlicher» Bedeutung in den metaphertheoretischen Positionen spätestens im 20. Jahrhundert radikal infrage gestellt wurde (vgl. Brandt 2013).

Mit dem Paradigma der Übertragung hängt eine weitere Sichtweise zusammen: nämlich dass sich in der Metapher ein *Vergleich* abzeichnet, bzw. der Metapher (wie dem Vergleich) eine Analogie (d.h. eine Übereinstimmung zweier Dinge in einem oder mehreren Aspekten) zugrunde liegt. Auf den römischen Gelehrten (und Lehrer der Rhetorik) Quintilian (ca. 35–96 n. Chr.) geht eine Definition zurück, in welcher die Metapher als ein *verkürzter Vergleich* gesehen wird: «Eine Vergleichung ist es, wenn ich sage, ein Mann habe etwas getan <wie ein Löwe>, eine Metapher, wenn ich vom Manne sage: <er ist ein Löwe>» (Quintilian, *Ausbildung des Redners*, VIII, 6, 9; Bd. 2, S. 221, zit. nach Kohl 2007: 73). Auch Quintilian beschrieb die Metapher als «eine Redeweise, die von ihrer natürlichen und ursprünglichen Bedeutung auf eine andere übertragen ist, um der Rede zum Schmuck zu dienen, oder, wie die Grammatiklehrer meist definieren, ein Ausdruck, der von der Stelle, bei der er eigentlich gilt, auf eine Stelle übertragen ist, wo er nicht eigentlich gilt» (Quintilian, *Ausbildung des Redners*, IX, 1, 4; Bd. 2, 251, zit. nach Kohl 2007: 8). Während in der Aristotelischen Definition der Metapher die Dimension der Welterfassung eine wichtige Rolle spielte, stand für Quintilian die rhetorische Wirkung der Metapher im Vordergrund. Voraussetzung für die metapherische Übertragung war aber bereits in der antiken Rhetorik die «Fähigkeit», so Kohl, «zwischen unterschiedlichen semantischen Bereichen Ähnlichkeiten zu erkennen» (Kohl 2007: 22).

In der Ästhetik des 18. Jahrhunderts wurde ein weiterer Aspekt des Metapherischen hervorgehoben: Die Anschaulichkeit, die mit der metapherischen Rede verbunden ist, führte dazu, Metaphorik *als* Bildlichkeit, bzw. als bildliches Sprechen zu verstehen (Willer 2005). Wie dominant die Bestimmung der Metapher als Sprachbild wurde, zeigt sich daran, dass entsprechende Definitionen bisweilen

noch heute vorherrschen. So definiert beispielsweise das Lexikon der Sprachwissenschaft: «M[etaphern] sind *sprachliche Bilder*, die auf einer Ähnlichkeitsbeziehung zwischen zwei Gegenständen bzw. Begriffen beruhen, d.h. auf Grund gleicher oder ähnlicher Bedeutungsmerkmale findet eine Bezeichnungsübertragung statt (z.B. *der Himmel weint* für «es regnet»)» (Bussmann 2008: 434, Hervorhebung C.B.). Allerdings wurde auch kritisiert, dass den Positionen, welche die Metapher als sprachliches Bild auffassen, eine naives Bildverständnis bzw. eine naive Bildontologie zugrunde liegt (Gehring 2009: 99).

Beides – die Auffassung von der Metapher als «uneigentliche Rede» sowie als «bildhaftes Sprechen» – bringt mit sich, dass in metaphertheoretischen Positionen immer wieder zwei Abgrenzungen zur Diskussion standen: Zum einen die Schwierigkeit der Grenzziehung zwischen Metapher und Begriff und zum anderen das schwierige Verhältnis von Metapher und Bild. Beide Probleme haben über lange Zeit das Verständnis der Wirkungsweise von Metaphern geprägt – und dies nicht nur bezüglich ihrer Funktion in Literatur und Rhetorik, sondern auch in Bezug auf den Gebrauch von Metaphern in theoretischen Kontexten, etwa in der Philosophie oder eben in den Naturwissenschaften. Gerade mit Blick auf die Naturwissenschaften war und ist es eine weitverbreitete Sichtweise, Metaphern als «uneigentliche» und «bildhafte Rede» zu verstehen, die lediglich zum Zwecke der Veranschaulichung für ansonsten abstrakte Theorien oder formalisierte Ausdrücke gebraucht würden. Ansonsten gelte es aber Metaphern hier zu vermeiden. Diese tradierte Sichtweise eines nur aus didaktischen Gründen motivierten Metapherngebrauchs in den Naturwissenschaften wurde allerdings in den Theorien zur Metapher, die in den 1950er- und 1960er-Jahren in Philosophie und Sprachwissenschaft entwickelt wurden, grundlegend problematisiert. Stattdessen wurde die Frage nach ihrer erkenntnisleitenden Funktion in den Wissenschaften in den Mittelpunkt gestellt. Im Folgenden wird ein Bogen geschlagen von den klassischen Ansätzen der 1960er-Jahre mit den wegweisenden Arbeiten von Harald Weinrich und Hans Blumenberg sowie Max Black und Mary Hesse (deren Theorien besonders einflussreich waren für eine grundlegende Neubestimmung der Rolle von Metaphern in den Naturwissenschaften) über den kognitionswissenschaftlichen Ansatz von George Lakoff und

Mark Johnson aus den 1980er-Jahren bis hin zu den Ergebnissen aktueller Metaphernanalysen im Bereich der Biowissenschaften (vgl. Abb. 1). Diese nunmehr klassischen metaphorentheoretischen Positionen werden detaillierter dargelegt, um die verschiedenen Funktionen von Metaphern in den Naturwissenschaften – ihre epistemische, kognitive, kommunikative oder diskursive Funktion – besser zu verstehen und für den Analyseteil des vorliegenden Gutachtens methodisch fruchtbar zu machen.

2.1.2 Ein kurzer Überblick: Metapherntheoretische Positionen

Mitte des 20. Jahrhunderts erfuhr die Beschäftigung mit dem Phänomen der Metapher eine Renaissance, vor allem in der Philosophie. In diesen sich neu entwickelnden Metapherntheorien stand auch die Frage nach der Rolle von Metaphern in den Naturwissenschaften im Zentrum. Zunächst waren es hermeneutische, wissenschaftstheoretische und sprachwissenschaftliche Ansätze, in denen theoretische Neubestimmungen des Phänomens der Metapher vorgenommen wurden (vgl. Abb. 1). Ihnen ist gemeinsam, dass sie die sogenannte *Substitutionstheorie* ablösten. Als Substitutionstheorie wird das (oben bereits skizzierte) metaphorentheoretische Verständnis bezeichnet, demzufolge bei einer Metapher ein sprachlicher Ausdruck (z. B. ein Wort) durch einen anderen Ausdruck (ein anderes Wort) lediglich «ersetzt» wird. Diese Auffassung von Metaphorik als «Ersetzung» geht davon aus, dass die Metapher ein «uneigentlicher» Ausdruck ist, der (z. B. aus Gründen der Veranschaulichung) anstelle eines «eigentlichen» Ausdrucks oder Begriffs benutzt wird. Dies impliziert zugleich, dass es beim Vorliegen einer Metapher auch eine «eigentliche» Bezeichnung gäbe, die durch die Metapher substituiert wird. Die theoretischen Reflexionen zur Metapher Mitte des 20. Jahrhunderts entwickelten sich nun in Abgrenzung zu dieser älteren Sichtweise.

Vor allem in der deutschsprachigen Diskussion stellten Harald Weinrich und Hans Blumenberg die hermeneutische Dimension des Metapherngebrauchs in den Vordergrund. Der Literatur- und Sprachwissenschaftler Weinrich hat sich zwar selbst kaum zu Metaphern in den Naturwissenschaften geäußert, aber da im Analyseteil des vorliegenden Gutachtens mit der Bezeichnung des *Bildfeldes* zu arbeiten sein wird, die auf Weinrich zurückgeht,

sei sein Ansatz hier kurz vorgestellt. Weinrich führte Ende der 1950er-Jahre die Termini *Bildspender* und *Bildempfänger* ein, um das metaphorische Phänomen als «Koppelung zweier sprachlicher Sinnbezirke» zu beschreiben (Weinrich 1976: 283). Gegen die vorherrschende Substitutionstheorie brachte er vor, dass das Phänomen der Metapher nicht auf der Ebene der Wortsemantik be- greifbar ist, sondern nur in einem grösseren semantischen Kontext. Für Weinrich ist die Metapher nie ein einfaches Wort, sondern immer die Verbindung von sprachlichen Bedeutungsfeldern. Wie auch ein einzelnes Wort semantisch nicht isoliert steht, so gehören für Weinrich auch konkrete einzelne metaphorische Sprechakte einem grösseren semantischen Feld an, das er «Bildfeld» nennt:

«Bildfeld ist ein analog zum semantischen Begriff <Wortfeld> geprägter Begriff der Metaphorologie. B. sind Familien von Metaphern, die durch die Metaphertradition habituell ge- worden sind und besonders als Denkmodelle dienen. Wäh- rend die einzelnen Metaphern Sprechakte sind, gehören B. als potentielle Gebilde den Sprachen (<langues> im Sinne Saussures) an. Sie übergreifen jedoch oft auch die Einzel- sprachen und sind einem Kulturkreis gemeinsam.» (Wein- rich 1971: 921)

Weinrichs Bildfeldtheorie öffnet den Blick dafür, dass einzelne metaphorische Ausdrücke nicht isolierte Phänomene sind, sondern in grösseren historisch-semantischen Kontexten betrachtet werden müssen. Die sprachliche Wirkmächtigkeit von Metaphern ergibt sich gerade daraus, dass sie in einem kulturhistorischen Traditi- onszusammenhang stehen. In Bildfeldern drücken sich bestimmte kulturelle Weltwahrnehmungen aus. In diesem Sinne beschreibt Weinrich Bildfelder auch als «Denkmodelle» (Weinrich 1971: 921), die eine kognitive Funktion haben können.

Für die Analyse der Metaphern, die in den biowissenschaft- lichen Darstellungen der CRISPR-Verfahren eine Rolle spielen, ist die Bildfeld-Theorie sehr produktiv: Die metaphorischen Be- schreibungen des «Editing» oder des «Redigierens» der DNA, welche die gegenwärtigen Debatten prominent prägen, fügen sich in ein weitaus grösseres Bildfeld ein, in dem die «DNA als Text» repräsentiert wird. Historisch wurde dieses Bildfeld in der Mole-

kularbiologie in den 1950er-Jahren dominant – als ehemals metaphorische Ausdrücke wie «DNA-Translation», «Transkription», «messenger-RNA» und andere zentrale Metaphern wie der «genetische Code» die Theoriebildung in der Biologie neu ausrichteten. Die gegenwärtige Wirkmacht der Genome Editing-Metaphorik ergibt sich nicht nur durch den anschaulichen Gehalt der Beschreibungen, sondern muss vor allem vor diesem historischen und kulturellen Hintergrund des gesamten Bildfeldes betrachtet werden.³

Vor allem im deutschsprachigen Raum hatte die Metaphorologie von Hans Blumenberg grossen Einfluss. Der Philosoph unterscheidet in seinen 1960 veröffentlichten «Paradigmen zu einer Metaphorologie» zwei verschiedene Typen von Metaphorik: zum einen solche Metaphern, die als Vorstufen zur Begriffsbildung angesehen werden können (Blumenberg bezeichnet sie als «Restbestände» oder «Rudimente auf dem Wege vom Mythos zum Logos»); zum anderen aber solche Metaphern, die er «absolute Metaphern» nennt (Blumenberg 1998 [1960]: 10). Diese sind für ihn «Grundbestände der philosophischen Sprache» (ebd.). Erstere können noch, in Abgrenzung vom Begriff, als eine Art metaphorisches Hilfsmittel zur Begriffsbildung verstanden werden. Mit letzteren hingegen ist ein irreduzibles metaphorisches Verständnis von Welt angesprochen, das jeder begrifflichen Erfassung von Welt vorgängig ist. Absolute Metaphern sind für Blumenberg «Übertragungen» die sich nicht ins Eigentliche, in die Logizität zurückholen lassen» (Blumenberg 1998 [1960]: 10). Die erkenntnisleitende Dynamik dieser Metaphern beschreibt Blumenberg (selbst wiederum sehr metaphorisch) als «katalysatorische Sphäre, an der sich zwar ständig die Begriffswelt bereichert, aber ohne diesen fundierenden Bestand dabei umzuwandeln und aufzuzehren» (Blumenberg 1998 [1960]: 11): Solche Metaphern treiben zwar die Begriffsbildung an, aber sie sind selbst nicht ins Begriffliche überführbar. Als eine solche absolute Metapher versteht Blumenberg z. B. die kulturhistorisch weit zurückreichende Vorstellung von der «Lesbarkeit der Welt» (Blumenberg 1983). Die Leitmetapher vom «Buch der Natur» erfuhr in den entstehenden empirischen Naturwissenschaften in der Frühen Neuzeit erstmals einen kanonischen Ausdruck, nicht zuletzt durch Galileis Diktum, dass dieses Buch

³ Vgl. dazu ausführlich Kapitel 4.

in der Sprache der Mathematik verfasst sei. Blumenberg zeigt nun jedoch, wie die Lesbarkeitsmetapher in den verschiedensten Kulturbereichen und Wissenschaftsfeldern in späteren Jahrhunderten weiterwirkte. Er legt dar, dass auch noch die Annahme eines in der DNA enthaltenen «genetischen Codes», die in den 1950er-Jahren das Zentrum der neuen molekularbiologischen Theoriebildung darstellte, in diesem grösseren kulturhistorischen Zusammenhang betrachtet werden kann (Blumenberg 1983).

Im Hinblick auf den Analyseteil des vorliegenden Gutachtens sind insbesondere zwei Aspekte der Metaphorologie Blumenbergs hervorzuheben:

1. Wie andere metaphortheoretische Positionen der 1960er-Jahre hebt auch Blumenberg die epistemische Funktion von Metaphern hervor: sie sind keine blosse Rhetorik zum Zwecke der Illustration, sondern einige Metaphern – insbesondere solche, die Blumenberg *absolute Metaphern* nennt – stellen einen zentralen Weltzugang dar. Sie sind unhintergehbare Mittel der Erkenntnis- und Wissensproduktion. Der entscheidende, noch einmal zu betonende Aspekt hierbei ist, dass diese Art der Metaphorik sich auch nicht ins begrifflich Eindeutige transformieren lässt. Die semantische Offenheit und Vagheit der Metapher, die gerade das epistemisch produktive Moment darstellt, kann Blumenberg zufolge nicht in präzise, begriffliche Sprache übersetzt oder überführt werden.

2. Der zweite zentrale Aspekt der Blumenbergschen Metaphorologie betrifft jedoch einen über das Epistemische weit hinausgehenden, eher philosophisch-anthropologischen Aspekt: Blumenberg betrachtet (absolute) Metaphern nicht nur als unhintergehbare Formen des Weltzugangs (d. h. auch der wissenschaftlichen Erkenntnisgewinnung), sondern auch als Ausdrucksweisen, in denen sich existentielle Dimensionen menschlicher Zugangsweisen zur Wirklichkeit manifestieren. In diesem Sinne konkretisieren sich für Blumenberg in absoluten Metaphern spezifische historisch-kulturelle *Erwartungshaltungen*. Solche Metaphern eröffnen Erwartungshorizonte und vermitteln darüber auch spezifische Orientierungen in der Welt. Blumenberg formuliert dies wie folgt: «Ihr Gehalt bestimmt als Anhalt von Orientierung ein Verhalten, sie geben einer Welt Struktur, repräsentieren das nie erfahrbare, nicht übersehbare Ganze der Realität» (Blumenberg

1998 [1960]: 25). Diese anthropologische Dimension des Metapherngebrauchs öffnet den Blick dafür, dass Metaphern in den Wissenschaften nicht nur im heuristischen Sinne die wissenschaftliche Wissensproduktion vorantreiben können, sondern dass sie auch Erwartungen, Wertungen oder Vermutungen evozieren, die sich gerade nicht aus einer rein wissenschaftlichen Perspektive ableiten lassen, sondern aus dem menschlichen Bedürfnis nach Sinnhaftigkeit (das Blumenberg anthropologisch begründet). Solche Metaphern sind also mit *Sinnsetzungen* und entsprechenden (wissenschaftlich nicht legitimierten) Vorannahmen darüber verbunden, wie der zur Verhandlung stehende Untersuchungsbereich beschaffen sein mag. So drückt sich beispielsweise in der Metapher vom «Buch der Natur», die im 17. Jahrhundert zu einer Leitmetapher wurde, nicht nur die Vorstellung aus, dass die Natur für den Menschen mit den neuen Mitteln der sich formierenden empirischen Naturforschung prinzipiell uneingeschränkt erkennbar sei. Sondern darüber hinaus implizierte die Metapher auch die Erwartung und Setzung, dass ebendiese Natur als solche ein sinnhaftes und bedeutungstragendes Ganzes ist. Diese eher suggestive Dimension der – oftmals nicht reflektierten – Sinnsetzungen, die mit dem Gebrauch von Metaphern in den Wissenschaften einhergehen können, hat Blumenberg am Beispiel der Metaphorik von der «Lesbarkeit der Welt» detailliert über die Jahrhunderte bis zur Molekularbiologie der 1950er- und 1960er-Jahre nachgezeichnet (Blumenberg 1983). Die Metapher vom menschlichen Genom als dem sogenannten «Buch des Lebens» lässt sich nahtlos in diese Blumenbergsche Analyse einreihen. Im Zusammenhang mit der vollständigen Sequenzierung des menschlichen Genoms durch die internationalen Humangenomprojekte in den frühen 2000er-Jahren prägte diese Metaphorik den medialen Diskurs mit seinen teilweise überbordenden, wissenschaftlich zu der Zeit nicht gerechtfertigten Erwartungen über die Reichweite dieser Befunde (vgl. Brandt 2018). Dieser suggestive Gehalt der Metaphorik wird auch bei der historischen Einordnung des Bildfelds des Genome Editings im vorliegenden Gutachten zu berücksichtigen sein.⁴

Während sich die skizzierten metapherntheoretischen Positionen von Blumenberg und Weinrich im Feld hermeneutischer und

⁴ Vgl. Kapitel 4.3.

philosophiehistorischer Problemlagen bewegten, waren die Ansätze von Max Black und Mary Hesse, die für die englischsprachige Metapherndiskussion wegweisend wurden, in der analytischen Sprachwissenschaft und Wissenschaftsphilosophie verortet. Beide Autoren legten in den 1960er-Jahren das Fundament für ein gänzlich neues wissenschaftstheoretisches Verständnis der Rolle von Metaphern in den Naturwissenschaften. Sie diskutierten deren Potential in innovativer Weise, indem sie Metaphern zu anderen heuristischen Mitteln (wie dem wissenschaftlichen Gebrauch von Analogien und Modellen) und zu wissenschaftlichen Erklärungen ins Verhältnis setzten (Black 1962, 1979, 1983; Hesse 1966; Arbib/Hesse 1986).⁵

Max Black (1962) gilt als einer der Begründer der *Interaktionstheorie*. Ähnlich wie zeitgleich Weinrich bricht Black mit der Sicht, dass die Metapher auf der Wortebene angesiedelt und als Ersetzung eines Ausdrucks durch eine metaphorische Umschreibung (d. h. eines Wortes in uneigentlicher Bedeutung) zu verstehen sei. Stattdessen betont Black, dass es sich bei der Metapher um den Zusammenschluss von zwei interagierenden semantischen Feldern handelt. Die zwei «system[s] of associated commonplaces» (Black 1962: 40), die im metaphorischen Akt zusammentreffen, etwa die Bedeutungsebenen, die im allgemeinen Verständnis mit solchen Wörtern wie «Wolf» und «Mensch» assoziiert werden, treten in der Metapher: «Der Mensch ist ein Wolf» in gegenseitige semantische Wechselwirkung und führen zu *wechselseitigen* Neuperspektivierungen. Erst diese *Interaktion* der Metaphernglieder bringt die (dadurch notwendigerweise immer kontextabhängige) Bedeutung der Metapher hervor. Die Ähnlichkeitsbeziehung, die in einer Metapher zum Ausdruck kommt, bildet also keinen Vergleich ab, sondern wird erst in dem metaphorischen Akt hergestellt. Aufgrund dieser Konstitution einer Ähnlichkeitsbeziehung gibt es für Black zwischen dem Metapherngebrauch und dem Gebrauch von Analogien und Modellen in den Wissenschaften Parallelen.

Die Philosophin und Wissenschaftstheoretikerin Mary Hesse erweiterte diesen Ansatz, indem sie die theoretische und erklärende Funktion von Metaphern in Naturwissenschaften hervorhob. Dem positivistischen Verständnis einer wissenschaftlichen Erklä-

⁵ Vgl. hier und im Folgenden Brandt (2013: 23–24).

rung stellte sie eine Sichtweise zur Seite, dass auch metaphorische Neubeschreibungen einen erklärenden und damit theoretischen Wert in der Wissenschaft haben können. 1966 beschrieb sie «theoretical explanation as metaphoric redescription of the domain of the explanandum» (Hesse 1966: 157). Die Interaktionstheorie weiterführend sieht Hesse das heuristische Potential der Metapher in naturwissenschaftlichen Forschungszusammenhängen darin, dass ein Explanandum (also ein zu erklärendes Phänomen) durch die Beschreibung in einer neuen, zunächst metaphorisch verwendeten Begrifflichkeit erfasst wird. Durch die Metapher werden Analogiebeziehungen zwischen einem unbekanntem und einem bekannten Bereich hergestellt. Diese metaphorische Neubeschreibung bringt einen Perspektivenwechsel mit sich, der sich produktiv auf die Forschung auswirkt, da sich im Verlauf der Forschung herausstellen muss, welche der vorgeschlagenen Analogiebeziehungen sich als zutreffend oder nichtzutreffend erweisen. Gegen wissenschaftstheoretische Annahmen gewendet, die in dem Gebrauch von Metaphern in den Wissenschaften lediglich ein zu vermeidendes Übel oder bestenfalls ein didaktisches Hilfsmittel sahen, hebt Hesse die Rationalität der wissenschaftlichen Metapher hervor: «Rationality consists just in the continuous adaptation of our language to our continually expanding world, and metaphor is one of the chief means by which this is accomplished» (Hesse 1966: 176f.).

Nach den Arbeiten von Black und Hesse sah die Sprach- und Wissenschaftsphilosophie in den 1970er- und 1980er-Jahren einen enormen Anstieg an Analysen, die sich mit der Rolle von Metaphern im Allgemeinen und in den Wissenschaften im Speziellen beschäftigten (Ortony 1979). Für die Wissenschaftstheorie einschlägig wurde vor allem die Position des Philosophen Richard Boyd. Er differenzierte auslegende (exegetical) oder pädagogische Metaphern, die eine Rolle bei der Wissensvermittlung spielen, von solchen Metaphern, die er als «theorie-konstitutiv» bezeichnete (Boyd 1979: 359–360). Während erstere vor allem aus didaktischen Gründen beim Wissenstransfer sekundär eingesetzt werden und in der Dynamik wissenschaftlicher Forschung keine Rolle spielen, sind theorie-konstitutive Metaphern für Boyd zentrale und primäre Mittel der Wissensproduktion. Boyd beschrieb solche Metaphern als «Einladung zu zukünftiger Forschung» («invitations to future research», Boyd 1979: 364). Ähnlich wie Hesse und Black

hob auch Boyd hervor, dass mittels solcher Metaphern – bis dato nicht wahrgenommene – Analogien bzw. Ähnlichkeiten zwischen einem zu erforschenden Bereich und einem anderen, bekannten Bereich auf der sprachlichen Ebene hergestellt werden. Da aber für eine ganze Zeit lang unklar bleiben könne, welche die relevanten Aspekte der vorgeschlagenen Analogiebeziehung sein könnten, liegt die Funktion solcher Metaphern vor allem darin, dass sie den Forschenden auf die Spur dieser Analogien oder Ähnlichkeiten bringt. Ihre theorie-konstitutive Funktion ergibt sich dadurch, dass solche Metaphern eine neue, noch abzusichernde Terminologie einführen: «they provide a way to introduce terminology for features of the world whose existence seems probable, but many of whose fundamental properties have yet to be discovered» (Boyd 1979: 364). Boyd geht über Black hinaus, indem er die «induktive Offenheit» (inductive open-endedness, Boyd 1979: 363) dieses Prozesses in den Mittelpunkt stellt: Die Vagheit solcher theorie-konstitutiven Metaphern lässt sich nicht ohne weiteres in begrifflich präzise Wissenschaftssprache überführen. Für Boyd sind theorie-konstitutive Metaphern vor allem in Phasen des wissenschaftlichen Theoriewandels von zentraler Bedeutung. Die Rolle von Metaphern in solchen Phasen verdeutlichte er am konkreten Beispiel des Gebrauchs der Metapher des «Programms» aus den Computerwissenschaften und ihrem Eingang in die Psychologie in den 1970er-Jahren, die zu der Zeit anfang, mentale Prozesse im Vokabular der Computerwissenschaften zu beschreiben, z. B. wenn Bewusstsein als «Feedback»-Phänomen aufgefasst, das Gehirn als «Computer» oder kognitive Prozesse generell als Informationsübertragung beschrieben wurden (Boyd 1979: 360).

Das 1980 erschienene Buch *Metaphors we live by* von Georg Lakoff und Mark Johnson stellte schliesslich eine grundlegende Zäsur dar, deren Bedeutung für die Ausrichtung gegenwärtiger Metaphertheorien kaum zu überschätzen ist. Lakoff und Johnson leiteten eine gänzlich neue Ausrichtung der Forschung in den Kognitionswissenschaften und der Psycholinguistik ein. Die beiden Philosophen und Mitbegründer einer kognitiven Linguistik betrachteten die Metapher nicht mehr primär als ein sprachliches, sondern als ein kognitives, mentales Phänomen. Damit ging ein grundlegender Perspektivwechsel in der Metaphernforschung einher: Anstatt die Metapher als einen Sonderfall der Sprache

zu behandeln, den es, als Spezialfall, zu erklären galt (wie es bis dahin in der metaphorentheoretischen Reflexion üblich war), sahen sie die Metapher als ein *Grundphänomen* unserer kognitiven Aneignung von Welt. Am Beispiel der Alltagssprache legten sie dar, dass unsere Weltwahrnehmung grundlegend metaphorisch funktioniert, bzw. dass metaphorische Übertragungen massgeblich unser Denken strukturieren. Für Lakoff/Johnson besteht «das Wesen der Metapher (...) darin, dass wir durch sie eine Sache oder einen Vorgang in Begriffen einer anderen Sache bzw. eines anderen Vorgangs verstehen und erfahren können» (Lakoff/Johnson 2011 [1980], 13). Anhand alltagssprachlicher Beispiele, etwa «Argumentieren ist Krieg» oder «Zeit ist Geld» bzw. «Zeit ist eine begrenzte Ressource» zeigen sie, wie Beschreibungen des Vorgangs einer «Argumentation» beispielsweise in sprachlichen Begriffen der Kriegsführung dargestellt werden («jemanden attackieren», «jemand verteidigt sich», etc.) bzw. die Auffassungen, was «Zeit ist», durch unsere Vorstellungen von einer «begrenzten, wertvollen Ressource» (z. B. «Zeit vergeuden», «Zeit investieren», etc.) sprachlich gestaltet werden. Lakoff und Johnson analysierten zahlreiche solcher kognitiven Muster, die unseren sprachlichen Darstellungen zugrunde liegen, und zeigten damit, dass unsere Wahrnehmung und unser Denken durch derartige metaphorische Übertragungen grundlegend strukturiert wird. Sie stellten die These auf, «dass der grösste Teil unseres normalen Konzeptsystems metaphorisch strukturiert ist; das heisst, dass wir die meisten Konzepte partiell von anderen Konzepten her verstehen. Diese Annahme wirft die interessante Frage auf, worin unser Konzeptsystem gründet. Haben wir überhaupt Konzepte, die direkt – also ohne Zuhilfenahme der Metapher – verstehbar sind? Wenn dem nicht so ist, wie können wir überhaupt verstehen?» (Lakoff/Johnson 2011 [1980]: 70). Tatsächlich entwickelten die beiden Autoren den Ansatz weiter, dass eine grosse Gruppe solcher konzeptueller Metaphern, die von ihnen so bezeichneten Orientierungs- und Strukturmetaphern, letztlich in «systematischen Korrelationen» innerhalb unserer basalen körperlichen Erfahrungen gründen (Lakoff/Johnson 2011 [1980]: 75).

Lakoff und Johnsons Veröffentlichung von 1980 war insbesondere im englischsprachigen Raum wegweisend und legte die Basis für die sogenannte *konzeptuelle Metaphertheorie* («Conceptual

Metaphor Theory» [CMT]), die in den Kognitionswissenschaften und in der Psycholinguistik in den Folgejahrzehnten vielfach weiterentwickelt wurde. Eine der Grundannahmen dieser kognitivistischen Ansätze ist die Domänen-These: Metaphorische Ausdrücke gelten als sprachliche Realisierungen *konzeptueller Metaphern*. Letztere bestehen in der systematischen Verbindung zwischen zwei sehr unterschiedlichen semantischen Domänen, von denen die eine als konzeptueller Zielbereich X («target domain») und die andere als konzeptueller Herkunfts- oder Ursprungsbereich Y («source domain») der metaphorischen Übertragung betrachtet werden. Durch diese Übertragung von Y (z. B. «Reise») auf X («Leben») wird X als Y («Das Leben ist eine Reise») verstanden, d. h. «die eine konzeptuelle Domäne durch Rückgriff auf einen anderen Erfahrungsbereich kognitiv verfügbar gemacht» (Jäkel 2003: 40).

2.2 Die Funktion von Metaphern in den Wissenschaften: Ansätze der Wissenschaftsforschung

Welche Einsichten lassen sich aus diesem kurzen Überblick über verschiedene Ansätze der Metapherntheorien für das vorliegende Gutachten gewinnen? Die metapherntheoretischen Analysen der letzten Jahrzehnte haben gezeigt, dass der Gebrauch von Metaphern in den Naturwissenschaften weitaus mehr als bloße Rhetorik ist. Wie sich aus den skizzierten wissenschaftsphilosophischen und sprachwissenschaftlichen Positionen ergibt, können Metaphern in den Wissenschaften eine wichtige erkenntnistheoretische und wissensproduzierende Rolle spielen. Zusammenfassend lässt sich an dieser Stelle festhalten, dass folgende Funktionen der Metapher hervorzuheben sind:

- die kognitive Funktion
- die epistemische Funktion
- die kommunikative bzw. diskursive Funktion

2.2.1 Die kognitive Funktion von Metaphern

Schon bei Hesse, Black und anderen wurde angedeutet, dass Metaphern in unserer Sprache eine erkenntnisleitende Funktion haben oder als «Denkmodelle» (Weinrich 1971: 921) fungieren können.

Vor allem im Gefolge der durch Lakoff und Johnson (2011 [1980]) begründeten *Conceptual Metaphor Theory* (CMT) ist die kognitive Funktion von Metaphern in einer Vielzahl von Studien weiter untersucht worden. Hierbei handelt es sich zumeist um Ansätze aus den Kognitionswissenschaften bzw. der Psycholinguistik, die entweder ein Interesse an kognitionslinguistischer Theoriebildung verfolgen oder in experimentellen Studien die Ausgangsthesen der CMT weiter ausdifferenziert haben (für einen Überblick siehe Gibbs 2011, vgl. auch Beger/Smith 2020b). Dabei wurde schon früh versucht, die CMT (die zunächst nicht primär anhand des Metapherngebrauchs in den Wissenschaften entwickelt worden war) auch für die Analyse von Metaphern im Bereich der (natur-)wissenschaftlichen Wissensproduktion produktiv zu machen (Jäkel 2003). Vor allem in jüngster Zeit stösst dies vermehrt auf Interesse (Beger/Smith 2020a). Ein Thema, das die CMT (bzw. ihre Kritiker*innen) besonders beschäftigt, ist die Frage nach der Kreativität von Metaphern, bzw. deren Konventionalität. Das Spektrum des Metapherngebrauchs in Alltagssprachen ebenso wie in Wissenschaften reicht von innovativen, als neu oder kreativ wahrgenommenen Metaphern bis hin zu konventionellen, fest im Wortschatz etablierten und damit lexikalisierten Metaphern, die auch als *«tote»* Metaphern bezeichnet werden. Das Spannungsverhältnis von Kreativität und Konvention einer Metapher hatte auch schon klassische metaphortheoretische Positionen herausgefordert (vgl. Kohl 2007: 55–64). Wie Beger/Smith (2020: 5–8) hervorheben, haben nun eine Reihe von psycholinguistischen Studien gezeigt, dass in der menschlichen Wahrnehmung bei konventionellen Bildfeldern (wie beispielsweise *«Elektrizität ist eine Flüssigkeit»*, ein Bildfeld, das gegeben ist, wenn wir sagen: *«Strom fließt»*), gerade kein bereichsübergreifender Vergleich (ein sogenanntes *«cross-domain comparison»*), wie in der CMT postuliert, stattfindet. Stattdessen werden, so diese Studien, nicht bei jeder Metapher die Vergleichsstrukturen aktiviert, die mit dem wörtlichen Sinn der beiden Domänen verbunden sind, sondern bei manchen Metaphern liegen vielmehr implizite Kategorisierungen zugrunde (Glucksberg 2008).

Die Psychologin und Kognitionswissenschaftlerin Dedre Gentner hat mit ihrem empirisch fundierten Modell, das auf der *«Career of Metaphor»*-Hypothese basiert, einen Ansatz erarbeitet, der zwischen den Kritiker*innen und Verfechter*innen der CMT

vermittelt. Gentner kann zeigen, dass bei *neuen* Metaphern kognitiv ein «cross-domain mapping» (d. h. ein domänenübergreifender Strukturabgleich) vorgenommen wird, wodurch sich auch die Kreativität der Metapher ergibt. Mit der «Karriere der Metapher», d. h. mit fortschreitendem Übergang in den konventionellen Sprachgebrauch, verblasst jedoch zunehmend diese mentale Aktivierung eines Vergleichs und die sprachliche Metapher funktioniert kognitiv zunehmend als implizite Kategorisierung (Bowdle/Gentner 2005, vgl. auch Beger/Smith 2020: 5–8). Es hängt also vom *Grad der Konventionalisierung* ab, ob die in einer Metapher sprachlich zum Ausdruck kommende Vergleichsstruktur auch kognitiv noch wahrgenommen wird. Bei neuen, kreativen Metaphern ist dies der Fall. Je stärker jedoch eine Metapher in den konventionellen Sprachgebrauch integriert, d. h. letztlich: lexikalisiert wird, desto schwächer wird die Wahrnehmung der wörtlichen Bedeutung der Metapher. Auf das obige Beispiel bezogen heisst dies: In der «toten» Metapher «Strom fliesst» wird in der Regel die wörtliche Bedeutung der zugrunde gelegten Vergleichsstruktur (Elektrizität ist eine Flüssigkeit) nicht mehr wahrgenommen, sondern der metaphorische Ausdruck wird kategorial verstanden.

Beger und Smith (2021), welche die CMT speziell für eine Analyse des Metapherngebrauchs in den Wissenschaften fruchtbar machen möchten, merken nun zwei wichtige Aspekte an: Zum einen weisen sie darauf hin, dass gerade in den Wissenschaften manche Konzepte, die ihre Karriere ursprünglich als Metaphern begonnen haben, für den wissenschaftlichen Experten bzw. die wissenschaftliche Expertin oft nur noch «tote Metaphern» sind, also schon längst als Fachterminologie verwendet – und nicht mehr in ihrem metaphorischen Gehalt wahrgenommen – werden. Zum anderen könne aber mittels der CMT die solchen wissenschaftlichen Konzepten zugrundeliegende metaphorische Struktur wieder aufgedeckt werden. Am Beispiel der Verwendungsweisen des Ausdrucks «genetischer Code», der zu den Grundkonzepten der modernen Biologie gehört, verdeutlichen sie, dass gerade im Prozess der Wissenschaftskommunikation mit einer grösseren Öffentlichkeit der ursprünglich metaphorische Gehalt wieder aktiviert werden kann. Die konzeptuelle Struktur, die der sprachlichen Metapher zugrunde liegt (also die bereichsübergreifende Vergleichsstruktur) kann demnach in einer veränderten Kommunikationssituation

auch dann noch wirken, wenn die Metapher an sich (in diesem Fall in der wissenschaftlichen Fachwelt) bereits konventionalisiert ist (vgl. Beger/Smith 2021: 10; Knudsen 2005).

Dieses Beispiel ist auch für die Einschätzung der Wirkungsweise des Bildfelds des Genome Editing von besonderer Bedeutung. Wie schon weiter oben skizziert wurde, werden solche Ausdrücke wie «Gene Editing» oder «Genome Editing» von den Wissenschaftler*innen in biowissenschaftlichen Fachartikeln im terminologischen Sinne verwendet und gerade nicht metaphorisch benutzt. Als jedoch das CRISPR Verfahren nach 2015 zunehmend medial diskutiert – und damit einer breiten Öffentlichkeit bekannt – wurde, stand auch das Bildfeld des Gene Editing als *Metaphorik* zur Verhandlung und es wurden Fragen danach aufgeworfen, welche Art von Fokussierungen und welche blinden Flecken die metaphorischen Vergleiche von DNA mit «Text» und «Text-Editing» erzeugen. Während also «Genome Editing» für die Fachwelt eine konventionelle Metapher darstellt, die kategorial verstanden wird, ist sie in der öffentlichen Wahrnehmung eine durchaus neuartige, kreative Metapher (und werden entsprechend in der medialen Darstellung und Analyse die ursprünglichen wörtlichen Bedeutungen der Vergleichsdomäne als solche wahrgenommen). Auf diese unterschiedlichen Wahrnehmungen der Metaphorik einerseits im fachwissenschaftlichen und andererseits im öffentlichen Raum und die damit zusammenhängenden Ausblendungen bzw. Fokussierungen wird in Kapitel 3 noch detaillierter einzugehen sein.

2.2.2 Die epistemische Funktion von Metaphern

Nicht erst mit den kognitionswissenschaftlichen Metaphertheorien rückte die erkenntnisleitende Dimension der Metapher ins Zentrum, sondern bereits die meisten klassischen Metaphertheorien seit Mitte des 20. Jahrhunderts betonten die epistemische Funktion von Metaphern in den Wissenschaften, wie weiter oben dargelegt. Ihre epistemische Funktion lässt sich dabei in verschiedenen weit gehenden Dimensionen erfassen: von der Sichtweise, dass die Metapher ein heuristisches Werkzeug ist (ähnlich wie wissenschaftliche Modelle, denen ebenfalls eine Analogiebeziehung zugrunde liegt), bis hin zur Annahme, dass Metaphern vor allem in Phasen des wissenschaftlichen Wandels eine theoriekonstitutive

Rolle haben können. Auch wenn es zwischen diesen beiden Polen graduelle Abstufungen in der Reichweite der konzeptionellen Neuperspektivierung geben mag, die durch die metaphorische Neubeschreibung eingeführt wird, so ist beiden gemeinsam, dass die Metapher als ein *Element der Innovation* gesehen wird. Metaphorische Beschreibungen können in den Wissenschaften dazu beitragen, neue Forschungsperspektiven zu eröffnen. Die heuristische Funktion der Metapher liegt in ihrem anschaulichen Gehalt oder der von ihr vorgeschlagenen Analogiebeziehung begründet. Dadurch kann sie neue Phänomene erschliessen und neue Modellbildungen vorantreiben. Gerade durch ihre Anschaulichkeit und Unschärfe kann sie ihr kreatives Potential entfalten. Damit kann sie nicht nur eine didaktische Funktion im Bereich der populären Wissensvermittlung erfüllen, sondern sich auch auf den epistemischen Kern wissenschaftlicher Tätigkeit auswirken, wie im Fall der von Richard Boyd diskutierten theoriekonstitutiven Metaphern und des induktiv offenen Forschungsprozesses, den sie anstossen. Die Wissenschaftssoziologin Sabine Maasen hat diesbezüglich zwischen dem «Transfer» und der «Transformation» von Metaphern unterschieden: Durch den Transfer einer Metapher in eine wissenschaftliche Disziplin werden neue Weisen der Problematisierung von Phänomenen eingebracht und unbekannte Zusammenhänge durch bekannte Zusammenhänge veranschaulicht. Während der Metaphertransfer in diesem Sinne heuristischen Zwecken dient, kann der nächste (jedoch nicht zwangsläufig folgende) Schritt die «Transformation» des Forschungsgebiets durch die Metapher sein, nämlich dann, wenn das gesamte konzeptionelle Potential der Metapher ausgeschöpft wird. In diesem Fall wird die Metapher in das begrifflich-theoretische Gerüst der Wissenschaftsdisziplin integriert oder sie induziert sogar die Entstehung und weitere Ausdifferenzierung gänzlich neuer Forschungsfelder (Maasen 1995: 22–30).

So unterschiedlich einzelne metapherntheoretische Positionen im Detail auch sein mögen, bezüglich des Metapherngebrauchs in den Wissenschaften hat es sich eingebürgert, die Wirkungsweise von Metaphern – selbst wiederum sehr metaphorisch – als eine Art «Linse», «Filter», «Framing» oder «Mapping von Domänen» zu beschreiben (Reynolds 2022: 9–10). Metaphern in diesem Sinne ermöglichen vor allem eines: innovative Neuperspektivierungen. Die meisten metapherntheoretischen Positionen betonen diesen

innovativen Gehalt. Diese Fokussierung hängt sicherlich damit zusammen, dass sich die wissenschaftstheoretischen Positionen der letzten Jahrzehnte von einer tradierten Auffassung absetzen mussten, der zufolge metaphorische Sprache in den Wissenschaften keinen Platz habe. Allerdings gilt es auch die Kehrseite der metaphorischen Neubeschreibungen im Blick zu behalten: Bestimmte Aspekte, Strukturen oder Eigenschaften eines Untersuchungsbereichs werden durch die inhärente Vergleichsstruktur zwar in einer spezifischen Weise hervorgehoben, andere mögliche Eigenschaften dadurch jedoch auch verdeckt. Jede durch eine Metapher eingebrachte neue Perspektive ist daher immer auch selektiv, partiell und blendet andere Aspekte des Untersuchungsbereichs aus. Andrew Reynolds hat dies jüngst so auf den Punkt gebracht: «We can think of metaphors as providing a path or map forward, through a tangled jungle of unfamiliar territory (to use yet another meta-metaphor), but like any map they may not lead us to where we ultimately want to go; and if we do not exercise due caution, we can be easily misled by them» (Reynolds 2022: 10).

2.2.3 Die kommunikative und diskursive Funktion von Metaphern

Metaphern sind also alles andere als «neutrale» Werkzeuge der Erkenntnisgewinnung und Wissensproduktion. Dass Metaphern in den Wissenschaften gerade keine «bewusst einsetzbaren Erkenntniswerkzeuge» (Sarasin 2003: 214) sind, sondern oftmals einfach sprachlich «geschehen» und damit auch Teil unkontrollierbarer Bedeutungseffekte sind, wurde insbesondere in der historischen und sozialwissenschaftlichen Wissenschaftsforschung schon anhand vieler konkreter Fallstudien gezeigt (Sarasin 2003). Damit sind die kommunikative Dimension und die diskursive Funktion von Metaphern in den Wissenschaften angesprochen. Traditionell wurde die kommunikative Funktion vor allem im pädagogischen Gebrauch von Metaphern zur Popularisierung von Wissen gesehen. Aufgrund ihrer Anschaulichkeit können bestimmte Metaphern tatsächlich zur Illustration ansonsten abstrakter wissenschaftlicher Befunde beitragen. Für die Wissenschaftsgeschichte und Wissenschaftssoziologie, die nach den historischen Voraussetzungen und den gesellschaftlichen

Kontexten der wissenschaftlichen Erkenntnisgewinnung und Wissensgenese fragen, ist die Funktion von Metaphern im Bereich der *Diskursformation* jedoch noch wesentlich interessanter – und dies in einem grundlegenden Verständnis. Dass manche Metaphern als «Transfervehikel» über verschiedene Wissenschaftsbereiche und Wissenskulturen hinweg eine diskursformierende Funktion haben können, ist bereits in verschiedensten historischen Analysen herausgestellt worden (vgl. Kapitel 2.3). So wird das Charakteristikum von Metaphern vor allem im «transfer of ideas and concepts, thus <pieces of meaning> from one definable discourse to another» gesehen (Maasen/Mendelsohn/Weingart 1995: 1) oder Metaphern werden als «medium of exchange» (Bono 1990) beschrieben. Metaphern können als eine Art «Scharnier» zwischen Diskursen fungieren – sei es zwischen verschiedenen Wissenschaften oder zwischen wissenschaftlichen und anderen kulturellen Bereichen oder gesellschaftlichen Diskursen. Metaphorische Transfers können hier weitere diskursprägende Bedeutungstransfers zwischen vormals getrennten Wirklichkeitsbereichen ermöglichen, die in ihrer Dynamik oftmals nicht kontrollierbar sind. Am Beispiel der Metapher der «genetischen Information» und des «genetischen Codes», die in den 1950er-Jahren in die Biologie Einzug hielten, lässt sich diese diskursformierende Funktion (in diesem Fall zwischen den Wissenschaftsdisziplinen Biologie und Informationswissenschaften) besonders gut historisch nachvollziehen: Wie die Wissenschaftshistorikerin Lily Kay detailliert gezeigt hat, ist die Hinwendung zu informationalistischen Metaphern in der Biologie der 1950er-Jahre nur vor dem Hintergrund der Entstehung der neuen Informationswissenschaften und der Kybernetik in einer sehr spezifischen historischen Situation zu verstehen: dem politischen und militärischem Kontext in der unmittelbaren Nachkriegszeit und dem Beginn des Kalten Krieges (Kay 2000). Die Integration der Informationsmetapher in die Biologie führte in den folgenden Jahrzehnten zu weiteren Diskursdynamiken und einem verstärkten Austausch von Konzepten und Methoden zwischen Biowissenschaften und Informationswissenschaften, so insbesondere seit der Entstehung der neuen Bioinformatik in den 1970er-Jahren.⁶

⁶ Vgl. dazu detaillierter Kapitel 2.3.

Schliesslich ist ein letzter Aspekt der diskursiven Funktion von Metaphern in den Wissenschaften anzusprechen, der hier in einem weiteren Sinne als *normativer Gehalt* bezeichnet werden soll und der bereits unter 2.1.2 erwähnt wurde.⁷ Metaphern sind auch in dem Sinne keine neutralen epistemischen Werkzeuge, als sich in ihnen kulturell-historisch geprägte Erwartungshaltungen manifestieren können, die einen bestimmten Weltzugang oder auch bestimmte Handlungsaufforderungen implizieren. Wie vor allem Hans Blumenberg in seiner Metaphorologie hervorgehoben hat, gehen derartige kulturell aufgeladene Erwartungshaltungen mit Sinnsetzungen und Orientierungsangeboten einher, die unser Handeln in der Welt bestimmen. So bringen laut Blumenberg bestimmte Metaphern – wie die Metapher von der «Lesbarkeit» der Welt und der Natur – vor allem diese historisch spezifischen Sinnsetzungen zum Ausdruck. Im historischen Rückblick vermittelt sich im Bildfeld der Lesbarkeit der Welt oftmals eher das, was eine historische Epoche über die Natur zu wissen *wünschte* oder zu wissen glaubte, als das, was tatsächlich gewusst werden konnte. In der Kulturgeschichte dieses Bildfeldes kommt, so Blumenberg, zum Ausdruck: «Was war es, was wir wissen wollten? (...) Was war es, was wir erhoffen durften?» (Blumenberg 1983: 9). Gerade für das wissenschaftliche Metaphernfeld, das die DNA als Text repräsentiert und das dem gegenwärtigen Bildfeld des Genome Editing historisch zugrunde liegt, gilt es die Frage nach den implizit enthaltenen Setzungen und Orientierungen aufzuwerfen. Die DNA metaphorisch als einen Text zu konzipieren, ging bereits seit den 1960er-Jahren mit weitreichenden Spekulationen über den biowissenschaftlichen und biotechnischen Umgang mit dem Lebendigen einher, wie im nächsten Teilkapitel skizziert werden soll.

⁷ Anzumerken ist, dass «normativ» hier nicht in einem philosophisch definierten Sinne gebraucht wird, sondern eher umgangssprachlich; «normativ» wird hier in Abgrenzung zu «deskriptiv» benutzt, und zwar in einem solchen Sinne, dass es nicht nur um wissenschaftlich deskriptive, d. h. beschreibende Ausdrucksweisen geht («wie etwas ist»), sondern auch um solche, die Vorstellungen darüber implizieren, wie etwas «sein soll», bzw. die mit Handlungsaufforderungen oder Handlungsanweisungen einher gehen können.

2.3 Wissenschaftshistorische Perspektiven: Metaphern in der Geschichte der Biowissenschaften

Metaphern sind in den Wissenschaften keine Ausnahme, sondern im Gegenteil: viele der heutigen Grundbegriffe in den Biowissenschaften haben historisch betrachtet einen metaphorischen Ursprung. So geht beispielsweise der zentrale Begriff der «Regulation» in der Stoffwechselbiologie auf einen Metaphertransfer aus dem Bereich der Dampfmaschinenteknik zu Beginn des 19. Jahrhunderts zurück (Rheinberger 2023: 308). Ebenfalls erst um 1800 hielt die Vorstellung von einer biologischen «Vererbung» Einzug in die Biologie. Bis dahin war der Vererbungsbegriff im gesellschaftlichen oder juristischen Sinne verwendet worden und bezog sich vornehmlich auf das Übertragen von Gütern von einer Generation auf die nächste. Im Verlauf des 19. Jahrhunderts wurde der Vererbungsbegriff zunehmend auf biologische Phänomene angewendet. Er wurde zu einem der zentralen Konzepte, zunächst in der sich entwickelnden Vererbungsforschung und schliesslich in der zu Beginn des 20. Jahrhunderts neu entstehenden Genetik (Rheinberger/Müller-Wille 2009). Manche Biologen wiesen sogar selbst dann noch darauf hin, dass der Vererbungsbegriff in der Biologie problematisch sei, da er die Spuren seiner «vorwissenschaftlichen» Verwendung noch mit sich trage und daher den komplexen entwicklungsbiologischen Vorgängen nicht gerecht werden könne (Spemann 1924: 65). Andere überaus wirkmächtige Metaphern finden sich im 19. Jahrhundert in der Evolutionstheorie: So basiert Darwins Selektionstheorie auf der Idee der «natürlichen Zuchtwahl», die er in Anlehnung an die Tätigkeiten von Tierzüchtern als Metapher verwendete. Die Ideen eines «Survival of the Fittest» und eines «Tree of Life» sind weitere metaphorische Ausdrücke, die in der Entwicklung der Evolutionstheorie eine zentrale Rolle spielten. Die Bedeutung und Dynamiken dieser Metaphern wurden wissenschaftshistorisch bereits umfassend untersucht (z. B. Bowler 1995; Weingart 1995; Reynolds 2022), ebenso wie die Rolle von Metaphern, etwa die von Robert Koch verwendeten Kriegsmetaphern, in der Bakteriologie, welche im letzten Drittel des 19. Jahrhundert zu einer neuen Leitwissenschaft aufstieg (Hänseler 2009; Berger 2009).

In seiner Überblicksdarstellung *Metaphors in the Life Sciences* hat Andrew Reynolds jüngst hervorgehoben, dass wir zwar

in vielen Teilbereichen der Biologie Metaphern finden, es jedoch erstaunlich wenige Wirklichkeitsbereiche gibt, die als Bildspender für diese Metaphern fungieren. Mit Blick auf die Ursprungsdomänen («source domains») der in der Biologie häufig benutzten Metaphern liegt laut Reynolds gerade keine grosse Vielfalt vor. Vielmehr zeichnen sich drei grosse Bereiche ab, die er als Hintergrundmetaphern bezeichnet: «Agenten» («agents»), «Maschinen» und «Information» (Reynolds 2022: 14).

Der Begriff der *Hintergrundmetaphorik* geht auf Hans Blumenberg zurück und weist in eine ähnliche Richtung wie Harald Weinrichs *Bildfeld*-Theorie. Damit ist angesprochen, dass einzelne metaphorische Ausdrücke nicht isoliert betrachtet werden sollten, sondern sich zu einem grösseren Bildfeld zusammenfügen, das wiederum in einem spezifischen kulturhistorischen Zusammenhang zu verorten ist. Zum Beispiel führt in der Biologie eine organistische Hintergrundmetaphorik dazu, dass Lebensprozesse terminologisch anders beschrieben werden als bei einer mechanistischen Hintergrundmetaphorik, der zufolge kein Unterschied zwischen Maschinen und Organismen existiert (Blumenberg 1998 [1960]: 92–110).

Beim Bildfeld der *Agenten* («agent metaphors»), das historisch bis in die antike Philosophie zurückreicht, handelt es sich Reynolds zufolge um anthropomorphe Metaphern, die vor allem benutzt werden, wenn *Funktionszusammenhänge* beschrieben werden. Hier finden sich dann sprachliche Ausdrücke, die den molekularen Entitäten – Proteinen, Genen, Zellen – oder der Natur als Ganzes metaphorisch eine Agency zuschreiben – als handle es sich um bewusste Akteure. Ein modernes Beispiel hierfür ist die metaphorische Darstellung der Natur oder Umwelt in Darwins Selektionstheorie als Akteurin einer züchterischen Auslese. Beschreibungen von Vorgängen, in denen Proteine oder Proteinkomplexe als «kooperierend» bezeichnet werden, oder wenn ein gesamter Organismus als «Gesellschaft von Zellen» dargestellt wird, sind weitere Beispiele für diese anthropomorphe Hintergrundmetaphorik (Reynolds 2022: 15).

Beim Bildfeld der *Maschine* («machine metaphors») handelt es sich hingegen um technomorphe Darstellungen, in denen molekulare, zelluläre oder organismische Entitäten als mechanistische *Kausalzusammenhänge* erscheinen. Die historischen Wurzeln

dieser Hintergrundmetaphorik liegen im 16. und 17. Jahrhundert, als mit dem Aufstieg einer mechanistischen Philosophie und Weltanschauung auch die Gleichsetzung von natürlichen Objekten und Maschinen dominant wurde. Das Bildfeld der *Information* («information metaphors») etablierte sich dagegen erst im 20. Jahrhundert mit der Entstehung der Informationstheorie und neuer Technikwissenschaften (vor allem der Kybernetik) und führte dazu, dass auch Lebensprozesse in der Biologie nun als *Informationsspeicherung* und *Informationsverarbeitung* konzipiert wurden (Reynolds 2022: 14–25).

Aus zwei Gründen sei im Folgenden der historische Aufstieg dieses Bildfeldes in der Biologie etwas detaillierter umrissen: Zum einen bildet der Einzug der Informationsmetaphern in die Biologie Mitte des 20. Jahrhunderts die historische Basis, um den Metapherngebrauch im heutigen Forschungsfeld des Genome Editings verstehen und einordnen zu können. Zum anderen lassen sich an diesem Beispiel die verschiedenen Funktionen nachvollziehen, die Metaphern in den Wissenschaften haben können: die epistemische (d. h. heuristische und theoriekonstitutive), die kommunikative und die diskursformierende Funktion.

Der Metaphertransfer von den Informationswissenschaften in die Biologie und die damit einhergehende Etablierung solcher Bildfelder wie DNA ist Text bzw. Lebensvorgänge sind Prozesse der Informationsverarbeitung ist in der Wissenschaftsgeschichte bereits umfassend analysiert worden (Keller 1995; Kay 2000; Brandt 2004; Rheinberger 2006: 293–309). Im Zuge der biochemischen und biophysikalischen Erforschung der DNA in den 1950er-Jahren begannen informationalistische Metaphern die Darstellungswelt der Biologie neu zu prägen. Sie lösten einen vorherigen Diskurs über biologische Spezifität ab und wirkten konstitutiv für neue theoretische Erklärungen zellulärer und molekularer Prozesse. Bereits 1953 vermuteten James Watson und Francis Crick in einer ihrer ersten Beschreibungen des Modells der Doppelhelix, dass in der DNA eine «genetische Information» in Form eines «genetischen Codes» gespeichert sei (Watson/Crick 1953). In den Folgejahren versuchte eine Gruppe von Biologen, Physikern und Kybernetikern den «genetischen Code» mit Hilfe kryptoanalytischer und mathematischer Verfahren zu entschlüsseln, wobei auch erste Computer zum Einsatz kamen. Hier zeigt sich, dass die

Metapher des «genetischen Codes» ihr heuristisches Potential entfaltete, auch wenn diese Versuche letztlich, wie die Wissenschaftshistorikerin Lily Kay (2000) ausführlich dargelegt hat, scheiterten. Es waren gerade nicht die theoretischen *Coding*-Ansätze in den 1950er-Jahren, sondern schliesslich biochemische Experimentalforschungen, welche die Zuordnung von Basentriplets in der DNA zu spezifischen Aminosäuren aufklärten und damit zwischen 1960 und 1966 zur «Entzifferung» des genetischen Codes führten. Im Gefolge der Informationsmetapher wurden seit den 1950er-Jahren weitere Metaphern zur Beschreibung zellulärer und molekularer Vorgänge benutzt, wie «Transkription», also das «Umschreiben» der in der DNA enthaltenen Information in eine sogenannte «Botschafter-RNA» (messenger RNA), und die «Translation», also die «Übersetzung» dieser Information der Nukleinsäuren in die Sequenz von Aminosäuren und damit in die Struktur von Proteinen. Auch die Rede von Nukleotiden als «Buchstaben» oder einem «Alphabet» des Lebens bürgerte sich früh ein. Bereits in den 1960er-Jahren avancierten diese Metaphern zum theoretischen Grundgerüst der sich nun auch institutionell etablierenden Molekularbiologie. Die Informationsmetapher, als «Scharnier» zwischen Biologie und Informationswissenschaften, stimulierte dabei weitere Metaphertransfers zwischen diesen Bereichen und wirkte sich nachhaltig auch auf Diskurse im öffentlichen Raum aus. Die Produktivität dieses Metaphertransfers zeigte sich früh: So entwickelten Francois Jacob und Jacques Monod um 1960 ein Modell der Genregulation, das auf kybernetischen Vorstellungen von feedback-Mechanismen beruhte. 1961 sprachen sie erstmals von einem «Programm», das im Genom enthalten sei (Jacob/Monod 1961). Die theoriekonstitutive Funktion der Informations- und Textmetaphern für die Molekularbiologie des 20. Jahrhunderts steht historisch ausser Zweifel, auch wenn Anfang der 1960er-Jahre bereits eine intensive Diskussion der Wissenschaftler*innen darüber einsetzte, ob das Informationskonzept, so wie es in der Biologie gebraucht wurde, überhaupt mit den theoretischen Implikationen des quantitativen Konzepts in der Informationstheorie kompatibel sei (Keller 1995; Kay 2000).

Über ihre theoriekonstitutive Rolle hinausgehend war auch die kommunikative Funktion der Informations- und Textmetaphern von erheblicher Bedeutung für die Karriere der Molekularbiologie

in den 1950er- und 1960er-Jahren. Nicht nur die immer wieder gezogenen Vergleiche des genetischen Codes mit einem «Morsecode» sollten die Annahmen der neuen Molekularbiologie einem breiteren Publikum anschaulich vermitteln. Auch weitere mitschwingende Bedeutungen, die sich aufgrund der kulturhistorischen Tradition des Bildfeldes in der Metapher eines «DNA-Textes» manifestierten, wurden im öffentlichen Raum sehr früh thematisiert: Bereits Mitte der 1950er-Jahre titelte beispielsweise eine deutsche Tageszeitung mit Blick auf die damaligen Forschungsentwicklungen: «Im Zellkern – eine Bibliothek des Lebens» (Brandt 2004: 212). Und in den 1960er-Jahren gab es zahlreiche populäre Sachbücher, die diese Assoziation von der DNA als «Buch des Lebens» aufgriffen und weiter ausführten (z. B. Botsch 1965; Sinsheimer 1967). Im Zuge der internationalen Humangenomprojekte (die an der Schwelle zur Jahrtausendwende erstmals zur vollständigen Sequenzierung des menschlichen Genoms führten) erfuhren diese Vorstellungswelten vom «Buch des Lebens» eine enorm grosse mediale Verbreitung.

Doch nicht nur die Erwartung, dass es der Wissenschaft möglich sein werde, in diesem «Buch des Lebens» zu lesen, sondern vielmehr noch die Vision, es auch aktiv umschreiben zu können, wurde schon früh diskutiert – für die einen war dies eine positive Zukunftsvision, für andere hingegen eine Dystopie. Nach der «Entzifferung» des genetischen Codes im Jahr 1966 wurde die zukünftig mögliche genetische Modifikation von Menschen und Organismen als Konsequenz der neuen Molekularbiologie zu einem zentralen Thema in Wissenschaft und Öffentlichkeit. Dies rief gegen Ende des Jahrzehnts auch erste kritische Reaktionen aus der sich vor allem in den USA konstituierenden Bioethik hervor (Brandt 2025). Mit der Entwicklung der rekombinanten DNA-Technologien in den frühen 1970er-Jahren veränderte sich der Status der Metaphorik vom «Lesen» und «Schreiben» in der «Sprache der DNA» noch einmal grundlegend: Diese Metaphern machten jetzt, wie Hans-Jörg Rheinberger es auf den Punkt bringt, «eine mechanische Kehrtwende durch» (Rheinberger 2023: 308). Während das Bildfeld der genetischen Informationsverarbeitung und des molekularen Textes in den 1950er- und 1960er-Jahren dazu diente, zelluläre Prozesse zu beschreiben und damit als Akteure dieser «Lese- und Schreibtätigkeiten» noch die molekularen Enti-

täten angesehen wurden, veränderte sich mit der heraufziehenden Gentechnik, wem die Agency zugesprochen wurde: «Jetzt wurden die biologischen Prozesse als die eigentlichen Agenten in den Hintergrund geschoben und immer mehr und explizit als Tätigkeit von Gentechnikern begriffen. Nun war es nicht mehr die Natur, der man Textförmigkeit und Schreibtätigkeit unterstellte, nun waren es die molekularen Ingenieure, die den genetischen Code nach Willkür veränderten» (Rheinberger 2023: 308).

Die Schrift- und Textvergleiche, deren Verwendung in den 1950er- und 1960er-Jahren noch oftmals als metaphorisch gekennzeichnet war, wurden nun in der Fachwelt zunehmend wörtlich genommen. Ihr innovativer Gehalt hatte das Forschungsfeld transformiert und spätestens mit dem Schritt zur Gentechnik hatte sich die neue biowissenschaftliche Theoriebildung vollständig etabliert. Als konventionalisierte Fachsprache drückte sich in ihnen jetzt das neue Selbstverständnis einer ins Technologische übergehenden Biowissenschaft aus. Anlässlich des 40-jährigen Jubiläums der DNA-Doppelhelix 1993 hob beispielsweise der Molekularbiologe David Jackson hervor: «Um eine Sprache flüssig zu beherrschen, muss man in der Lage sein, in dieser Sprache zu lesen, zu schreiben, zu kopieren und zu edieren. Jeder dieser Aspekte der Sprachbeherrschung hat jetzt sein funktionales Äquivalent in den Techniken zum Umgang mit der Sprache der DNA» (Jackson 1995: 358, Übersetzung C. B.).

Diesem Zitat aus den 1990er-Jahren merkt man dabei noch eine gewisse Zurückhaltung an – bringt es doch zum Ausdruck, dass die Biowissenschaftler*innen gerade erst erfolgreich die technischen Skills erlernt hatten, um sich sicher im Sprachraum der DNA zu bewegen. Ganz anders klingt dies rund 20 Jahre später. In den 2010er-Jahren beschreibt die Biochemikerin Jennifer Doudna eine neue «Ära, in der CRISPR das gemeinsame Werkzeugarsenal der Biologen verändert, weil es sie in die Lage versetzt, das Genom praktisch in jeder gewünschten Weise neu zu schreiben.» (Doudna/Steinberg 2018: 91). Dabei sei CRISPR nur die «Spitze des Eisbergs», denn am Horizont zeichne sich «ein neues Zeitalter mit genetischer Lenkung und Kontrolle» ab. Diese durch CRISPR eingeleitete neue Epoche weise eine bisher ungekannte technische Verfügungsgewalt über den DNA-Text auf, denn, so hebt Doudna hervor, «das Genom [wäre dann] kein unhandliches, nicht inter-

pretierbares Dokument mehr, sondern ebenso formbar wie ein literarischer Prosatext, der auf Gedeih und Verderb dem Rotstift des Redakteurs ausgeliefert ist» (ebd.).

3. Die Metaphorik des «Genome Editing»: Analysen und Einordnungen

3.1 Ein Paradigmenwechsel? Alte Gentechnik und Neue Genomische Techniken: «Genkanone» versus «Genschere»

Gegenwärtig werden die durch CRISPR ermöglichten Verfahren oft als «neue Gentechnik» oder «Neue Genomische Techniken» (NGT) bezeichnet und von den nun als «alte Gentechnik» apostrophierten, klassischen Verfahrensweisen abgegrenzt. Sowohl im Lager der kritischen Positionen als auch im Feld der Wissenschaft wird immer wieder hervorgehoben, dass mit dem «Genome Editing» ein ganzes Bündel neuer Techniken entwickelt worden ist, dessen Hauptmerkmal die Zielgerichtetheit des gentechnischen Eingriffs ist. Neben der ubiquitären Rhetorik der *Präzision* gibt es in den Beschreibungen der Genomeditierung eine Reihe weiterer, immer wieder aufgerufener Assoziationen. Hierzu zählt die Betonung der *Einfachheit*, der *Treffsicherheit*, der *Steuerung* und *Passgenauigkeit* (vgl. Rheinberger 2023). Die Neuen Genomischen Techniken werden als wesentlich leichter einsetzbar, direkter und punktgenauer und nicht zuletzt als deutlich kostengünstiger als die alten Gentechniken charakterisiert. Auch wenn dies sicherlich hervorstechenden Eigenschaften der CRISPR-Technologien sind, wird diese Neuartigkeit jedoch rhetorisch zusätzlich noch darüber profiliert, dass die «alte Gentechnik» jetzt als ungenau, grobschlächtig und zeitlich aufwändig beschrieben wird. Der Präzision der positionsgenauen Modifikationsmöglichkeiten der neuen Gentechnik wird die nicht kontrollierbare, letztlich dem Zufall unterworfenen genetische Manipulation entgegengesetzt, wie sie in der alten Gentechnik nur möglich gewesen sei. Diese Gegenüberstellung finde sich nicht nur im gentechnikbefürwortenden Lager. Die Website des NABU – Naturschutzbund Deutschland führt beispielsweise aus:

«Im Gegensatz zu den neuen Gentechniken wird bei den Verfahren der <alten> Gentechnik das fremde Erbgut zum Beispiel mittels Bakterien oder sogenannten *Genkanonen* in die Zelle eingeschleust. An welcher Stelle das neue Erbgut in die Zell-DNA eingebaut wird, ist jedoch zufällig. Das führt zu erheblichem Mehraufwand, um die gewünschte Erbgutveränderung aus den Versuchsergebnissen herauszufiltern.» (Hervorhebung C.B.)⁸

Dieses Zitat ist nur ein Beispiel von vielen. Derartige Differenzierungen von <neuer> und <alter> Gentechnik finden sich in dieser oder ähnlicher Form in vielen verschiedenen Zusammenhängen. Aus metaphorologischer Perspektive könnte nichts die Differenz zwischen «alter» und «neuer» Gentechnik besser verbildlichen als der Kontrast von «*Genkanone*» und «*Genschere*». Als *Genkanone* wird ein in der Pflanzenzüchtung seit den 1990er-Jahren eingesetztes Gerät bezeichnet, das mechanisch mit hohem Druck DNA- oder RNA-Moleküle, die an mikroskopisch winzige (Gold- oder Wolfram-) Partikel gebunden werden, in Zellen <schiesst>. Die derart willkürlich eingebrachten Fremdgene können in das Genom der Pflanzenzelle stabil integriert werden, was die Basis für die Erzeugung transgener Pflanzen bildet. Der Einsatz solcher Genkanonen ist eines der klassischen gentechnischen Verfahren in der Pflanzenzucht. Andere klassische Verfahren basieren auf Methoden, die in den 1980er-Jahren entwickelt wurden und bei denen mittels eines sogenannten Vektors Fremdgene in die Pflanzenzelle eingeschleust werden. Der wichtigste Vektor ist das *Agrobacterium tumefaciens*, ein Bodenbakterium, das natürlicherweise Pflanzen befällt und das in der Pflanzengentechnik als eine Art <Transportmittel> eingesetzt wird, um gezielte gentechnische Transformationen vorzunehmen.

Die sogenannte *Genschere* hingegen hat sich in den letzten Jahren als *das* Symbol für die Neuartigkeit von CRISPR im öffentlichen Diskurs etabliert (vgl. Abb. 2 und 3) – und dies ungeachtet der Tatsache, dass es schon weit vor CRISPR andere Genscheren

⁸ «Was versteht man unter der <Neuen Gentechnik>»? Website der NABU Deutschland; <https://www.nabu.de/umwelt-und-ressourcen/nachhaltiges-wirtschaften/bio-oekonomie/gentechnik/30649.html>; zuletzt abgerufen 26. Februar 2024

gab und das Bildfeld des «molekularen Schneidens» sogar eine noch längere Geschichte in der Molekularbiologie des 20. Jahrhunderts aufweist. Der suggestive Gehalt der Metapher der «Genschere» ist erheblich: Mit dem Bild wird nicht nur vermittelt, dass die Verfahren der neuen Gentechnik punktgenau und zielgerichtet ablaufen; sondern diese Bildsprache erweckt vor allem den Eindruck, dass es sich um ein Werkzeug handelt, das geradezu chirurgisch präzise Eingriffe ermöglicht, was – anders als die semantischen Assoziationen der Zerstörung, die das antiquiert anmutende Bild einer «Kanone» hervorruft – positiv konnotiert ist. Diese Assoziationen finden ihren bildlichen Ausdruck darin, dass anstelle der «Schere» oftmals auch die synonym verwendeten Beschreibungen des CRISPR-Verfahrens als eines «molekularen Skalpells» ihren Weg in die visuellen Darstellungen der NGT finden.

Mit der Differenzierung von herkömmlicher *Gentechnik* und *Neuen Genomischen Techniken* findet gegenwärtig eine grundlegende diskursive Transformation statt. Bereits 2020 hat der Wissenschaftshistoriker Michel Morange darauf hingewiesen, dass die Rede von «genetic engineering» gegenwärtig geradezu «old-fashioned» (Morange 2020: 178) anmutet und daher zunehmend durch neutralere Bezeichnungen wie dem allgemeinen Ausdruck «Biotechnologie» ersetzt wird. Die explosionsartige Verbreitung der Bezeichnung «Genome Editing» (Genomeditierung), die im letzten Jahrzehnt auch den öffentlichen Raum erobert hat, lässt die ältere Bezeichnung des «Genetic Engineering» (bzw. deutschsprachig: «Gentechnik») antiquiert klingen, wenn sie nicht vielleicht sogar dabei ist, jene Bezeichnungen abzulösen.⁹

Um die diskursive Wirkmacht dieses Paradigmenwechsels und die Rolle, die eine sich verändernde Metaphorik hierbei spielt, besser zu verstehen, ist es hilfreich, zunächst zwei Ebenen für die Analyse zu differenzieren: zum einen die verwendete Rhetorik und Metaphorik, wenn über diese neue biotechnologische Landschaft und die durch sie eingeleiteten Veränderungen im fachwissenschaftlichen und im öffentlichen Diskurs gesprochen wird. Hierunter fällt beispielsweise auch die rhetorisch pointierte Gegenüberstellung von «neuen» versus «alten» Gentechniken. Zum anderen gilt es, die Metaphern zu identifizieren, mit denen die

⁹ Vgl. ausführlicher hierzu Kapitel 4.4.

neuen biotechnologischen Werkzeuge und gentechnischen bzw. genomverändernde Verfahren als solche beschrieben werden.

Die in diesem Kapitel vorgelegte Analyse differenziert dementsprechend folgende Ebenen des Metapherngebrauchs:

- Metaphern, die sich in dem Diskurs *über* die Neuen Genomischen Techniken (NGT) finden und eine Zäsur beschreiben, die durch die neuen CRISPR-Techniken gesetzt wird. Dabei stellen sich die Fragen: Wie wurde und wird über CRISPR gesprochen? Mit welcher Rhetorik ist der sich vollziehende Paradigmenwechsel belegt? Was sagt dies über das gegenwärtige Verständnis des stattfindenden technologischen Gestaltwandels aus? Wie bereits angesprochen, war spätestens 2015 sowohl in der Fachwelt als auch in der medialen Darstellung vielfach von einer «CRISPR-Revolution» die Rede. Dieser Rhetorik wird in Kapitel 3.5 nachgegangen.
- Metaphern, die benutzt werden, um das CRISPR-Verfahren als solches darzustellen. Auch hier gilt es weiter zu differenzieren: Wir finden Metaphern, die benutzt werden, um das CRISPR-System selbst *als* neue Technologie oder neues Werkzeug zu beschreiben. In diesen Metaphern wird also ausgedrückt, was CRISPR *ist*: beispielsweise eine «Genschere»; ein «Werkzeugkasten» oder ein «programmiertes Molekül» (siehe Kapitel 3.3.3). Des Weiteren finden wir eine Vielzahl an Metaphern zur Darstellung der gentechnischen Vorgänge und Prozesse, die mit CRISPR in der Zelle ermöglicht werden. Diese Metaphern beschreiben also, um es salopp zu formulieren, was CRISPR *macht*. Diese Metaphorik lässt sich in vier zentrale Bildfelder gruppieren: Genome Editing; Gene Targeting; Genome Engineering; Genomchirurgie (siehe Kapitel 3.3.4).

In dem folgenden Kapitel 3.2 wird zunächst anhand eines *close readings* einer semi-populären biowissenschaftlichen Darstellung und einer Reihe von spezifischen fachwissenschaftlichen *Journal*-Artikeln der vielfältigen Metaphernwelt in den verschiedenen Genres nachgegangen. Kapitel 3.3 wertet die durchgeführte Metaphernanalyse – unter Rückbezug auf die in Kapitel 2 dargelegten metaphorentheoretischen Positionen – weiter aus, differenziert die oben genannten Bildfelder zur Beschreibung der CRISPR-Verfahren anhand der verschiedenen *bildspendenden* Bereiche und

diskutiert die durch sie eingebrachten Bedeutungseffekte. Kapitel 3.4 widmet sich dann schliesslich einer Analyse der Rhetorik der «CRISPR-Revolution».

3.2 Identifizierung von Metaphern und Bildfeldern im Bereich der Neuen Genomischen Techniken – CRISPR

Der Blick in biowissenschaftliche Fachartikel, semipopuläre Veröffentlichungen, Stellungnahmen von Wissenschaftsakademien und fachwissenschaftlichen Gesellschaften zeigt, dass bei den Darstellungen der neuen CRISPR-Verfahren eine Vielzahl an metaphorischen Ausdrücken verwendet wird, sowohl in der wissenschaftlichen Fachsprache als auch in erläuternden und wissenschaftspopularisierenden Publikationen. Der Unterschied zwischen diesen beiden letztgenannten Genres liegt dabei *nicht* in der Semantik (also der Bedeutung) der Metaphern und Bildfelder, die dort aufgerufen werden, sondern vielmehr in der *Pragmatik*, das heisst in der Art, wie diese Metaphern in den konkreten Kommunikationssituationen verwendet werden. Während die metaphorischen Ausdrucksweisen «Genome Editing» oder «Genome Engineering» in Fachartikeln in einer terminologischen Setzung erscheinen, dort meist ohne weitere Erläuterungen und in einem kategorialen Sinne verwendet werden, werden diese Metaphern in semi-populären Darstellungen hingegen oftmals als figurative Rede gekennzeichnet, durch Details narrativ entfaltet und mit weiteren Assoziationen ausgeschmückt. Ein Vergleich zwischen einer semi-populären wissenschaftlichen Veröffentlichung und einigen Fachartikeln soll dies im Folgenden exemplarisch verdeutlichen.

2017 veröffentlichte Jennifer Doudna (in Co-Autorschaft mit ihrem ehemaligen Doktoranden Samuel Sternberg) das Buch *A Crack in Creation: Gene Editing and the Unthinkable Power to Control Evolution* (in deutscher Übersetzung 2018 erschienen: *Eingriff in die Evolution. Die Macht der CRISPR-Technologie und die Frage, wie wir sie nutzen wollen*). Doudna und ihr Team an der Universität von Kalifornien in Berkeley hatten 2012 gemeinsam mit der Forschungsgruppe von Emmanuelle Charpentier (damals an der Universität Umea in Schweden) die wegweisenden Forschungen publiziert, die zeigten, dass das bakterielle CRISPR/

Cas9-System für die gentechnische Veränderung von Genomen anderer Zellen eingesetzt werden kann. Für diese Arbeiten erhielten beide Wissenschaftlerinnen 2020 den Nobelpreis für Chemie. Das Buch von 2017 enthält starke biographische Elemente.¹⁰ Doudna erläutert den Forschungsweg, der zur Entdeckung von CRISPR als «Genschere» führte, wobei sie diese wissenschaftshistorische Erzählung immer wieder mit Exkursen zu ihrem eigenen wissenschaftlichen Werdegang durchbricht. Das Buch stellt nicht nur rückblickend den Weg zu CRISPR dar, sondern diskutiert vor allem auch die Zukunft und Macht dieser neuen Technologie. Doudna beschreibt dabei detailliert die dynamischen Forschungsentwicklungen insbesondere in den Jahren 2012 bis 2014, also der Zeit ihrer bahnbrechenden Forschungsarbeiten. Etwas längere Zitate aus diesen Stellen des Buches verdeutlichen, welche Metaphern in einem semi-populären wissenschaftlichen Text verwendet werden und welche damit zusammenhängenden Narrationen sich finden lassen. Ein *close reading* soll hier als ein erster Einstieg in die Metaphernanalyse dienen.

In der folgenden Passage geht Doudna retrospektiv auf die Zeit im Herbst 2013 ein, als sie gerade von einem gemeinsamen Workshop mit anderen CRISPR-Forschern (u. a. George Church, Keith Joung, David Liu, Feng Zhang) in Cambridge/Massachusetts nach San Francisco zurückflieg:

«Die Zeiten, in denen man vorwiegend auf verständnislose Gesichter stieß, wenn man CRISPR in einem Vortrag oder auf einer Tagung erwähnte, waren längst vorbei. Jetzt schien das System in aller Munde und das Thema jedes Gesprächs zu sein. Und doch war das alles nur die Spitze des Eisbergs. Als ich am Ende jener ersten Reise nach Cambridge wieder im Flugzeug nach San Francisco saß, sah ich am Horizont bereits ein neues Zeitalter mit genetischer Lenkung und

¹⁰ Das Buch ist bewusst in der Ich-Form geschrieben und beschreibt die Geschichte der Forschung und die Entdeckung von CRISPR aus der persönlichen Perspektive von Jennifer Doudna, wobei auch Doudnas eigene wissenschaftliche Biographie immer wieder eingeflochten wird. Deshalb wird hier und im Folgenden lediglich von Doudna als Autorin gesprochen, auch wenn das Buch gemeinsam mit Samuel Sternberg verfasst wurde.

Kontrolle heraufziehen – eine Ära, in der CRISPR das gemeinsame *Werkzeugarsenal* der Biologen verändert, weil es sie in die Lage versetzt, *das Genom praktisch in jeder gewünschten Weise neu zu schreiben*. Dann wäre *das Genom kein unhandliches, nicht interpretierbares Dokument mehr, sondern ebenso formbar wie ein literarischer Prosatext, der auf Gedeih und Verderb dem Rotstift des Redakteurs ausgeliefert ist*. Als ich über diese ungeheuren Möglichkeiten nachdachte, mochte ich kaum glauben, wie schnell sich alles entwickelt hatte, seit es Martin und Krzysztow zum ersten Mal gelungen war, CRISPR *zu programmieren* und damit *DNA im Reagenzglas zu zerschneiden.*» (Doudna/Sternberg 2018: 91, Hervorhebung C. B.)

In dieser kurzen Passage finden sich eine Reihe von Metaphern, die auf wesentliche Bildfelder verweisen, mit denen die neuen Techniken beschrieben werden: Wir finden die lang tradierte Metapher von der DNA als Text – hier in der neuen Variante, dass es sich nicht mehr lediglich um einen unhandlichen oder unverständlichen Text (im Sinne eines «nicht-interpretierbaren Dokuments») handelt, sondern es ist aufwertend von einem «literarischen Prosa-Text» die Rede, der nun jedoch dem redaktionellen Eingriff, «dem Rotstift des Redakteurs», ausgesetzt sei (ebd.). Wie deutlich hier ein verändertes biotechnologisches Selbstverständnis zum Ausdruck kommt, wurde bereits im vorherigen Kapitel angedeutet: Über die ubiquitäre Metapher des «Redigierens von Genen» oder des Veränderns einzelner «Buchstaben» weit hinausgehend, wird hier eine neue Qualität der Verfügungsmacht des Wissenschaftlers beschworen. Der DNA-Text ist zukünftig auf «Gedeih und Verderb» dem Biowissenschaftler, der als «Redakteur» den «Rotstift» ansetzt, und damit den biotechnischen Eingriffen «ausgeliefert» (ebd.). Neben der Auffassung, dass das Genom ein Text ist, der durch die neue CRISPR-Technologie gänzlich umschreibbar wird, finden sich in dem Zitat zwei weitere dominante Metaphernfelder: die Metaphern des Programmierens und die Metaphorik des Schneidens. CRISPR/Cas9 wird als programmierter bzw. programmierbarer Molekülkomplex beschrieben. Als Resultat dieser Programmierung sei dieser RNA-Protein-Komplex in der Lage, DNA «im Reagenzglas» an spezifischen Stellen «zu zerschneiden» (ebd.).

Tatsächlich war es dieses «Umprogrammieren», das den revolutionären Umschwung in der CRISPR Forschung ermöglichte. Die Teams von Doudna und Charpentier hatten 2011 Details des mikrobiologischen CRISPR/Cas-Systems, das in Bakterien zur Abwehr von Viren gebraucht wurde, erfolgreich erforscht. Insbesondere hatten sie die Funktion des Cas9-Proteins sowie die molekulare Struktur des CRISPR/Cas Komplexes als eine Proteinstruktur (Cas) kombiniert mit einer dualen RNA-Struktur aufgeklärt («dual RNA guided cutting enzym»). Der eigentliche Durchbruch aber lag darin, das CRISPR/Cas9-System als sogenannte «Genschere» zu konstruieren. Dies wurde möglich, weil es den Wissenschaftler*innen gelang, den RNA-Bestandteil dieses System für bestimmte Zwecke abzuwandeln und gezielt zusammzusetzen. In Bakterien besteht das CRISPR-System aus einer sog. CRISPR-RNA (crRNA, welche das Resultat der Umsetzung der CRISPR-Sequenz in der Bakterien-DNA in RNA-Sequenz ist) sowie einem zweiten RNA-Bestandteil, der sogenannten tracrRNA (trans-activating crRNA). Beide RNA-Moleküle zusammen binden an das Enzym Cas9 (eine Nuklease, also ein Proteinkomplex). Dieses Enzym kann die Bakterienviren, die ein Bakterium befallen, nun dadurch abwehren, dass es diese Viren-DNA gezielt zerschneidet und damit zerstört. Dies geschieht, indem sich die an die Nuklease Cas9 gebundene CRISPR-RNA (zusammen mit der tracrRNA) an die (einfallende) Virus-DNA anlagert, und zwar an den spezifischen Sequenzen, zu denen sie selbst komplementär ist. Der wissenschaftliche Durchbruch bestand nun darin, dass das Forscherteam diese beiden RNAs (CRISPR-RNA und tracrRNA) biochemisch zu einem einzigen Molekül fusionieren konnten. Mehr noch: Sie konnten auf biochemischem Wege diese sog. «Leit-RNA» («guide-RNA») in anderen Versionen im Labor konstruieren. Auf dieses biochemische Herstellen einer gewünschten Nukleotid-Sequenz in der «Leit-RNA» bezieht sich der Ausdruck des «Programmierens von CRISPR» (im obigen Zitat). Damit wurde der Pfad eröffnet, dass je nach Konstruktion der Sequenz dieser «Leit-RNA» jede beliebige DNA-Sequenz als Ziel für das CRISPR/Cas9-System «ansteuerbar» wurde und der Enzymanteil (die Nuklease Cas9) eine solche Sequenz entsprechend «schneiden» konnte. Doudna beschreibt in ihrem Buch diese Prozesse unter Rückgriff auf weitere zentrale Metaphern folgendermassen:

«In den Experimenten, die wir 2012 in unserem Artikel in *Science* beschrieben hatten, war Martin und Krzysztof ein bahnbrechender Nachweis gelungen: Ein CRISPR-assoziiertes Protein namens Cas9, dass (sic) sie aus fleischfressenden Bakterien isoliert hatten, steuert im Zusammenwirken mit zwei RNA-Molekülen übereinstimmende DNA-Sequenzen von 20 *Buchstaben* an und schneidet sie auseinander. Die RNA wirkt dabei als *Navigationssystem*: Sie gibt die *GPS-Koordinaten des Angriffs* vor, und *Cas9 gleicht der Waffe, die das Ziel vernichtet*. In Bakterien, die von einem Virus infiziert sind, wird dieser *CRISPR-Apparat* mobilisiert, um im Rahmen einer adaptiven Immunantwort ganz bestimmte DNA-Moleküle des Virus zu *zerschneiden* und zu zerstören» (Doudna/Steinberg 2018: 91–92, Hervorhebung C. B.).

Neben den bereits im vorherigen Zitat vorkommenden «Buchstaben»- und «Text»-Metaphern finden wir hier weitere metaphorische Beschreibungen, die auf zwei andere Bildfelder verweisen: Navigation und Angriff sowie Apparat.

Das erste betrifft die in diesem Absatz dominierende Rhetorik der Zielgerichtetheit: Die Beschreibung der RNA als «Navigationssystem» und die Rede von «GPS-Koordinaten» (ebd.) imaginiert eine räumliche Landschaft, in der Moleküle bestimmte Ziele nicht nur geleitet, sondern überaus präzise ansteuern können. Mit dem Bild der «Navigation» und der «GPS-Koordinaten» werden Assoziationen einer geographischen (Land)Karte geweckt. Metaphern, die in dieses Bildfeld fallen, finden sich auch an späterer Stelle, etwa der Ausdruck «Postleitzahl» (ebd.: 92), wenn Doudna nämlich darlegt, wie es ihrem Team gelungen sei, den CRISPR/Cas9-Komplex auch in eukaryotischen Zellen zur Anwendung zu bringen. Eine Voraussetzung für den Einsatz als «Genschere» in eukaryotischen Zellen war es, dass die Wissenschaftler*innen einen Weg fanden, CRISPR/Cas9 in die Zellkerne dieser Zellen zu transferieren, wo sich die DNA, die «geschnitten» oder «redigiert» werden soll, befindet. Doudna führt dazu aus:

«Und was das Problem anging, sie in den Zellkern zu transportieren, wo die DNA liegt, so konnten wir einfach eine chemische *«Postleitzahl»* zur Verfügung stellen und so dafür sorgen,

dass die Zelle diese Arbeit für uns erledigte» (Doudna/Steinberg 2018: 92, Hervorhebung C. B.).

Es wird aber nicht nur das Bild einer zielgerichteten Navigation gezeichnet, sondern die molekularen Prozesse werden zudem als ein kriegerisches Geschehen skizziert: Cas9 wird zu einer «Waffe», die den «Koordinaten des Angriffs» (ebd.: 91) folgend ihr Ziel, nämlich die eindringende Virus-DNA, zerstört. Die Metaphorik an dieser Stelle ist vor allem der Situation geschuldet, dass hier Bezug genommen wird auf die als «Immunabwehr» beschriebene Funktion des CRISPR/Cas9-Komplexes in seiner natürlich vorkommenden Umgebung (also seine Wirkweise in der Bakterienzelle). Kriegsmetaphern sind dabei zentrale Elemente zur Beschreibung dieser Abwehrreaktion. Im Rahmen ihrer biographischen Ausführungen zur Verleihung des Nobelpreises beschreibt Doudna beispielsweise das Cas-Protein als ein «Kriegerprotein» (warrior protein): «Es war ein unglaublicher Moment purer Freude, als wir entdeckten, dass Bakterien einen Weg gefunden hatten, ein *Kriegerprotein* so zu programmieren, dass es virale DNA aufspürt und zerstört.»¹¹

Die Metaphorik einer zielgerichteten Navigation mit ihren militaristischen Konnotationen spielt hinein in das Bildfeld des Gene targeting, das sich, wie ich weiter unten ausführlicher diskutieren werde, schon weit vor CRISPR, nämlich in den 1980er- und 1990er-Jahren in der Genforschung etabliert hat.

Das zweite Bildfeld, was sich in den Zitaten findet, ist die Darstellung des CRISPR-Systems als ein technischer «Apparat» (Doudna/Sternberg 2018: 92). Damit ist nicht nur der Werkzeugcharakter des (als «Genschere» fungierenden) Molekülkomplexes angesprochen, sondern grundlegender noch der Vergleich lebendiger Entitäten mit technisch-maschinellen Arrangements. An anderen Stellen spricht Doudna von «Molekülmaschinen» (Doudna/Sternberg 2018: 67). Weitere Elemente dieses Bildfeldes sind metaphorischen Ausdrücke wie «DNA-Reparatursysteme» (ebd.: 93) oder allgemein die Rede von «Reparaturprozessen» (ebd.). Ihnen liegt ein Vergleich zugrunde, demzufolge auch in Lebensprozessen

¹¹ Jennifer Doudna, Biographisch, Nobelpreis in Chemie 2020, <https://www.nobelprize.org/prizes/chemistry/2020/doudna/facts/>; zuletzt abgerufen 17. August 2025.

involvierte Moleküle (wie die DNA) letztlich wie eine Maschine «repariert» (ebd.) werden können. Dieses sogenannte «DNA-Reparatursystem» der Zelle ist zentral für das Funktionieren von CRISPR: Der Einsatz von CRISPR als Genschere führt zu einem sogenannten Doppelstrangbruch der DNA an spezifischer Stelle, was wiederum die zelleigenen Reparaturmechanismen aktiviert. Das inhärent mechanistische Verständnis dieses Prozesses kommt auch in anderen, illustrativen Metaphern deutlich zum Ausdruck: Doudna vergleicht das DNA-Reparatursystem mit einem «Schweisser, der dafür sorgen muss, dass die beiden Rohre saubere Kanten haben, bevor er sie verbindet» (ebd.: 94). «In dem einfachsten Szenario», so Doudna, «würde CRISPR also ein Gen erfolgreich durchschneiden, und die Zelle würde darauf reagieren, indem sie einfach die DNA wieder zusammenfügte, als würde sie zwei Metallrohre zusammenschweißen» (ebd.: 93). Nach dem gezielten gentechnischen «Schneiden» der DNA durch die CRISPR-Genschere, sorgen zelleigene Reparaturprozesse also dafür, dass an dieser Stelle veränderte Nukleotidsequenzen eingefügt oder ausgetauscht werden können und danach eine jetzt entsprechend «korrigierte», wieder funktionsfähige DNA vorliegt.

Die Möglichkeit, CRISPR/Cas9 in der oben dargelegten Weise zu einem Werkzeug des sogenannten «Gen-Redigierens» umzugestalten, hat die biowissenschaftliche Forschung grundlegend revolutioniert. Anders als in den Medien in den 2010er-Jahren dargestellt, lag das Revolutionäre jedoch nicht darin, dass mit CRISPR erstmals eine «Genschere» zur Verfügung gestanden hätte. Bereits seit den 1990er-Jahren waren in der Fachwelt sogenannte «molecular scissors» (Genschere) bekannt. Das Entscheidende bei CRISPR/Cas9 war die Einfachheit, mit der dieser Molekülkomplex biochemisch hergestellt werden konnte. Dies liegt daran, dass seine Wirkungsweise vor allem auf einem RNA-Anteil beruht. Bei den vorherigen «Genschere» – den sog. Zinkfinger-nukleasen und den TALEN (transcription activator-like effector nucleases) – handelte es sich um Meganukleasen (also DNA «schneidende» Enzyme). Auch sie wurden biochemisch konstruiert und bestehen aus einer Domäne, die DNA-Sequenzen erkennen kann, und einer sogenannten DNA-Schneidedomäne. Bei diesen älteren «Genschere» handelte es sich jedoch um reine Protein-Molekülstrukturen, deren synthetische Konstruktion und

Herstellung nur mit aufwendigen Verfahren des Protein-Engineerings möglich waren. Dies war nicht nur sehr zeitaufwendig, sondern vor allem auch sehr teuer. Beim CRISPR-System hingegen ist die DNA-Bindedomäne ein RNA-Molekül, dessen spezifische Sequenz im Vergleich dazu biochemisch überaus leicht und zudem extrem kostengünstig synthetisiert werden kann. Zu dieser einfachen Herstellung der neuen «Genscheren» kam hinzu, dass sich in den Forschungen nach 2012 sehr schnell herausstellte, dass sich das CRISPR/Cas9-System universal in nahezu allen Zellen anwenden liess. Damit wurde eine ganz neue «Leistungsfähigkeit dieser neuen Methode zum Redigieren von Genen» (Doudna/Sternberg 2018: 92) eröffnet, die CRISPR kategorial von älteren Genscheren unterschied. Aufgrund dieser Vielseitigkeit, mit der das neue Werkzeug einsetzbar sei, beschreibt Doudna CRISPR nicht mehr nur «als *Schere*, sondern als *Schweizer Armeemesser*, als *Werkzeug* mit einer Fülle von Funktionen, die alle auf die Tätigkeit einer einzigen *Molekülmaschine* zurückgehen» (Doudna/Sternberg 2018: 101–102, Hervorhebung C. B.). In der Tat wird das sprachliche Bild der «Schere» in Doudnas Text weiter ausgeschmückt: Während man «einfachere Nucleasen mit einer *Baumschere* vergleichen» könne, seien Cas-Enzyme «*elektrische Heckenscheren*» oder sogar «*Motorheckenscheren*» (Doudna/Sternberg 2018: 68–69).

Zusammenfassend resümiert die Biochemikerin unter Rückgriff auf das schon lange tradierte Bildfeld des «Code des Lebens»:

Mit diesem Erfolg hatten wir belegt, dass unsere neue Methodik den Wissenschaftlern die bemerkenswerte Möglichkeit eröffnete, den *Code des Lebens mit chirurgischer Präzision* und erstaunlicher Einfachheit *neu zu schreiben*. In kürzester Zeit hatte CRISPR die fast 20 Jahre währende Erforschung und Entwicklung anderer Methoden zum *Redigieren von DNA* hinter sich gelassen. (Doudna/Sternberg 2018: 96, Hervorhebung C. B.).

In diesem Zitat wechselt die Darstellung von der Betonung mechanistischer Prozesse, die dem «Genetic Engineering» eigen sind, zum Bildfeld einer positiv konnotierten «Gen-Chirurgie» und dem Bildfeld des «Neuschreibens» und «Redigierens» von Genen. Für

Doudna stellt CRISPR ein gänzlich neuartiges «Genredaktions-system» (ebd.: 28) dar, womit CRISPR eine neue Ära der Gentechnik einleite, die man besser als «*Genomtechnik*» bezeichne – «ein Spiegelbild der überlegenen Herrschaft, die Wissenschaftler jetzt über das genetische Material im Inneren lebender Zellen» ausübten (Doudna/Sternberg 2018: 100).

Dieser kurze Durchgang durch einige Passagen des Buches hat die Fülle der Metaphern gezeigt, mit der das CRISPR-Verfahren anschaulich beschrieben wird. Nun könnte man versucht sein, diese bildliche Sprache als Resultat des Genres der Wissenspopularisierung zu sehen. Aber ein Blick in die entsprechenden Fachartikel aus der von Doudna oben beschriebenen Forschungsphase der Jahre 2012 bis 2013 wird verdeutlichen, dass sich diese Metaphernwelt ebenfalls in den wissenschaftlichen Fachjournals widerspiegelt, auch wenn sie dort, wie im Folgenden dargelegt wird, textpragmatisch anders in Erscheinung tritt.

In der ersten Veröffentlichung zum CRISPR/Cas9-System der Forschungsgruppen von Charpentier und Doudna aus dem August 2012, in dem dargelegt wird, wie die Forscher*innen den RNA-Anteil des Systems biochemisch umkonstruieren konnten, zeigt schon der Titel, dass vor allem die Metaphorik der «*Programmierung*» zentral ist: «*A Programmable Dual-RNA-Guided DNA Endonuclease in Adaptive Bacterial Immunity*» (Jinek et al. 2012).¹² Der Artikel stand am Anfang der neuen CRISPR-Forschungswelle und ist sicherlich ein moderner Klassiker der Biowissenschaften. Wie auf der Website des Journals *Science* ersichtlich ist, verzeichnet der Artikel im Jahre 2025 insgesamt über 340000 zurückliegende Zugriffe. Die Forscher*innen beschreiben erstmals ihre Ergebnisse und wir finden hier bereits im Kern formuliert, was durch die Zitate aus dem Buch Doudnas oben schon skizziert wurde. In der Zusammenfassung des Artikels heisst es: «*The dual tracrRNA; crRNA, when engineered as a single RNA chimera, also directs sequence-specific Cas9 dsDNA cleavage. Our study reveals a family of endonucleases that use dual-RNAs for site-specific DNA cleavage and highlights the potential to exploit the system for RNA-programmable genome editing*» (Jinek et al. 2012: 816)

¹² Hervorhebungen in diesem Zitat hier sowie in den folgenden Zitationen immer durch C. B.

Die Metaphorik der «Programmierung» des CRISPR-Systems durchzieht den Artikel, zusammen mit dem Bildfeld der zellulären Entitäten als maschinell-mechanische Komplexe, was sich in den häufigen Bezeichnungen des Engineering ausdrückt. Weiterhin findet sich die mehrmalige Betonung, dass dieser neue, programmierbare Molekülkomplex das bereits bestehende Forschungsfeld des «Genome Editing» bzw. des «Genom Targeting» neu ausrichten könne. Cas9 wird als «DNA endonuclease *guided by two RNAs*» (ebd.: 816) beschrieben und es wird betont: «Our study further demonstrates that the Cas9 endonuclease family can be *programmed with single RNA molecules to cleave specific DNA sites, thereby raising the exciting possibility of developing a simple and versatile RNA-directed system to generate dsDNA breaks for genome targeting and editing*» (ebd.: 816).

Das System würde prinzipiell das «*targeting of any DNA sequence of interest*» ermöglichen (ebd.: 820). Der letzte Satz der Veröffentlichung lautete: «We propose an alternative methodology based on RNA-programmed Cas9 that could offer considerable potential for *gene targeting and genome-editing applications*» (ebd.: 820).

Die Rede von einem «Gene Targeting» etablierte sich bereits in den 1980er-Jahren in den Biowissenschaften. Damals wurden im Kontext der Forschung an embryonalen Stammzellen bei Mäusen entsprechende Praktiken entwickelt, die auf der homologen Rekombination (dem DNA-Reparaturmechanismus) aufbauten und die Modifikation des Mausgenoms an spezifischen Stellen ermöglichte. «Gene Targeting» war also 2012 ein bereits vollständig eingeführter Begriff. Die Bezeichnung des «Gene Editing» war ebenfalls nicht gänzlich neu, sondern wurde schon seit den 2000er-Jahren zunehmend verwendet.¹³ Dana Carroll, einer der Pioniere im Forschungsfeld des Gene Targeting, der die älteren Genscheren mit entwickelt hatte, betonte bereits unmittelbar nach den Veröffentlichungen von Charpentier, Doudna und anderen CRISPR-Forscher*innen die Bedeutung, die CRISPR für diesen biowissenschaftlichen Bereich haben werde. Unter dem Titel «A CRISPR Approach to Gene Targeting» führte Carroll 2012 aus:

¹³ Vgl. ausführlicher dazu Kapitel 4.

It is getting easier and easier to determine complete genome sequences – of model organisms, animals and plants of commercial importance, and humans: Craig Venter, Jim Watson, the 1000 Genome [sic] Project, soon you and me. Now that researchers have all this information at hand, the focus has shifted in many cases to manipulating particular sequences to determine their function or to alter their impact. A new study by Jinek et al., proposes a new approach – based on the oldest of DNA recognition principles – to the *design of reagents that can target specific genomic sequences* (Carroll 2012: 1658)

Auch in anderen Fachartikeln dominiert diese Metaphernwelt des Targetings, des Engineerings, der programmierten Molekülkomplexe und des Editings – alles sprachliche Ausdrücke, die nun allerdings nicht mehr als metaphorische gekennzeichnet sind. 2013 veröffentlichten Forscherteams von Feng Zhang und George Church vom Broad Institute/MIT und der Harvard Medical School, dass sie das CRISPR-System für die Anwendung zur Modifikation menschlicher Zellen adaptiert hatten: Die Forscherteams betonten vor allem die neuen Möglichkeiten für das «Genome Engineering», was schon die Überschriften klar machen: «*Multiplex Genome Engineering Using CRISPR/Cas Systems*» (Cong et al. 2013) und «*RNA-Guided Human Genome Engineering via Cas 9*» (Mali et al. 2013). Dort heisst es: «*We engineered two different type II CRISPR/Cas systems (...) demonstrating easy programmability and wide applicability of the RNA-guided nuclease technology*» (Cong et al. 2013: 819). Das CRISPR System wird als «*precision genome engineering tool*» (ebd.), bzw. als «*RNA-guided editing tool for facile, robust and multiplexable human genome engineering*» beschrieben oder als ein System, das «*greatly enhances the ease of genome engineering*» (Mali et al. 2013: 823). Auch das Team von Doudna veröffentlichte 2013 Resultate zum «*Genome Editing in Human Cells*» (Jinek et al. 2013).

Eine andere Veröffentlichung der Forscherteams aus Cambridge/Massachusetts erschien 2013 in *Nature Biotechnology* mit der Überschrift: «*RNA-guided editing of bacterial genomes using CRISPR-Cas systems*» (Jiang et al. 2013). Auch hier finden wir die Programmierungsmetaphorik («*we reprogram dual-RNA:Cas9 specificity*» [ebd.: 233]) und die Betonung der Zielgerichtetheit

(«target region», «genomic target»). Als eine Ausrichtung der Forschung wird die Verbesserung der «targeting specificity» (ebd.: 238) beschrieben: «We exhaustively analyze duals-RNA:Cas9 target requirements to define the range of targetable sequences and show strategies for editing sites that do not meet these requirements, suggesting the versatility of this technique for bacterial genome engineering» (ebd.: 233). Von einer «homologous recombination machinery» (ebd.: 238) ist ebenso die Rede wie von CRISPR als neuem «Werkzeugkasten». Die Forschenden werden hier bezeichnender Weise nicht mehr primär als Wissenschaftler genannt, sondern als Gentechniker bzw. Geningenieure: «These technologies add to the toolbox of genetic engineers, who, using these tools and DNA synthesis, are likely to substantially advance our ability to both decipher gene function and manipulate organisms for biotechnological purposes (Jiang et al. 2013: 238). Andere Veröffentlichungen der Zeit widmeten sich vor allem der Effizienz des Targetings: Die Autoren von «Efficient genome editing in zebrafish using a CRISPR-Cas system» betonten, dass «the sgRNA:Cas9 system successfully targeted >80% of the sites we tested in zebrafish» (Hwang et al. 2013: 227).

Wie schon diese wenigen Artikel zeigen, ist die Sprache des «Genome-» oder «Gene-Editing», gepaart mit «Targeting» und «Engineering», bereits 2012 und 2013 ubiquitär in den fachwissenschaftlichen Artikeln. 2014 verglichen die MIT- und Harvard-Wissenschaftler*innen das CRISPR/Cas-System in einem Fachartikel im Journal *Cell* schliesslich auch explizit mit einem modernen Textverarbeitungsprogramm:

Analogous to the search function in modern word processors, Cas9 can be guided to specific locations within complex genomes by a short RNA search string. Using this system, DNA sequences within the endogenous genome and their functional outputs are now easily edited or modulated in virtually any organism of choice. (Hsu et al. 2014: 1262, Hervorhebung C. B.)

Und in einem Überblicksartikel zu «Genome Editing» in *Science* sprachen Doudna und Charpentier schon 2014 von «The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9». (Doudna/Charpentier 2014). Ebenfalls 2014 beschrieben Jeffry Sander und

Keith Joung in der Zeitschrift *Nature Biotechnology* unter der Überschrift: «CRISPR-Cas systems for editing, regulating and targeting genomes», dass CRISPR die Biologie unweigerlich radikal verändern würde: «The power of these systems to perform targeted, highly efficient alterations of genome sequence and gene expression will undoubtedly transform biological research and spur the development of novel molecular therapeutics for human disease» (Sander/Joung 2014: 32). In dem Journal *Cell* heisst es dann 2016: «Biology and Applications of CRISPR Systems: *Harnessing Nature's Toolbox for Genome Engineering*» (Wright et al. 2016).

Während in den Jahren ab 2012 «Gene-Editing» bzw. «Genome Editing» und «Genome Engineering» ähnlich häufig auftraten und oftmals in Kombination und zu einem gewissen Grade austauschbar verwendet wurden, hat sich in den letzten 10 Jahren das Feld noch einmal insofern gewandelt, als die Rede von «Genome Editing» deutlich dominanter geworden zu sein scheint. In einem 2024 erschienenen Überblicksartikel zu «Past, present and future of CRISPR genome editing technologies» (Pacesa/Pelea/Jinek 2024) taucht das Wort «engineering» vierzigmal und damit im Verhältnis zu «editing» (309-mal) deutlich seltener auf. Wie sehr sich die Techniken des «Genome-Editing» weiter ausdifferenziert haben, wird schon daran deutlich, dass jetzt nicht mehr von dem CRISPR-System im Singular, sondern allgemeiner und im Plural von «CRISPR genome editing technologies» gesprochen wird. Auch dieser Artikel beschreibt eine revolutionäre Phase: «genome editing has been a *transformative force* in the life sciences and human medicine. (...) CRISPR-based technologies with their remarkable *efficiency and easy programmability*, stand at the *forefront of this revolution*» (ebd.: 33). Genome Editing wird jetzt als «präzise und gezielte Modifikation des genetischen Materials in lebenden Organismen» definiert und als einer der bedeutendsten Entdeckung der Biologie gefeiert: «Genome Editing represents one of the most significant advancements in molecular biology» (ebd.: 33). Der Artikel wertet nicht nur rückblickend die Forschungslandschaft der letzten 10 Jahre aus, sondern widmet sich vor allem möglichen zukünftigen Entwicklungen, etwa dem Einsatz von Artificial Intelligence für das «predictive modeling of the outcomes and efficiency of *edits*, including off-target activity, which are crucial for minimizing unintended genetic alterations» (ebd.: 1090).

Besonders auffällig ist, dass hier jetzt substantivisch von «*edits*» die Rede ist, also von (Text-) Änderungen oder Bearbeitungen im Sinne des *Resultats* des Redigierens. Weitere damit zusammenhängende Substantivformen, die jetzt besonders häufig verwendet werden, sind die so genannten «*Editors*»: «*Base Editors*», «*Prime Editors*» und «*RNA Editors*». Mit *Base Editors* und *Prime Editors* wird eine neue Generation von biotechnologischen Verfahren bezeichnet, die in den letzten Jahren aus dem CRISPR-System weiterentwickelt wurden. Bei *Base Editors* wird das CRISPR-System mit einem weiteren Enzym kombiniert, was die Umwandlung einzelner Basen in andere (z. B. Cytosin zu Thymin oder Adenin zu Guanin) und damit gezielte Punktmutationen ermöglicht. *Prime Editors* kombinieren ein CRISPR/Cas9-Protein, eine Leit-RNA und eine spezifisch modifizierte Reverse Transkriptase; dadurch können nach dem «Schneiden» der DNA an gezielter Stelle definierte Sequenzen in die DNA eingebaut werden. Die Leit-RNA (hier: *pegRNA*, *prime editing guide RNA*) enthält nicht nur die Information für die DNA-Zielsequenz, die verändert werden soll, sondern darüber hinaus auch die Information für die gewünschte DNA-Änderung, die dann mittels der Reverse Transkriptase (gemäß des RNA-Templates) an der DNA-Schnittstelle synthetisiert wird. Diese Weiterentwicklung des CRISPR-Systems wird heutzutage oftmals mit der «Suchen-und-Ersetzen Funktion» in Textverarbeitungsprogrammen verglichen.¹⁴

Mit Blick auf den sich verändernden Status der Metaphorik des «Gene editing» ist hier jedoch noch ein anderer signifikanter sprachlicher Effekt hervorzuheben: Während in den frühen Artikeln von 2012–2014 vor allem der durch CRISPR ermöglichte *Prozess* eines Redigierens von Genen adressiert wurde, stehen mit Termini wie «*Base Editors*» und «*Prime Editors*» jetzt deutlich die *molekularen Entitäten* als *die Akteure* im Mittelpunkt. Das CRISPR-System und dessen Derivate als «*Editors*» zu bezeichnen, verstärkt noch einmal mehr die *Agency*, die dieser neuen Biotech-

¹⁴ Vgl. exemplarisch die Beschreibung im englischsprachigen Wikipedia-Eintrag: «Prime editing is a «search-and-replace» genome editing technology by which the genome of living organisms may be modified. The technology directly writes new genetic information into a targeted DNA site.» (https://en.wikipedia.org/wiki/Prime_editing, zuletzt abgerufen am 17. August 2025).

nologie zugeschrieben wird. Die ursprüngliche Darstellung des CRISPR-Systems als «programmierter» bzw. «programmierbarer» Molekülkomplex, wie in der Anfangszeit der CRISPR-Forschung üblich, implizierte noch, dass ein anderer Akteur (nämlich der/die Wissenschaftler*in) diese Programmierung vornimmt. Bei der Bezeichnung des CRISPR-Systems als «Editor» in den 2020er-Jahren wird diese technische Herstellung des dann selbst technisch gebrauchten Werkzeugs ausgeblendet. Die Technologie als solche wird mit dem Ausdruck «Editor» jetzt personifiziert damit rhetorisch zu einem wirkmächtigen Akteur.

CRISPR-Systeme fachwissenschaftlich als «Editors» zu bezeichnen nähert sich damit in einem gewissen Grade durchaus der narrativ ausgeschmückten Beschreibung eines «Redakteurs» an, dessen «Rotstift» die DNA auf «Gedeih und Verderb» ausgeliefert sei – jenes Bild, das Jennifer Doudna in ihrem Buch bereits 2017 forciert hatte (Doudna/Sternberg 2018: 91).

Auch in den biowissenschaftlichen Fachartikeln finden wir bereits früh die Vergleiche von CRISPR mit einer «Genschere». Interessanterweise ist dabei oftmals gar nicht im Text der wissenschaftlichen Artikel von einer «molecular scissor» die Rede. Vielmehr erscheint die Genschere vor allem in den visuellen Darstellungen. Kleine, geöffnete Scheren-Symbole, die jeweils an bestimmten DNA-Sequenzen anzusetzen scheinen, verstärken in der Bildsprache der Graphiken die metaphorischen Ausdrücke des «Schneidens» und «Spaltens» von DNA im Fliesstext («cut», «DNA cleavage» etc.). Bereits 2013 finden wir kleine Scheren-Symbole in den Abbildungen eines Fachartikels, den die Gruppe von Jennifer Doudna im Journal *eLife* veröffentlichte. Auch in den graphischen Darstellungen des oben zitierten Überblicksartikels von Martin Pacesa, Oana Pelea und Martin Jinek im Journal *Cell* wird umfänglich vom Scheren-Symbol Gebrauch gemacht (Pacesa/Pelea/Jinek 2024: 1077, 1081, 1084; vgl. Abb. 4).

3.3 Differenzierung und Analyse der Bildfelder

Was lässt sich nun aus diesem Durchgang durch einige Fachartikel und semi-populäre Darstellungen festhalten?

3.3.1 Genres

Der Blick in hochspezialisierte fachwissenschaftliche Artikel in Zeitschriften wie *Science*, *Nature*, *Cell* (und anderen) sowie in eine semi-populäre Darstellung – Jennifer Doudnas «Eingriff in die Evolution», ein Buch das sich an ein grösseres, gleichwohl wissenschaftlich interessiertes Publikum wendet – zeigte, dass sich die Metaphernwelt dieser verschiedenen Genres *nicht* prinzipiell unterscheidet. Unterschiede finden sich lediglich auf der Ebene der Pragmatik, das heisst in der Art, *wie* die Metaphern verwendet werden. Gewiss ist es ein Unterschied, ob von CRISPR-Technologien quasi terminologisch als «Editors» gesprochen wird (und dieser sprachliche Ausdruck auch nicht weiter erläutert wird), oder ob die Vorstellung eines «Editors» narrativ weiter ausgeschmückt wird und von einem «Redakteur» die Rede ist, dessen «Rotstift» die DNA nun ausgeliefert sei. Ähnlich verhält es sich bei der Metaphorik des «Editings» und des «Targetings»: In den Fachartikeln war durchgehend von «Genome-Editing» oder «Gene-Editing» die Rede, ohne weitergehende Erläuterung dieser terminologisch verwendeten Ausdrucksweisen. Beide wurden zudem oftmals austauschbar mit Ausdrücken wie «Genome Engineering» oder «Gene Targeting» benutzt. Es ist dabei zu betonen, dass diese terminologischen Verwendungsweisen mit sich bringen, dass es in den Fachartikeln keine anderen Beschreibungsweisen der entsprechenden Sachverhalte gibt. So wird beispielsweise vom Schneiden oder Spalten der DNA («Cut» oder Cleavage» der DNA») gesprochen, ohne dass weitergehend erläutert würde, wie diese Prozesse biochemisch oder biophysikalisch auf der Ebene der Molekularstrukturen genau verlaufen. Wenn in den *Journal*-Artikeln von «Editing» oder «Targeting» die Rede ist, gilt das gleiche: Es gibt keine «eentlichen» oder anderweitig formalisierten Darstellungen, die metaphorisch durch die Sprache des «Editing», «Engineering» oder «Targeting» ersetzt würden. Diese ursprünglich metapherischen Ausdrucksweisen gehören zum konventionellen Sprachgebrauch der Biowissenschaftler*innen und bedürfen deshalb für sie auch keiner weiteren Erläuterung. In diesen terminologischen Bezeichnungen wird deutlich, wie die Wissenschaftler*innen ihre Forschungsobjekte – die Zellen, das Genom – verstehen. Die Metaphorik ist gewissermassen kategorial geworden. Die inhärente

Aktivierung eines Vergleichs in einer innovativen Metapher implizierte ja immer auch, dass es bei allen vermuteten Ähnlichkeiten der in der Metapher zusammengebrachten jeweiligen Domänen auch Unterschiede zwischen ihnen gibt. Dieser ursprünglich mit der Metapher vorgeschlagene Vergleich ist verblasst. Die molekularen Entitäten werden nicht mehr heuristisch *als* Text, *als* Information, *als* programmierbare Entitäten oder mechanische Apparatur verstanden, sondern in dieser terminologischen Beschreibung *sind* sie es kategorial.

Im semi-populären Genre hingegen werden mit dieser Wissenschaftsmetaphorik weitere Assoziationen entfaltet, die im Kern mit kleinen Narrationen einhergehen: Das Gene-Targeting wird als Navigationssystem weiter ausgeschmückt – indem GPS-Systeme die Koordinaten für den Angriff liefern und Cas9 zu einer Waffe wird; das Editing wird zur Möglichkeit, den «Code des Lebens» neu zu schreiben. So unterschiedlich auch die *pragmatische Verwendung* der Metaphorik in den beiden Genres sein mag, die zur Verhandlung stehende *Semantik* gleicht sich: CRISPR wird im biowissenschaftlichen Diskurs als eine «programmierbare» Technologie dargestellt, die Zielsequenzen und Zielregionen präzise ansteuern und damit jede gewünschte Genmodifikation vornehmen kann. Die (bereits ältere) Sprache von «Targeting» bringt Assoziationen einer Präzisionswaffe mit sich. Diesen Vorgang als «Redigieren» von Genen zu bezeichnen, geht einher mit der Darstellung von Kontrolle, Effizienz, Einfachheit und Optimierung. Möglich ist dies, weil das Genom grundsätzlich als eine informationstragende Einheit, als ein Text oder gar Code des Lebens aufgefasst wird. Wie das Textediting eines Redakteurs, das ja in der Regel der Verbesserung eines bereits geschriebenen Textes gilt, so wird auch das Redigieren der DNA (das bisweilen als ein «Buchstaben»-genauer Eingriff in diesen Text visualisiert wird), meist in den grösseren Kontext einer Optimierung gestellt, etwa wenn weitreichende Anwendungshorizonte der Neuen Genomischen Techniken im Bereich der Medizin, der Gentherapie, der Pflanzenzüchtung oder der Grundlagenforschung angesprochen werden. CRISPR als Genschere ist dabei zum einen das *Resultat* einer technischen Programmierung oder eines Engineerings, also einer Art Ingenieurskunst des Wissenschaftlers, der sich selbst jetzt oftmals als «genetic engineer» (Geningenieur, Gentechniker) bezeichnet

(Jiang 2013: 238). Zum anderen wird die CRISPR-Technologie aber auch selbst als *wirkmächtiger Akteur* dargestellt, der das Feld des gesamten «Genome Engineering» neu ausrichtet.

3.3.2 Hintergrundmetaphorik

Schon ein oberflächlicher Blick in die oben skizzierte Metaphernwelt verdeutlicht: Alle drei grossen Bereiche der Hintergrundmetaphorik, die Andrew Reynolds (2022: 14–23) differenziert – «Agenten», «Maschinen» und «Information», zeigen sich auch in der sprachlichen Bilderwelt der Neuen Genomischen Techniken. Die *anthropomorphe* Hintergrundmetaphorik, die *Agency* impliziert, kommt dort zum Ausdruck, wo CRISPR als «Editor» und Akteur erscheint. Die *technomorphe* Hintergrundmetaphorik, die Natur als Maschine beschreibt, durchdringt den gesamten Sprachgebrauch der biowissenschaftlichen Darstellungen, wenn vom «Engineering» gesprochen wird und zelluläre Entitäten sprachlich als materielle Mechanismen erfasst werden. Die Informationsmetapher stellt, wie schon ausführlicher dargelegt, die Voraussetzung dar, dass sich die metaphorische Vorstellung eines «Genome Editing» überhaupt entwickeln konnte.

Reynolds betont, dass mit allen drei Bereichen der Hintergrundmetaphorik auch Ansätze «teleologischen Denkens» verbunden sind, also Annahmen darüber, dass Dinge entweder dazu bestimmt sind, bestimmte Funktionen zu erfüllen, oder Entitäten gar «eigene Pläne» haben, die sie zu verwirklichen versuchen – oder dass es zumindest eine hilfreiche Heuristik sei, dies anzunehmen (Reynolds 2022: 14). Bei solchen Metaphern, die den molekularen Entitäten eine *Agency*, einen Akteurstatus zuschreiben («Editor»), ist dies offensichtlich. Derartige Quasi-Personifizierungen molekularer Entitäten stehen in einer langen Tradition anthropomorpher Zuschreibungen in der Geschichte der Biologie. Doch auch die *technomorphe* Hintergrundmetaphorik der Maschine, derzufolge die Basis aller Lebensprozesse rein mechanistische und materialistische Vorgänge sind, kann sich einem teleologischen (Zweck-)Denken nicht ganz entziehen. Vor allem aber wirft die Mitte des 20. Jahrhunderts so dominant werdende Hintergrundmetaphorik der biologischen Information Fragen auf: Für viele Biolog*innen war der Gebrauch der Informationsmeta-

pher – anders als in den Informationswissenschaften, wo das Informationskonzept nichts mit der Semantik einer Nachricht oder ähnlichem zu tun hatte – mit der Vorstellung einer «biologischen Bedeutung» oder gar einer «genetischen Instruktion» verbunden (Kay 2000; Brandt 2004). Die wirkmächtige Metaphorik einer informationstragenden DNA suggerierte nicht nur eine Textualität des Lebens, sondern einen «Bauplan des Lebens» (was sich in der verbreiteten Metapher der DNA als «genetic blueprint» spiegelte). Dieser unterschiedliche Gebrauch des Informationskonzepts in Informationswissenschaften und Biologie hatte bereits seit den 1960er-Jahren zu weitreichenden wissenschaftstheoretischen Diskussionen über die Angemessenheit des biowissenschaftlichen Metapherngebrauchs geführt (vgl. Kay 2000: 382–419; Sarkar 1996; Keller 1995).

Mit Blick auf die gegenwärtigen genomischen Techniken sieht Reynolds im Bildfeld der Genschere» – des «cut-and-paste» und der «Skalpell»-Metaphorik – keine theoriekonstitutiven Metaphern, sondern vor allem ein wirksames Mittel, um der Öffentlichkeit in einfachen Worten zu vermitteln, was tatsächlich komplexe molekularbiologische Prozesse sind. Sie haben also veranschaulichende und illustrative Funktionen und zugleich wird mit ihnen durch ihre medizinischen Assoziationen Vertrauen in die «bioengineering»-Projekte vermittelt (Reynolds 2022: 150). Mit einer Differenzierung von *Transfer* und *Transformation*, wie sie Sabine Maasen vorgeschlagen hatte (Maasen 1995: 22–30),¹⁵ lassen sich diese Metaphern also als ein *Transfer* beschreiben: Sie vermitteln eine bestimmte (illustrative) Perspektive auf den biowissenschaftlichen Sachverhalt, stellen damit ein bestimmtes *framing* dar und werden aufgrund ihrer Anschaulichkeit auch insbesondere in der Kommunikation mit der Öffentlichkeit benutzt. Sie haben aber die Theoriebildung oder die Praktiken eines Forschungsfelds nicht weiter transformiert. Dies wird auch daran deutlich, dass es für sie noch andere formalisierte Beschreibungsweisen gibt – auch wenn diese Ebene der Molekularbiologie in den oben genannten Fachartikeln meist nicht mehr adressiert wird. Die Metaphorik des «Schneidens» der DNA steht für komplexe Prozesse, die aber grundsätzlich anders erfassbar und in chemischen Formeln, Mole-

¹⁵ Vgl. Kapitel 2.2.2.

külsymbolen und biochemischen Prozessabläufen darstellbar sind, ohne dass es der Metapher des <Schneidens> bedarf.

Anders verhält es sich aber bei den Metaphern des «Gene Editing» oder «Genome Editing». Sie sind selbst Ausdruck einer grundlegenden metaphorischen *Transformation* der Biowissenschaften. Ihnen kommt damit, wie Reynolds (mit Rückgriff auf Richard Boyd) hervorhebt, eine theoriekonstitutive Funktion zu. Reynolds bezeichnet sie als eine «natürliche Entwicklung» (natural outgrowth) der früheren Grundmetaphern, dass die DNA ein «Code», ein «Bauplan», ein «Handbuch» oder ein «Programm» für die Proteinsynthese und die Entwicklung von Zellen und Organismen ist – eine Metaphernwelt, die der Biologie spätestens seit den 1950er-Jahren vertraut ist (Reynolds 2022: 150). So wie diese (früheren) Textmetaphern integraler Bestandteil des biowissenschaftlichen Verständnisses von Genomen geworden sind, so sind auch die Beschreibungsweisen des «Editing» für die Eingriffe in die molekulare Genetik und Biologie von Menschen und anderen Organismen weitaus mehr als nur eine rhetorische Floskel, mit der Wissenschaftler*innen mit der Öffentlichkeit kommunizieren. Dieser theoriekonstitutive Status bringt es mit sich, so argumentiert auch Reynolds, dass diese Metaphern für die Wissenschaftler selbst nicht mehr als solche wahrgenommen werden. Umso wichtiger sei es, eine Sensibilisierung in der Wissenschaft dafür herzustellen, dass es sich hier letztlich um Metaphern handelt: «For that very reason, greater caution and self-awareness that genome editing is a metaphor is all the more important» (Reynolds 2022: 151).

Die von Reynolds vorgenommene erste Differenzierung der CRISPR-Metaphernwelt zwischen der überwiegend illustrativen oder heuristischen Funktion der «Schneide-Metaphorik» und der theoriekonstitutiven Funktion der «Gene Editing»-Metaphern ist sehr wichtig. Um die spezifischen *Bedeutungseffekte* (sowohl die bewusst eingesetzten als auch die unbewusst geschehenden), die diese Metaphern in Wissenschaft und Öffentlichkeit haben bzw. entfalten, besser zu verstehen, sind jedoch noch weitere Differenzierungen hilfreich.

3.3.3 Bildfelder zur Beschreibung der molekularen Entität («was CRISPR ist»)

Die erste Differenzierung betrifft die Frage, was die *Zieldomäne* oder der *bildempfangende* Bereich der jeweiligen Metaphern eigentlich ist. So gilt es grundsätzlich zu unterscheiden, ob die Metaphern, die in den Biowissenschaften gegenwärtig zirkulieren, sich darauf beziehen, was CRISPR *ist*, oder darauf, was diese Neuen Genomischen Techniken *machen*. Auch wenn sich hier die Metaphern naturgemäss überlappen, gilt es trotzdem zu differenzieren, dass wir (je nachdem, was der Bildempfänger ist) metaphorisch verschiedene konzeptuelle Zusammenschlüsse identifizieren können (vgl. auch Nelson et al. 2015). In dem ersten Fall geht es also darum, dass der Molekülkomplex CRISPR/Cas der bildempfangende Bereich ist und durch spezifische Bildspender beschrieben wird, was ebendieser Molekülkomplex (als Ding, als Objekt) *ist*. Im zweiten Fall geht es darum, wie die *Prozesse*, die durch diese neue Technologie gentechnisch gestaltet werden, metaphorisch beschrieben werden. Hier ist der bildempfangende Bereich nicht primär der Molekülkomplex, sondern durch ihn ausgelöste molekulare und zelluläre Prozesse rund um das Genom oder die DNA.

Wir finden vor allem drei dominante *Bildfelder*, die beschreiben, was CRISPR ist:

- das Bildfeld der Genschere («molecular scissor», «genetic scissor» u. a.)
- das Bildfeld der «programmierten» bzw. «programmierbaren» Molekülkomplexe
- das Bildfeld des «Editors» (und entsprechende Vergleiche von CRISPR-Technologien mit einem Textverarbeitungsprogramm, einem «word processor», u. a.)

Darüber hinaus finden sich weitere Metaphern, die sowohl im biowissenschaftlichen Diskurs als auch in der öffentlichen Darstellung zum Einsatz kommen, um darzulegen, was CRISPR ist, so z. B. der Vergleich mit einer High-Tech Waffe, der im Rahmen des Bildfeldes des Gene Targeting gesehen werden muss (vgl. Nelson et al. 2015: 61). Allerdings erscheinen derartige Beschreibung von CRISPR als «Waffe» (mit ihren negativen Konnotationen) im Ver-

gleich zu den oben genannten drei dominanten Bildfeldern eher seltener (auch wenn das Bildfeld des Gene Targeting für die Prozesse durchaus weiterhin häufig ist, s. u.).

Wie oben dargelegt wurde, dominieren in den fachwissenschaftlichen Artikeln Metaphern des «programmierbaren bzw. programmierten» Molekülkomplexes und – vor allem in den letzten Jahren zunehmend – die Metaphorik des «Editors». Die «Genschere» erscheint hingegen vor allem in den graphischen und visuellen Elementen der Fachtexte, weniger im Fliesstext.

Der *visuelle Charakter*, der *Grad der Anschaulichkeit* und der *Grad der Reduktion*, der durch die jeweiligen Bildspender in den oben genannten drei Bildfeldern eingebracht wird, variiert dabei erheblich.

Als bildspendende Bereiche haben wir

- den Bereich einfacher, manueller (Werkzeug)-Technik (die «Genschere»)
- den Bereich der Computertechnologien, also eine komplexe, digitale Hochtechnologie («Programmierung»)
- sowie innerhalb des Bereichs der Computertechnologie noch einmal weiter eingeschränkt einen spezifischen Anwendungsbereich, nämlich den Bereich von *Software* (die Metaphorik von «Editors» bzw. «Textverarbeitungsprogrammen»)

Die «Genschere» weist einen hohen visuellen Gehalt auf bei gleichzeitig starker Reduktion von Komplexität. CRISPR (oder die NGT) als Genschere zu bezeichnen, impliziert, dass es sich um eine höchst einfache Technik im Sinne eines Werkzeugs handelt, das leicht zu bedienen wäre. Aufgrund des hohen visuellen Gehalts und der damit einhergehenden starken Reduktion von Komplexität ist die Genschere vor allem im öffentlichen Raum daher zu dem *Symbol* der Neuen Genomischen Techniken geworden.¹⁶ Dementsprechend weiträumig ist die Verwendungsweise dieses Symbols – sowohl in der öffentlichen Bildsprache als auch in textuellen Darstellungen in den Medien. Visualisierungen eines

¹⁶ Hier wird von einem weiten Symbolbegriff ausgegangen: Symbol als ein Sinnbild, als bildhaftes, anschauliches Zeichen für einen Vorgang (wobei dieses Zeichen in keinem erkennbaren Zusammenhang mit diesem Vorgang steht) (Wahrig Deutsches Wörterbuch).

DNA-Strangs, der durch eine Schere zerschnitten wird – mit oder ohne Abbildungen einer schneidenden menschlichen Hand – sind heutzutage ikonisch (vgl. Abb. 2 und 3). Ebenso finden wir in Berichterstattungen im öffentlichen Raum vielfältige Bezugnahmen auf die «Genschere». Die Sprachwissenschaftlerin Yoo Yung Lee (2020) hat dabei in einer quantitativen Analyse eindrucksvoll gezeigt, dass die «Genschere» in Zeitungsberichterstattungen nicht nur ubiquitär ist, sondern auch zu vielfältigen weiteren Variationen mit entsprechenden Konnotationen geführt hat. Hierzu zählen solche Abwandlungen wie «Allroundschere», «Präzisionsgenschere», «Allzweckgenschere», «Zauberschere», «Heckenschere», «Schneide-Maschine», «Schweizer Armeemesser», «Nagelschere» und anderes (Lee 2020).

Geradezu komplementär zum Bildfeld der Genschere verhält sich das Bildfeld der programmierbaren bzw. programmierten Moleküle. Hier ist der visuelle Gehalt sehr gering. Diese Metaphern bringen auch keine veranschaulichende Reduktion von Komplexität mit sich, sondern im Gegenteil: die Metaphorik der Programmierung von Molekülen weckt Assoziationen eines – zumindest für Nicht-Expert*innen – hochkomplexen Vorgangs. Dieses Bildfeld dominiert, wie beschrieben, vor allem in den Fachveröffentlichungen gerade zu Beginn der CRISPR-Revolution. Zum Ausdruck kommt in diesem Bildfeld, dass CRISPR gerade kein einfaches Schneidwerkzeug ist, sondern durch Wissenschaftler*innen unter Einsatz digitaler Hochtechnologie erst konstruiert werden musste. Entsprechend der geringen Anschaulichkeit bei gleichzeitiger Vermittlung hoher Komplexität hat sich dieses Bildfeld in den medialen Darstellungen kaum durchgesetzt.

Das Bildfeld der Textverarbeitung, dass die CRISPR-Technologien als einen Editor darstellt, ist gewissermassen eine Weiterentwicklung, die sich aus dem Bildfeld des Genome Editing (s. u.) ergeben hat. Ein «Editor» ist wörtlich übersetzt klassischerweise ein «Redakteur», «Herausgeber» oder «Lektor» und im gegenwärtigen Sprachgebrauch auch zunehmend eine Software oder ein Programm zum Verfassen und Bearbeiten von Textformaten oder digitalen Inhalten (Texteditor, Bildeditor, HTML-Editor etc.). Metaphorisch zu konstatieren, dass CRISPR (oder aus CRISPR hervorgegangene biotechnische Weiterentwicklungen) «Editors»

seien, geht zum einen mit einem hohen anschaulichen Charakter einher. Hier unterscheidet sich das Bildfeld deutlich von den «programmierbaren bzw. programmierten Molekülkomplexen» aus der Anfangszeit der CRISPR Forschung. Zumeist jeder weiss, was ein «Editor» macht – und durch diese personifizierende Metaphorik wird anschaulich das Wesen der Technologie dargestellt. Zum anderen geht dieser hohe Grad der Anschaulichkeit aber nicht mit der gleichermassen hohen Reduktion von Komplexität einher, wie es im Bildfeld der Genschere der Fall ist. Metaphorische Vergleiche von CRISPR mit «Textverarbeitungsprogrammen», die auch im öffentlichen Raum schnell aufgegriffen wurden, suggerieren, dass es bei der Wirkungsweise von CRISPR um mehr als nur das mechanische Schneiden von DNA-Strängen geht. Vergleiche mit einem Editor implizieren (und dies legt auch das Bildfeld der DNA als Text nahe), dass es bei der entsprechenden Tätigkeit immer auch um intentionale, bedeutungsvolle und durchaus auch komplexe Handlungen geht, die nicht nur die Veränderung, sondern meist auch die Verbesserung eines Textes zum Ziel haben.

So unterschiedlich gelagert die drei Bildfelder sind, so finden wir eine Reihe von *Gemeinsamkeiten* hinsichtlich der durch sie evozierten Bedeutungseffekte. Die Metaphern suggerieren, dass es sich bei CRISPR um eine *Präzisionstechnik* handelt. Dies wird sehr vereinfacht im Bild der Genschere deutlich, die zumeist so dargestellt wird, dass sie eine ganz bestimmte DNA-Stelle schneidet, aber auch in dem Bild der programmierten Molekülkomplexe, denn eine Programmierung wird gemeinhin als etwas verstanden, was mit technischer Präzision einhergeht. Des Weiteren vermitteln die Bildfelder *Einfachheit*, *Steuerbarkeit* und *Kontrolle* der CRISPR-Technologien. Das Bild der «Schere» als basales mechanisches Werkzeug bringt dies in extremer Reduktion zum Ausdruck, aber auch das Bild eines «Textverarbeitungsprogramms» lässt CRISPR als eine einfach zu beherrschende Technologie erscheinen.

Deutliche *Unterschiede* finden sich zwischen den drei Bildfeldern jedoch in Hinblick auf zwei wesentliche Aspekte: *Erstens* gibt es einen transformativen Wandel im Bereich der bildspendenden Technikfelder und *zweitens* vollzieht sich damit eine Veränderung, welche Akteure bzw. Agency durch die Bildfelder jeweils betont werden. Während bei der Genschere der bildspendende Bereich

(«Schere») aus dem Feld einfachster mechanischer Techniken stammt (Technik hier im Sinne von Werkzeug-Techniken), sind die Bildspender sowohl bei den programmierbaren Molekülkomplexen als auch beim Textverarbeitungsprogramm keine mechanischen Werkzeuge oder ältere Maschinenvorstellungen mehr, sondern Computertechnologien bzw. deren Software. Wir finden hier im bildspendenden Bereich eine Verschiebung von «Maschinen» als Hintergrundmetaphorik hin zur «Information» als Hintergrundmetaphorik. In einem sehr grundlegenden Sinne impliziert dies eine Transformation in den bildspendenden Bereichen von einer «Maschinenteknik» zu einer «Kulturtechnik des Schreibens», mit entsprechend unterschiedlich gelagerten Technikauffassungen: im ersten Fall Technik als *Artefakt* im Sinne einer Maschine, eines Geräts, eines Werkzeugs und im zweiten Fall Technik in der ursprünglichen Bedeutung von *techné* als Fertigkeit, Geschicklichkeit und hervorbringende Tätigkeit. Dies wird weiter unten noch ausführlicher zu diskutieren sein, weil diese Verschiebung auch bei dem sich wandelnden Verhältnis des Bildfeldes des Genome Engineering zum Genome Editing zentral ist.¹⁷

Zweitens finden wir eine Verschiebung der durch die Metaphern suggerierten Akteursrolle, da die Bildfelder, die beschreiben, was CRISPR als Technologie *ist*, hier einen unterschiedlichen Fokus mit sich bringen. Sowohl das Bildfeld der Genschere als auch das der «programmierbaren Molekülkomplexe» betonen die Rolle der Wissenschaftlerin bzw. des Wissenschaftlers. In beiden Fällen ist klar, dass die entsprechende Technik von Menschen bedient werden muss bzw. der Urheber der Programmierung ausserhalb des Molekülkomplexes liegt. Auch die Metaphorik eines «Textverarbeitungsprogramms» lässt noch Raum, dass dieses Programm letztlich von einem Menschen bedient wird. Wenn jedoch die CRISPR-Technologien als «Editors» beschrieben werden, liegt die Betonung des Handlungsträgers nicht mehr ausserhalb der Technik, sondern CRISPR *als* Technologie wird selbst zum zentralen Akteur und die Handlungsweisen der Wissenschaftler*innen werden ausgeblendet.

¹⁷ Vgl. dazu Kapitel 4.4.

3.3.4 Differenzierung von vier Bildfeldern in den Darstellungen des biotechnischen Verfahrens (‹was CRISPR macht›)

Eine wesentliche Einsicht der Bildfeld-Theorie von Harald Weinrich ist es, metaphorische Redeweisen nicht als Einzelphänomene zu betrachten, sondern sie in ihrem Zusammenhang und ihrer Vernetzung – gewissermassen in Feldern geclustert – zu begreifen. Einzelne metaphorische Ausdrücke oder metaphorisch verwendete Wörter müssen also in dem grösseren Bedeutungszusammenhang eines solchen Bildfeldes betrachtet werden, dessen Semantik in einer spezifischen Überlieferungstradition steht. Die kulturhistorischen Wurzeln gegenwärtig wirkmächtiger Bildfelder wurden von Weinrich in hermeneutischer Perspektive erstmals hervorgehoben. Weinrich sah dabei «eine Harmonie der Bildfelder zwischen den einzelnen abendländischen Sprachen» und betonte Ende der 1950er-Jahre: «Das Abendland ist eine Bildfeldgemeinschaft» (Weinrich 1976: 287). Über diesen hermeneutischen Ansatz hinausgehend differenzierte Weinrich ein Bildfeld zugleich auch in systematischer, funktionaler Hinsicht, nämlich in ein «bildspendendes Feld» (oder Bildspender) und ein «bildempfangendes Feld» (oder Bildempfänger) (ebd.: 284). Weinrichs Betonung der kognitiven Funktion von Bildfeldern als «Denkmodelle» (Weinrich 1971: 921) und insbesondere seine Einteilung von Bildspender und Bildempfänger nahmen bereits Aspekte vorweg, die in der späteren, durch Lakoff und Johnson begründeten *Conceptual Metaphor Theory* dann als «konzeptueller Herkunftsbereich», bzw. «source domain» (analog dem «Bildspender») bzw. «konzeptueller Zielbereich» bzw. «target domain» (analog dem «Bildempfänger») bezeichnet wurden – auch wenn diese in einem anderen, nämlich kognitionswissenschaftlichem Theoriezusammenhang stehen (vgl. Kohl 2007: 35, 118).¹⁸

Mit diesem Ansatz lässt sich die Metaphernwelt, die zur Beschreibung der neuen biotechnischen Verfahren in der Literatur auffindbar sind, in vier verschiedene Bildfelder gruppieren: «Genome Editing», «Gene Targeting», «Genome Engineering», «Genomchirurgie» (siehe Abb. 5). Der *Bildempfänger* ist dabei in diesen Bildfeldern mehr oder weniger immer derselbe: nämlich

¹⁸ Vgl. dazu Kapitel 2.1.2 sowie 2.2.

der Bereich biologischer Entitäten (Gene bzw. Genome) und damit verbundener Prozesse. Hinsichtlich der *bildspendenden Felder*, die nun herangezogen werden, um diese biotechnischen Eingriffe metaphorisch zu beschreiben, unterscheiden sich die Bildfelder jedoch erheblich.

3.3.4.1 Genome Engineering

Metaphorische Beschreibungen und einzelne sprachliche Ausdrücke wie «engineering cells», «engineering molecules», «programmable nuclease-based technologies», die vielfältigen Beschreibungen des «cuttings», des «designs», ebenso Beschreibungen von molekularen Maschinen, die Bezeichnung «homologous recombinant machinery», die Rede von «repair mechanisms» und nicht zuletzt rhetorische Phrasen wie «nature's toolbox», aber auch die Darstellung (und Selbstwahrnehmung) der Wissenschaftler*innen als «genetic engineers» (sowie viele weitere Ausdrücke) lassen sich dem Bildfeld des Genome Engineering zuordnen. Bereits seit den 1970er-Jahren werden gentechnologische Vorgänge mechanistisch beschrieben: Enzyme sind «Werkzeuge», DNA-Abschnitte «molekulare Bausteine,» die zusammgebaut und modifiziert werden; Gene werden «ein»- oder «ausgeschaltet»; Bakterien, Viren oder andere Strukturen werden als «Vektoren» oder «Transporter» genutzt, um genetisches Material zu transferieren. Diese Metaphernwelt dominiert die gegenwärtige Molekularbiologie. Vom «Genome Engineering» bzw. dem «Gene Engineering» ist in den biowissenschaftlichen Fachartikeln der 2010er-Jahre explizit und zumeist an prominenter Stelle (z. B. in den Überschriften) die Rede. Bei diesem Bildfeld fungiert die Welt der Maschinen als Bildspender und werden Lebensprozesse analog maschineller mechanistischer Vorgänge gedeutet. In einer zur Biotechnologie transformierten Biologie sind die Wissenschaftler*innen zu Ingenieur*innen («genetic engineers») geworden.

3.3.4.2 Gene Targeting

Das Bildfeld des Gene Targeting umfasst vielfach verwendete Ausdrücke wie «side-specific recognition», «guide-RNA», «guide sequences», «high frequency targeting of genes», «target sites», tar-

get region», «target sequence», aber auch «off-target Effekte» und weitere Metaphern (siehe Abb. 5). Auffällig ist, dass molekulare Entitäten auch hier bisweilen anthropomorphisiert werden (etwa wenn von «recognition» die Rede ist im Sinne einer «Erkennung» molekularer Strukturen durch andere Moleküle). Vor allem aber zeichnet sich das Bildfeld dadurch aus, dass die molekularen Prozesse als zielgerichtete Navigation dargestellt werden. Es ist dabei nicht ganz einfach, den bildspendenden Bereich trennscharf zu bestimmen und zu charakterisieren: «Target» bedeutet im Englischen allgemein Ziel, aber auch Zielscheibe und Angriffsziel. Das Verb «to target» kann neben der Bedeutung «zielen» («auf etwas/jdm. ab-/zielen») auch militaristische Konnotationen haben. Das Cambridge Dictionary führt hierzu aus: «target, verb, (attack), to aim an attack, or a bullet, bomb, etc., at a particular object, place or person». ¹⁹ Bei dem Bildfeld des Gene Targeting findet sich diese Assoziation ebenfalls, was deutlich zum Ausdruck kommt, wenn CRISPR metaphorisch bisweilen als «high-tech weaponry» (Nelson et al. 2015: 61) bezeichnet wird. Derartige Vergleiche mit Navigations- oder Waffensystemen könnten auch grundsätzlich dem Bildfeld des Genome Engineering zugeordnet werden. Allerdings impliziert «Gene Targeting» über die Bedeutungseffekte des Maschinellen hinausgehend noch eine weitere Dimension, die im Bildfeld des Engineering nicht zentral ist: Es imaginiert grundlegend eine *räumliche* DNA-Landschaft, in der die biotechnisch eingesetzten Molekülkomplexe – oftmals auch mit Sonden verglichen – spezifische «Zielregionen ansteuern» und dort manipulativ tätig werden. Für die «Programmierung» dieses zielgenauen Einsatzes wird die «guide-RNA» des CRISPR/Cas9-Komplexes gemäss Informationen der «Zielsequenzen» konstruiert, um damit präzise die spezifische Stelle in der Ziel-DNA erreichen zu können. Dies kommt in der Metaphorik eines «GPS-Systems» zum Ausdruck und kann mit weiteren Metaphern einer geographischen Lokalisierung einhergehen (z. B. mit der von Doudna verwendeten Beschreibung einer «Postleitzahl» (Doudna/Steinberg 2017: 92). Mit dieser inhärenten Betonung der *räumlichen Dimension* bzw. der *geographischen Lokalisation* unterscheidet sich das Bildfeld

¹⁹ <https://dictionary.cambridge.org/dictionary/english/targeting>; zuletzt abgerufen 17. August 2025.

des Gene Targeting sowohl vom Genome Engineering (das primär die Mechanik und Maschinenartigkeit perspektiviert) als auch vom Genome Editing (das weder Imaginationen des Raumes noch der Maschine hervorruft, sondern mit Imaginationen einer zeitlich-sequentiellen Textverarbeitung operiert). Interessanterweise dominiert in der Bildsprache von biowissenschaftlichen Lehrfilmen zur Erklärung von CRISPR/Cas9 genau diese räumliche Dimension des Bildfelds Gene Targeting. Viele dieser Filme zeigen Animationen von dreidimensional anmutenden Zelllandschaften und sich darin zielgerichtet bewegendem Molekülkomplexen.²⁰

Ein Team von Geistes- und Sprachwissenschaftler*innen an der Universität Kalifornien (in Davis) hat in einer der ersten Metaphernanalysen medialer und populärer Darstellungen von CRISPR im Jahr 2015 die unterschiedlichen Bedeutungseffekte der Metaphern «Targeting» und «Editing» im öffentlichen Raum herausgearbeitet (O’Keefe et al. 2015).²¹ Durch die Betonung von Einfachheit, Zielgerichtetheit und Präzision würde «Targeting» (genauso wie «Editing», s. u.) die ethisch bedenklichen Auswirkungen der neuen biotechnologischen Möglichkeiten herunterspielen, vor allem dadurch, dass die Unsicherheiten, die mit den neuen biotechnologischen Verfahren verbunden sind, ausgeblendet werden. Die Autor*innen heben 2015 hervor, dass sich «Targeting» im Sprachgebrauch im öffentlichen Raum ebenso häufig wie «Editing» findet, allerdings evoziere das «Targeting», im Gegensatz zu den mit «Editing» verbundenen Bedeutungen, auch negative Assoziationen. «Targeting» rief im 21. Jahrhundert nicht nur Assoziationen zu «high-tech weapons» und deren Präzision hervor, sondern der Vergleich mit Hightech Waffen kann auch zur Warnung vor möglichen Gefahren dienen. In diesem, wie sie es nennen, «dual use» der Metapher sehen die Autor*innen zugleich aber auch einen Vorteil: Im Gegensatz zur Metapher des «Editing» könne diese Metaphernverwendung die Diskussion tatsächlicher und potenziel-

²⁰ Vgl. z. B. den Lehrfilm der Max-Planck-Gesellschaft: «Gen-editing mit CRISPR/Cas», abrufbar auf youtube: <https://www.youtube.com/watch?v=ouXrsr7U8WI>; zuletzt abgerufen 17. August 2025.

²¹ Weitere Metaphernanalysen des Genom Editing im populären Raum finden sich bei Merriman 2015; Maben 2016; Frezza 2017; Hortle 2019; Hill 2022.

ler Probleme ermöglichen. Denn die «Targeting»-Metapher weist auch auf das Risiko hin, dass Ziele verfehlt werden, selbst wenn dies in den biowissenschaftlichen Texten so nicht explizit thematisiert wird (oder nur selten in Form der sogenannten «Off-Target Effekte»). Die Verwendung des Begriffs «Targeting» impliziert für O’Keefe et al. (2015) sowohl das Gefahrenpotenzial unbeabsichtigter Schäden als auch eine mögliche Gleichsetzung der neuen Biotechniken mit gefährlichen Projektilen. Das Bildfeld ruft Assoziationen hervor, die sich nicht nur auf die Wahrscheinlichkeit beziehen, das Ziel zu verfehlen, sondern auch darauf, das Ziel unbeabsichtigt zu beschädigen (O’Keefe et al. 2015: 8).

3.3.4.3 Genome Editing

Das Bildfeld des «Genome Editing» umfasst die bereits oben skizzierten metaphorischen Ausdrücke wie «gene editing» oder das «Redigieren von Genen», «word processor», «cut and paste», «editors», aber auch weitere abgeleitete Ausdrucksweisen wie «genome-edited organisms», «correcting genes» und viele andere (vgl. Abb. 5). Das bildspendende Feld ist hier der Bereich der Schrift, der Textualität und des Programms. Wie bereits skizziert, handelt es sich hier um eine, wie auch Reynolds hervorhebt, «naturwüchsige» Folge und Weiterentwicklung der für die Molekularbiologie theoriekonstitutiven Metaphorik von der DNA als Information und dem Genom als Text (Reynolds 2022: 150). Wie das Bildfeld Gene Targeting, so impliziert das Bildfeld Genome Editing Präzision, Einfachheit und Kontrolle. Anders als «Targeting» ist «Editing» in den medialen Darstellungen jedoch zumeist frei von negativen Konnotationen. O’Keefe et al. heben hervor:

«In general, editing metaphors used in regard to CRISPR emphasize what is being done to genes, presenting genomes as texts to be edited or genes as targets to be struck, and downplay any ethically troubling implications. «Editing» does not convey a sense of risk or a need for caution. It implies «mere text» that has an overall vision and a purpose within a bounded set of rules. Editors refine, correct, suggest, but they do so to improve.» (O’Keefe et al. 2015: 7).

Auch wenn im öffentlichen Diskurs vielfach klar ist, dass das Verändern von Genomen *nicht* mit kontrollierbaren, redaktionellen Eingriffen in einen Text mittels einer Textverarbeitung gleichgesetzt werden kann, so geht, wie die Analyse der Autor*innen verdeutlicht, das Bildfeld des Genome Editing im populären Raum trotzdem vor allem mit positiven Bedeutungseffekten einher. Interessanterweise ist dies deshalb der Fall, weil die Metaphorik des «Redigierens von Genen» gerade nicht die Assoziation eines «Neuschreibens des Lebens» mit sich bringt. Die Studie von O’Keefe et al. zeigt nur eine Ausnahme: Die positive Verwendung der «Editing»-Metapher im Allgemeinen steht im Gegensatz zu ihrer eher negativen Assoziation im Zusammenhang mit menschlichen Embryonen. Wird ein menschlicher Embryo mit «Genome Editing» in Verbindung gebracht, wird die Technologie als riskant angesehen, die das beunruhigende Potenzial für Schäden birgt (O’Keefe et al. 2015: 7). In die gleiche Richtung weist auch eine Untersuchung der CRISPR-Darstellungen in der nordamerikanischen Presse aus dem Jahr 2019. Die Studie von Alessandro Marcon et al. (2019) zeigt, dass in 96% der untersuchten Artikel der potentielle Nutzen von CRISPR im Mittelpunkt steht. Der Grundtenor der Berichterstattung sei in nahezu allen Artikeln ein positiver oder neutraler Ton, auch wenn 61% der Artikel zugleich durchaus auch auf Risiken hinweisen. Risiken würden zumeist jedoch nur in Bezug auf die Anwendung von CRISPR am Menschen thematisiert (Marcon et al. 2019).

Über diese Studien hinausgehend können noch weitere Bedeutungseffekte des Bildfelds Genome Editing hervorgehoben werden: Bereits der molekularbiologischen Vorstellungswelt von der DNA als Information war seit Mitte des 20. Jahrhunderts die nicht weiter reflektierte Erwartung inhärent, dass es sich hierbei quasi um «bedeutungsvolle» molekulare Strukturen handelt. Dies implizierte die Rede vom Genom als «Blueprint» (Bauplan) sowie die weitverbreiteten Metaphern eines «Codes» oder «Buch des Lebens». Die biotechnischen Verfahren nun als «Editing» zu bezeichnen geht nicht nur mit der Erwartungshaltung einher, dass das Genom ein lesbarer und interpretierbarer Text ist, sondern dass es sich auch bis zu einem gewissen Grad um einen statischen Text handelt, dessen einzelne Buchstaben, Worte und Sätze eine gewisse Stabilität haben. Die Annahme, dass es sich um einen

fixierten oder feststehenden Text handelt, ist eine Grundvoraussetzung dafür, dass ein «Redakteur» die entsprechenden Zeichen überhaupt verändern kann. Dass ein solches «Editing» zudem harmlos wäre, ist eine weitere nicht explizit kommunizierte Erwartung. Das Redigieren von Texten betrifft meist kleinere Änderungen. Es ist eine intentionale, kontrollierbare Handlung: man weiss in der Regel, was am Ende herauskommt. Damit sind zwei weitere Aspekte hervorzuheben: Zumindest auf der Ebene des Metapherngebrauchs und seiner normativen Dimension unterscheidet sich die Forschung zum «Genome Editing» in dieser Hinsicht kategorial von anderen biowissenschaftlichen Forschungsbereichen, insbesondere von der Synthetischen Biologie und deren technische Neugestaltung biologischer Systeme. Dies hat auch Auswirkungen auf die Darstellung der Rolle des Wissenschaftlers. «Editing» eines Textes ist gerade *kein* Neuschreiben eines Textes. In der Synthetischen Biologie, die darauf abzielt, DNA und einfache Genome auf rein chemischem und informationstechnologischem Wege herzustellen, ist hingegen nicht von «Editing», sondern von DNA-Writing-Technologien («DNA writing technologies») und der synthetischen Herstellung («manufacturing») von Genomen die Rede (vgl. exemplarisch Seydel 2023).²² Seit den 2000er-Jahren wird dieses Feld der modernen Biotechnologien in den Medien besonders beachtet, insbesondere aufgrund der Arbeiten von Craig Venter und dessen medienwirksame Auftritte in der Öffentlichkeit. An Venters Forschungsinstitut wurde 2010 erstmals ein replikationsfähiges Erbgut eines Einzellers synthetisch aus einzelnen Bausteinen chemisch hergestellt (Gibson et al. 2010). Während in der öffentlichen Wahrnehmung der Synthetischen Biologie häufig das tradierte Bild vom Wissenschaftler als «Schöpfer» bemüht wird, mit den entsprechenden Konnotationen menschlicher Hybris (Brandt 2014), ist die Rolle des Wissenschaftlers im Bildfeld des «Genome Editings» metaphorisch anders bestimmt: Das Bildfeld impliziert, dass der Wissenschaftler kein «Schöpfer» oder «Autor» neuer Texte ist, sondern nur ein «Redakteur», dessen Rolle es ist, etwas zum Positiven zu verbessern, dessen Optimierungen aber,

²² Dieser Gegensatz betrifft allein die Ebene der Metaphernwelt und Bildfelder. Ansonsten sind die genannten Forschungsbereiche sicherlich nicht so strikt trennbar, wie es hier dargestellt wird. Vgl. detaillierter hierzu Kapitel 4.3.

im Gegensatz zum «Schöpfer», im Rahmen dessen bleiben, was im (naturegebenen) Text selbst angelegt ist.

3.3.4.4 Genomchirurgie

Schliesslich lässt sich ein viertes dominantes Bildfeld differenzieren, das der Genomchirurgie (vgl. Abb. 5). Hierunter fallen solche Ausdrücke wie «genome surgery», molecular scalpel» und vor allem die «Genschere» und die ganze Metaphernwelt des «Schneidens» («cut») sowie weitere Derivate dieser Metaphern, die beispielsweise oft in deutschsprachigen Darstellungen zu finden sind (u. a. «molekulare Spritze» oder auch «programmierbare Mikronadel zur Zellinjektion» (Rheinberger 2023: 312). Nicht zuletzt ist auch die zentrale Begrifflichkeit einer «Gentherapie» metaphorischen Ursprungs (auch wenn dieser zu verblässen scheint) und ebenfalls diesem Bildfeld zuzuordnen.

Das bildspendende Feld ist hier die Medizin im weitesten Sinne. Im Gegensatz zum Bildfeld des Genome Editing, dem eine theoriekonstitutive Funktion zukommt, wird die Metaphorik der Genomchirurgie (insbesondere «molecular scalpel» und «molecular scissor») tatsächlich häufig im illustrativen Sinne benutzt. Im Vergleich zu den anderen drei bereits diskutierten Bildfeldern kommt hier ein neuer Aspekt ins Spiel: Das Bildfeld der Genomchirurgie impliziert *nicht primär* technische oder mechanistische Vorstellungen über das Genom, auch wenn die metaphorische Bezugnahme auf die Medizin ebenfalls eine (antike) Technik-Vorstellung (nämlich die Medizin als *techné*) mit sich bringen kann. Sondern vor allem ist hier der Bildspender im Bereich des Organischen zu verorten. Anders als bei den Bildfeldern Gene Targeting (das Genom wird als räumlich geographisches Gebilde imaginiert), Genome Editing (das Genom wird als ein Text betrachtet) und Genome Engineering (das Genom bzw. der Organismus wird als eine Maschine beschrieben), imaginiert das Bildfeld Genomchirurgie den projizierten Bereich als lebendige Entität. Damit fokussiert das Bildfeld vor allem ein Tätigkeitsfeld des Wissenschaftlers das – wie die Chirurgie – einen Umgang mit *lebendigen* Körpern darstellt.

Die durch dieses illustrative Bildfeld eingebrachten Bedeutungseffekte sind jedoch gleichermassen ambivalent: Einerseits sugge-

riert die metaphorische Bezugnahme auf die Medizin, dass es sich um heilende, also ausschliesslich positiv konnotierte Verfahren handelt. Andererseits sind mit der Metaphorik des Schneidens und dem ganzen elaborierten Metaphernfeld der Schneidewerkzeuge und Schneideprozesse (das sich auch im Bereich mechanistischer Hintergrundmetaphorik bewegt) durchaus auch negative Konnotationen verbunden. Ähnlich wie beim Bildfeld des Gene Targeting impliziert das Bild des (chirurgischen) Schneidens nicht nur die Vorstellungen von Präzision, sondern ebenso die Gefahr, beim Schnitt etwas zu zerstören. Im Vergleich zum Bildfeld des Genome Editing, dessen metaphorische Bedeutungseffekte darin bestehen, dass es vermeintlich keine Risiken gäbe (einen Text falsch zu redigieren hat, nimmt man die Metapher wörtlich, keine physisch negativen Auswirkungen), impliziert die Rede von einer Genomchirurgie also die Möglichkeit von Risiken durch den chirurgischen Eingriff bei fehlerhafter Operation.

Zwei weitere Aspekte sind hinsichtlich des Bildfeldes der Genomchirurgie hervorzuheben: seine unterschiedlich starke Verbreitung in verschiedenen Sprachräumen und seine Geschichte.

Erstens lässt sich eine Dominanz dieses Bildfeldes vor allem in deutschsprachigen Darstellungen finden, während es in englischsprachigen vergleichsweise seltener aufgerufen wird. Dies zeigt sich sowohl in der Fachwelt als auch in der medialen Berichterstattung. Die Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina macht beispielsweise auf ihren Webseiten und in ihren Stellungnahmen von der Bezeichnung «Genomchirurgie» prominent Gebrauch.²³ Im englischsprachigen Raum ist dies weniger der Fall. Eine detaillierte, quantitative Studie zum Metapherngebrauch in britischen und deutschen Tageszeitungen von Yoo Yung Lee hat 2020 gezeigt, dass CRISPR in den beiden Ländern sehr verschieden kommuniziert wird (Lee 2020). Lee hat die Berichterstattung über CRISPR in den Jahren zwischen 2013 und 2020 in den wichtigsten Tages- und Wochenzeitungen in Grossbritannien (*The Daily Mail*, *The Daily Mirror*, *The Guardian*, *The Independent*, *The Metro*, *The Sun*, *The Telegraph*) und in Deutschland (*BILD*, *Focus*, *Frankfurter Allgemeine Zeitung*, *Spiegel Online*, *Süddeutsche Zeitung*,

²³ Vgl. <https://www.leopoldina.org/themen/genomchirurgie/>; zuletzt abgerufen 17. August 2025.

Welt, Die Zeit) verglichen. Die Studie verdeutlicht, wie sehr sich die Metaphernwelten unterscheiden und damit ganz verschiedene Funktionen von CRISPR in der britischen und deutschen Presse in den Vordergrund gestellt werden. Das Bildfeld des Genome Editing dominiert deutlich die britische Berichterstattung, während das der Genomchirurgie überraschend selten erscheint.

Es ist eine interessante Frage, warum die britische Presse in einer überwältigenden Quantität die Anwendung von CRISPR als Genomeditierung bezeichnet, während die deutsche Presse die Metaphern des Genom-Schneidens bevorzugt. Lee verweist darauf, dass es in Grossbritannien im Bereich wissenschaftsnaher Organisationen vereinzelt sogar Richtlinien gegeben hat, welche die Wissenschaftler*innen dazu ermutigen würden, in der öffentlichen Kommunikation den Begriff Genomeditierung zu priorisieren (so z. B. der Genetic Alliance UK und der Progress Educational Trust 2017), da die Verwendung mehrerer Begriffe ansonsten Verwirrung stiften würde (Lee 2020: 61). Vor allem aber spiegeln sich in diesem Gegensatz die deutlichen Differenzen der rechtlichen Rahmenbedingungen der Gentechnik und Embryonenforschung in den beiden Ländern sowie die unterschiedliche Einstellung der britischen und deutschen Öffentlichkeit zu Bio- und Gentechnologien wider (Lee 2020: 45). Tatsächlich gilt die rechtliche Situation in der Bundesrepublik Deutschland insbesondere zur Embryonenforschung als restriktiv – gerade im Vergleich zu Grossbritannien, wo Experimente durchgeführt werden können, die nach deutscher Rechtslage ausgeschlossen wären.

Zweitens hängt hiermit aber auch eine interessante Geschichte des Bildfeldes der Genomchirurgie zusammen: Der metaphorische Ausdruck «Genchirurgie» wurde bereits Anfang bis Mitte der 1970er-Jahre in der deutschsprachigen Öffentlichkeit häufig benutzt, um die damals neuen rekombinanten DNA-Technologien zu beschreiben. Der «dominante Spenderbereich der Metaphorik» in dieser frühen Phase war «zweifellos die Medizin», wie Kirsten Brodde in ihrer nunmehr klassischen Analyse der (Sprach-)Karriere des Themas Gentechnik feststellt (Brodde 1992: 154). Bereits damals war von den DNA-schneidenden Restriktionsenzymen als «molekulare Skalpelle» die Rede und DNA wurde entsprechend in andere Zellen «injiziert» oder «transplantiert». Die Bezeichnung «Gentechnologie» oder «Gentechnik» begann sich erst etwas spä-

ter, nämlich Ende der 1970er-Jahre als Übersetzung des englischen Ausdrucks «genetic engineering» im deutschsprachigen Diskurs einzubürgern (Brodde 1992: 136–154, 180). Hier finden wir also eine weiter zurückreichende Sprachtradition, die sich im öffentlichen Diskurs erhalten hat.²⁴

Ähnliches lässt sich für den Gebrauch der Begrifflichkeit einer «Gentherapie» feststellen, die ja ebenfalls dem Bildfeld der Genomchirurgie zuzuordnen wäre. Nachdem schon Ende der 1960er-Jahre erste Ideen zu einer zukünftig möglich erscheinenden Anwendung von Viren als Vehikel für den Transport von Genen in menschliche Genome diskutiert worden waren und damit künftige medizinische Anwendungsfelder der Molekularbiologie am Menschen zur Korrektur defekter Gene intensiv diskutiert wurden, bürgerte sich Anfang der 1970er-Jahre ein, dieses noch nicht existente, hypothetische Feld metaphorisch als «Gentherapie» («gene therapy») zu bezeichnen. Erste, damals nicht veröffentlichte Versuche einer somatischen Gentherapie am Menschen wurden Anfang der 1970er-Jahre erfolglos durchgeführt (Cobb 2022: 194–196); und bereits 1972 warfen die US-amerikanischen Biomediziner Theodore Friedmann und Richard Roblin die Frage auf: «Gene Therapy for Human Genetic Disease? Proposals for genetic manipulation in humans raise difficult scientific and ethical problems» (Friedmann/Roblin 1972: 949)

3.4 Epistemischer Status und diskursive Bedeutungseffekte der Bildfelder im historischen Kontext

Was lässt sich nun an dieser Stelle aus der obigen Analyse der verschiedenen Bildfelder zusammenfassen?

Erstens ist zu betonen, dass die hier identifizierten Bildfelder entsprechend ihrer bildspendenden Bereiche *analytisch* differenziert wurden. Im tatsächlichen Sprachgebrauch der Biowissenschaften hingegen überlagern sich die Bedeutungen zumeist. Einzelne metaphorische Ausdrücke können verschiedenen Bildfeldern gleichzeitig angehören und die Metaphern werden oftmals austauschbar benutzt. (Gerade «Genome Engineering» oder «Ge-

²⁴ Vgl dazu Kapitel 4.1.

nome Editing» erscheinen in vielen Überschriften der Artikel austauschbar zu sein.)

Zweitens ist besonders hervorzuheben, dass keines der Bildfelder mit der Entdeckung und gentechnischen Indienstnahme von CRISPR/Cas9 neu in den Biowissenschaften entstanden ist. Die gesamte Metaphernwelt, die sich rund um die neuen CRISPR-Technologien in den 2010er-Jahren rasant entwickelte, hat bereits eine lange Geschichte in der Biologie des 20. und frühen 21. Jahrhunderts (vgl. Abb. 6). Seit den 1950er-Jahren bedient sich die Biologie des Vokabulars von «Text», «Information», «Code» und «Programm». Auch die Sprache einer «Reprogrammierung» findet sich bereits seit Ende der 1960er-Jahre in der Klonforschung an Amphibien. (Dort wurde «Reprogrammierung» als eine metaphorische Beschreibung für diejenigen, noch unbekanntenen Prozesse verwendet, die den adulten Zellkern, der in eine entkernte Eizelle transferiert wurde, in einen embryonalen, undifferenzierten Zustand rückführten, also das «Programm» des adulten Kerns «löschten».) Die Bezeichnung «genetic engineering» für eine Biologie, die mit den rekombinanten DNA-Techniken einen neuen manipulativen Zugang zum Lebendigen eröffnete, wurde in den frühen 1970er-Jahren selbstverständlich und gehört seitdem zum festen Bestandteil des wissenschaftlichen Sprachgebrauchs. Zur gleichen Zeit bürgerten sich auch schon metaphorische Bezeichnungen wie «molekulare Skalpelle» oder «Genchirurgie» im öffentlichen Diskurs ein, vor allem im deutschsprachigen Raum. Auch der Ausdruck «Gene Targeting» ist keine sprachliche Neuerfindung im Zuge der CRISPR-Technologien, sondern eine seit den späten 1980er-Jahren geläufige Bezeichnung. Wie in Kapitel 4 ausführlicher dargelegt wird, bezog sich das sogenannte «Gene Targeting» zunächst auf eine spezifische Methode zur Herstellung genetischer Veränderungen an Mäusen. Seit den 1990er-Jahren hat sich «Gene Targeting» jedoch als eine Bezeichnung für ein ganzes Forschungsfeld zur Produktion transgener Tiere eingebürgert. Nicht zuletzt ist auch die Sprache des «Genome Editing» keine Neuerscheinung mit CRISPR. Dass «Gene editiert» werden, ist ein metaphorischer Ausdruck, der den Molekularbiolog*innen schon in den 1980er-Jahren – als sogenanntes «RNA-editing» – vertraut war. Damals bezog sich diese Metapher jedoch auf molekulare Mechanismen zwischen DNA und RNA, also auf zelluläre Prozesse,

nicht auf die Tätigkeit von Wissenschaftler*innen (Morange 2016). Die metaphorische Karriere des «Genome Editing» begann dann, wie in Kapitel 4 detaillierter dargelegt wird, in den 2000er-Jahren. Auch dies geht aber der Entdeckung von CRISPR als neuer Gentechnik zeitlich voraus.

Drittens ist auf das Verhältnis von Metaphorik und Forschungspraxis einzugehen. Es ist zu betonen, dass Genome Editing, Genome Engineering und Gene Targeting im vorliegenden Gutachten aus metaphorologischer Perspektive als *Bildfelder* betrachtet und analysiert werden. In den Biowissenschaften sind dies heutzutage jedoch Bezeichnungen für ganze *Forschungsfelder*. Hier verdeutlicht sich auf der sprachlichen Ebene das Phänomen einer «Metaphern-Karriere», ganz im Sinne der *Conceptual Metaphor-Theorie* (Bowdle/Gentner 2005). Diese Karriere zeigt sich jedoch in den Wissenschaften nicht nur in der Konventionalisierung der Metaphern, die sich zur begrifflichen Fachsprache verfestigt haben, sondern sie geht vor allem auch einher mit einer weiträumigen Konjunktur der jeweiligen *Praktiken*, die damit bezeichnet werden. Als die metaphorischen Ausdrücke «Gene Targeting» und «Genome Editing» die ersten Male von Wissenschaftler*innen verwendet wurden, bezogen sie sich auf die Beschreibung sehr spezifischer Praktiken und biotechnischer Handlungsweisen,²⁵ heutzutage werden mit ihnen jedoch ganze Forschungsfelder innerhalb der Biowissenschaften umfasst. Solche Metaphern-Karrieren finden wir auch in anderen Bereichen der Biowissenschaften: War der Bedeutungsraum der metaphorischen Sprache einer «Reprogrammierung» in der Klonforschung in den 1970er-Jahren eher eng umrissen und bezog er sich auf ein sehr spezifisches Phänomen, so setzte durch die Klon- und Stammzellforschung in den 2000er-Jahren eine Dynamik ein, die ein ganz neues Forschungsfeld eröffnete, das jetzt als «Reprogramming» oder «Cellular Reprogramming» bezeichnet wurde und mit der Gründung gleichnamiger Zeitschriften einherging. Die «metaphorische Karriere» solcher Bildfelder ist also Ausdruck einer weiträumigen Etablierung ehemals sehr spezifischer Forschungspraktiken und Techniken und der durch sie angetriebenen Konstituierung neuer Forschungsfelder in den Biowissenschaften.

²⁵ Vgl. Kapitel 4.2 und 4.3.

Viertens gilt es auf die *historische Tiefe* der Bildfelder zu verweisen, aus der heraus die diskursive Wirkmacht der analysierten Metaphern erst verständlich wird. Die biowissenschaftliche Metaphernwelt ist nicht mit CRISPR neu entstanden, sondern die Bildfelder Genome Editing, Genome Engineering und Gene Targeting knüpfen an Metapherntraditionen in der Biologie des 20. Jahrhunderts an, deren Semantik sich wiederum in kulturhistorisch wirkmächtigen Bedeutungshorizonten bewegt (vgl. Abb. 7). Dass die Metaphorik des Genetic Engineerings seit den 1970er, und des Genome Engineerings seit den 2000er-Jahren so erfolgreich sein konnte, liegt auch daran, dass ihre Wurzeln kultur- und wissenschaftlich wesentlich weiter zurückreichen: Organismus-Maschinen-Analogien prägten seit der Frühen Neuzeit in verschiedensten Phasen die Biologiegeschichte und lenkten den wissenschaftlichen Blick auf die Erforschung von Mechanismen und Materialitäten im Reich des Lebendigen. Auch die historischen Wurzeln des Bildfelds von der Lesbarkeit der Natur liegen in der Frühen Neuzeit, als die Vorstellung vom «Buch der Natur» zu einer Leitmetapher der Epoche wurde (Blumenberg 1983). Die Informations-, Code- und Textvergleiche, die für die Molekularbiologie konstitutiv waren, bewegen sich in dieser kulturhistorisch wirkmächtigen Hintergrundmetaphorik. Sie bildeten zugleich die terminologische Basis für die technische Karriere der Genome Editing-Metaphorik in den 2000er-Jahren. Nicht zuletzt knüpft auch das Bildfeld des Gene Targeting an Metaphernbestände in der Biologie an, die wesentlich älter sind. Bereits in der klassischen Drosophila-Genetik, die sich in den 1910er- und 1920er-Jahren konstituierte und vor allem darauf zielte, die Positionen von Genen auf Chromosomen zu lokalisieren, spielte die Idee der *Kartierung* («mapping») eine wichtige Rolle. Solche «Mapping Cultures», also die Vorstellungswelten und die Praktiken der Kartierung von Genen, haben die Biologie von der klassischen Genetik bis zu den Sequenzierungsprojekten in der Genomforschung der 1990er- und 2000er-Jahre geprägt (Gaudillière/Rheinberger 2004). Mit den Assoziationen der räumlichen Struktur, aber auch (geographischen) Landschaft knüpft Gene Targeting mit seinem metaphorischen Gehalt an dieses in der Genetik etablierte Bildfeld der Genkarte bzw. der Genkartierung an.

Für die weiträumige Etablierung insbesondere des Bildfelds des Genome Editing ist neben der historischen Tiefe aber auch

der zeithistorische Kontext seit den 2000er-Jahren von Bedeutung. Über den diachronen Wandel des Bildfeldes hinaus ist auch die synchrone Ebene in den Blick zu nehmen. Wie in Kapitel 4 zu sehen sein wird, muss die Konjunktur dieses Bildfeldes auch im Zusammenspiel mit anderen Forschungsentwicklungen der frühen 2000er Jahren betrachtet werden, in denen die Metaphorik des Programmierens von DNA bzw. des Neuschreibens von DNA zentral wurde.²⁶

Fünftens: Der *epistemische Status* der vier Bildfelder ist unterschiedlich einzuschätzen. Während das Bildfeld der Genomchirurgie illustrativen Charakter hat (und auch Gene Targeting wohl eher in diesem Sinne als heuristisch zu bezeichnen ist), ist insbesondere das Bildfeld des Genome Editing theoriekonstitutiv. Worin aber genau besteht die konstitutive Dimension dieses Bildfeldes in der gegenwärtigen Biologie? Diese Frage gilt es weiter zu diskutieren. Wenn in wissenschaftstheoretischen und -historischen Positionen die epistemische Funktion von Metaphern in den Naturwissenschaften betont wird, dann wird damit zumeist ihr kreatives Potential adressiert: Eine *neue* Metapher wirkt innovativ auf den Forschungsprozess, weil sie eine neue Perspektive oder ein neues Framing einbringt, wodurch sich auch eine transformative Dynamik in der wissenschaftlichen Theorieentwicklung entfalten kann. In diesem Sinne wirkten die Informations- und Textmetaphern Mitte des vergangenen Jahrhunderts theoriekonstitutiv für die Entwicklung der Molekularbiologie. Aber was geschieht, wenn dieser Innovationsgehalt, die Kreativität der Metapher verblasst im Prozess ihrer Konventionalisierung? Die Etablierung des molekularbiologischen Paradigmas lässt sich als eine weiträumige disziplinäre Transformation in *zweifacher Weise* begreifen: Einerseits wurde diese disziplinäre Transformation der Biowissenschaften durch die in den 1950er-Jahren neuen Metaphern angestoßen, andererseits wurden die Metaphern selbst einer Transformation zu einem begrifflich-theoretischen Gerüst der neuen wissenschaftlichen Disziplin in den Jahrzehnten danach unterzogen.

Die Metaphorik des «Genome Editing» basiert auf den historisch älteren Informations- und Textmetaphern, sie ist also auch ein *Resultat* biowissenschaftlicher Theoriebildung. Vor allem

²⁶ Vgl. Kapitel 4.3.

aber kommt in ihr die biotechnische Transformation der ganzen Disziplin zum Ausdruck. In diesem Sinne wirkt die Metaphorik auch weiterhin konstitutiv: Durch sie wird die biowissenschaftliche Vorstellungswelt, dass es sich bei dem Genom um informations-tragende Strukturen und um eine Art «Textualität» handelt, weiter forciert. Jedoch ist sie aktuell keine epistemisch wirksame Metapher mehr, die neue *Theoriebildungen* antreiben würde. Vielmehr ist «Genome Editing» die Bezeichnung für eine *Biotechnik*, für ein artifizielles Eingreifen in das Genom. Der gegenwärtige Prozess der Technisierung – d. h. der erneute technologische Gestaltwandel der Biowissenschaften – und die weitere operationale Ausdeutung des bereits konventionalisierten Sprachgebrauchs von genetischer Schrift und Information sind zwei Facetten derselben Entwicklung. So geht mit der Technisierung auch eine Transformation der Metapher einher: Beim «Genome Editing» handelt es sich nicht um eine kreative Metapher, sondern um eine «tote» oder «abgesunkene». Als eine solche ist sie kategorial geworden. Der inhärente Vergleich des Genoms mit einem Text wird, wenn von «Genome Editing» die Rede ist, nicht mehr als ein Vergleich (also als Ähnlichkeit *und* Differenz) wahrgenommen. Umso wichtiger erscheint es, diesen Umschwung von dem kreativen Potential der Metapher zur Kategorisierung kritisch zu reflektieren: Was impliziert, was verdeckt der kategoriale Sprachgebrauch, was den Biowissenschaften nicht mehr bewusst ist?

Sechstens: Schliesslich ist ein letzter wichtiger Punkt anzumerken. Mit der Konjunktur des Genome Editing findet gegenwärtig ein grundlegender Wandel innerhalb der dominanten Bildfelder statt. Zwar wird Genome Editing auch aktuell (ähnlich wie in der Zeit 2012 bis 2015) teilweise austauschbar mit Genome Engineering und Gene Targeting verwendet, aber insgesamt entsteht der Eindruck, dass die Editing-Metapher dabei ist, die anderen Bezeichnungen abzulösen. Man könnte sagen, dass zur Zeit eine Art metaphorischer Paradigmenwechsel stattfindet (vgl. Kapitel 4.4). Gegenüber den tradierten Konnotationen von Mechanik und Materialität der Bildfelder Genome Engineering oder Gene Targeting ruft Genome Editing nun Assoziationen einer fluiden, soften, bisweilen gar virtuellen Technologie hervor. Der Bildspender im Bildfeld Genome Editing verweist eher auf *Kulturtechniken* des Schreibens als auf *mechanische* oder *Maschinen-Techniken*. Dies

wird bisweilen auch in der visuellen Bildsprache deutlich, etwa wenn das ikonische Bild der Genschere durch solche Darstellungen ersetzt wird, in denen der manipulative Zugang zur DNA als Schreibprozess visualisiert wird, beispielsweise durch einen Stift, der an der DNA ansetzt, oder eine Hand mit Stift, welche DNA neu schreibt. Bisweilen finden sich auch bildliche Darstellungen, in denen das «Programmieren» mittels eines Tablets symbolisiert und mit einer DNA-Doppelhelix visuell kombiniert wird (vgl. Abb. 8). In diesem Metaphernwandel finden wir einen kategorialen Wechsel des Technikbegriffs im Bereich des bildspendenden Feldes: War der Bildspender für Genetic Engineering oder Genome Engineering (ebenso wie in Ansätzen auch beim Gene Targeting) der Raum des Technischen im tradierten Sinne einer Maschinenteknik und Ingenieurskunst, so ist der bildspendende Bereich beim Genome Editing zwar auch aus dem Raum des Technischen entlehnt, aber im Sinne einer Kulturtechnik des Schreibens. Als Bildspender fungiert nicht mehr die Hardware («Maschine»), sondern die Software («Programm»). Die vormals damit einhergehenden Assoziationen des Mechanistischen werden durch Assoziationen des Fluiden abgelöst.

3.5 Die «CRISPR-Revolution» im öffentlichen Diskurs: Rhetorik und Metaphern

Von der «CRISPR-Revolution (, ...) die unser Jahrhundert bestimmen wird», ist nicht erst seit dem Dokumentarfilm «Human Nature: Die CRISPR Revolution» von 2019 die Rede.²⁷ Schon unmittelbar nach der ersten Welle von Veröffentlichungen in den Jahren 2012 und 2013 wurde ein epochaler Charakter der CRISPR-Entdeckung in der Fachwelt wieder und wieder betont. Das Journal *Science* titelte bereits im August 2013, dass die Wissenschaft vom «CRISPR Craze» (also «Wahn» bzw. «Begeisterung») ergriffen sei und drückte die Neuartigkeit der revolutionären Genomedi-

²⁷ Anna Müllner, Filmrezension zu «Human Nature – Die CRISPR Revolution», Spektrum der Wissenschaften, 16. Nov. 2019, <https://scilogs.spektrum.de/life-science/film-rezension-human-nature-die-crispr-revolution/>; zuletzt abgerufen 17. August 2025.

tierung mit der Aussage eines Interviewpartners so aus: «I don't think there's any example of any field moving that fast.» (Pennisi 2013: 833, 836). Die Rhetorik der Revolution war (und ist) mit weiteren Superlativen verbunden: «The only limitation today is people's ability to think of creative ways to harness [CRISPR]», zitiert der *Science* Artikel 2013 den CRISPR-Forscher Rodolphe Barrangou (Pennisi 2013: 836). Dass es um nichts «Geringeres geht als um die Zukunft unserer Welt» betonte vier Jahre später auch Jennifer Doudna im Vorwort zu «A Crack in Creation» (Doudna/Sternberg 2018: xxvi). Ähnlich epochal klingt es bei dem Wissenschaftsjournalisten und Redakteur von *Nature Genetics*, Ken Davies: «Editing Humanity. The CRISPR Revolution and the New Era of Genome Editing» (Davies 2020). Die Revolutionsmetapher hallt sogar auch in ansonsten eher sachlichen Darstellungen nach. So lautet beispielsweise der Titel einer aktuellen politikwissenschaftlichen Analyse der unterschiedlichen politischen Positionen in Deutschland zur Regulierung der neuen Gentechniken: «Genrevolution im Spannungsfeld einer Demokratie» (Becker-Ritterspach 2021).

Wissenschaftspopuläre Darstellungen, die eine neue Epoche des Genome Editings angebrochen sehen, prägen das Bild einer der bedeutendsten, in ihren Dimensionen bisher nicht antizipierten Revolutionen in der Biowissenschaft der Moderne. Bereits 2015 hatte auch schon David Baltimore, einer der Pioniere der klassischen Gentechnik, auf dem ersten «International Summit on Human Gene Editing», der gemeinsam von den US-Akademien der Wissenschaften und der Medizin, der Chinesischen Akademie der Wissenschaften und der britischen Royal Society organisiert wurde, vor den Risiken einer neuen Ära in der Menschheitsgeschichte gewarnt:

«(W)e are here as part of a historical process that dates from Darwin and Mendel's work in the 19th century. We are taking on a heavy responsibility for our society because we understand that we could be on the cusp of a new era in human history».²⁸

²⁸ «International Summit on Human Gene Editing», Committee on Science, Technology, and Law Policy and Global Affairs, National Academies Science,

Vor allem nach 2014 wurde die CRISPR-Revolution in weiteren Superlativen beschrieben. Dieser «CRISPR Craze» (Pennisi 2013: 833) spiegelt nicht nur die extreme Beschleunigung wissenschaftlich-technischer Entwicklungen im 21. Jahrhundert wider, sondern auch eine schnelllebige gesellschaftliche Debatte. Gab es in den Jahren 2012/2013 noch eine vergleichsweise überschaubare Anzahl an wissenschaftlichen Veröffentlichungen, zeigt sich die extrem beschleunigte weltweite Verbreitung der CRISPR-Techniken in dem exponentiellen Anstieg an Publikationen: Doudna/Charpentier (2014) zählten allein für die Jahre 2013/2014 schon mehr als 1000 Fachartikel. Betrachtet man, wie schnell CRISPR zum Gegenstand gesellschaftlicher und bioethischer Debatten in den 2010er-Jahren geworden ist, so gewinnt man den Eindruck, dass auch grosse Teile der medialen Öffentlichkeit – zumindest im Vergleich zu früheren Phasen der Gentechnik, etwa in den 1970er- oder 1990er-Jahren – deutlich schneller die neue gentechnologische Wende wahrgenommen und diskutiert haben.

Doch wie wird die «CRISPR-Revolution» nun diskursiv weiter erfasst? Welche Metaphern und Bilder prägen diesen Diskurs? Welche Rhetorik lässt sich in den Darstellungen finden? Wichtig zu betonen ist, dass es sich bei den im Folgenden analysierten Metaphern nicht um solche handelt, die eine epistemische Funktion haben (also die die Heuristik oder Theoriebildung der biowissenschaftlichen und biotechnologischen Forschungsfelder prägen oder geprägt hätten). Die hier analysierte Rhetorik der CRISPR-Revolution ist deshalb auf einer ersten Ebene deutlich von den in Kapitel 3.2 und 3.3 untersuchten Bildfeldern zu trennen. Während letztere konstitutive (und daher auch nicht einfach «austauschbare» oder in ihrer sprachlichen Fassung ohne weiteres veränderbare) Ausdrucksformen des biowissenschaftlichen Diskurses sind, ist das metaphorische Sprechen *über* diese biotechnische Revolution ein eher kontingentes Element des öffentlichen Diskurses. Was sich in diesem Diskurs allerdings auch zeigt, ist die Tatsache, dass

Engineering, Medicine; Meeting in Brief, December 1–3, 2015, <https://nap.nationalacademies.org/read/21913/chapter/1>; zuletzt abgerufen 17. August 2025; das dreitägige Treffen brachte mehr als 500 Personen aus der ganzen Welt zusammen, um über die wissenschaftlichen, ethischen, juristischen, sozialen und die «Governance» Aspekte des Human Gene Editings zu diskutieren.

Metaphern nicht adäquat verstehbar sind, wenn man sie lediglich als ein Einzelphänomen betrachtet oder zu isolieren versucht. Angemessener ist daher die Netzwerkmetapher selbst, denn wir haben es immer auch mit verflochtenen Metaphernbeständen zu tun, die oftmals in weitere narrative Zusammenhänge eingebunden sind, aber auch neue Narrationen auslösen können. So muss man zwar einerseits zwischen der Rhetorik der CRISPR-Revolution und den biowissenschaftlich konstitutiven Bildfeldern differenzieren. Andererseits zeigen sich aber auch in ersterem die – letztlich nicht kontrollierbaren – Bedeutungseffekte der letzteren und hat, umgekehrt, die Rhetorik der CRISPR-Revolution ebenso wieder Effekte auf den biowissenschaftlichen Metapherndiskurs. Es liegt dabei im Wesen der Metapher begründet, dass man sich der Metaphorik nicht entziehen kann. Es ist kaum möglich, über Metaphern zu sprechen (oder diese zu analysieren), ohne selbst metaphorisch zu werden.

Wenn CRISPR debattiert wird – und das, was durch CRISPR zukünftig vielleicht möglich sein wird – finden wir über den Topos der «wissenschaftlichen Revolution» hinausgehend eine Reihe weiterer Metaphern und Bilder, die im Folgenden analysiert werden.

3.5.1 «Editing Humanity» und «CRISPR-Zoo»: Rhetorik der Macht und Kontrolle

Der Diskurs einer «Revolution» geht, wie skizziert, mit pointierten Vorstellungen einer neuen Ära in der Geschichte der Menschheit einher. Vor allem die Dynamik der Diskontinuität wird rhetorisch stark betont: Bilder eines radikalen «Bruchs» oder einer Zäsur («Breakthrough», «Cut») sind besonders häufig. Bisweilen wird mit der Doppeldeutigkeit der «Cut»-Metapher gespielt, so wenn es beispielsweise in einer Überschrift im Journal *Science* heisst: «Making the Cut» (Travis 2015a), die damit sowohl auf die funktionale Leistungsfähigkeit der neuen Gentechnik als auch auf die gesellschaftliche Bedeutung von CRISPR anspielt. In einer gewissen stilistischen Diskrepanz zu dem Pathos der «neuen Ära in der Menschheitsgeschichte» (David Baltimore 2015)²⁹ stehen andere,

²⁹ «a new era in human history», David Baltimore 2015 zur Einleitung des «International Summit on Human Gene Editing»; Committee on Science, Technology,

eher nüchterne technikorientierte Vergleiche. So wurde beispielsweise der Vergleich von CRISPR mit dem «Ford Modell T» (einem Automobil der 1920er-Jahre) bemüht, um den durch CRISPR ermöglichten Demokratisierungsschub in der Zugänglichkeit von Forschungstechnologien zu verdeutlichen (Travis 2015a: 1457). Dies bezog sich anfänglich auf die weltweit leichte Zugänglichkeit der neuen CRISPR-Techniken, auch für solche Forschungslaboratorien, die sich die alten Genscheren nicht leisten konnten. Schnell wurde jedoch auch in anderer Hinsicht von einer «Demokratisierung der Gentechnik» gesprochen und das grosse Risikopotential einer solchen thematisiert: «Selbst Hobby-Wissenschaftler können mit sogenannten Gentechnik-Baukästen mit genetisch veränderten Organismen arbeiten – dank CRISPR/Cas», berichtete der Radiosender *Deutschlandfunk* 2017. «Manche Baukästen bieten sogar die Möglichkeit, genetisch veränderte Organismen selbst herzustellen. Das können die Hobby-Wissenschaftler dann zuhause im Keller oder in der Küche».³⁰

In gewisser Spannung zu Pathos und Dramatik eines «Editing Humanity» (Davies 2020) steht die Rhetorik, die wir vorfinden, wenn es um die gentechnische Veränderung anderer Organismen ausserhalb des menschlichen Bereichs geht: *Science* beschrieb 2015, dass es bereits eine «Menagerie» von CRISPR-veränderten Organismen gäbe – oder diese zumindest im «Entwurf» seien (Travis 2015a: 1457). Explizit ist davon die Rede, dass deren Konstruktion bereits auf dem «Reissbrett» geplant werde («on the drawing board», ebd.) Aus der «Menagerie» ist bei Doudna 2017 bereits ein ganzer «CRISPR-Zoo» geworden. Vielleicht muss man nicht so weit gehen, die Ausdrücke «Menagerie» und «CRISPR-Zoo» als Euphemismen zu bezeichnen, aber dass ihr beschönigender, ästhetisierender Bildgehalt jegliche Assoziationen von Risiken

and Law Policy and Global Affairs, National Academies Science, Engineering, Medicine; Meeting in Brief, December 1–3, 2015, <https://nap.nationalacademies.org/read/21913/chapter/1>; zuletzt abgerufen 17. August 2025.

³⁰ Nele Rössler: «Gentechnik-Baukästen: Frankensteins Labor im Hobbykeller», *Deutschlandfunk*, 10.8.2017, <https://www.deutschlandfunk.de/gentechnik-baukaesten-frankensteins-labor-im-hobbykeller-100.html>; zuletzt abgerufen 17. August 2025.

oder Gefahren ausschliesst, sollte deutlich werden, auch wenn dies nicht die Intention der Autor*innen gewesen sein mag. Denn ein Zoo ist eine Einrichtung, wilde, mitunter auch gefährliche Tiere in einer kontrollierten Umgebung ihrer Gefährlichkeit zu berauben und in unterhaltsamer und eventuell lehrreicher Weise auszustellen. Die Rhetorik von «Menagerie» oder «Zoo» bringt den weiteren Aspekt mit sich, dass den Tieren, die sich in diesem CRISPR gestalteten Arrangement befinden, auch ein – zumindest für den Besucher – exotischer Charakter anhaften kann. Solche Faszination an der naturüberschreitenden, möglichen Konstruktion exotisch anmutender transgener Organismen wird bei Doudna sogar explizit formuliert. 2017 schreibt sie:

Tomaten, die monatelang auf dem Küchentisch liegen und langsam reifen können, ohne zu verfaulen. Pflanzen, die den Klimawandel besser vertragen. Mücken, die keine Malaria mehr übertragen können. Supermuskulöse Hunde als furchteinflößende Partner für Polizisten und Soldaten. Kühe, denen keine Hörner mehr wachsen. Der Gedanke an solche Lebewesen mag an den Haaren herbeigezogen erscheinen, aber dank redigierter Gene gibt es sie bereits. Und sie sind nur der Anfang. (...) Innerhalb weniger Jahrzehnte dürfte es auch genetisch veränderte Schweine geben, die als Organspender für Menschen dienen können – *aber auch Wollmammuts, geflügelte Echsen und Einhörner. Nein, ich mache keine Witze.* (Doudna/Sternberg 2018: 117, Hervorhebung C. B.)

Die (gewissermassen doppelt gebrochene) epistemische Situation des Menschen, sowohl Subjekt als auch Objekt der von ihm geschaffenen Technologien zu sein, kommt im Diskurs über CRISPR deutlich in der unterschiedlich gelagerten Rhetorik von Macht und Kontrolle zum Ausdruck. Während die englische Phrase «Editing Humanity» (vielleicht am ehesten übersetzbar als «Menschheit bearbeiten») auch den Menschen der Macht der neuen Technologien unterwirft, ist die Metapher des «CRISPR-Zoos» ein Element des tradierten Narrativs der menschlichen Herrschaft über die anderen Geschöpfe. Doudna ruft bewusst die Narration einer seit Beginn der Menschheitsgeschichte nur erträumten, sich jetzt aber

historisch realisierenden Verfügungsmacht des Menschen über die Natur auf. Um diese Dimension zu verdeutlichen, die mit der Bildwelt des CRISPR-Zoos einhergeht, sei hier nochmals etwas ausführlicher aus Doudnas Buch zitiert:

Während ich diese Zeilen schreibe, erlebt die Welt um uns herum durch CRISPR eine Revolution, ob wir darauf vorbereitet sind oder nicht. In den nächsten Jahren wird das neue biotechnologische Verfahren uns ertragreichere Nutzpflanzen, gesünderes Vieh und nahrhaftere Lebensmittel bescheren. (...) Mich fasziniert die Erkenntnis, dass wir *an der Schwelle zu einer neuen Ära in der Geschichte des Lebens auf der Erde* stehen – am Beginn eines Zeitalters, in dem Menschen *eine nie dagewesene Kontrolle* über die genetische Ausstattung der Arten ausüben, die mit uns gemeinsam unseren Planeten bewohnen. Es wird nicht mehr lange dauern, bevor CRISPR uns in die Lage versetzt, *die Natur nach unserem Willen zu gestalten, wie Menschen es sich seit der Vorgeschichte immer erträumt haben*. Wenn sich dieser Wille auf konstruktive Dinge richtet, können wir zu fantastischen Ergebnissen gelangen – aber es könnten sich auch unbeabsichtigte und sogar unheilvolle Folgen einstellen. (Doudna/Sternberg 2018: 117)

3.5.2 CRISPR als naturwüchsige Kraft und lebendige Entität

Analysen aus der Wissenschafts- und Kommunikationsforschung haben zwei weitere Aspekte der CRISPR-Revolution betont, die das Verhältnis von Natur und Technik auf eine andere, vielleicht auch eher überraschende Weise betreffen: die rhetorische Darstellung von CRISPR als ein geradezu naturwüchsiges Phänomen, etwa als «Welle» oder als «natürliche Kraft», sowie ein Diskurs, den man tentativ als «Rhetorik der Lebendigkeit» bezeichnen könnte. Der Wissenschaftsphilosoph Stephan Guttinger analysiert die zentrale Rolle des (Sprach-)Bildes der «Welle» in Auseinandersetzungen mit CRISPR (Guttinger 2018). Er macht darauf aufmerksam, dass das Buch von Jennifer Doudna prominent mit einem Prolog beginnt, der den Titel trägt: «Die Welle». Aus der Ich-Perspektive der Autorin wird eine (Traum-)Szene beschrie-

ben, in der die Wissenschaftlerin an einem Strand in Hawaii steht und ein Tsunami über sie hereinbricht. Guttinger diskutiert dieses Bild im Kontext weiterer Wellen-Darstellungen. Bereits 2016 hatte die Wissenschaftsjournalistin Heidi Ledford in einem Artikel zu «Riding the CRISPR Wave» in dem Journal *Nature* dieses Bild narrativ entfaltet. Illustriert wurde der Artikel mit einem Bild, das Wissenschaftler*innen, erkennbar an ihren weissen Kitteln, auf Surfbrettern stehend und von einer grossen Welle getrieben zeigt (vgl. Abb. 9). Guttinger hebt hervor: «The wave metaphor is telling but also problematic because it makes the technology look like something that simply comes toward us, a *force of nature*. The message (...) by using the wave metaphor is that we can't do anything about it except for surfing the wave.» (Guttinger 2018: 33, Hervorhebung C. B.). Die Rhetorik einer «force of nature» findet sich, wie weiter oben bereits skizziert wurde,³¹ fast wörtlich auch in fachwissenschaftlichen Ausführungen, so z. B. wenn in einem Artikel im Journal *Cell* 2024 zusammengefasst wird: «Genome editing has been a *transformative force in the life sciences and human medicine*» (Pacesa/Pelea/Jinek 2024: 33, Hervorhebung C. B.).

Die Rhetorik einer vermeintlich natürlichen Kraft steht auch im Mittelpunkt der Analysen der Sprach- und Kommunikationswissenschaftlerin Leah Ceccarelli, die sich dafür interessiert, was durch diese Darstellung von CRISPR ausgeblendet wird. Ceccarelli (2018) hat detailliert die Sprache und Rhetorik in den Texten bioethischer Stellungnahmen von Wissenschaftler*innen aus dem Jahr 2015 analysiert und diese mit Stellungnahmen aus der Phase der frühen Gentechnik verglichen, speziell mit einem Text von Paul Berg und anderen Molekularbiolog*innen aus dem Jahr 1974.³² Dieser Vergleich führt zu überraschenden Ergebnissen:

³¹ Vgl. dazu Kapitel 3.2.

³² Ceccarelli bezieht sich auf den sog. «Berg-Brief». Dabei handelt es sich um eine Stellungnahme, die 1974 als Letter im Journal *Science* abgedruckt wurde. In dieser forderten der Mitbegründer der rekombinanten DNA-Forschung Paul Berg sowie weitere prominente Molekularbiolog*innen ein freiwilliges Moratorium für bestimmte gentechnische Experimente, also einen weltweiten Aufschub und ein Innehalten der Forschung in solchen Bereichen, deren Risiken noch nicht abzusehen waren. Der «Berg-Brief» löste vor allem innerhalb der Scientific

Während in den 1970er-Jahren die neuen molekularen Werkzeuge der rekombinanten DNA-Forschung noch klar als eine von Wissenschaftler*innen konstruierte und damit auch kontrollierbare Technologie dargestellt wurden, vermittelt die dominante Rhetorik der jetzigen Diskussion eher den Eindruck, dass die Wissenschaftler*innen nicht mehr diejenigen sind, denen die Entscheidung darüber obliegt, ob diese Technologie eingesetzt werden sollte oder nicht. Vielmehr habe sich die *Agency* deutlich verlagert. In ihren nuancierten Analysen des sprachlichen Stils der Texte arbeitet Ceccarelli detailliert heraus, dass CRISPR rhetorisch nicht nur als eigenständiger Akteur mit eigener Autorität in Erscheinung tritt, sondern sich auch deutliche Transformationen in der tradierten Relation von Maschine und Organismus abzeichnen: Der Fokus sei *nicht* mehr primär darauf gerichtet, dass mittels der neuen CRISPR-Technik der Organismus – wie eine Maschine – manipulierbar und technisch neu zusammengesetzt werden könnte, sondern geradezu umgekehrt: die Biotechnik CRISPR wird jetzt sprachlich so dargestellt, als handelte es sich um eine *lebendige Entität*. Diese Analyse Ceccarellis fügt sich ein in die (im vorliegenden Gutachten ebenfalls) betonten Verschiebungen in den Metaphern und Bildfeldern – nämlich zum einen die zunehmende Darstellung von CRISPR als «Editor» (mit entsprechender Transformation der implizierten *Agency*) und zum anderen eines zunehmenden Verblassens der mechanistischen Hintergrundmetaphorik des Engineerings. Ceccarelli bringt die bioethische Brisanz dieser Entwicklungen wie folgt auf den Punkt:

In the texts on CRISPR-Cas9 technology that I examined in this article it is not organisms that are being conceived as things to be taken apart and put together again like a machine. *Instead, it is the gene modifying technology that is being conceived as a living thing.* Conceiving organisms as machines is problematic because it transforms what should

Community in den USA (aber auch in anderen westlichen Ländern) eine erste, intensive Diskussion zu möglichen *Biohazards* der neuen Genforschung aus, was zur bekannten «International Conference on Recombinant DNA Molecules» im kalifornischen Asilomar im Februar 1975 und zur Festlegung von Sicherheitsrichtlinien (NIH-Guidelines) führte.

be an ethics oriented toward living things into an ethics designed to manage things. But the reverse is true as well; conceiving of technologies as living things might be just as troubling because it takes responsibility away from people who are using those technologies and places it in the metaphoric hands of the technologies themselves, absolving us of accountability for the acts performed. (Ceccarelli 2018: 11, Hervorhebung C.B.)

3.5.3 Die Rhetorik der Präzision in verschiedenen Phasen der Technikentwicklung

Wie eingangs schon dargelegt, sind die Assoziationen von Präzision, Passgenauigkeit und Einfachheit wohl die zentralen Elemente, die im Diskurs über die CRISPR-Revolution immer wieder aufscheinen. Anhand dieser Eigenschaften werden die Neuen Genomischen Techniken nun von einer alten Gentechnik abgesetzt. Für diese Abgrenzung ist die rhetorische Profilierung der Präzision der neuen CRISPR-Verfahren ein zentraler Punkt. Sie lässt die gegenwärtigen Techniken als qualitativen Sprung und kategorial Anderes als die alten Gentechniken erscheinen. Die Bezeichnung Neue Genomische Techniken (NGT) hat sich zwar erst in den letzten Jahren (im Zuge der weiterentwickelten CRISPR-Technologien) eingebürgert, mit ihr werden aber gegenwärtig oftmals sowohl auf CRISPR basierende Technologien als auch die vorherigen Genscheren (die Zinkfinger nukleasen (ZFN) und TALEN) zusammengefasst und von denjenigen Methoden der Gentechnik, die vorrangig aus dem 20. Jahrhundert stammen, unterschieden.

Sicherlich hat sich die Bezeichnung NGT auch im Zuge der in den letzten 10 Jahren sehr kontrovers geführten rechtlichen Diskussion zur Herstellung von transgenen Pflanzen im Bereich der Pflanzenzüchtung etabliert. Hier stand (und steht) auf EU-Ebene zur Verhandlung, inwieweit genomedierte Pflanzen als gentechnisch veränderte Organismen (GVO) zu betrachten sind (oder gerade nicht) und welchen rechtlichen Regulationen sie entsprechend unterliegen bzw. (nicht) unterliegen sollten.

Wenn im vorliegenden Gutachten von einer *Rhetorik der Präzision* gesprochen wird, wird damit nicht diese Qualität der NGT an sich infrage gestellt. Interessant ist aber, welche Rolle diese

Dimension in den Diskursen *über* CRISPR spielt, wie sie adressiert und rhetorisch weiter in Szene gesetzt – oder eben auch relativiert – wird. Diesbezüglich hat es seit einigen Jahren eine interessante Wende gegeben: Mit der Entwicklung einer neuen Generation von «Editing-Techniken in den letzten Jahren (vor allem dem sogenannten «Base Editing» und dem «Prime-Editing») wird das ursprüngliche CRISPR/Cas9-System jetzt – rückblickend – plötzlich anders perspektiviert. Nun wird ein Bild gezeichnet, in dem die Schwächen der herkömmlichen CRISPR Genschere betont werden. Die «Off-target Effekte» ebenso wie «Fehlschnitte» werden jetzt, anders als vor zehn Jahren, hervorgehoben und das ganze System als nicht ganz zuverlässig dargestellt³³ oder gar als «etwas klobig» (Ledford 2019, s. u.) bezeichnet. Nicht nur werden die Superlativen, die seit spätestens 2015 bezüglich CRISPR/Cas9 kommuniziert wurden, dadurch deutlich relativiert, sondern jetzt werden mit der neuen Generation rhetorisch zugleich auch weitere Steigerungsformen einer «Super-Präzision» in Anschlag gebracht: «*Super-precise new CRISPR tool could tackle a plethora of genetic diseases*» titelte beispielsweise *Nature* im Oktober 2019. In dem Artikel wird jetzt ausgeführt:

For all the ease with which the wildly popular CRISPR-Cas9 gene-editing tool alters genomes, *it's still somewhat clunky and prone to errors and unintended effects*. Now, an alternative offers greater control over genome edits – an advance that could be particularly important for developing gene therapies. (Ledford 2019: 464)

³³ Vgl. z. B. die Art der Beschreibung auf der Webseite von transgen.de: «Das *Prime Editing* bügelt zwei *Schwächen* des herkömmlichen CRISPR/Cas-Systems aus: *Off-target-Effekte*, also *Fehlschnitte*, werden reduziert, weil nur ein Strang geschnitten wird. Und die Reparatur und damit das Einfügen der gewünschten DNA-Veränderung ist effizienter: Beim CRISPR/Cas-System übernimmt die Zelle allein die Reparatur des Schnitts. Die gezielte Reparatur anhand einer eingebrachten DNA-Vorlage funktioniert aber *nicht in allen Zelltypen zuverlässig* und ist auch in Pflanzen schwierig. Oft verknüpft die Zelle die losen Enden einfach wieder miteinander und baut dabei zusätzliche Basen ein oder lässt welche weg.» <https://www.transgen.de/lexikon/2778.prime-editing.html>; zuletzt abgerufen 17. August 2025, Hervorhebungen C. B.

Rheinberger (2023) kritisiert in seiner Analyse des molekularbiologischen Metaphernkosmos, dass in der gängigen CRISPR-Bildwelt ausgeblendet wird, dass der mittels CRISPR/Cas9 initiierte gentechnische Prozess aus zwei Komponenten besteht, und vor allem die zweite Komponente (die Reparatur der Schnittstelle, die nicht durch das «massgeschneiderte» CRISPR/Cas-System, sondern durch die zelleigenen Reparatursysteme übernommen wird) inhärent ungenau ist. «Es wird», so Rheinberger, «also unbedingte Präzision dort vorgetäuscht, wo sie gar nicht oder nur bedingt vorhanden ist» (Rheinberger 2023: 312). Während diese inhärent unkontrollierbaren Komponenten durch die Rhetorik der Präzision, die im Zuge der «CRISPR-Revolution» in den 2010er-Jahren vorherrschte, schlichtweg ausgeblendet blieben, werden sie jetzt, mit der Entwicklung der weiter veränderten «Prime-Editing»- und «Base-Editing» Verfahren (die genau an dieser zweiten Komponente Verbesserungen einbringen, weil sie nicht mehr über einen Doppelstrangbruch operieren) umso mehr betont. Dadurch kann wiederum die neue Dimension der Präzision der noch neueren Werkzeuge rhetorisch profiliert werden. Die Biomediziner*innen Boris Fehse, Jörn Walter, Jens Reich, Lilian Marx-Stölting (und andere) weisen kritisch auf diese Konjunkturen des Präzisionsbegriffs hin. Zu Recht stellen sie fest, dass dieser «bisher wohl jeder neuen Gentechnologie im öffentlichen Raum – häufig entgegen differenzierterer Erklärungen seitens involvierter Forscher*innen – angeheftet und bei der jeweils nächsten technischen Weiterentwicklung an diese weitergereicht wurde» (Fehse et al. 2021: 224–225).

So spielte die Rhetorik der Präzision, wie im folgenden Kapitel zu sehen sein wird, auch in früheren Phasen der Gentechnik eine wichtige Rolle, dies vor allem in der Entwicklung derjenigen Praktiken, die bereits in den 1980er-Jahren mit der metaphorischen Bezeichnung des «Gene Targetings» belegt wurden.

4. Eine kurze Geschichte der biowissenschaftlichen Forschungsfelder: Praktiken und Metaphern

Auch wenn die Rhetorik der CRISPR-Revolution vermuten lässt, dass sich die Biowissenschaften derzeit in einer Phase des radikalen Umbruchs befinden, so stellt sich die Situation aus wissenschaftshistorischer Perspektive deutlich differenzierter dar. Sowohl die molekularen Methoden und Praktiken als auch die eingesetzten Bildfelder und Metaphern der heute oftmals als neu bezeichneten Gentechnik haben eine vielschichtige Geschichte, die weit in das 20. Jahrhundert zurückgeht. Der in diesem Kapitel dargelegte kurze historische Abriss soll dabei helfen, sowohl die Neuartigkeit der CRISPR-Technologien in den weiteren Kontext der Forschungsentwicklungen der letzten Jahrzehnte einzuordnen als auch die Rolle und Entwicklung der sich überlappenden Bildfelder des Genome Editing, des Gene Targeting und Genome Engineering historisch zu verstehen.

4.1 Die 1970er-Jahre: Das Bildfeld «Genetic Engineering» und Beginn der Gentechnikdebatten

Zwar sind sich die Wissenschaftshistoriker*innen nicht ganz einig, wann genau die Anfänge des Genetic Engineerings historisch zu datieren sind, aber es herrscht Konsens darüber, dass sich die Biologie spätestens im letzten Drittel des 20. Jahrhunderts grundlegend von einer beschreibenden oder erklärenden Wissenschaft zu einer Wissenschaft der Intervention transformierte (Morange 2020, Cobb 2022). In den 1970er-Jahren entstand mit den rekombinanten DNA-Technologien ein neuer technischer Zugang zum Lebendigen, für den sich im englischsprachigen Raum schnell die Bezeichnung «genetic engineering» einbürgerte. In der deutschsprachigen Diskussion wurde es üblich, von «Gentechnologie» oder «Gentechnik» zu sprechen. Das Ideal einer am Ingenieurswesen orientierten

Biologie reicht dabei aber historisch noch weiter zurück. Bereits an der Wende zum 20. Jahrhundert entwickelte sich im Zuge einer rasanten Experimentalisierung der biologischen Forschung ein mechanistischer und reduktionistischer Zugang zum Lebendigen, vor allem in der Physiologie. Am Beispiel des Biologen und Mediziners Jacques Loeb hat der Wissenschaftshistoriker Philip Pauly diese Tendenzen um 1900 als ein technisches oder Ingenieurs-Ideal («engineering ideal») beschrieben (Pauly 1987). Technischer Eingriff in physiologische Zusammenhänge war also bereits ein konstitutives Element in vielen Bereichen der Biologie in der ersten Hälfte des 20. Jahrhunderts. Aber erst in den 1970er-Jahren vollzog sich ein weitgehender «technologischer Gestaltwandel» (Rheinberger/Müller-Wille 2009: 11), der das Verhältnis von Technik und Organismus grundlegend veränderte. Aus Biologen wurden Gentechnologen. Die Wissenschaftshistoriker Hans-Jörg Rheinberger und Staffan Müller-Wille beschreiben diese Zäsur wie folgt:

[A]ls Gentechnologe bzw. Geningenieur [verlässt der Wissenschaftler] das Arbeitsparadigma des klassischen Biophysikers, Biochemikers und Genetikers. Er konstruiert nicht länger Reagenzglasbedingungen, unter denen die Moleküle des Organismus und ihre Reaktionsfolgen den Status wissenschaftlicher Untersuchungsobjekte annehmen. Er hat den Spieß umgedreht: Der Molekulartechnologe konstruiert informationstragende Moleküle, die nicht länger bereits im Organismus existieren müssen, um der Untersuchung zugeführt werden zu können. Er benutzt das Milieu der Zelle als angemessene technische Einbettung, um seine Moleküle zu reproduzieren, sie zu exprimieren und die Wirkung ihrer Produkte zu testen. Der Organismus selbst wird damit in ein Labor, einen *locus technicus* verwandelt. Nun geht es nicht länger um die extrazelluläre Repräsentation intrazellulärer Strukturen und Prozesse, sondern umgekehrt um die intrazelluläre Repräsentation eines extrazellulären Projekts (Rheinberger/Müller-Wille 2009: 13–14).

Für einige Wissenschaftshistoriker*innen begann dieser technologische Gestaltwandel bereits Ende der 1960er-Jahre mit der Entdeckung und dem Einsatz von Restriktionsenzymen. Werner

Arber hatte Ende der 1960er-Jahre am Biozentrum der Universität Basel erstmals die Fähigkeit einiger Bakterien charakterisiert, fremde (durch Phagen) in das Bakterium hineingetragene DNA zu spalten. Die bakteriellen Enzyme, die für diesen Vorgang verantwortlich sind, wurden von Arber sowie Hamilton O. Smith (der an der Johns Hopkins University arbeitete) isoliert und charakterisiert. Diese sogenannten Restriktionsenzyme «erkennen» Stellen, in denen eine spezifische Sequenz auftaucht, und trennen dort den DNA-Doppelstrang – ein Vorgang, der bereits damals metaphorisch als «Schneiden» bezeichnet wurde («cut»). Daniel Nathans, ebenfalls an der Johns Hopkins University, wandte diese Restriktionsenzyme erstmals für Problemstellungen der molekularen Genetik an, als er die DNA des Simian-Virus 40 (ein krebsauslösendes Virus, das Affen befällt) fragmentierte und darüber eine erste virale Genom-Karte erstellte. Alle drei Wissenschaftler erhielten für die Entdeckung und die Anwendung der Restriktionsenzyme schon 1978 den Nobelpreis für Physiologie oder Medizin, womit sehr früh die Bedeutung dieser Arbeiten für die Konstitution des sich rasant entwickelnden Forschungsfeldes des «genetic engineering» herausgestellt wurde.³⁴ Auch die Isolierung, Reindarstellung und Charakterisierung von Polymerasen (Enzyme, die in der Zelle die Verknüpfung der einzelnen Bausteine der Nukleinsäuren katalysieren) waren bereits in den 1950er- und 1960er-Jahren gelungen, aber erst ab ca. 1970 begannen sie eine neue Rolle für die Prozesse des Genetic Engineering zu spielen: Polymerasen – wie auch die Restriktionsenzyme, die Ligasen (Enzyme, die DNA-Molekülstränge verbinden) und die Plasmide (s. u.) – wurden zu den zentralen Werkzeugen der neuen Gentechnologie: «Aus der Perspektive der Geschichte der Molekularbiologie stellen sie», so Rheinberger und Müller-Wille,

«eine Technologie der zweiten Generation dar. Diese Technologie beruht nicht mehr auf schwerem analytischen Gerät, das nach physikalischen Prinzipien aufgebaut ist. Die Matrizen, mit denen Gene kopiert werden, die Scheren und Nadeln, mit denen man sie schneidet und spleißt, und die

³⁴ Vgl. Nobel Prize in Physiology or Medicine 1978, <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1978/summary>, zuletzt abgerufen 17. August 2025.

Vektoren, in die sie eingebaut werden und mit denen man sie transportiert, sind selbst von der Größenordnung von Makromolekülen. Sie sind eine Art «weicher» oder «nasser» Technologie, ein molekularer Werkzeugkasten, mit dem man einerseits Makromoleküle maschinell herstellen, mit dessen Produkten man aber andererseits auch Organismen transformieren kann.» (Rheinberger/Müller-Wille 2009: 13)

Dieser neue Werkzeugkasten kam in den Jahren 1972 und 1973 erstmals zum Einsatz, um DNA von Viren und Bakterien zu hybridisieren. Damit wurde zum ersten Mal *in vitro* Nukleinsäure verschiedener Arten zusammengefügt, weshalb viele Wissenschaftshistoriker*innen diese Jahre als symbolische Zäsur in der Geschichte der Molekularbiologie und als Beginn der neuen Ära der Gentechnik sehen: 1972 gelang es David Jackson, Robert Symons und Paul Berg (an der Stanford University) ein hybrides DNA-Molekül aus der DNA des SV 40 und veränderter DNA aus dem Phagen *lambda* (welches das E. coli Galactose Operon) enthielt, herzustellen (Jackson et al. 1972). 1973 veröffentlichten Stanley Cohen, Genetiker an der Stanford University, und Herbert Boyer, Biochemiker an der University of California San Francisco, dass sie erfolgreich ein Stück einer Virus-DNA in ein Plasmid (kleine ringförmigen DNA-Moleküle, die in Bakterien vorkommen) eingebaut und in eine Bakterienzelle transferiert hatten. Das Plasmid wurde damit als sogenannter «Vektor» benutzt, um das fremde DNA-Fragment in E. coli zu transferieren und es – über die natürlichen Reproduktionszyklen des Bakteriums – in grosser Zahl zu vermehren. Auf diese Weise gelang es ihnen, das Gen für eine spezifische Antibiotika-Resistenz von einem Bakterium in ein anderes einzubauen (Cohen et al. 1973). Dies war die Geburtsstunde für das sogenannte «gene cloning – eine Technik, die die massenhafte Reproduktion von Genen (und damit auch die massenhafte Herstellung dieser Genprodukte) in E. coli ermöglichte. Die enorme Faszination, die Gene Cloning in der Fachwelt auslöste, hing eng mit dem bioökonomischen Potential dieser neuen Techniken für die sich Ende der 1970er-Jahre konstituierende Biotech Industrie zusammen. Von einer «Rekombinanten Revolution» («recombinant revolution») (Creager 2020: 228) war vor allem in den USA bei Wissenschaftler*innen und Journalisten

gleichermaßen die Rede und eine vielfach so bezeichnete Goldrausch-Mentalität prägte die Wahrnehmung der kommerziellen Potentiale der neuen Biotechnologien.

In der Wissenschaftsgeschichte sind diese Forschungsentwicklungen in den 1970er-Jahre und frühen 1980er-Jahre mit ihrem grundlegenden technologischen Gestaltwandel bereits umfangreich aufgearbeitet worden (Morange 2020: 189–195; Yi 2015; Rheinberger/Müller-Wille 2009; Müller-Wille/Rheinberger 2009). Nur einige dieser Entwicklungen, welche die Dynamik eines neuen Jahrzehnts der Gentechnik prägten, seien im Folgenden skizziert: Von 1972 bis 1982 wurden die molekularen Techniken zur Isolierung, Reinigung und Vermehrung von Genen bzw. DNA-Abschnitten sowie die Techniken der Charakterisierung bzw. Modifizierung ihrer Sequenz und ihre Reintegration in Zellen entwickelt. Erst das Zusammenspiel dieser Techniken bildete die Grundlage dafür, dass sich das neue Feld der Molekularbiologie so rasch in eine hoch effiziente Technologie transformierte (Morange 2020: 190). Zu den Entwicklungen in den 1970er-Jahren gehörten beispielsweise die Entstehung von molekularen Techniken, um sogenannte «genomic libraries» oder auch «cDNA libraries herzustellen (Maniatis et al. 1978). David Hogness, der an *Drosophila* arbeitete, fragmentierte 1974 mittels Restriktionsenzymen ganze Genome, fügte die Bruchstücke in Plasmide oder Phagen ein und inkorporierte diese in Bakterien. Als Resultat entstanden heterogenen Bakterienpopulationen, die sogenannten «genome libraries», in denen jedes Bakterium unterschiedliche Plasmide oder Phagen (und damit unterschiedliche Gene oder DNA-Abschnitte) des fragmentierten Genoms enthielt; die Bakterienpopulation fungiert damit als eine Art Träger für die Gesamtheit der eukaryotischen Gene, was den Grundstein für sogenannte «Genbanken» legte.

An der Metapher der «genome libraries» wird deutlich, wie stark zu diesem Zeitpunkt bereits das Bildfeld der DNA als Information und des Genoms als Text zum konventionellen Vokabular der Gentechnik transformiert war. Das «Lesen» von DNA bestand zu der Zeit vor allem darin, die Sequenz von Nucleotiden in DNA-Abschnitten zu ermitteln. Die grundlegenden Techniken für diese DNA-Sequenzierung wurden vor allem in den Forschungsgruppen von Allan Maxam und Walter Gilbert in den USA und Frederick Sanger in Grossbritannien entwickelt, die

Ende der 1970er-Jahre mit neuen Verfahren die Sequenzierung von Nukleinsäuren revolutionierten und damit das sogenannte «physical mapping» von DNA vereinfachten. Die Aufbruchphase der Gentechnik, die in den frühen 1970er-Jahren begann, wird von Wissenschaftshistoriker*innen meist bis zum Anfang der 1980er-Jahre datiert: 1982 erschien das von Tom Maniatis, Joe Sambrook und Edward Fritsch herausgegebene «Molecular Cloning: A Laboratory Manual», das auf einem Kurs in Cold Spring Harbor basierte (Maniatis et al. 1982). Diese Veröffentlichung kann als symbolischer Abschluss des ersten dynamischen Jahrzehnts der gentechnischen Forschungen gesehen werden (Creager 2020). Das Handbuch fasste die Laborpraktiken für die verschiedenen gentechnischen Verfahren in standardisierter Form zusammen und machte sie dadurch für viele Laboratorien, die bis dato noch nicht gentechnisch gearbeitet hatten, auf einfache Weise zugänglich. «Genetic engineering» wurde damit schlagartig zu einem «Commonplace» (Morange 2020: 193).

Zeitgleich entwickelten sich in vielen westlichen Ländern seit den 1970er-Jahren gesellschaftliche Kontroversen über die möglichen Konsequenzen und Gefahren der neuen Gentechnologien. Im politischen Raum wurden vor allem Fragen nach der Notwendigkeit der Regulierung der Gentechnik aufgeworfen und zumeist entsprechende Richtlinien zum Umgang mit rekombinanter DNA-Forschung entwickelt (Wright 1994; Gottweis 1998; Jasanoﬀ 2005; Weitze et al. 2012). In der Bundesrepublik Deutschland gab es bereits in den 1970er-Jahren die politische Initiative für ein Gentechnikgesetz, das aber erst 1990 erlassen wurde – zu einer Zeit, als auch auf der Ebene der Europäischen Union zunehmend der Bedarf eines einheitlichen Rechtsrahmens für die Anwendung der Gentechnik gesehen wurde und Regelungsentwürfe bezüglich der Freisetzung von gentechnisch veränderten Organismen (GVO) sowie der Arbeit mit GMO in Forschungslaboren vorgelegt wurden (Schwerin et al. 2023).

Inwieweit Risiken für Mensch, Gesellschaft und Umwelt mit der neuen Gentechnik verbunden waren – entweder durch die unbeabsichtigte Freisetzung gentechnisch veränderter, pathogener Mikroorganismen (1970er-Jahre) oder durch die Freisetzungsversuche in der gentechnologischen Forschung zur Pflanzenzucht (1980er-Jahre) – waren hoch kontroverse Fragen der damaligen Debatten.

Auch die künftige Anwendung der Gentechnik am Menschen stand bereits früh im Mittelpunkt. In der Fachwelt hatten Ideen einer zukünftigen «Gentherapie» bereits Ende der 1960er-Jahre konkrete Formen angenommen. In den 1970er- und 1980er-Jahren reagierte die sich (zunächst vor allem in den USA) formierende Bioethik auf das sich abzeichnenden Spannungsfeld von Chancen und Risiken der neuen Gentechnologien.

Die Diskussion über mögliche Anwendungsbereiche der Gentechnik am Menschen wurde durch Forschungsentwicklungen im Bereich der Embryonenforschung und Reproduktionsmedizin intensiviert. Parallel zu den oben skizzierten Entwicklungen in der rekombinanten DNA-Forschung hatte sich auch in diesen Bereichen der Lebenswissenschaften in den 1970er- und frühen 1980er-Jahren eine neue Forschungslandschaft etabliert, deren Resultate die Diskussion über Gentechnik im engeren Sinne stark beeinflussten. Dies trug zu einer sehr heterogenen diskursiven Gemengelage bei. So war die Gentechnikdebatte oftmals nicht abgrenzbar zu der anfangs sehr kontroversen Diskussion der In-vitro-Fertilisation in der Reproduktionsmedizin, die sich Ende der 1970er-Jahre wiederum mit der Dystopie des Klonens von Menschen vermengte. Das Klonen (vermeintlich) identischer Organismen über somatischen Zellkerntransfer war bereits in den 1960er-Jahren erfolgreich an Amphibien entwickelt worden. Seit Ende der 1960er- und vor allem in den 1970er-Jahren war die Vision des geklonten Menschen in der medialen Öffentlichkeit und der Populärkultur, in Romanen und Filmen, ein weit verbreitetes dystopisches Szenario, in dem sich eine zunehmend krisenbetonte Perspektive auf das Verhältnis von Wissenschaft und Gesellschaft artikuliert, was auch Schatten auf die Gentechnikdiskussion warf (Brandt 2025).

Für die im vorliegenden Gutachten verfolgte Fragestellung ist besonders interessant, dass die Metaphorik der «Genchirurgie» in den deutschsprachigen Debatten sehr früh in der Öffentlichkeit zirkulierte. Zwar findet sich auch im englischsprachigen Raum in den späten 1960er- und frühen 1970er-Jahren vereinzelt die Rede von «gene surgery», aber dort bürgerte sich sehr schnell weiträumig die Beschreibung des neuen Feldes als «genetic engineering» ein. Wie Kirsten Brodde in einer detaillierten Analyse zeigt, verhielt es sich mit der Darstellung der Gentechnik in deutschsprachigen Zeitungen jedoch anders: Hier war bis Mitte der 1970er-Jahre der

«dominante Spenderbereich der Metaphorik (...) zweifellos die Medizin» (Brodde 1992: 154). Von «Gentechnik» war anfangs noch kaum die Rede. In der Berichterstattung über die neuen Biowissenschaften dominierten vielmehr Bezeichnungen wie «Genmanipulation» oder «Genchirurgie», was an die Vorstellungswelt der Medizin anknüpfte. So war vielfach von «molekularen Skalpell» die Rede, wenn der gentechnische Einsatz von Restriktionsenzymen beschrieben wurde (Brodde 1992: 150). Die Bezeichnung «Gentechnologie» oder «Gentechnik» für das neue Feld setzte sich erst gegen Ende des Jahrzehnts im Deutschsprachigen durch – vor allem als Übersetzung des englischen «genetic engineering». Damit wurden auch die Wissenschaftler zu «Gen-Ingenieuren». Dieser Wechsel in der Bezeichnung war aber zunächst deutlich pejorativ: Von «Gen-Ingenieuren» sprachen die Kritiker*innen des neuen Feldes in zumeist abwertender Bedeutung (vgl. exemplarisch Herbig 1978). Anders als im gegenwärtigen Diskurs war dies keine Selbstadressierung im Kreis der Biowissenschaftler*innen. Mehr noch: So argumentierten manche Molekularbiolog*innen der Max-Planck-Gesellschaft noch in den frühen 1980er-Jahren, dass die Bezeichnung «Gentechnologie» möglichst vermieden werden solle, da sie nicht nur inadäquat sei, sondern vor allem mit ihrer Analogie zu anderen Technologiefeldern (damals vor allem zur Atomenergiedebatte) nur negative Konnotationen in der Gesellschaft hervorrufe. Besser sei es, neutral von der «Neukombination von Nucleinsäuren» zu sprechen (Schwerin et al. 2023: 24–25).

Ein weiterer zentraler Aspekt der gesellschaftlichen Kontroversen betraf die von Kritiker*innen mit Sorge betrachtete Kommerzialisierung biowissenschaftlicher Forschung. Das ökonomische Potential der neuen Gentechniken wurde bereits früh vor allem von Biowissenschaftler*innen in den USA gesehen (Yi 2015; Rasmussen 2014). Analysen aus der neueren Wissenschaftsgeschichte, die den Aufbruch der Gentechnik im spezifischen Kontext der kalifornischen Bay Area untersuchen, verdeutlichen, dass Fragen der Patentierung dabei von Anfang an eine überaus wichtige Rolle spielten. Bereits 1974 reichten die Stanford Universität und die Universität von Kalifornien einen Patentantrag für rekombinante DNA-Technologien im Namen von Cohen und Boyer beim U.S. Patent and Trademark Office ein (Yi 2015: 2). Boyer gründete zwei Jahre später, 1976, gemeinsam mit dem Risikokapitalgeber Robert

Swanson die Biotechnologie Firma *Genentech*, die als weltweit erste Biotech-Firma gilt. Weitere Firmengründungen mit Risikokapital folgten schnell, so 1978 *Biogen*, an der u. a. der Harvard-Wissenschaftler Walter Gilbert, der Schweizer Molekularbiologe Charles Weissmann und eine Reihe weiterer westeuropäischer Wissenschaftler beteiligt waren.

Mögliche Anwendungsfelder der neuen Genforschung in der Medizin, Industrie und Landwirtschaft wurden früh – in den USA auch medial sehr wirkmächtig – diskutiert. Die Anwendungsmöglichkeiten der molekularen Werkzeuge zur Neukombination von DNA gingen in den 1970er-Jahren dabei vor allem zwei Richtungen: zum einen der Transfer von eukaryotischen Genen in Bakterien sowie zum anderen der umgekehrte Versuch, Gene (die in Bakterien amplifiziert worden waren) in eukaryotische Zellen zu transplantieren. Vor allem die erste Möglichkeit, eukaryotische Gene in Bakterien einschleusen und über das Gene Cloning auch die Genprodukte massenhaft synthetisieren zu können, wurde als geradezu revolutionärer Aufbruch für die pharmazeutische Industrie gesehen. Tatsächlich stellten sich hier auch schnelle Erfolge ein: 1978 publizierten Wissenschaftler von *Genentech* die erfolgreiche Expression von Genen für Humaninsulin in Bakterien, womit sie erstmals mittels rekombinanter DNA-Techniken Humaninsulin produzierten. Bereits 1982 wurde derartig hergestelltes Humaninsulin wirtschaftlich vermarktet (Morange 2020: 195). Die ökonomischen Anwendungshorizonte gentechnologischer Verfahren in den 1970er-Jahren bezogen sich vor allem auf den medizinischen oder ökologischen Einsatz gentechnologisch veränderter *Mikroorganismen* (so die kostengünstige Produktion von medizinischen Wirkstoffen (wie dem Insulin) oder die Herstellung gentechnisch veränderter Bakterien z. B. für den Einsatz gegen Ölverschmutzungen). 1980 entschied der U.S. Supreme Court, dass Ananda Chakrabarty von der General Electric Company einen (bereits Anfang der 1970er-Jahre) entwickelten, gentechnisch veränderten Mikroorganismus, der Öl vertilgen konnte, patentieren durfte. Dieses Urteil gilt als Zäsur, da es erstmals ein Patent auf Lebewesen war und die Kommerzialisierung der neuen Biowissenschaften beförderte (Jasanoff 2005: 48–50).

Als es in den 1980er-Jahren möglich wurde, die ersten *transgenen Pflanzen* und *Tiere* herzustellen, differenzierten sich mögliche

Anwendungsbereiche der Gentechnik rasant weiter aus. 1983 entwickelten die belgischen Molekularbiologen Jozef Schell und Marc van Montagu ein Verfahren, das in der Folgezeit zur Standardtechnik für die gentechnische Veränderung von Pflanzen wurde: Sie nutzen das pflanzenpathogene Bodenbakterium *Agrobacterium tumefaciens* als Vektor für das Einschleusen von Genen in Pflanzenzellen von Tabakpflanzen und stellten auf diese Weise eine der ersten transgenen Pflanzen her. Im Verlauf der 1980er- und frühen 1990er-Jahre kam es zu den ersten Freisetzungsversuchen transgener Pflanzen in den USA und auch in Europa. 1988 beantragte das Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung in Köln-Vogelsang Freisetzungsversuche mit gentechnisch veränderten Petunien, was zu einer neuen Welle von öffentlichen Gentechnikprotesten in Deutschland führte (Schwerin et al. 2023). Im gleichen Jahr wurde auch das Patent auf eines der ersten transgenen Säugetiere, die sogenannte «Krebsmaus», die Wissenschaftler in Harvard gezüchtet hatten, an den US-Konzern DuPont verliehen.

4.2 Die 1980er-Jahre: Transgene Tiere und die Entstehung des Bildfelds «Gene Targeting»

Schon früh versuchten Wissenschaftler*innen die neuen Methoden der rekombinanten DNA-Forschung auch im Bereich der Embryologie und Entwicklungsbiologie anzuwenden. Bereits 1974 injizierten Rudolf Jaenisch, damals ein Postdoktorand an der Universität Princeton, und Beatrice Mintz, Expertin im Feld der Säugetierembryologie am Fox Chase Center in Philadelphia, DNA des Simian Virus (SV 40) in Mausembryonen, die im frühesten Stadium in In-vitro-Kultur vorlagen. Die Experimente zeigten, dass die Virus-DNA in die Keimbahn der Mäuse eingebaut werden konnte. Die Maus war zu der Zeit das bevorzugte Objekt entwicklungsbiologischer Forschung, was eine lange Vorgeschichte hatte: Ende der 1950er-Jahre waren Methoden entwickelt worden, Mausembryonen im frühen Zellstadium für kurze Zeit in Kulturmedium ausserhalb des Körpers, das heisst *in vitro*, halten zu können und danach wieder in die Gebärmutter von Mäusen zu transferieren. Dies legte den Grundstein dafür, dass die Maus zu einem der wichtigsten Forschungsmodelle im Bereich der Säugetierembryologie wurde

(Myelnikov 2015). Bereits in den 1960er- und 1970er-Jahren wurde in verschiedenen Arbeitsgruppen an sogenannten Maus-Chimären gearbeitet, was allerdings im öffentlichen Raum kaum wahrgenommen wurde. 1979/1980 forschten eine Reihe von internationalen Wissenschaftler*innen daran, genetische Veränderungen bei Mäusen vorzunehmen (Myelnikov 2019: 429). 1980 veröffentlichte eine Gruppe um Frank Ruddle und Jon Gordon an der Yale University, dass es ihnen gelungen war, über sogenannte Mikroinjektion Fremd-DNA in Mausembryonen zu transferieren, welche erfolgreich in die Keimbahn integriert wurde. Mit Hilfe feinsten Mikronadeln hatten sie (verschiedene) rekombinante Plasmide in den Vorkern im Einzellstadium injiziert und die so behandelten Embryonen nach einigen Tagen in sogenannte «Foster mothers» transplantiert. Aus den resultierenden Würfen hatten 2% der Mäuse die Fremd-DNA in ihr Genom integriert. Heute gelten diese Arbeiten als die erste Herstellung transgener Tiere (Gordon et al. 1980, Gordon et al. 1981, Jones 2011). Dies eröffnete in den 1980er-Jahren ein neues Feld der «transgenic technology» (Jones 2011), die in den Folgejahrzehnten von einschneidender Bedeutung für viele Bereiche der Life Sciences wurde: gentechnisch veränderte Mäuse spielen als Modellsysteme für bestimmte genetische Krankheiten in der medizinischen Grundlagenforschung eine zentrale, nicht mehr wegzudenkende Rolle, so insbesondere sogenannte Knock-Out Mäuse (Gama Sosa et al. 2010). Mit der Forschung an transgenen Tieren sind aber auch seit den 1980er- und 1990er-Jahren grosse Hoffnungen in anderen Anwendungsbereichen verbunden, so in der landwirtschaftlichen Züchtungsforschung, die auf Ertragssteigerung und Resistenzen ausgerichtet ist. Für pharmazeutische Zwecke wird an einer Reihe transgener Tiere, vor allem Rindern, Schafen und Ziegen, geforscht, die als sogenannte «Bioreaktoren» Arzneistoffe beispielsweise in ihrer Milch produzieren sollen. Auch die Arbeiten, die zum ersten geklonten Säugetier führten – dem Schaf «Dolly», das 1996 aus dem Transfer eines Zellkerns (aus ausdifferenzierten Zellen eines Schafes) in eine entkernte Eizelle (SCNT) entstanden war – müssen historisch in diesem weiteren Kontext anwendungsbezogener landwirtschaftlicher und pharmazeutischer Forschung gesehen werden.

Der ungeheure Aufschwung der Forschungen an und mit transgenen Tieren verdankte sich jedoch vor allem einer weiteren

Entwicklung der frühen 1980er-Jahre, nämlich dem sogenannten «Gene Targeting». Die von Ruddle und anderen zu Beginn der 1980er-Jahre durchgeführte Mikroinjektion von DNA hatte den Nachteil, dass die Fremd-DNA ungeordnet eingebaut wurde und an nicht vorhersehbaren Stellen erfolgte. Das Verfahren des «Gene Targeting» hingegen ermöglichte die spezifische Modifizierung von DNA-Abschnitten, bzw. das gezielte Ausschalten von Genen an bestimmten Orten des Mausgenoms.

Massgeblich vorangetrieben hat diese Forschung Mario Capecchi an der University of Utah, der seit Ende der 1970er-Jahren ebenfalls an Methoden der Mikroinjektion von DNA in Säugerzellen arbeitete. 1980 machte er die Beobachtung, dass in Säugerzellen injizierte rekombinante Plasmide zwar im Genom zufällig eingebaut wurden, aber ihr Einbau dort, wo er erfolgte, in dem Chromosom in einem regelmässigen Muster und einer sehr spezifischen Ausrichtung stattfand. Dies führte ihn zur Annahme, dass auch Säugerzellen, die in Zellkultur vorlagen (in vitro), die Enzymmaschinerie («enzymatic machinery»), wie Capecchi es 2005 formulierte, für die sogenannte homologe Rekombination enthalten (Capecchi 2005). Bei diesem Prozess werden Abschnitte zwischen homologen DNA-Sequenzen ausgetauscht. Das Überraschende an Capecchis Experimenten war, dass er die homologe Rekombination, die im Organismus ansonsten während der Meiose von Zellen stattfindet, in seinen gezüchteten Zellkulturen auffinden konnte. In den folgenden Jahren wurde dieser Mechanismus der homologen Rekombination, der in den Zellen der Reparatur von DNA-Doppelstrangbrüchen dient, in ein molekulargenetisches Werkzeug überführt, mit dessen Hilfe spezifische Gene (oder spezifische DNA-Sequenzen) transferiert, modifiziert oder inaktiviert werden konnten. 1987 berichtete die Gruppe von Capecchi, dass sie ein «defektes Gen» im Chromosom einer Säugerzelle durch dieses Verfahren gegen ein Gen mit anderer Mutation ausgetauscht und damit, wie sie es formulierten, «korrigiert» («corrected») hatten (Thomas/Capecchi 1986; 1987).

Für die Arbeiten zum Gene Targeting und der Herstellung transgener Mäuse waren Resultate aus einer weiteren Forschungslinie, deren Anfänge ebenfalls in die 1970er-Jahre zurückreichen, von grosser Bedeutung: die Forschung an sogenannten embryonalen Stammzellen. 1981 hatte ein Forscherteam um Martin Evans

die ersten embryonalen Stammzellen (ES) aus einem sehr frühen Stadium von Mausembryonen isoliert. Schnell wurden solche (pluripotenten) ES Zellen von den Wissenschaftlern benutzt, um Genmodifikationen im Genom von Mäusen vorzunehmen. 1987 publizierten Thomas und Capecchi die «Site-directed Mutagenesis by Gene Targeting in Mouse Embryo-Derived Stem Cells» (Thomas/Capecchi 1987). Embryonale Stammzellen wurden nun als Vektoren benutzt, um spezifische DNA-Sequenzen oder modifizierte Gene in Genome von Mausembryonen zu transferieren und darüber Mäuse mit gezielten Mutationen herzustellen. Derartige «Engineered mouse mutants» (Müller 1999: 10) stellten einen Meilenstein der biomedizinischen Forschung dar. Murine embryonale Stammzellen wurden in den 1980er-Jahren zu bevorzugten Werkzeugen, um *gezielte* Genveränderungen in Mäusen vorzunehmen. Sie ergänzten damit die Verfahren der (physischen) Mikroinjektion von Fremd-DNA bzw. des Gebrauchs verschiedener Viren zum Einschleusen von Genen und DNA in Embryonen – beides klassische Verfahren, transgene Mäuse herzustellen, bei denen allerdings, im Gegensatz zum Gene Targeting, die Orte des Einbaus der Fremd-DNA nicht kontrolliert werden konnten.

Für die hier behandelte Fragestellung und historische Analyse der Entstehung des Bildfeldes des Gene Targeting ist es wichtig hervorzuheben, dass nicht nur die Metapher des «Targeting» in dem Feld transgener Technologien bereits seit der zweiten Hälfte der 1980er Form annahm. Wir finden ebenfalls die verbreitete Rhetorik einer wissenschaftlichen «Revolution». Die Zielgerichtetheit der neuen Methode wurde bereits Ende der 1980er-Jahre in der Fachwelt als grosser Durchbruch gefeiert. Ein Überblicksartikel zu «ten years of gene targeting» von 1999 hob hervor, dass die Technik das Gebiet der Mausgenetik in nur einem Jahrzehnt grundlegend «revolutioniert» habe (Müller 1999: 3). Aus metaphorologischer Perspektive ist es interessant, die frühe Entwicklung des Bildfeldes etwas detaillierter zu betrachten. Dabei lässt sich nicht nur feststellen, dass die Bezeichnung, die sich ursprünglich auf einen sehr spezifischen Vorgang bezog, nämlich das Ereignis der homologen Rekombination von extern eingeführter DNA und chromosomalen DNA-Abschnitten, in wenigen Jahren zur Bezeichnung eines ganzen, sich rasant entwickelnden Forschungs-

feldes wurde (Capecchi 2022). Auch die Zunahme sprachlicher Ausdrücke, die die Präzision dieses Verfahrens betonten, und die mit dem Gene Targeting thematisierten Potentiale für mögliche medizinischen Anwendungen sind interessant: Gene Targeting galt von Anfang an als ein verheissungsvoller Ansatz für die sogenannte «Gentherapie» – ebenfalls ein ursprünglich metaphorischer Ausdruck, dessen Metaphorizität aber schon in den 1980er-Jahren kaum mehr wahrnehmbar war. Seit den frühen 1970er-Jahren waren mit der Idee einer zukünftig möglichen Gentherapie die Hoffnungen auf Heilung schwerer Krankheiten und Gendefekte verbunden, und genauso warf die wissenschaftliche Diskussion der Gentherapie grundlegende ethische Fragen auf (Friedmann/Roblin 1972; Friedmann 1989).

1986 führten Capecchi et al. die Terminologie des «gene targeting» in einer Veröffentlichung im Journal *Cell* noch beschreibend wie folgt ein:

Homologous recombination between DNA sequences residing in the chromosome and newly introduced DNA sequences, *an event termed gene targeting*, could provide means for introducing specific mutations into the mammalian genome (Thomas/Capecchi 1986: 419).

Wurde hier noch zurückhaltend formuliert, dass «spezifische Mutationen in das Säugetiergenom» eingeschleust werden konnten, dominierte Ende des Jahrzehnts eine Rhetorik der Präzision des Verfahrens und wurden auch Zukunftserwartungen, die mit dem sich rasant entwickelnden Forschungsfeld verbunden waren, deutlich formuliert: «Gene Transfer is Coming on Target» titelte beispielsweise das Journal *Science* 1988 (Marx 1988). Die grosse Präzision des Gene Targeting hervorhebend, wurde die zukünftige Bedeutung der neuen Techniken vor allem für die Gentherapie am Menschen diskutiert:

Researchers are now learning to put foreign genes into cells, not just anywhere in the recipient genome but *exactly where they want them*. This new capacity for targeting a transferred gene to a specific site on a chromosome may *improve the chances of achieving effective gene therapy* for human he-

reditary diseases, such as sickle cell anemia. (Marx 1988: 191, Hervorhebung C. B.)

Und 1999 führte Capecchi aus: «Through gene targeting, the potential now exists to generate mice of *any desired genotype*. The experimenter chooses both which gene to mutate and how to mutate it» (Capecchi 1999). In einem Artikel in *Science* hiess es bereits 1989: «The potential now exist for *modifying any gene in any defined manner*, in any species from which functional ES cells can be obtained» (Capecchi 1989: 1288). Das erste Textbuch und Labor-Manual zu Gene Targeting war schon 1993 erschienen (Joyner 1993). Ein Überblicksartikel von 1999 bezifferte den exponentiellen Anstieg von Forschungsartikeln zum Gene Targeting von unter 100 Publikationen im Jahre 1989 auf über 1500 allein im Jahr 1998 (Müller 1999: 4). Zusammenfassend wird jetzt das Bild einer Revolution in der Mausgenetik hervorgehoben:

Gene targeting, defined as the introduction of *site-specific modifications* into the genome by homologous recombination, has *revolutionarized* the field of mouse genetics and allowed the analysis of diverse aspects of gene function in vivo. It is now possible to *engineer specific genetic alterations ranging from subtle mutations to chromosomal rearrangements* and more recently, even tissue-specific inducible gene targeting with temporo-spatial control has become feasible. (Müller 1999: 3, Hervorhebung C. B.)

Als «gold standard» für das Herstellen von «designed genomic modifications» (Capecchi 2005) haben die Praktiken des Gene Targeting die Biowissenschaften in vielen Bereichen tatsächlich grundlegend verändert. Die Produktion von sogenannten Knockout-Mäusen (bei denen spezifische Gene so mutiert werden, dass die Genfunktion aussetzt), aber auch anderen transgenen Mausmodelle wurde schnell zu einem Routineverfahren. Als Experimentalmodelle zur Erforschung von Genfunktionen und Genregulationen, gerade auch bei genetisch bedingten Krankheiten, sind transgene Mäuse etablierter Bestandteil der medizinischen Grundlagenforschung geworden. Allerdings liessen sich auch viele der in den späten 1980er-Jahren formulierten hohen Erwartungen,

insbesondere für die Gentherapie beim Menschen, nicht realisieren, trotz des grossen wissenschaftlichen Enthusiasmus in diesem Bereich, der zu ersten klinischen Versuchen in den 1990er-Jahren geführt hatte (Morange 2020: 299–303). Eine Beschränkung des Gene Targetings lag z.B. darin, dass dieses Verfahren nur bei solchen Organismen angewandt werden konnte, bei denen auch embryonale Stammzellen generierbar waren (vgl. Cobb 2022: 221).

4.3 Die frühen 2000er-Jahre: Die Metapher des «Genome Editing» im Kontext

Die 1990er- und frühen 2000er-Jahre waren durch eine Reihe von parallelen Entwicklungen in verschiedensten Bereichen der Biowissenschaften und Gentechnologien geprägt, die medial weitläufig aufgegriffen und in der Öffentlichkeit sehr kontrovers diskutiert wurden. An der Jahrtausendwende gehörten hierzu vor allem die internationalen Humangenomprojekte, die nach langjähriger Zusammenarbeit im Jahr 2001 die komplette Sequenz eines menschlichen Genoms veröffentlichten. Die enorme mediale Aufmerksamkeit für dieses Ereignis war nicht zuletzt einer gemeinsamen Pressekonferenz des damaligen US-Präsidenten Bill Clinton und des britischen Premierministers Tony Blair mit Francis Collins (dem Leiter der staatlich geförderten internationalen Humangenomprojekte) und Craig Venter (dem Leiter des Unternehmens Celera Cooperation) im Juni 2000 zu verdanken, bei der diese bahnbrechenden Ergebnisse erstmals bekannt gegeben und ihre Bedeutung mit der Mondlandung verglichen wurden. Bereits in den 1990er-Jahren standen die Humangenomprojekte im Zentrum öffentlicher Aufmerksamkeit, da solche Metaphern wie der «heilige Gral der Biologie» oder die «Entzifferung des Buchs des Lebens», mit denen dieses Grossprojekt in den Medien kommuniziert wurde, entsprechend grosse Erwartungshaltungen evozierten (Kevles/Hood 1993; Nelkin/Lindee 1995).

Aber auch die Klon- und Stammzellforschung war zu Beginn der 2000er-Jahre im Fokus der bioethischen Debatten: Nachdem einigen Forscherteams Ende der 1990er-Jahre die Isolierung menschlicher embryonaler Stammzellen gelungen war, standen Stammzellforschung und das sogenannte «therapeutische Klonen»

im Mittelpunkt biomedizinischen Interesses und lösten damit in vielen westlichen Ländern eine bioethische Grundsatzdebatte zur Forschung an menschlichen Embryonen und zur Klonforschung aus. Diese Debatte über embryonale Stammzellen ebte im Verlauf der 2000er-Jahre ab, als japanische Forscher zeigen konnten, dass man über ein Verfahren, das als «Reprogrammierung» bezeichnet wurde, sogenannte «induced pluripotent stem cells» (induzierte pluripotente Stammzellen, iPSC) herstellen konnte (Takahashi/Yamanaka 2006).

Ein drittes, in den Medien in den 2000er-Jahren vielbeachtetes biowissenschaftliches Forschungsfeld stellt die Synthetische Biologie dar, die darauf zielt, in der Natur so nicht vorkommende Moleküle, Zellen und Organismen mit neuen Eigenschaften synthetisch zu konstruieren, gewissermassen «am Reissbrett» zu entwerfen, wie einer ihrer Hauptvertreter, Craig Venter, es formulierte. Mit der Synthetischen Biologie, die sich ihrem Selbstverständnis nach in der Lage sieht, einfache lebendige Systeme «from scratch» neu zu erschaffen, verwischten die Grenzen zwischen Biowissenschaft und Informationstechnologie in den 2000er-Jahren gänzlich – und damit auch die Grenze zwischen dem Lesen der DNA und dem Konstruieren, d. h. dem technischen Schreiben und Programmieren gänzlich neuer DNA-Texte. Als die Forschungsgruppe von Craig Venter 2010 erstmals ein einfaches, funktionsfähiges artifizielles Genom am Computer «programmiert», chemisch hergestellt und in die Zelle eines Bakteriums transferiert hatte, das mit dem bezeichnenden (da der Logik von Computerprogrammen folgenden) Namen *Mycoplasma mycoides JCVI-syn 1.0* getauft wurde (Gibson et al. 2010), berichteten die meisten Medien darüber mit kulturhistorisch tradierten Topoi der künstlichen Erschaffung neuen Lebens: Schöpfungsmetaphern waren weitverbreitet in der internationalen Berichterstattung und ebenso die Rede davon, dass die Wissenschaftler*innen anfangen, Gott zu spielen (vgl. Brandt 2014). Auch Venter selbst machte exzessiv von der «Schrift»- und «Programm»-Metaphorik Gebrauch: Ihm ging es um «manufacturing life» und «designing life» und die lebende Zelle wurde in einem sehr wörtlichen Sinne als «software driven biological machine» bezeichnet. Die Synthetische Biologie verstand ihre Arbeitsschritte als das «Reprogrammieren» und «Schreiben» neuer Codes sowie das – wörtlich genommene – Hoch-

laden («booting up») dieser neu geschriebenen Software in die lebendige «Informationsmaschinerie.»³⁵

So unterschiedlich diese drei Forschungsbereiche auch sein mögen, so haben die Humangenomprojekte, die Klon- und Stammzellforschung sowie die Synthetische Biologie in den frühen 2000er-Jahren mit der Etablierung neuer gentechnologischer und bioinformationstechnologischer Möglichkeiten die Metaphernwelt der Biologie grundlegend verändert: Indem die Wissenschaftler*innen ihre Arbeiten als «Programmieren» neuer DNA, als das «Reprogrammieren» von Zellen oder gar als das «Schreiben» neuer Software für lebendige Entitäten verstanden und kommunizierten, setzte dies das suggestive Potential des alten Bildfeldes von der DNA als Text, Information und Programm in einer ganz neuen Dimension frei.

Auch die Anfänge des Bildfeldes des Genome Editing müssen vor diesem Hintergrund der veränderten bioinformationstechnologischen Landschaft und des veränderten Sprachgebrauchs der Wissenschaftler*innen im ersten Jahrzehnt des neuen Jahrtausends gesehen werden. Die Metapher von einem «Gene Editing» sickerte in den 2000er-Jahren langsam in den Sprachgebrauch der Biowissenschaften ein (Morange 2016), wobei im Vergleich zu den in der medialen Öffentlichkeit sehr präsenten Bereichen der Genomforschungen und der Synthetischen Biologie die Entwicklung der ersten molekularen Werkzeuge dieses Feldes ausserhalb einer fachwissenschaftlichen Öffentlichkeit kaum wahrgenommen oder diskutiert wurden: Hierzu gehörten vor allem die Arbeiten an neu isolierten Meganukleasen³⁶ und die künstliche Herstellung von «Nuklease-Chimären» (Chandrasegaran/Smith 1999; Porteus/Baltimore 2003). Dies waren mit Hilfe des Protein Engineerings konstruierte, chemische Fusionen von Nukleasen, die für das «Schneiden» ganz spezifischer DNA-Abschnitte verwendet werden

³⁵ Vgl. z.B. Craig Venter: What is Life? A 21st Century Perspective, Vortrag am Trinity College Dublin am 12. 07. 2012, <https://www.youtube.com/watch?v=qI2MhsUSu0U>, zuletzt abgerufen 17. August 2025.

³⁶ Dies ist eine Untergruppe von Restriktionsenzymen, die eine lange Sequenz von Nukleotiden erkennen und damit sehr spezifische Stellen im Genom «schneiden» können.

konnten. Die ersten derartig spezifischen, molekularen Schneidwerkzeuge, die sogenannten Zinkfinger nukleasen, wurden bereits in den 1990er-Jahren hergestellt (Kim/Cha/Chandrasegaran 1996). Schon zu dieser Zeit finden wir prominent die Metaphorik der «Genschere» und des «Genome Engineering»: 1999 bezeichneten Srinivasan Chandrasegaran und Jeff Smith von der Johns Hopkins University, die die Entwicklung dieser neuen biotechnisch einsetzbaren Molekülkomplexe massgeblich vorangebracht hatten, Zinkfinger nuklease als «a new type of molecular scissors» und betonten ihre enorme Bedeutung für das «Genome Engineering»:

Also, the complete nucleotide sequence of the human genome will be known as early as the dawn of the next century. The availability of chimeric nucleases, a new type of molecular scissors that target a specific site within the human genome, will likely contribute and greatly aid the feasibility of genome engineering, and in particular, *ex vivo* gene therapy using stem cells. Ethical issues aside, it is not unreasonable to expect that in a decade or two, all the technical problems associated with gene delivery will be overcome; and gene therapy will be routinely used in clinical practice, signifying a paradigm shift in the treatment of human disease. Only time will tell if chimeric nucleases will contribute to these goals and fulfill their great promise. (Chandrasegaran/Smith 1999: 847).

Das Zitat verdeutlicht die hohen Erwartungen, die mit diesen neuartigen Werkzeugen für Fortschritte in der Gentherapie verbunden waren. Eine der ersten Verwendungsweisen der Metapher eines «Genome Editing» findet sich auch im Kontext genau dieses Erwartungshorizonts: 2005 titelte *Nature* auf seinem Cover: «Genome Editing – Rewriting the Rules for Gene Therapy» (siehe Abb. 10). Das Journal bezog sich auf eine Veröffentlichung eines Forschungsteams des Biotech Unternehmens Sangamo BioSciences in Kalifornien mit Fyodor Urnov als Erstautor. Urnov und das Team hatten Genschere für das Genome Engineering weiterentwickelt und die grosse Effizienz der «Gen-Korrektur» durch Zinkfinger nukleasen gezeigt (Urnov et al. 2005). Es war auch Urnov, der den Ausdruck des «Genome Editings» 2010 erstmals durchgehend als neuen Terminus benutzte. Prominent im Titel

eines Forschungsartikels hiess es jetzt: «*Genome editing with engineered zinc finger nucleases*» (Urnov et al. 2010). Interessant ist, dass Urnov reflektiert und sehr bewusst die neue Metapher einführte. Mit Blick auf die zu der Zeit vorhandenen Genschere(n) (vor allem die Zinkfinger-nukleasen, aber auch die TALEN) erschien die alte Bezeichnung «Gene Targeting» inadäquat und überholt. Die Wissenschaftler*innen betonten:

It seems timely to consider the adoption of terminology that more accurately reflects what is being done. In addition, the impact on biomedical research of classical «gene targeting» as developed by Capecchi and colleagues deserves recognition through the preservation of the original meaning of the term and its use to describe the process that was originally developed and that is still widely used (Urnov et al. 2010: 637).

Als eine neuartige Form der «Gen-Korrektur» («gene correction»), ermöglicht durch die molekularen Werkzeuge der Zinkfinger-nukleasen, wird Genome Editing hier dem alten Gene Targeting gegenübergestellt. Konsequenterweise spricht der Artikel durchgehend von dem «ZFN-mediated genome editing» oder einem «ZFN-driven genome editing» (ebd.). Ein Hauptgrund für die Neueinführung des Terminus war die von den Forschenden wahrgenommene Begrenzung der vorherigen Praktiken des Gene Targetings. Die Genschere(n) waren bis auf die Ebene eines einzelnen Basenaustausches, also eines einzelnen Zeichens («simple cipher») (Moscou/Bogdanov 2009: 1501) gezielt einsetzbar. Diese neuartige Präzision, die durch die Arbeitsweisen der Genschere(n) möglich sei, erfordere, so Urnov und seine Kolleg*innen, eine neue Terminologie.

4.4 Ein metaphorologischer Paradigmenwechsel: Von der Hardware («Engineering») zur Software («Editing»)

Die grundlegende Neukonfiguration der Biologie in den 1970er-Jahren wurde in der Wissenschaftsgeschichte als «technologischer Gestaltwandel» (Rheinberger/Müller-Wille 2009: 11) charakterisiert. Seit den 2000er-Jahren lässt sich erneut eine weiträumige Transformation der Biowissenschaften beobachten, die vielleicht in An-

lehnung daran am ehesten als ein ‹bioinformationstechnologischer Gestaltwandel› beschreibbar wäre. In den 1970er-Jahren benutzten die Wissenschaftler*innen die molekularen Entitäten der Zelle als ‹Werkzeugkasten› ihrer neuen gentechnologischen Verfahren. Die Restriktionsenzyme, Polymerasen, Plasmide u. a., die eingesetzt wurden, sind als ‹weiche› oder ‹nasse› Technologie beschrieben worden (ebd.: 13). Das Charakteristikum der Gentechnologie der 1970er und 1980er war es, dass ihre zentralen Instrumente Einheiten von molekularer Ordnung waren. Mit dieser ins Technologische umschlagenden Biologie veränderte sich zwar das Verständnis von Technik, denn in der ‹Gen-Technik› waren die Akteure ja gerade keine maschinellen Arrangements mehr, sondern die zu Werkzeugen ummodellierten Zellbestandteile und Enzyme. Aber die Metaphern, die mit diesem technologischen Gestaltwandel einhergingen, bezogen sich trotzdem immer noch auf die vertraute Bilderwelt der Maschinen und des Ingenieurwesens – was wohl am prominentesten in der Bezeichnung des ganzen Feldes als ‹Genetic Engineering› zum Ausdruck kommt. In den 1990er- und 2000er-Jahren hat die zunehmende Verzahnung von Informationstechnologien, Bioinformatik und Gen- und Biotechnologien nun ein ganz neues Ensemble an gentechnologischen Werkzeugen geschaffen: solche, die in der Natur als molekulare Entitäten so nicht mehr vorkommen, sondern von Biowissenschaftler*innen im Zeitalter von Protein-Engineering und Bioinformatik künstlich konstruiert, oder eben ‹programmiert› werden. Auch die ersten Genscheren (Zinkfinger nukleasen), bei denen zwei verschiedene funktionelle Domänen künstlich kombiniert wurden, waren Resultate solcher neuen Möglichkeiten des Protein-Designs. Mit ihrem Einsatz zur Veränderung von DNA und Genomen begann sich die Sprache eines ‹Gene Editings› (neben ‹Gene Correcting› und ‹Genome Engineering›) seit Anfang der 2000er-Jahre zunehmend in den Biowissenschaften zu verbreiten. Diese neue Verwendung des Wortes ‹editing› war, so hebt auch Michel Morange hervor, sehr bemerkenswert, da es eine Verschiebung von einer ‹natürlichen› zu einer ‹künstlichen› Bedeutung des Wortes darstellte: ‹Before, nature edited; now biologists edit, and by doing so they correct and improve nature. The word is well chosen to make the new practice acceptable› (Morange 2016: 11).

Wie sehr der ‹bioinformationstechnologische› Gestaltwandel in den 2000er-Jahren zu einem kategorialen Metaphernwandel führte,

zeigt sich, wie bereits skizziert, auch im Feld der Synthetischen Biologie. Auch dort geht es um die Konstruktion von Molekülen, Zellen oder gar Organismen, die in der Natur so nicht vorkommen, also um die «Programmierung» künstlicher Systeme. Craig Venter's chemische Synthese eines künstlichen Bakteriums im Jahre 2010, die er selbst nicht nur als *Manufacturing Life*, sondern als Resultat der *Programmierung* von Leben darstellte, verdeutlicht, wie die Metaphern von DNA-Code und genetischem Programm zu Beginn des neuen Jahrtausends längst ihr technisches Potential entfaltet haben. Die gegenwärtige Dominanz des Bildfeldes des Genome Editing muss vor dem Hintergrund dieses erneuten technologischen Gestaltwandels zu Beginn des neuen 21. Jahrhunderts gesehen werden.

Eine vergleichende Suche nach der Häufigkeit der Verwendung der Wortkombinationen «Genetic Engineering», «Genome Engineering», «Gene Targeting» und «Genome Editing» im Google Books Ngram Viewer veranschaulicht, dass die Bezeichnung «Genome Editing» dabei ist, das ältere «Gene Targeting» abzulösen (vgl. Abb. 11). Damit wurde tatsächlich eine Richtung eingeschlagen, die Fyodor Urnov und seine Kolleg*innen wohl auch beabsichtigt hatten, als sie 2010, mit ihrer Einführung des Terminus «Genome Editing» auf die Grenzen der älteren Bezeichnung des «Gene Targeting» hingewiesen hatten (Urnov et al. 2010). Interessant ist vor allem auch der Vergleich der Verwendungshäufigkeiten von «Genetic Engineering» und «Genome Editing» (vgl. Abb. 12): Nach einem steilen Anstieg ab ca. 1975 liegt die Hochphase der Verwendung des Begriffs «Genetic Engineering» im englischen Sprachraum eindeutig Mitte der 1980er-Jahre. Seitdem fällt die Kurve stetig leicht ab und stagniert gegenwärtig auf einem relativ hohen Niveau. Demgegenüber findet sich seit 2013 ein steiler Anstieg in der Verwendung von «Genome Editing» (bei deutlich geringerem Anstieg der Häufigkeit von «Genome Engineering», vgl. Abb. 11). Der dynamische Anstieg der sprachlichen Verwendung von «Genome Editing» legt nahe, dass dieses neue Bildfeld zunehmend an die Stelle des alten Genetic Engineering treten wird – und die Kurve seiner quantitativen Häufigkeit in näherer Zukunft die des «Engineering» überholen wird.

Die Semantik beider Bildfelder mag überlappen und auch ihre pragmatische Verwendung erscheint in so manchem Forschungs-

artikel austauschbar. Dennoch zeichnet sich hier etwas ab, was als ein «metaphorologischer Paradigmenwechsel» im Zuge des «bioinformationstechnologischen» Gestaltwandels bezeichnet werden könnte: Mit diesem Wechsel der Bildfelder ist, wie bereits weiter oben skizziert wurde,³⁷ ein kategorialer Wechsel im *bildspendenden* Feld verbunden. Anders als Genetic Engineering ruft Genome Editing Assoziationen einer fluiden und soften Technologie hervor und adressiert einen durch die Informationstechnologien forcierten, neuartigen Technikbegriff, der mit den Assoziationen bricht, die das «Engineering» noch impliziert hatte, nämlich: Maschinentechnik und Ingenieurswesen. Waren dies noch die Bildspender für die Metaphorik der klassischen Gentechnik gewesen, so verschiebt sich jetzt das bildspendende Feld: Im Bildfeld des Genome Editing ist der Bildspender zwar auch eine Technik, aber keine Maschinentechnik, sondern eine Kulturtechnik: Im basalsten Sinne handelt es sich um Schreibtechniken. Die Semantik dieser Metapher legt nahe, dass die neuen gentechnischen Verfahren keine grobschlächtigen Apparaturen oder Mechanismen mehr sind. Um es hier selbst metaphorisch auszudrücken: Sie setzen, im Gegensatz zu den alten Gentechniken, nicht mehr auf der Ebene der Hardware, sondern auf der Ebene der Software an – auf der Ebene der Schrift und des Programms. Aus dieser Verschiebung der Bildspender resultiert massgeblich der Eindruck des *Unbedrohlichen*, der dem Bildfeld inhärent eingeschrieben zu sein scheint. Der Eindruck des Ungefährlichen, der suggeriert wird, scheint dazu zu führen, dass die Wortwahl des Genome Editing auch bevorzugt von Biowissenschaftler*innen verwendet wird, zumindest im Vergleich zum Bildfeld Genome Engineering. Wie die Abbildung 11 deutlich zeigt, stieg hier nach 2013 die Verwendungshäufigkeit des sprachlichen Ausdrucks «Genome Engineering» signifikant geringer an als die ubiquitäre Metaphorik des «Genome Editing». «The term editing», so betont auch der Molekularbiologe und Wissenschaftshistoriker Michel Morange, «not only conveys the ambition of scientists to rewrite the book of life but also suggests to the public a nonthreatening (...) approach to gene manipulation» (Morange 2020: 308).

³⁷ Vgl. Kapitel 3.4.

5. Zusammenfassung

Das vorliegende Gutachten hatte zum Ziel, die Rolle der Genome Editing-Metaphern in den gegenwärtigen Biowissenschaften zu untersuchen. Es galt ihre historische Genese zu verstehen sowie die Transformationen, die sich durch diese – und mit diesen – Metaphern gegenwärtig vollziehen. Ihre epistemischen, kommunikativen und diskursiven Funktionen sollten herausgearbeitet werden, und nicht zuletzt sollte analysiert werden, welche Bedeutungseffekte diese Metaphorik gegenwärtig im wissenschaftlichen und öffentlichen Diskurs entfaltet – seien dies intendierte Effekte oder unbewusst ablaufende sprachliche Prozesse.

In Kapitel 2 wurde das metaphorentheoretische Gerüst für die Analyse gelegt. Dass Metaphern in den Naturwissenschaften weit mehr sind als ‹blosse Rhetorik›, ist mittlerweile durch eine Vielzahl an wissenschaftshistorischen und wissenschaftstheoretischen Studien dargelegt worden. Metaphern werden heutzutage nicht mehr als ein Gegenpol zur vermeintlich objektiven Wissenschaftssprache verstanden, sondern der Forschung ist klar geworden, dass sie ihren Platz innerhalb des wissenschaftlichen Wissens haben. In einigen Fällen (und hierzu zählt auch die für die Molekularbiologie der 1950er-Jahre konstitutive Informationsmetaphorik) können Metaphern grundlegend für die Neuentwicklung von Theorien und die disziplinäre Etablierung ganzer Forschungsbereiche sein. So steht die heuristische und theoriekonstitutive Rolle mancher Metaphern für die wissenschaftliche Erkenntnisproduktion und Wissensgenese sicherlich ausser Zweifel. Allerdings war der bisherige Fokus der meisten Metaphernanalysen darauf gerichtet, die *kreativen* Prozesse, die Metaphern in den Wissenschaften anstossen können, zu erfassen. Gegen positivistische Strömungen gerichtet, haben vor allem wissenschaftstheoretische und -historische Ansätze diesen produktiven Effekt von Metaphern auf die Wissensgenese besonders hervorgehoben. Folgerichtig werden

Metaphern in diesen Ansätzen zumeist als Elemente der Innovation beschrieben.

Nun stellt sich aber die Frage, ob auch die Genome Editing-Metapher in der gegenwärtigen Gentechnik in diesem Sinne noch als kreative Metapher zu verstehen ist. Anders als bei vielen der bisher untersuchten Metaphern in der Geschichte der Biologie wird mit der Bildlichkeit des Genome Editing nicht primär eine neue Perspektive auf den biowissenschaftlichen Forschungsgegenstand, also auf Natur und Leben, geworfen, sondern mit ihr werden *Techniken zum Eingriff* in den Organismus beschrieben. Angesichts der Situation, dass wir es hier weniger mit einer Wissenschaft im klassischen Sinne als vielmehr mit einem neuen Bereich der Biotechnologien zu tun haben, muss die metaphorologische Frage nach dem innovativen Gehalt und der konstitutiven Funktion der Metapher weiter differenziert werden. Am gegenwärtig dominanten Bildfeld des Genome Editing zeigt sich die «Karriere einer Metapher» (Gentner) in mehrfacher Weise: Das Bildfeld ist ein *Resultat* der wissenskonstitutiven Dimension der Schrift- und Informationsmetaphern, die seit den 1950er-Jahren die Theoriebildung der Molekularbiologie angetrieben haben. Parallel zur Entwicklung der Gentechnologien seit den 1970er-Jahren und der weiteren Technologisierung biowissenschaftlicher Forschung in den Folgejahrzehnten vollzog sich zunehmend auch die Terminologisierung der ehemaligen Metaphernwelt der Molekularbiologie. Als Metapher wirkt Genome Editing in diesem Sinne nicht weiter heuristisch. Sie ist vielmehr eine «abgesunkene», eine «tote» Metapher, die *keine neuen* Impulse für weitere *Theoriebildungen* im Bereich der wissenschaftliche Erkenntnisproduktion liefert – im Gegenteil: Sie untermauert die seit Jahrzehnten bestehende molekularbiologische Vorstellungswelt, in der die DNA ein Informationsträger ist und das Genom als Buch des Lebens bezeichnet wird.

In Kapitel 3 und 4 wurde herausgearbeitet, dass die sprachliche Wirkung der Metaphorik der Genomeditierung nur im Zusammenhang mit weiteren Bildfeldern – Genome Engineering, Gene Targeting und Genomchirurgie – zu verstehen ist. Die Genese dieser Bildfelder wurde historisch im Kontext der Forschungsentwicklungen in Gentechnik und Biowissenschaften seit den 1970er-Jahren diskutiert. Das Bildfeld des Genome Editing ist dabei das historisch jüngste: Auch wenn die Molekularbiologie den Begriff

«editing» seit vielen Jahrzehnten benutzt – als «RNA editing» bezogen auf die Beschreibung zellulärer Prozesse – so beginnt die Karriere des Bildfelds Genome Editing erst in den 2000er-Jahren (Morange 2016; Cobb 2022: 220–225). Diese Karriere muss im Kontext eines grösseren, durch Bioinformatik und neue Biotechnologien beförderten technologischen Gestaltwandels gesehen werden, der sich im ersten Jahrzehnt des 21. Jahrhunderts vollzog und in dem das wörtliche Potential der Metaphorik eines «Programmierens» und «Schreibens» neuer DNA zur Entfaltung kam. Vor diesem Hintergrund ist es nicht weiter erstaunlich, dass sich auch die Metaphern des «Editierens» oder «Redigierens» von Genen zunehmend in Texten aus den 2000er-Jahre finden. Schliesslich wurde die Bezeichnung «Genome Editing» 2010 von einer Gruppe von Wissenschaftler*innen um Fyodor Urnov in einem Fachartikel in *Nature* bewusst als neue Terminologie diskutiert und von der älteren Bezeichnung eines «Gene Targeting» explizit abgesetzt.

Hier wird die Karriere der Metapher besonders deutlich: Wir finden nicht nur eine enorme Konjunktur des Bildfelds, das vor allem nach 2013 – mit der rasanten Verbreitung der neuen CRISPR/Cas-Technologien – die Fachartikel zu dominieren beginnt. Vor allem zeigt die Art, wie Urnov und seine Kolleg*innen «Genome Editing» in dem *Nature*-Artikel 2010 einführen, die Karriere der Metapher im metaphorologischen Sinne: Genome Editing wird terminologisch verwendet und in seinem Bedeutungsumfang in Abgrenzung zum Gene Targeting definiert. Die Metapher ist also spätestens hier in den konventionellen Sprachgebrauch der Biowissenschaften eingegangen, was Konsequenzen für die kognitive Wahrnehmung der konzeptuellen Struktur, welche der Metapher zugrunde liegt, hat (vgl. Kapitel 2.2). Um es überspitzt zu formulieren: Wie wir in der Alltagssprache die «tote» Metapher «Tischbein» nicht mehr als solche wahrnehmen, so verstehen die gegenwärtigen Biowissenschaften das «Genome Editing» auch nicht mehr metaphorisch, sondern kategorial – als einen manipulativen Eingriff in die informationstragende Struktur des Genoms bzw. als Manipulation von DNA-Sequenzen. Der ursprünglich zugrunde liegende Vergleich zwischen dem Bildspender (bzw. der konzeptuellen Ursprungsdomäne) «Text» und dem Bildempfänger (bzw. der konzeptuellen Zieldomäne) «DNA» wird bei einem derart ho-

hen Grad der sprachlichen Konventionalisierung in der kognitiven Wahrnehmung nicht mehr vollzogen (vgl. Kapitel 2.2).

Wie in Kapitel 2 argumentiert wurde, sind Metaphern nun keine neutralen Werkzeuge der Erkenntnis, sondern sie gehen immer mit weiteren, auch mit nicht kontrollierbaren Bedeutungseffekten einher. Mit Hans Blumenbergs metaphorologischem Ansatz lässt sich nach dieser (im weitesten Sinne: normativen) Dimension des Gebrauchs von Metaphern in den Wissenschaften fragen. In wissenskonstitutiven Metaphern, so Blumenberg, kristallisieren sich immer auch historisch spezifische Erwartungshaltungen einer Epoche. In ihnen zeige sich besonders deutlich, wie er selbst es einmal formuliert hat: «Was war es, was wir wissen wollten?» (Blumenberg 1983: 9).

Auch wenn «Genome Editing» also fester Bestandteil des konventionellen Sprachgebrauchs der Biowissenschaften geworden ist und die Metapher nicht mehr als eine produktive im epistemischen Sinne der Wissensgenese und wissenschaftlichen Theoriebildung gesehen werden kann, so heisst das bei weitem nicht, dass sie alle Produktivität verloren hätte. Im Gegenteil muss hier betont werden, dass die Metaphorik weiterhin semantische Überschüsse produziert und die Omnipräsenz der Metapher im gegenwärtigen biowissenschaftlichen Diskurs mit vielen inhärenten Erwartungen und Imaginationen einhergeht. Hier kommt, mit Hans Blumenberg gesprochen, nicht mehr die epistemische, sondern die anthropologische Dimension des Metapherngebrauchs ins Spiel. Metaphern, gerade auch in der Wissenschaft, sind nicht nur Mittel der Welt- und Naturerkenntnis, sondern vor allem auch Mittel des menschlichen Naturumgangs. Blumenbergs Analyse der Lesbarkeitsmetaphorik in der Molekularbiologie des 20. Jahrhunderts hatte schon verdeutlicht, dass die molekularbiologischen Theoriebildungen nicht ohne Rückbezug auf vertraute Erfahrungstypik auskamen und die Metaphern damit auch anthropomorphe Elemente naturwissenschaftlicher Welterklärungen sind (Blumenberg 1983). Die erkenntnisleitende Funktion von Metaphern wird bei Blumenberg dabei nicht nur auf die Bereitstellung einer Analogiebeziehung reduziert, sondern vielmehr noch sieht er sie als Ausdrucksweisen, in denen sich existentielle Dimensionen menschlicher Zugangsweisen zu Welt und Natur manifestieren. Die Verwendung der Schrift- und Textmetaphern in der Moleku-

larbiologie sagte für Blumenberg nicht nur etwas darüber aus, wie die moderne Biologie ihre Forschungsobjekte versteht, sondern vor allem wie sie damit handelnd umgehen kann. Was Blumenberg für die Molekularbiologie Mitte des 20. Jahrhunderts herausstellte, lässt sich auch noch auf das Bildfeld des Genome Editing im 21. Jahrhundert beziehen: Die Metaphorik des Bildfelds impliziert nicht nur grundlegend, dass der Forschungsgegenstand, in diesem Falle das Genom, an sich ein sinnhaftes Ganzes darstellt, sei es ein «Programm» oder ein «Text», sondern ihm sind auch wirkmächtige Imaginationen über den technischen Umgang damit inhärent. Das Bildfeld hat zwar keine heuristische oder kreative Funktion mehr, dafür entfaltet es aber umso mehr seine suggestive Wirkung, was sich sowohl im biowissenschaftlichen als auch im öffentlichen Diskurs zeigt.

Wie in Kapitel 3 ausführlich dargelegt wurde, kommt mit dem Bildfeld ein neues Selbstverständnis des Biowissenschaftlers als Gentechnologe zum Ausdruck, dem es nun in historisch neuartiger Dimension möglich sei, Fehler im «Buch des Lebens» zu korrigieren und dieses umzuschreiben. Aber auch die CRISPR-Technologien werden rhetorisch zu wirkmächtigen «Editors», also zu Akteuren, deren Macht wir manchmal geradezu ausgeliefert zu sein scheinen. Die performativ wohl wirkmächtigsten Assoziationen, die mit dem Bildfeld Genome Editing verbunden sind, betreffen besonders betonte Eigenschaften der neuen CRISPR-Technologien. Darunter stehen hervor: die *Passgenauigkeit* und *Präzision*, die Vorstellung der *Zielgerichtetheit*, der *Treffsicherheit*, Ideen von *Steuerung*, *Korrektur* und *Design* (vgl. Rheinberger 2023).

Dieses gesamte *rhetorische Feld der Präzision* ist allerdings nicht mit dem Bildfeld Genome Editing neu entstanden, sondern findet sich ebenso bei den (historisch älteren) Bildfeldern des Gene Targeting, des Genetic Engineerings und der Genomchirurgie. Die Rhetorik der Präzision und Steuerung ist also kein neues Phänomen, auch wenn sie durch die CRISPR-Verfahren und die damit angestossenen Technikentwicklungen nach 2013 eine neue Dimension erfahren hat. Was allerdings mit dem Bildfeld Genome Editing neu einher geht, ist eine besonders starke Suggestion der *Ungefährlichkeit*. Die Erwartungshaltung der Präzision und Zielgerichtetheit, ebenso die Ideen von Kontrolle und Steuerung

kommen zwar auch in den anderen Bildfeldern zum Ausdruck, aber nur das Genome Editing evokiert Assoziationen der völligen Gefahrlosigkeit des Handelns. Wie in Kapitel 3 diskutiert wurde, bringt sowohl beim Bildfeld der Genomchirurgie als auch bei dem des Gene Targeting die Metaphernwahl unter Umständen auch die Assoziation mit sich, dass die entsprechenden Fertigkeiten und Verfahren nicht nur präzise sein können, sondern auch, falls sie fehlerhaft verlaufen, Risiken in sich bergen. Hierin unterscheiden sich Genome Engineering und Gene Targeting deutlich vom Genome Editing. Das Bildfeld des «Genome Engineering – das in den 2000er-Jahren als eine Weiterentwicklung des «Genetic Engineerings» (der 1970er-Jahre) verstanden werden kann – weckt zudem Assoziationen zur alten Maschinenteknik, die (im Vergleich zu den neuartigen, fluiden Technologien des Programmierens, wie sie die Metapher des Gene Editing aufruft), vergleichsweise grobschlächtig anmuten.

Wie in Kapitel 4 diskutiert wurde, scheint das Bildfeld des Genome Editing dabei zu sein, diese älteren Bildfelder abzulösen. Vor allem im Vergleich mit Genetic Engineering oder Genome Engineering vollzieht sich damit ein kategorialer Wechsel im bildspendenden Bereich: nicht mehr die Maschinenteknik, die Hardware, liefert die sprachlichen Bilder zur Beschreibung der Tätigkeit des Gentechnologen, sondern der bildspendende Bereich ist jetzt die Kulturtechnik des Schreibens bzw. die Software der Programmierer. Dieser kategoriale Wechsel im Bildspender (der im vorliegenden Gutachten als metaphorologischer Paradigmenwechsel beschrieben wurde) verstärkt die durch die Metapher hervorgerufene Suggestion, dass die Verfahrensweisen der neuen Gentechnolog*innen keine mit Risiken verbundenen mechanistischen Tätigkeiten mehr sind, sondern ein zielgerichtetes und optimierendes Programmieren und Umschreiben darstellen, das keinerlei risikobehaftete Konsequenzen birgt.

In ihrer Metaphernanalyse haben O’Keefe et al. (2015) gerade diese rhetorische Wirkung, dass mit dem Genome Editing keine Risiken in der öffentlichen Wahrnehmung assoziiert werden, kritisch hervorgehoben. Sie plädieren dafür, dass wir neue Metaphern suchen, die sowohl die positiven Potentiale der neuartigen CRISPR-Verfahren für Forschung und Gesellschaft als auch ihre bioethischen Risiken erfassen:

We need metaphors for CRISPR that indicate the technology's uncertainties and unknowns, and that convey its current value to basic research and potential clinical and public health benefits. The more the language used to discuss CRISPR meets the three criteria we set forth, the better our policies will be. Metaphors should accurately represent how the technology actually works and can be used, should avoid reductionist effects, and should allow for understanding of bioethical implications. (O'Keefe et al. 2015: 8)

Für die Autor*innen wäre die Verwendung von ökologischen Metaphern deutlich angemessener, da solche die organismischen Zusammenhänge stärker fokussieren und damit ebenso reflektieren würden, dass der Einsatz von CRISPR zur Modifizierung von Genomen nicht nur Organismen, sondern auch Ökosysteme verändern kann. Die Frage nach einem gesellschaftlich verantwortlichen Sprachgebrauch in den Wissenschaften beschäftigt auch die Sprachwissenschaftlerin Brigitte Nerlich, die seit Jahrzehnten zur Rolle von Metaphern in den Naturwissenschaften geforscht hat. In einem ihrer Blogs führte sie 2015 aus:

Calling for a social and ethical debate about CRISPR and gene editing is not enough. We have to understand not only how this new technology really works, but also how it is being socially, culturally and metaphorically framed – and most of all what the political implications of such framings are. Focusing on designer babies might not be conducive to the global ethical debate that people are yearning for. (Nerlich 2015, vgl. auch Nerlich 2017)

Der Ansatz einer kritischen Metaphernreflexion wurde bereits von einigen Biowissenschaftler*innen produktiv aufgegriffen. Als Reaktion auf O'Keefe et al. hat eine gemeinsame Gruppe von Expert*innen der Société Française de Génétique Humaine (SFGH) und der Société Française de Thérapie Cellulaire et Génique (SFTCG) 2015 ihre Überlegungen zu einem veränderten Metapherngebrauch publiziert. Die Biowissenschaftler*innen legen dar, dass die im Französischen ebenfalls weitverbreitete Metaphorik des englischen Editing bzw. des Korrigierens, der Schere

(*ciseaux*), des Cut-and-Paste (*couper-coller*) aufgrund ihrer Implikationen irreführend sei. Insbesondere die Genschere und die Metaphorik des Cut-and-Paste würden geradezu ein Element des Spielerischen einbringen, dass der bioethischen Problematik des Bereichs in keiner Weise gerecht werden könne. Sie kommen zu dem Schluss, dass im Französischen der Ausdruck *ingénierie ciblée du génome* (gezieltes Genom-Engineering) in der Hinsicht neutraler und dadurch angemessener sei (Blasimme et al. 2015: 55–56).

Auch wenn der Sprachgebrauch – sei es im Alltag oder in der Wissenschaft – sicherlich nicht so einfach steuerbar ist, so zeigt der Ansatz der Autor*innen, dass auch innerhalb der biowissenschaftlichen Community eine Reflexion über die Verwendung von Metaphern eingesetzt hat. Auch der Ethikrat der Max-Planck-Gesellschaft hat im Oktober 2019 ein Diskussionspapier zur wissenschaftlichen Bedeutung der Genom-Editierung herausgegeben, in dem u. a. die Frage aufgeworfen wird, ob die «gewählten Beschreibungen und Metaphorik die tatsächliche Wirkungsweise, deren Reichweite und Eingriffstiefe angemessen» widerspiegeln.³⁸ Für die bioethische und gesellschaftliche Diskussion der Neuen Genomischen Techniken ist also die Reflexion der dominanten Metaphorik des Genome Editing ein wichtiger Schritt, zu dem auch das vorliegende Gutachten beitragen möchte.

³⁸ Ethikrat der Max-Planck-Gesellschaft (Hrsg.): Diskussionspapier zur wissenschaftlichen Bedeutung der Genom-Editierung und zu den potenziell damit verbundenen ethischen, rechtlichen und gesellschaftlichen Fragen, Oktober 2019, S. 29; <https://www.mpg.de/14470874/DP-Genome-Editing-WEB-II-de.pdf>.

Abbildungsverzeichnis und Abbildungen

Abb. 1: Chronologische Überblick über wichtige Autor*innen und Ansätze zur Theorie der Metapher.

Abb. 2: Symbol der Genschere im öffentlichen Diskurs: Schematische Darstellungen mit hohem Abstraktionsgrad.

Abb. 3: Symbol der Genschere im öffentlichen Diskurs: Abbildungen mit weiteren Assoziationen zu Medizin und Laborforschung.

Abb. 4: Symbol der Genschere in fachwissenschaftlichen Artikeln.

Abb. 5: Differenzierung von vier Bildfeldern in den Darstellungen der gentechnischen Verfahren anhand der bildspendenden Bereiche.

Abb. 6: Schematische chronologische Darstellung von Forschungsfeldern und Gebrauch metaphorischer Ausdrucksweisen in den Biowissenschaften nach 1950.

Abb. 7: Historische Einordnung der Bildfelder und Verortung in der Biologie des 20. Jahrhunderts.

Abb. 8: Visualisierungen, die das Symbol der Genschere ersetzen. Bildspendendes Feld: Kulturtechniken des Schreibens bzw. Techniken des Programmierens.

Abb. 9: CRISPR als «Welle» (Heidi Ledford, in: Nature 531, 10 March, 2016, S. 156).

Abb. 10: Eine der ersten Nennungen von «Genome Editing» in den 2000er-Jahren: «Genome Editing – Rewriting the Rules for Gene Therapy», Nature, 2 June 2005.

Abb. 11: Relative Häufigkeit der Verwendung der Begriffe «Genome Editing» und «Gene Targeting» im Verlauf von 2008 bis 2022.

Abb. 12: Relative Häufigkeit der Verwendung der Begriffe «Genetic Engineering», «Genome Editing» und «Genome Engineering» von 1975 bis 2022.

Klassiker der Metapherntheorie im 20. Jahrhundert

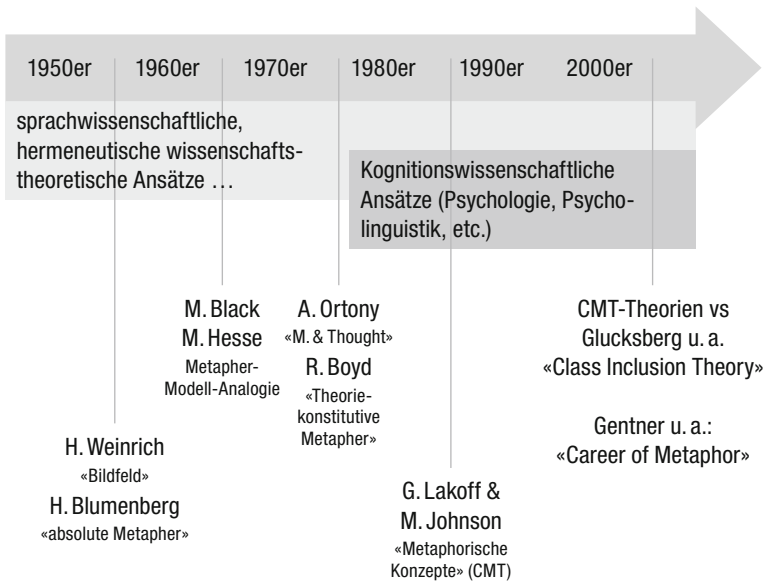
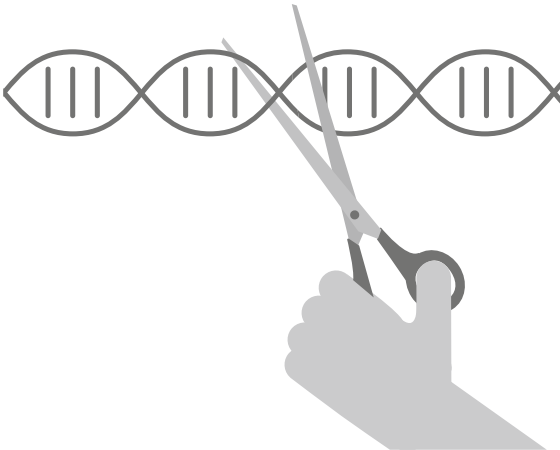


Abb. 1: Chronologischer Überblick über wichtige Autor*innen und Ansätze zur Theorie der Metapher, die in Kapitel 2 diskutiert werden.



picture alliance/AGRAR-PRESS

Quelle: Forschung und Lehre (Wissenschaftszeitung), 22.10.2021; <https://www.forschung-und-lehre.de/zeitfragen/kleine-eingriffe-grosse-fragen-4108>



Shutterstock

Quelle: Österreichische Akademie der Wissenschaften, 18.12.2018; <https://www.oeaw.ac.at/news/crispr-gefahr-und-nutzen-der-genscherer>

Abb. 2: Das Symbol der Genscherer im öffentlichen Diskurs: Schematische Darstellungen mit hohem Abstraktionsgrad.



Shutterstock

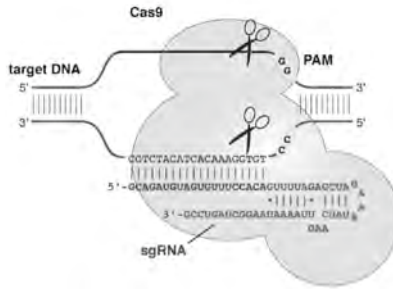
Quelle: European Food Safety Authority (efsa), 24. November 2020; <https://www.efsa.europa.eu/en/news/existing-guidance-appropriate-assessment-genome-editing-plants>



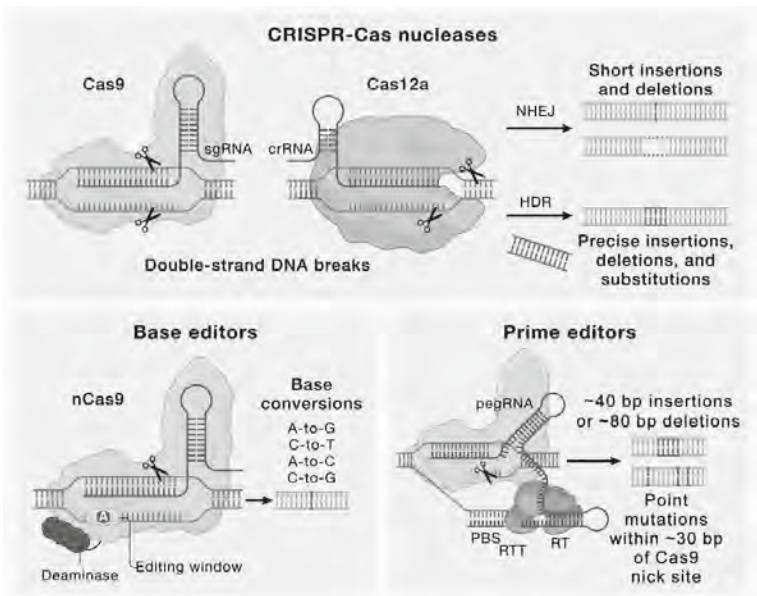
Shutterstock

Quelle: Bayerisches Staatsministerium für Umwelt und Verbraucherschutz; <https://www.stmuv.bayern.de/themen/biotechnologie/nmt/anwendung.htm>

Abb. 3: Das Symbol der Genschere im öffentlichen Diskurs. Abbildungen mit weiteren Assoziationen zu Medizin und Laborforschung.



Quelle: Martin Jinek, Alexandra East, Aaron Cheng, Steven Lin, Enbo Ma, Jennifer Doudna: RNA-programmed genome editing in human cells. *eLife* 2013; 2: e00471, Figure 1 (Ausschnitt)



Quelle: Pacesa, Martin, Oana Pelea, Martin Jinek 2024: Past, present, and future of CRISPR genome editing technologies. *Cell* 187 (5), 1076–1100, Figure 3 (Ausschnitt)

Abb. 4: Das Symbol der Genschere in fachwissenschaftlichen Veröffentlichungen (2013–2024).

Genome Editing

editing, redigieren; Textverarbeitung; word processor; cut and paste; editors; genome-editing systems; genome-edited plants; genome editing tool; correcting genes; corrective changes; code; book of life; u. a.

Gene Targeting

side-directed mutagenesis; side-specific recognition; off-target effects, high frequency targeting of genes; targeted highly efficient alterations; target sites; target sequence; target region; guide-RNA guide sequence; u. a.

Genome Engineering

engineering cells; engineering molecules; programmable nuclease-based technologies; molecular machinery; homologous recombination machinery: repair mechanism; nature's toolbox; molecular scissors, genetic scissors; DNA cutting, design; genome editing tools; u. a.

Genomchirurgie

genome surgery; scalpel, genetic scissor; cutting; molekulare Spritze; Mikronadel zur Zellinjektion; Gentherapie u. a.

Abb. 5: Differenzierung von vier Bildfeldern in den Darstellungen der gentechnischen Verfahren anhand der bildspendenden Bereiche.

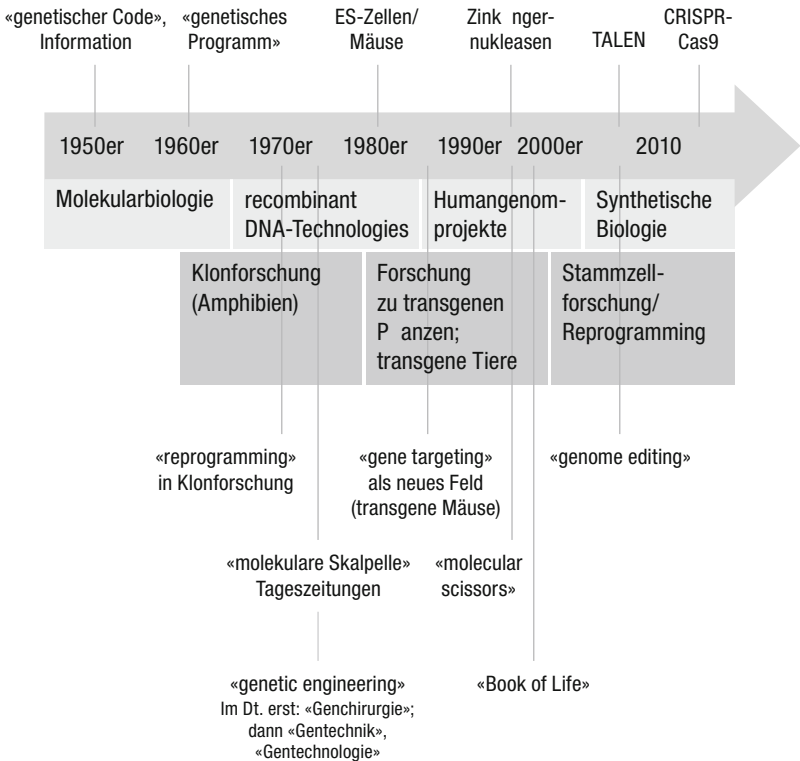


Abb. 6: Schematische chronologische Darstellung von Forschungsfeldern und Gebrauch metaphorischer Ausdrucksweisen in den Biowissenschaften nach 1950.



Abb. 7: Historische Einordnung der Bildfelder und Verortung in der Biologie des 20. Jahrhunderts.

Shutterstock



Quelle: Lanphier, E., F. Urnov et al. 2015: Don't edit the human germline. Nature 519, 26 March, p. 410.

pflanzenforschung.de



Quelle: Webseite, «Pflanzenforschung.de», 29.01. 2019 (eine Initiative vom Bundesministerium für Bildung und Forschung); <https://www.pflanzenforschung.de/de/pflanzenwissen/journal/was-ist-genomeditierung-11021>.

AdobeStock



Quelle: FAQ «Genom-Editierung: Zielgerichtet das Erbgut anpassen», Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF); <https://www.bmbf.de/bmbf/shareddocs/faq/genom-editierung.html>

Abb. 8: Visualisierungen, die das Symbol der Genschere ersetzen. Bildspendendes Feld: Kulturtechniken des Schreibens bzw. Techniken des Programmierens.



Abb. 9: CRISPR als «Welle» (Heidi Ledford, in: Nature 531, 10 March 2016, S. 156).



Abb. 10: Eine der ersten Nennungen von «Genome Editing» in den 2000er-Jahren: «Genome Editing – Rewriting the Rules for Gene Therapy», Nature, 2 June 2005.

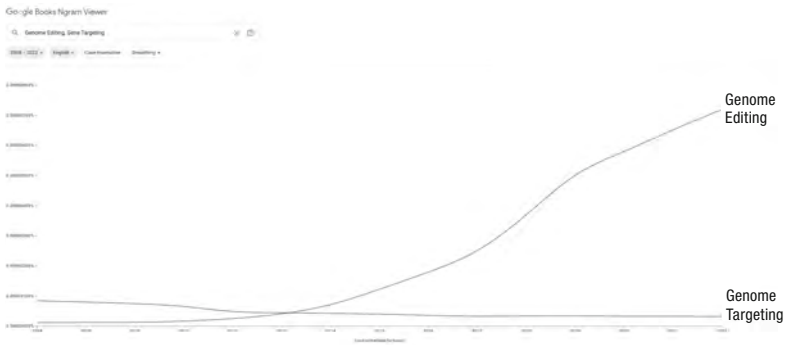


Abb. 11: Relative Häufigkeit der Verwendung der Begriffe «Genome Editing» und «Gene Targeting» im Verlauf von 2008 bis 2022 (nach Google Books Ngram Viewer, abgerufen, 20. Februar 2024).

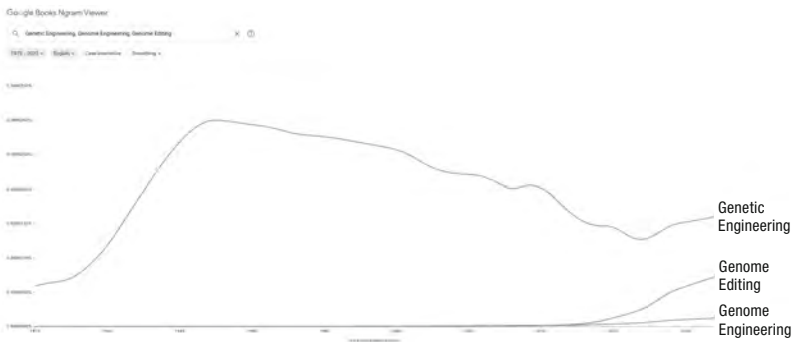


Abb. 12: Relative Häufigkeit der Verwendung der Begriffe «Genetic Engineering», «Genome Editing» und «Genome Engineering» von 1975 bis 2022 (nach Google Books Ngram Viewer, abgerufen, 20. Februar 2024).

Literaturverzeichnis

- Arbib, Michael A., Mary B. Hesse. 1986. *The Construction of Reality*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Aristoteles. 1972. *Poetik*. Aus dem Griechischen übersetzt von Walter Schönherr. Leipzig: Verlag Philipp Reclam jun.
- Baltimore, David, Paul Berg, Michael Botchan, Dana Carroll et al. 2015. A prudent path forward for genomic engineering and germline gene modification. *Science* 348 (6230), S. 36–38, DOI: 10.1126/science.aab1028.
- Becker-Ritterspach, Luisa. 2021. *CRISPR: Genrevolution im Spannungsfeld einer Demokratie*. Baden-Baden: Tectum Wissenschaftsverlag.
- Beger, Anke, Thomas H. Smith (Hrsg.). 2020a. *How Metaphors Guide, Teach and Popularize Science*. Amsterdam/Philadelphia: John Benjamins Publishing Company.
- Beger, Anke, Thomas H. Smith. 2020b. Introduction. In *How Metaphors Guide, Teach and Popularize Science*, hrsg. v. Anke Beger und Thomas H. Smith. Amsterdam/Philadelphia: John Benjamins Publishing Company, S. 1–36.
- Berger, Silvia. 2009. *Bakterien in Krieg und Frieden. Eine Geschichte der medizinischen Bakteriologie in Deutschland, 1890–1933*. Göttingen: Wallstein.
- Black, Max. 1962. *Models and Metaphors. Studies in Language and Philosophy*. Ithaca: New York.
- Black, Max. 1979. More about Metaphor. In *Metaphor and Thought*, hrsg. v. Andrew Ortony. Cambridge: Cambridge University Press, S. 19–43.

Black, Max.1983. Mehr über die Metapher. In: *Theorie der Metapher*, hrsg. v. Anselm Haverkamp. Darmstadt: Wiss. Buchgesellschaft, S. 379–413.

Blasimme, Alessandro, Ignacio Anegon, Jean-Paul Concordet et al. 2015. Genome Editing and Dialogic Responsibility: «What’s in a Name?» *The American Journal of Bioethics* 15 (12), S. 54–57. <https://doi.org/10.1080/15265161.2015.1103811>.

Blumenberg, Hans 1998 [1960]. *Paradigmen zu einer Metaphorologie*. Frankfurt: Suhrkamp.

Blumenberg, Hans. 1983. *Die Lesbarkeit der Welt*. Frankfurt: Suhrkamp.

Boch, Jens, Heidi Scholze, Sebastian Schornack et al. 2009. Breaking the Code of DNA Binding Specificity of TAL-Type III Effectors. *Science* 326 (5959), S. 1509–1512. <https://doi.org/10.1126/science.1178811>.

Bonas, Ulla, Bärbel Friedrich, Johannes Fritsch, Albrecht Müller, Bettina Schöne-Seifert, Henning Steinicke, Klaus Tanner, Jochen Taupitz, Jörg Vogel, Marcel Weber, Ernst-Ludwig Winnacker. 2017. *Ethische und rechtliche Beurteilung des genome editing in der Forschung an humanen Zellen*. Diskussionspapier Nr. 10. Halle (Saale): Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina.

Bono, James. 1990. Science, Discourse, and Literature. The Role/Rule of Metaphor in Science. In: *Literature and Science. Theory and Practice*, hrsg. v. Stuart Peterfreund. Boston: Northeastern Univ. Press, S. 59–89.

Botsch, Walter. 1965. *Morsealphabet des Lebens. Grundlagen der Vererbung*. Stuttgart: Frankh.

Bowdle, Brian F., Dedre Gentner. 2005. The Career of Metaphor. *Psychological Review* 112 (1), S. 193–216. <https://doi.org/10.1037/0033-295X.112.1.193>.

Bowler, Peter J. 1995. Social Metaphors in Evolutionary Biology, 1870–1930: The Wider Dimension of Social Darwinism. In *Biology as Society, Society as Biology: Metaphors*, hrsg. v. Sabine Maasen, Everett Mendelsohn, Peter Weingart. Dordrecht: Kluwer Academic Publisher, S.107–126.

Boyd, Richard. 1979. Metaphor and Theory Change: What is a «Metaphor» a Metaphor for? In *Metaphor and Thought*, hrsg. v. Andrew Ortony. Cambridge: Cambridge University Press, S. 356–408.

Brandt, Christina. 2004. *Metapher und Experiment. Von der Virusforschung zum genetischen Code*. Göttingen: Wallstein.

Brandt, Christina. 2013. Metapher. In *Literatur und Wissen. Ein interdisziplinäres Handbuch*, hrsg. v. R. Borgards, H. Neumeier, N. Pethes und Y. Wübben. Stuttgart: Metzler-Verlag, S. 21–28.

Brandt, Christina. 2014. Thesen zur Autorschaft in den modernen Biotechnologien. Craig Venter und die synthetische Biologie. In *Erzählung und Geltung. Wissenschaft zwischen Autorschaft und Autorität*, hrsg. v. Safia Azzouni, Stefan Böschen, Carsten Reinhardt. Weilerswist: Velbrück Wissenschaft, S. 251–280.

Brandt, Christina. 2018. Eine Hermeneutik der Lebenswissenschaften? Eine wissenschaftshistorische Relektüre von Hans Blumenbergs «Die Lesbarkeit der Welt» im Zeitalter des Digitalen. In *Das Wunder des Verstehens*, hrsg. v. Hans-Ulrich Lessing, Kevin Liggieri. Freiburg: Alber Verlag, S. 126–151.

Brandt, Christina. 2025. Shifting Values and Shifting Risks: Debates on the New Biology in Germany and the United States Before and After Asilomar (1960–1980). *Journal of the History of Biology* 58. <https://doi.org/10.1007/s10739-025-09831-w>.

Brodde, Kirsten. 1992. *Wer hat Angst vor DNS? Die Karriere des Themas Gentechnik in der deutschen Tagespresse von 1973–1989*. Frankfurt am Main: Lang.

Brown, Theodore L. 2008. *Making Truth. Metaphor in Science*. Urbana: University of Illinois Press.

Bussmann, Hadumod (Hrsg.). 2008. *Lexikon der Sprachwissenschaft*, 4. Aufl. Stuttgart: Kröner.

Cohen, Stanley N., Annie C. Y. Chang, Herbert W. Boyer, Robert B. Helling. 1973. Construction of Biologically Functional Bacterial Plasmids In Vitro. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 70, S. 3240–3244. <https://doi.org/10.1073/pnas.70.11.3240>.

Capecchi, Mario R. 1989. Altering the Genome by Homologous Recombination. *Science* (n. F.) 244 (4919), S. 1288–1292. <https://doi.org/10.1126/science.2660260>.

Capecchi, Mario R. 1999. The new mouse genetics: Altering the genome by gene targeting. *Trends in Genetics* 5 (3), S. 70–76. [https://doi.org/10.1016/0168-9525\(89\)90029-2](https://doi.org/10.1016/0168-9525(89)90029-2).

Capecchi, Mario R. 2005. Gene targeting in mice: functional analysis of the mammalian genome for the twenty-first century. *Nature Reviews Genetics* 6, S. 507–512. <https://doi.org/10.1038/nrg1619>.

Capecchi, Mario R. 2022. The origin and evolution of gene targeting. *Developmental Biology* 481, S. 179–187. <https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2021.10.007>.

Carroll, Dana. 2012. A CRISPR Approach to Gene Targeting. *Molecular Therapy* 20 (9), S.1658–1660. DOI: 10.1038/mt.2012.171.

Ceccarelli, Leah. 2018. CRISPR as agent: a metaphor that rhetorically inhibits the prospects for responsible research. *Life Sciences, Society and Policy* 14 (24), S. 1–13. <https://doi.org/10.1186/s40504-018-0088-8>.

Chan, Sarah, Peter J. Donovan, Thomas Douglas, Christopher Gyngell, John Harris, Robin Lovell-Badge, Debra J.H. Mathews, Alan Regenberg. 2015. Genome Editing Technologies and Human Germline Genetic Modification: The Hinxton Group Consensus Statement. *The American Journal of Bioethics* 15 (12), S. 42–47. <https://doi.org/10.1080/15265161.2015.1103814>.

Chandrasegaran, Srinivasan, Dana Carroll. 2016. Origins of Programmable Nucleases for Genome Engineering. *Journal of Molecular Biology* 428 (5), S. 963–989. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2015.10.014>.

Chandrasegaran, Srinivasan, Jeff Smith.1999. Chimeric Restriction Enzymes: What Is Next? *Biological Chemistry* 380 (7–8), S. 841–848. <https://doi.org/10.1515/BC.1999.103>.

Charo, R. Alta, Henry T. Greely. 2015. CRISPR Critters and CRISPR Cracks. *The American Journal of Bioethics* 15 (12), S. 11–17. <https://doi.org/10.1080/15265161.2015.1104138>.

Cho, Seung Woo, Sojung Kim, Jong Min Kim, Jin-Soo Kim. 2013. Targeted genome engineering in human cells with the Cas9 RNA-guided endonuclease. *Nature Biotechnology* 31, S. 230–232 <https://doi.org/10.1038/nbt.2507>.

Cobb, Matthew. 2022. *As Gods. A Moral History of the Genetic Age*. New York: Basic Books.

Cong, Le, F. Ann Ran, David Cox, Shuailiang Lin, Robert Barretto, Naomi Habib, Patrick D. Hsu, Xuebing Wu, Wenyan Jiang, Luciano A. Marraffini, Feng Zhang. 2013. Multiplex Genome Engineering Using CRISPR/Cas Systems. *Science* 339 (6121), S. 819–823. DOI: 10.1126/science.1231143.

Creager, Angela. 2020. Recipes for recombining DNA: A history of Molecular Cloning: A Laboratory Manual. *BJHS Themes* 5, S. 225–243.

Davies, Kevin 2020. *Editing Humanity. The CRISPR Revolution and the New Era of Genome Editing*. New York: Pegasus Books.

Dominguez, Antonia A., Wendell A. Lim, Lei S. Qi. 2016. Beyond Editing: Repurposing CRISPR-Cas9 for Precision Genome Regulation and Interrogation. *Nature Reviews Molecular Cell Biology* 17, S. 5–15. <https://doi.org/10.1038/nrm.2015.2>.

Doudna, Jennifer A., Emmanuelle Charpentier. 2014. The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9. *Science* 346 (6213), S. 1077–1086. <https://doi.org/10.1126/science.1258096>.

Doudna, Jennifer A, Samuel Sternberg. 2018. *Eingriff in die Evolution. Die Macht der CRISPR-Technologie und die Frage, wie wir sie nutzen wollen*. Berlin: Springer [amerik. Original: A Crack in Creation: Gene Editing and the Unthinkable Power to Control Evolution 2017].

Evitt, Niklaus H., Shamik Mascharak, Russ B. Altman. 2015. Human Germline CRISPR-Cas Modification: Toward a Regulatory Framework. *The American Journal of Bioethics* 15 (12), S. 25–29. <https://doi.org/10.1080/15265161.2015.1104160>.

Fehse, Boris, Hannah Schickl, Sina Bartfeld, Martin Zenke (Hrsg.). 2023. *Gen- und Zelltherapie 2.023 – Forschung, klinische Anwendung und Gesellschaft*. AG Gentechnologiebericht mit freundlicher Unterstützung der DG-GT und des GSCN. Berlin: Springer.

Fehse, Boris, Jörn Walter, Jens Reich, Lilian Marx-Stölting, Anja Pichl, Hannah Schickl. 2021. Genome-Editing und Einzelzellanalyse: Neue Methoden und ihre Implikationen für Forschung, Anwendung und Gesellschaft. In *Fünfter Gentechnologiebericht: Sachstand und Perspektiven für Forschung und Anwendung*, hrsg. v. Boris Fehse, Ferdinand Hucho, Sina Bartfeld et al. Baden-Baden: Nomos, S. 219–250.

Frezza, Giulia. 2017. Metaphors, Risk and Blind Spots in Health Communication: The Case of «Gene-editing» and CRISPR-Cas9 Technology. *Estetica studi e ricerche* 1, S. 105–120. <https://doi.org/10.14648/86779>.

Friedmann, Theodore 1989. Progress toward Human Gene Therapy. *Science* (n.F.) 244 (4910), S. 1275–1281. <https://doi.org/10.1126/science.2660259>.

Friedmann, Theodore, Richard Roblin. 1972. Gene Therapy for Human Genetic Disease? Proposals for genetic manipulation in humans raise difficult scientific and ethical problems. *Science* (n. F.) 175 (4025), S. 949–955. <https://doi.org/10.1126/science.175.4025.949>.

Gama Sosa, Miguel A., Rita de Gasperi, Gregory A. Elder. 2010. Animal transgenesis: an overview. *Brain Structure and Functions* 214, S. 91–109. <https://doi.org/10.1007/s00429-009-0230-8>.

Gaudillière, Jean-Paul, Hans-Jörg Rheinberger (Hrsg). 2004. *From Molecular Genetics to Genomics. The Mapping Cultures of Twentieth Century Genetics*. London: Routledge.

Gehring, Petra. 2009. Das Bild vom Sprachbild. Die Metapher und das Visuelle. In *Begriffe, Metaphern und Imaginationen in Philosophie und Wissenschaftsgeschichte*, hrsg. v. Lutz . Danneberg, Carlos Spoerhase, Dirk Werle. Wiesbaden: Harrassowitz, S. 81–100.

Genetic Alliance UK/Progress Educational Trust/Wellcome Trust 2017. *Basic Understanding of Genome Editing: The Report*. London: Progress Educational Trust. https://pet.ultimatedb.net/res/org10/Reports/genomeediting_report.pdf.

Gibbs, Raymond W. 2011. Evaluating Conceptual Metaphor Theory. *Discourse Processes* 48 (8), 529–562.

Gibson, Daniel G., John I. Glass, Carole Lartigue, Vladimir N. Noskov et al. 2010. Creation of a Bacterial Cell Controlled by a Chemically Synthesized Genome. *Science* 329 (5987), S. 52–56. DOI: 10.1126/science.1190719.

Glucksberg, Sam. 2008. How metaphors create categories – Quickly. In *The Cambridge Handbook of Metaphor and Thought*, hrsg. v. Raymond W. Gibbs. Cambridge: Cambridge University Press, S. 67–83. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511816802.006>.

Gordon, Jon W., George A. Scangos, Diane J. Plotkin, James A. Barbosa, Frank H. Ruddle. 1980. Genetic transformation of mouse embryos by microinjection of purified DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)* 77 (12), S. 7380–7384. DOI: 10.1073/pnas.77.12.7380.

Gordon, Jon W., Frank H. Ruddle. 1981. Integration and stable germ line transmission of genes injected into mouse pronuclei. *Science* 214 (4526), S. 1244–1246. DOI: 10.1126/science.6272397.

Gottweis, Herbert. 1998. *Governing molecules: The discursive politics of genetic engineering in Europe and the United States*. Cambridge: MIT Press.

Guttinger, Stephan. 2018. Reviews: Riding the Wave into a Crisper Future? *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* 67, S. 32–35.

Harris, John. 2015. Germline Manipulation and Our Future Worlds. *The American Journal of Bioethics* 15 (12), S. 30–34. <https://doi.org/10.1080/15265161.2015.1104163>.

Harvey-Samuel, Tim, Xuechun Feng, Emily M. Okamoto, Depaak-Kumar Purusothaman, et al. 2023. CRISPR-based gene drives generate super-Mendelian inheritance in the disease vector *Culex quinquefasciatus*. *Nature Communications* 14, S. 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-41834-1>.

Haverkamp, Anselm. 1983. Einleitung in die Theorie der Metapher. In *Theorie der Metapher*, hrsg. v. A. Haverkamp. Darmstadt: Wiss. Buchgesellschaft, S. 1–27.

Hänseler, Marianne. 2009. *Metaphern unter dem Mikroskop. Die epistemische Rolle von Metaphorik in den Wissenschaften und in Robert Kochs Bakteriologie*. Zürich: Chronos Verlag.

Herbig, Jost. 1978. *Die Gen-Ingenieure: Durch Revolutionierung der Natur zum neuen Menschen?* München: Hanser Verlag.

Hesse, Mary. 1966. *Models and Analogies in Science*. Notre Dame, Ind: University of Notre Dame Press.

Hill, Nellie, Courtney Meyers, Nan Li et al. 2022. Persuasive Effects of Metaphors Regarding Gene-Editing in Agriculture. *Journal of Applied Communications* 106 (1), S. 1–19. <https://doi.org/10.4148/1051-0834.2416>.

Hortle, Elinor. 2019. *Why the «molecular scissors» metaphor for understanding CRISPR is misleading*. Paris: The Conversation. <https://theconversation.com/why-the-molecular-scissors-metaphor-for-understanding-crispr-is-misleading-119812>.

Hsu, Patrick D., Eric S. Lander, Feng Zhang. 2014. Development and Applications of CRISPR-Cas9 for Genome Engineering. *Cell* 157 (6), S. 1262–1278. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.05.010>.

Hwang, Woong Y., Yanfang Fu, Deepak Reyon, Morgan L Maeder, Shengdar Q Tsai, Jeffry D. Sander, Randall T. Peterson, J.-R. Joanna Yeh, Keith Joung. 2013. Efficient genome editing in zebrafish using a CRISPR-Cas system. *Nature Biotechnology* 31, S. 227–229 <https://doi.org/10.1038/nbt.2501>.

Jackson, David. 1995. DNA: Template for an Economic Revolution. In *DNA. The Double Helix. Perspective and Prospective at Forty Years*, hrsg. v. Donald A. Chambers. New York: The New York Academy of Sciences, S. 356–365.

Jackson, David A., Robert H Symons, Paul Berg. 1972. Biochemical Method for Inserting New Genetic Information into DNA of Simian Virus 40: Circular SV40 DNA Molecules Containing Lambda Phage Genes and the Galactose Operon of Escherichia coli. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 69, S. 2904–2909.

Jacob, Francois, Jacques Monod. 1961. Genetic Regulatory Mechanisms in the Synthesis of Proteins. *Journal of Molecular Biology* 3, S. 318–356.

Jasanoff, Sheila. 2005. *Designs on Nature. Science and Democracy in Europe and the United States*. Princeton: Princeton University Press.

Jäkel, Olaf. 2003. *Wie Metaphern Wissen schaffen. Die kognitive Metapherntheorie und ihre Anwendung in Modell-Analysen der Diskursbereiche Geistestätigkeit, Wirtschaft, Wissenschaft und Religion*. Hamburg: Verlag Dr. Kovac.

Jiang, Wenyan, David Bikard, David Cox, Feng Zhang, Luciano A. Marraffini. 2013. RNA-guided editing of bacterial genomes using CRISPR-Cas systems. *Nature Biotechnology* 31, S. 233–239. <https://doi.org/10.1038/nbt.2508>.

Jinek, Martin, Krzysztof Chylinski, Ines Fonfara, Michael Hauer, Jennifer A. Doudna, Emmanuelle Charpentier. 2012. A Programmable Dual-RNA-Guided DNA Endonuclease in Adaptive Bacterial Immunity. *Science* 337 (6096), S. 816–821. <https://doi.org/10.1126/science.1225829>.

Jinek, Martin, Alexandra East, Aaron Cheng, Steven Lin, Enbo Ma, Jennifer A. Doudna. 2013. RNA-programmed genome editing in human cells. *eLife* 2 (e00471), S. 1–9. <https://doi.org/10.7554/eLife.00471>.

Jones, Dennis 2011. Genetic Engineering of a Mouse: Dr. Frank Ruddle and Somatic Cell Genetics. *Yale Journal of Biology and Medicine* 84 (2), S. 117–124.

Joyner, Alexandra L. (Hrsg.). 1993. *Gene Targeting. A Practical Approach*. Oxford: Oxford University Press.

Junge, Matthias (Hrsg.). 2010. *Metaphern in Wissenskulturen*. Wiesbaden: VS Verlag für Sozialwissenschaften.

Kay, Lily E. 2000. *Das Buch des Lebens. Wer schrieb den genetischen Code?* Aus dem Amerikanischen von Gustav Rossler. München: Carl Hanser Verlag.

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

Kevles, Daniel J., Leroy Hood (Hrsg.). 1993. *The Code of Codes. Scientific and Social Issues in the Human Genome Project*. Cambridge (Mass.): Harvard University Press.

Kim, Yang-Gyun, Jooyeon Cha, Srinivisan Chandrasegaran. 1996. Hybrid restriction enzymes: Zinc finger fusions to *Fok I* cleavage domain. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 93 (3), S. 1156–1160. <https://doi.org/10.1073/pnas.93.3.1156>.

Kohl, Katrin. 2007. *Metapher*. Stuttgart: Verlag J.B. Metzler.

Knudsen, Susanne. 2005. Communicating novel and conventional scientific metaphors: A study of the development of the metaphor of genetic code. *Public Understanding of Science* 14 (4), S: 373–392.

Lakoff, Georg, Mark Johnson. 2011 [1980]. *Leben in Metaphern: Konstruktion und Gebrauch von Sprachbildern*. Heidelberg: Carl Auer System Verlag.

Lander, Eric S. 2016. The Heroes of CRISPR. *Cell* 164 (1–2), S. 18–28. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2015.12.041>.

Lander, Eric, Françoise Baylis, Feng Zhang, Emmanuelle Charpentier, Paul Berg, Catherine Bourgain, Bärbel Friedrich, J. Keith Joung, Jinsong Li, David Liu, Luigi Naldini, Jing-Bao Nie, Renzong Qiu, Bettine Schöne-Seifert, Feng Shao, Sharon Terry, Wensheng Wei, Ernst-Ludwig Winnacker. 2019. Adopt a moratorium on heritable genome editing. *Nature* 567, S. 165–168. DOI: 10.1038/d41586-019-00726-5.

Lanphier, Edward, Fyodor Urnov, Sarah E. Haecker, Michael Werner, Joanna Smolenski. 2015. Don't edit the human germ line. *Nature* 519, S. 410–411. <https://doi.org/10.1038/519410a>.

Ledford, Heidi. 2016. CRISPR: gene editing is just the beginning. *Nature* 531, S. 156–159. <https://doi.org/10.1038/531156a>.

Ledford, Heidi. 2019. *Precise CRISPR tool could tackle host of genetic diseases*. *Nature* 574 (7779), S. 464–465. DOI: 10.1038/d41586-019-03164-5.

Lee, Yoo Y. 2020. Genome Editing or Genome Cutting? Communicating CRISPR in the British and German Press. *Yearbook of the German Cognitive Linguistics Association* 8 (1), S. 45–66. <https://doi.org/10.1515/gcla-2020-0004>.

Maasen, Sabine. 1995. Who is afraid of Metaphors? In *Biology as Society, Society as Biology: Metaphors*, hrsg. v. Sabine Maasen, Everett Mendelsohn, Peter Weingart. Dordrecht: Kluwer Academic Publisher, S. 11–35.

Maasen, Sabine, Everett Mendelsohn, Peter Weingart (Hrsg.). 1995. *Biology as Society, Society as Biology: Metaphors*. Dordrecht: Kluwer Academic Publisher.

Maben, Alex, J. 2016. The CRISPR Fantasy: Flaws in Current Metaphors of Gene-Modifying Technology. *Inquiries Journal* 8 (6). <http://www.inquiriesjournal.com/a?id=1422>.

Mali, Prashant, Luhan Yang, Kevin M. Esvelt, John Aach, Marc Guell, James E. DiCarlo, Julie E. Norville, George Church. 2013. RNA-Guided Human Genome Engineering via Cas9. *Science* 339 (6121), S. 823–826. <https://doi.org/10.1126/science.1232033>.

Maniatis, Tom, Ross C Hardison, Elizabeth Lacy, Joyce Lauer, Catherine O’Connel, D. Quon, G. K. Sim, A. Efstratiadis. 1978. The Isolation of Structural Genes from Libraries of Eucaryotic DNA, *Cell* 15, S. 687–701.

Maniatis, Tom, Edward. F. Fritsch, Joe Sambrook. 1982. *Molecular Cloning. A Laboratory Manual*. New York: Cold Spring Harbor Laboratory.

Marcon, Alessandro, Zubin Master, Vardit Ravitsky, Timothy Caulfield. 2019. CRISPR in the North American popular press. *Genetics in Medicine* 21 (10), S. 2184–2189. <https://doi.org/10.1038/s41436-019-0482-5>.

Marx, Jean L. 1988. Gene Transfer is Coming on Target. *Science* (n. F.) 242 (4876), S. 191–192. <https://doi.org/10.1126/science.3175649>.

Max-Planck-Gesellschaft 2019. *Diskussionspapier zur wissenschaftlichen Bedeutung der Genom-Editierung und zu den potenziell damit verbundenen ethischen, rechtlichen und gesellschaftlichen Fragen*. München: Max-Planck-Gesellschaft. <https://www.mpg.de/13953957/positionspaper-genom-editierung-max-planck-gesellschaft.pdf>.

Max-Planck-Gesellschaft 2019b. *Stellungnahme zu den wissenschaftlichen und translationalen Auswirkungen der Genom-Editierung und daraus resultierenden ethischen, rechtlichen und gesellschaftlichen Fragen*. München: Max-Planck-Gesellschaft. <https://www.mpg.de/13501764/positionspaper-genom-editierung-mpg-de.pdf>.

Merriman, Ben. 2015. “Editing”: A productive metaphor for regulating CRISPR. *American Journal of Bioethics* 15 (12), S. 62–64. <https://doi.org/10.1080/15265161.2015.1103806>.

Morange, Michel. 2015. What history tells us XXXVII: CRISPR-Cas: The discovery of an immune system in prokaryotes. *Journal of Biosciences* 40, S. 221–223. <https://doi.org/10.1007/s12038-015-9532-6>.

Morange, Michel. 2016. What history tells us XL: The success story of the expression “genome editing”. *Journal of Biosciences* 41, S. 9–11. <https://doi.org/10.1007/s12038-016-9597-x>.

Morange, Michel. 2020. *The Black Box of Biology. A History of Molecular Revolution*. Cambridge: Harvard University Press.

Moscou, Matthew J., Adam J. Bogdanove. 2009. A Simple Cipher Governs DNA Recognition by TAL Effectors. *Science* 326 (5959), S. 1501. <https://doi.org/10.1126/science.1178817>.

Müller, Ulrike. 1999. Ten years of gene targeting: targeted mouse mutants, from vector design to phenotype analysis. *Mechanisms of Development* 82, S. 3–21. [https://doi.org/10.1016/S0925-4773\(99\)00021-0](https://doi.org/10.1016/S0925-4773(99)00021-0).

Müller-Wille, Staffan, Hans-Jörg Rheinberger. 2009. *Das Gen im Zeitalter der Postgenomik. Eine wissenschaftshistorische Bestandsaufnahme*. Berlin: Suhrkamp.

Myelnikov, Dmitriy. 2015. *Transforming Mice: Technique and communication in the making of transgenic animals, 1974–1988*. Cambridge: Apollo. University of Cambridge Repository. <https://doi.org/10.17863/CAM.16164>.

Myelnikov, Dmitriy. 2019. Tinkering with genes and embryos: the multiple invention of transgenic mice c. 1980. *History and Technology* 35 (4), S. 425–452. <https://doi.org/10.1080/07341512.2019.1694126>.

National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine. 2017. *Human Genome Editing: Science, Ethics, and Governance*. Washington, DC: The National Academies Press. <https://doi.org/10.17226/24623>.

Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina, Deutsche Forschungsgemeinschaft und Union der deutschen Akademien der Wissenschaften 2019. *Wege zu einer wissenschaftlich begründeten, differenzierten Regulierung genomeditierter Pflanzen in der EU*. Halle (Saale): Leopoldina. https://www.leopoldina.org/uploads/tx_leopublication/2019_Stellungnahme_Genomeditierte_Pflanzen_web.pdf.

Nelkin, Dorothy, Susan Lindee. 1995. *The DNA Mystique. The Gene as a Cultural Icon*. New York: Freeman.

Nelson, Sarah C., J.-H Yu, Leah Ceccarelli. 2015. How Metaphors About the Genome Constrain CRISPR Metaphors: Separating the “Text” From Its “Editor.” *The American Journal of Bioethics* 15 (12), S. 60–62. <https://doi.org/10.1080/15265161.2015.1103815>.

Nerlich, Brigitte. 2015. *Gene editing, metaphors and responsible language use*. Nottingham: University of Nottingham Blogs. <https://blogs.nottingham.ac.uk/makingsciencepublic/2015/12/11/59072/>, zuletzt geprüft am 27.02.2024.

Nerlich, Brigitte. 2017. *Gene editing, metaphors and language choices*. Nottingham: University of Nottingham Blogs. <https://blogs.nottingham.ac.uk/makingsciencepublic/2017/11/17/genome-editing-metaphors-language-choices/>, zuletzt geprüft am 27.02.2024.

Nerlich, Brigitte/Aleksandra Stelmach. 2022. Gene drive communication: exploring experts’ lived experience of metaphor use. *New Genetics and Society* 41 (1), S. 3–22. <https://doi.org/10.1080/14636778.2021.2020633>.

Nuffield Council on Bioethics. 2016. *Genome editing: an ethical review*. London: Nuffield Council on Bioethics. <https://cdn.nuffieldbioethics.org/wp-content/uploads/Genome-editing-an-ethical-review.pdf>.

Nuffield Council on Bioethics. 2018. *Genome editing and human reproduction: social and ethical issues*. London: Nuffield Council on Bioethics. <https://cdn.nuffieldbioethics.org/wp-content/uploads/Genome-editing-and-human-reproduction-report.pdf>.

O’Keefe, Meaghan, Sarah Perrault, Jodi Halpern, Lisa Ikemoto, Mark Yarborough & UC North Bioethics Collaboratory for Life & Health Sciences. 2015. “Editing” Genes: A Case Study About How Language Matters in Bioethics. *The American Journal of Bioethics* 15 (12), S. 3–10. <https://doi.org/10.1080/15265161.2015.1103804>.

Oftedal, Gry. 2019. The Role of “Missile” and “Targeting” Metaphors in Nanomedicine. *Philosophia Scientiæ* 23 (1), S. 39–55. <https://doi.org/10.4000/philosophiascientiae.1742>.

Ortony, Andrew (Hrsg). 1979. *Metaphor and Thought*. Cambridge: Cambridge University Press.

Pacesa, Martin, Oana Pelea, Martin Jinek. 2024. Past, present, and future of CRISPR genome editing technologies. *Cell* 187 (5), 1076–1100. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.01.042>.

Pauly, Philip. 1987. *Controlling Life. Jacques Loeb and the Engineering Ideal in Biology*. Oxford: Oxford University Press.

Pennisi, Elizabeth. 2013. The CRISPR Craze. A bacterial immune system yields a potentially revolutionary genome-editing technique. *Science* 341, S. 833–836.

Porteus, Matthew H., David Baltimore. 2003. Chimeric Nucleases Stimulate Gene Targeting in Human Cells. *Science* 300 (5620), S. 763. <https://doi.org/10.1126/science.1078395>.

Rasmussen, Nicolas. 2014. *Gene jockeys. Life science and the rise of biotech enterprise*. Baltimore: Johns Hopkins University Press.

Reynolds, Andrew S. 2022. *Understanding Metaphors in the Life Sciences*. Cambridge: Cambridge University Press.

Rheinberger, Hans-Jörg. 2006. *Epistemologie des Konkreten. Studien zur Geschichte der modernen Biologie*. Frankfurt a. M.: Suhrkamp.

Rheinberger, Hans-Jörg. 2023. Spotlight: Die Metaphernwelt der Molekularbiologie und molekularen Medizin. In *Gen- und Zelltherapie 2.023 – Forschung, klinische Anwendung und Gesellschaft*. AG Gentechnologiebericht mit freundlicher Unterstützung der DG-GT und des GSCN, hrsg. v. Boris Fehse, Hannah Schickl, Sina Bartfeld, Martin Zenke. Berlin: Springer, S. 307–314.

Rheinberger, Hans-Jörg, Staffan Müller-Wille. 2009. Technische Reproduzierbarkeit organischer Natur – aus der Perspektive einer Geschichte der Molekularbiologie. In *Bios und Zoe. Die menschliche Natur im Zeitalter ihrer technischen Reproduzierbarkeit*, hrsg. v. Martin Weiss. Frankfurt: Suhrkamp, S. 11–33.

Sander, Jeffrey D., J. Keith Joung. 2014. CRISPR-Cas systems for editing, regulating and targeting genomes. *Nature Biotechnology* 32 (4), S. 347–355. <https://doi.org/10.1038/nbt.2842>.

Sankar, Pamela L., Mildred K Cho., 2015. Engineering Values Into Genetic Engineering: A Proposed Analytic Framework for Scientific Social Responsibility. *The American Journal of Bioethics* 15 (12), S. 18–24. <https://doi.org/10.1080/15265161.2015.1104169>.

Sarasin, Philipp. 2003. Infizierte Körper, kontaminierte Sprachen. Metaphern als Gegenstand der Wissenschaftsgeschichte. In: Ders.: *Geschichtswissenschaft und Diskursanalyse*. Frankfurt: Suhrkamp, S. 191–230.

Sarkar, Sahotra. 1996. Biological Information: A Skeptical Look at Some Central Dogmas of Molecular Biology. In *The Philosophy and History of Molecular Biology. New Perspectives*, hrsg. v. Sahotra Sarkar. Dordrecht: Kluwer Academic Press, S. 187–231.

Schwerin, Alexander von, Anna Klassen, Christina Brandt. 2023. *Gentechnik und die Max-Planck-Gesellschaft. Ein Streitfall zwischen Wissenschaft, Politik und Öffentlichkeit* (= Ergebnisse des Forschungsprogramms Geschichte der Max-Planck-Gesellschaft, hrsg. v. F. Schmaltz, J. Renn, C. Reinhardt, J. Kocka) Preprint 24, Berlin 2023; DOI: 10.17617/2.3552463.

Seydel, Caroline. 2023. DNA writing technologies moving toward synthetic genomes. *Nature Biotechnology* 41, S. 1504–1509 <https://doi.org/10.1038/s41587-023-02006-0>.

Sinsheimer, Robert. 1967. *Book of Life*. Boston: Adison-Wesley.

Spemann, Hans. 1924. Vererbung und Entwicklungsmechanik. *Die Naturwissenschaften* 12 (4), S. 65–79.

Takahashi, Kazutoshi, Shinya Yamanaka. 2006. Induction of pluripotent stem cells from mouse embryonic and adult fibroblast cultures by defined factors. *Cell* 126 (4), S. 663–676, DOI: 10.1016/j.cell.2006.07.024.

Thomas, Kirk R., Mario R. Capecchi. 1987. Site-Directed Mutagenesis by Gene Targeting in Mouse Embryo-Derived Stem Cells. *Cell* 51 (3), S. 503–512. [https://doi.org/10.1016/0092-8674\(87\)90646-5](https://doi.org/10.1016/0092-8674(87)90646-5).

Thomas, Kirk R., Kim R. Folger, Mario R. Capecchi. 1986. High Frequency Targeting of Genes to Specific Sites in the Mammalian Genome. *Cell* 44 (3), S. 419–428. [https://doi.org/10.1016/0092-8674\(86\)90463-0](https://doi.org/10.1016/0092-8674(86)90463-0).

Travis, John. 2015a. Making the cut. CRISPR genome editing technology shows its power. *Science* 350 (6267), S. 1456–1457. DOI: 10.1126/science.350.6267.1456.

Travis, John. 2015b. Germline editing dominates DNA summit: Prospect of heritable changes sparks questions about safety, ethics, and rationale. *Science* 350 (6266), S. 1299–1300. <https://doi.org/10.1126/science.350.6266.1299>.

Turney, John 2005. The sociable gene: Finding a working metaphor to describe the function of genes in an organism might help to ease public fears and expectations of genomic research. *EMBO reports* 6 (9), S. 808–810. <https://doi.org/10.1038/sj.embor.7400521>.

Urnov, Fyodor D., Jeffrey C. Miller, Ya-Li Lee, Christian M. Beausejour, et al. 2005. Highly efficient endogenous human gene correction using designed zinc-finger nucleases. *Nature* 435 (7042), S. 646–651. <https://doi.org/10.1038/nature03556>.

Urnov, Fyodor D., Edward J. Rebar, Michael C. Holmes, H. Steve Zhang, Philip D. Gregory. 2010. Genome editing with engineered zinc finger nucleases. *Nature Reviews Genetics* 11 (9), S. 636–646. <https://doi.org/10.1038/nrg2842>.

Wang, Fangyuan, Lei S. Qi. 2016. Applications of CRISPR Genome Engineering in Cell Biology. *Trends in Cell Biology* 26 (11), S. 875–888. <https://doi.org/10.1016/j.tcb.2016.08.004>.

Watson, James, Francis Crick. 1953. Genetical Implications of the Structure of Deoxyribonucleic Acid. *Nature* 171, S. 964–967.

Weingart, Peter. 1995. “Struggle for Existence”: Selection and Retention of a Metaphor. In *Biology as Society, Society as Biology: Metaphors*, hrsg. v. Sabine Maasen, Everett Mendelsohn, Peter Weingart. Dordrecht: Kluwer Academic Publisher, S. 127–151.

Weinrich, Harald. 1971. Bildfeld. In *Historisches Wörterbuch der Philosophie*, Bd. 1, hrsg. v. Joachim Ritter. Basel: Schwabe Verlag, Sp. 921.

Weinrich, Harald. 1976. *Sprache in Texten*. Stuttgart: Klett.

Weitze, Marc-Denis, Alfred Pühler, et al. (Hrsg.). 2012. *Biotechnologie-Kommunikation: Kontroversen, Analysen, Aktivitäten*. Acatech Diskussion. Berlin: Springer Vieweg.

Willer, Stefan. 2005. Metapher/metaphorisch. In *Ästhetische Grundbegriffe. Historisches Wörterbuch in sieben Bänden*, hrsg. v. Karlheinz Bark, Bd. 7. Supplemente, Register. Stuttgart: Metzler, S. 89–148.

Wright, Addison V., James K. Nunez, Jennifer A. Doudna. 2016. Biology and Applications of CRISPR Systems: Harnessing Nature's Toolbox for Genome Engineering. *Cell* 164 (1–2), S. 29–44. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2015.12.035>.

Wright, Susan. 1994. *Molecular Politics. Developing American and British Regulatory Policy for Genetic Engineering, 1972–1982*. Chicago: University of Chicago Press.

Yi, Dogaab. 2015. *The Recombinant University. Genetic Engineering and the emergence of Stanford Biotechnology*. Chicago: University of Chicago Press.

Die Buchreihe

Die Bücher der Reihe «Beiträge zur Ethik und Biotechnologie» können über das Bundesamt für Bauten und Logistik BBL, Verkauf Bundespublikationen, CH-3003 Bern, www.bundespublikationen.admin.ch (Artikel-Nummer angeben) oder über den Buchhandel bezogen werden. Als PDF können sie von der Website der Eidgenössischen Ethikkommission für die Biotechnologie im Ausserhumanbereich EKAH www.ekah.admin.ch heruntergeladen werden.

In der Buchreihe
«Beiträge zur Ethik und Biotechnologie»
bisher erschienen:



Andreas Bachmann
Nanobiotechnologie
Eine ethische Auslegeordnung
2006

126 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.001
ISBN: 978-3-905782-00-4

Die Nanobiotechnologie verfügt über ein enormes Potenzial. Dies lässt sich anhand von breiten (möglichen) Anwendungen in der Biomimetik, Medizin, Landwirtschaft und Ernährung («Nano-Food») verdeutlichen. Das Buch legt die in der Literatur diskutierten ethischen Aspekte der Nanobiotechnologie dar. Es handelt sich hierbei um die Aspekte Risiken für Mensch und Umwelt, Gerechtigkeit («Nano-Divide»), militärische Anwendungen, Datenschutz, Nanomedizin und Enhancement. Es liefert keine Antworten, sondern soll helfen, die Diskussion über den ethisch angemessenen Umgang mit der Nanobiotechnologie besser zu strukturieren.



Jürg Stöcklin
Die Pflanze
Moderne Konzepte der Biologie
2007

77 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.002
ISBN: 978-3-905782-01-1

Die Schweizerische Gesetzgebung verlangt, dass nicht nur bei Tieren, sondern auch bei Pflanzen die Würde der Kreatur geachtet wird. Bei Tieren gibt es gewisse Anhaltspunkte, worin ihre Würde besteht. Bei Pflanzen stellt sich die Frage, welche ihrer Eigenschaften Würde begründen könnten. Das Buch befasst sich aus der Sicht der modernen Biologie mit Pflanzen und deren Unterscheidung von Tieren. Auch wenn sie sich in ihrer Organisation grundsätzlich unterscheiden, so sind sie sich hinsichtlich ihrer zellulären Strukturen und dem Grad ihrer Komplexität doch sehr ähnlich. Das Buch beschreibt die Fähigkeiten von Pflanzen, Informationen aus ihrer Umgebung aufzunehmen, zu speichern und darauf zu reagieren. Vor diesem Hintergrund wird argumentiert, dass die Unterschiede zwischen Pflanzen und Tieren lediglich gradueller Natur sind. Aus biologischer Sicht kann keine Höherentwicklung von Tieren im Vergleich zu Pflanzen postuliert werden.



Andreas Brenner
Leben
Eine philosophische
Untersuchung
2007

192 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.003
ISBN: 978-3-905782-02-8

«Was ist Leben?» Zunächst wird gezeigt, warum diese Frage so schwierig zu beantworten ist und warum auch die Biowissenschaft wenig zur Aufklärung dieser Frage beiträgt. Im Unterschied dazu beschäftigt sich die Philosophie seit ihren Anfängen intensiv mit der Frage nach dem Leben. Biophilosophische Theorien des 20. Jahrhunderts greifen auf diese Positionen zurück und machen von unterschiedlichsten Ansätzen ausgehend die Selbstbezüglichkeit von Leben deutlich. Der so gewonnene Lebens-Begriff wird an Entwürfen «Künstlichen Lebens» getestet, z.B. an Projekten der Synthetischen Biologie. Dabei wird untersucht, ob und inwiefern der Lebens-Begriff hier anwendbar ist. Zum Abschluss der Untersuchung wird die Selbstbezüglichkeit von Lebendigem noch einmal aufgegriffen. Jüngste naturwissenschaftliche Beobachtungen lassen sich dahingehend deuten, dass Leben sich in der Stiftung von Sinn und Bedeutung artikuliert.



Benjamin Rath
Ethik des Risikos
Begriffe, Situationen,
Entscheidungstheorien
und Aspekte
2008

203 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.005.d
ISBN: 978-3-905782-03-5

Welchen Risiken darf eine Person sich selbst und andere aussetzen? «Ethik des Risikos» befasst sich mit der ethischen Bewertung von Handlungsentscheidungen, deren Umsetzung mit Unsicherheit verbunden ist. Im ersten Teil werden die wesentlichen risikoethischen Begriffe definiert und verschiedene Risikosituationen voneinander abgegrenzt. Im zweiten Teil werden drei unterschiedliche Entscheidungstheorien der Risikoethik (Bayesianische Entscheidungstheorie, Maximin-Prinzip, Precautionary Principle) diskutiert. Diese umfassen Positionen, die von einem durch Rationalität geprägten Ansatz reichen bis hin zu einem, der die Vermeidung des worst case anstrebt. Im dritten Teil werden weitere für die risikoethische Debatte bedeutende Aspekte ansatzweise ausgeführt, z. B. die Funktion der Zustimmung und der Kompensation, Individualrechte sowie die Eigentumsrechte an Risiken und deren Verteilung.



Joachim Boldt, Oliver Müller,
Giovanni Maio
Synthetische Biologie
Eine ethisch-philosophische
Analyse
2009

107 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.006.d
ISBN: 978-3-905782-04-2

Synthetische Biologie hat, ähnlich wie Physik und Chemie, nicht nur die Analyse, sondern auch den Nach- und Neubau ihrer Gegenstände zum Ziel. Mit der Vision von der Erschaffung neuer einzelliger Lebensformen rückt dieses Forschungsfeld Lebendiges in den Bereich technischer Erzeugbarkeit. Die Autoren differenzieren Forschungsfeld und Anwendungsgebiete der Synthetischen Biologie und systematisieren die zentralen ethischen Fragen. Anhand von Metaphern wie «living machine» verdeutlichen sie, wie unklar der ontologische Status des neu geformten Lebendigen werden kann. Darüber hinaus argumentieren sie, dass der Schritt von der gentechnischen Manipulation zur Kreation neuer Lebensformen Konsequenzen für das menschliche Selbstverständnis haben kann. Missbrauchsgefahren werden ebenso diskutiert wie die Notwendigkeit der Prüfung von Risiken einer unkontrollierten Verbreitung synthetischer Organismen.



Bernard Baertschi
La vie artificielle
Le statut moral des êtres
vivants artificiels
2009

122 pages
Numéro d'article OFCL/BBL:
810.007.f
ISBN : 978-3-905782-05-9

Ce volume pose la question du statut moral des êtres vivants artificiels. Il est important de déterminer ce statut, car c'est sur lui que nous nous appuyons pour savoir comment nous devons les traiter et quelles limites la morale imposera à l'usage que nous en ferons. Jusqu'à présent, les êtres vivants que nous connaissons étaient tous naturels, mais si nous produisons des organismes artificiels, ce caractère artificiel aura-t-il un impact sur leur statut moral?

Pour pouvoir y répondre, cet ouvrage commence par préciser ce que signifie l'attribution d'un statut moral à une entité. Puis, défendant une conception de la vie qui se veut en accord avec les sciences biologiques, il examine les différentes significations que prend l'opposition du naturel et de l'artificiel. En conclusion, il établit que le fait qu'un organisme vivant soit naturel ou artificiel n'a aucun impact sur son statut moral.



Arianna Ferrari, Christopher
Coenen, Arnold Sauter
Animal Enhancement
Neue technische Möglichkeiten
und ethische Fragen
2010

228 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.008.d
ISBN: 978-3-905782-06-6

Die Debatte über ethische Aspekte des «Human Enhancement» wirft auch ein neues Licht auf die wissenschaftlich-technische «Verbesserung» von Tieren. Zwar ist «Animal Enhancement» in vielerlei Hinsicht ein altbekanntes Phänomen. In der Landwirtschaft werden Tiere seit langem gezielt verbessert, und einige Tierversuche lassen sich gleichfalls so begreifen. Während aber die Debatte um «Human Enhancement» stark von der Basisunterscheidung zwischen Heilen und Verbessern geprägt ist, ist diese Unterscheidung im Tierbereich weitgehend irrelevant. Durch aktuelle wissenschaftlich-technische Tendenzen ändern sich aber zumindest die Interventionstiefe und potenziell auch die ethische Bedeutung der Eingriffe. Dieses Buch bietet einen breiten Überblick über Entwicklungen im Bereich der konvergierenden Technologien und Wissenschaften, die für «Animal Enhancement» relevant sind, und diskutiert zentrale ethische Fragen.



Peter Kunzmann,
Nikolaus Knoepffler
Primaten
Ihr moralischer Status
2011

120 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.009.d
ISBN: 978-3-905782-07-3

Die «Primaten» als Tierordnung wurden in den letzten Jahren in ihrem rechtlichen und moralischen Status teils erheblich aufgewertet. Worauf gründet sich diese Neubewertung? Was leisten die ethischen Argumentationen, die ihr zugrunde liegen? Ist es der «Affen» Nähe und Ähnlichkeit zum Menschen, die sie so besonders im Tierreich machen? Oder sind sie ethisch gar nicht mehr als «Tiere» zu behandeln, sondern als «Personen»?

Die vorliegende Studie argumentiert auf dem Grund jener einzigartigen Fähigkeiten und Eigenschaften, die Primaten zu ganz besonderen Subjekten ihres Lebens macht. Von hier aus rechtfertigt sich ihr moralischer Status, ihre Würde, die sich vor neuen technischen Eingriffen zu bewähren hat.



Helmut Segner
Fish
Nociception and pain
A biological perspective
2012

94 pages
Article number:
810.010.en
ISBN: 978-3-905782-08-0

This volume aims to evaluate critically the evidence from biological studies into whether fish possess the capacity for nociception, the sensing of a noxious stimulus, and for pain perception, the awareness of the noxious stimulus. Fish are often considered «primitive», reflex-driven vertebrates, with few cognitive abilities and lacking the neuronal structures and functions necessary for pain perception. Recent research has increasingly challenged this view. An important milestone was reached when the presence of functional nociceptors in fish could be demonstrated. In contrast to nociception, the question of pain perception in fish is still controversially discussed. This volume reviews neuro-anatomical, neurophysiological and behavioural evidence for or against the ability of fish to feel pain.



Markus Wild
Fische
Kognition, Bewusstsein und
Schmerz
Eine philosophische Perspektive
2012

187 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.011.d
ISBN: 978-3-905782-09-7

Das Bild vom Fisch hat sich durch die Forschung der letzten 20 Jahre erheblich verändert. Fische gelten nicht mehr als Reflexmaschine, sondern als kognitive Wesen. Sie leben in komplexen sozialen Gemeinschaften, können Individuen unterscheiden, ihren Status verfolgen, kooperieren und voneinander lernen. Neben kognitiven Fähigkeiten ist auch das Bewusstsein bei Fischen in den Fokus der Aufmerksamkeit gerückt worden. Fische verfügen über die Voraussetzungen, um Schmerzen zu empfinden. Diese Entdeckung hat zur Debatte geführt, ob Fische wirklich Schmerzen empfinden. Das wirft nicht nur biologische, sondern auch philosophische Fragen auf: Was ist Schmerz? Was ist Bewusstsein? Wie können wir erkennen, ob ein Wesen bewusste Empfindungen hat? Dieser Band diskutiert das neue Bild vom Fisch und argumentiert, dass Fische tatsächlich Schmerzen empfinden.



Daniela Thurnherr
*Biosecurity und Publikations-
freiheit*

Die Veröffentlichung heikler
Forschungsdaten im Spannungsfeld von Freiheit und Sicherheit –
eine grundrechtliche Analyse
2014

202 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.012.d
ISBN: 978-3-906211-00-8

Die Frage, ob bzw. wann die Publikation von Forschungsdaten aufgrund deren Missbrauchspotentials beschränkt werden darf, hat an Aktualität gewonnen. Die Studie beleuchtet das Spannungsverhältnis zwischen den Grundrechten der Forschenden einerseits und den Biosecurity-Risiken, die durch die Veröffentlichung heikler Forschungsdaten geschaffen werden, andererseits. Spezifische Herausforderungen für die Abwägung zwischen Freiheit und Sicherheit resultieren aus drei Umständen: Erstens lässt sich die Verbreitung von Wissen nicht auf dieselbe Weise kontrollieren wie jene von tangiblen Gütern. Zweitens liegt die Distribution wissenschaftlicher Erkenntnisse nicht nur im Interesse der Forschenden, sondern auch im öffentlichen Interesse. Und drittens ist die Entscheidungsfindung mit verschiedenen Ungewissheiten konfrontiert.



Christian Munthe
Precaution and Ethics
Handling risks, uncertainties
and knowledge gaps in the
regulation of new biotechno-
logies
2017

79 pages
Article number:
810.013.en
ISBN: 978-3-906211-31-2

This volume outlines and analyses ethical issues actualized by applying a precautionary approach to the regulation of new biotechnologies. It presents a novel way of categorizing and comparing biotechnologies from a precautionary standpoint. Based on this, it addresses underlying philosophical problems regarding the ethical assessment of decision-making under uncertainty and ignorance, and discusses how risks and possible benefits of such technologies should be balanced from an ethical standpoint. It argues on conceptual and ethical grounds for a technology neutral regulation as well as for a regulation that not only checks new technologies but also requires old, inferior ones to be phased out. It demonstrates how difficult ethical issues regarding the extent and ambition of precautionary policies need to be handled by such a regulation, and presents an overarching framework for doing so.



Otto Schäfer
Digitale Sequenzinformationen
Ethische Fragen der Patentierung genetischer Ressourcen und des Eigentums an digitalisierten Sequenzinformationen
2020

98 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.0014.d
ISBN: 978-3-906211-70-1

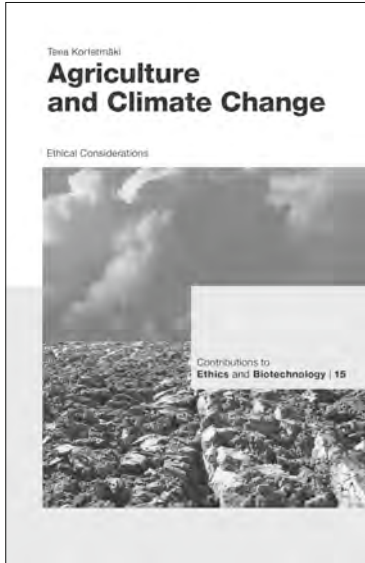
Dieser Band befasst sich mit dem Eigentum an digitalisierten Gensequenzen und genetischen Ressourcen überhaupt. Verfügungs- und Ausschließungsrechte an genetischen Ressourcen, sind seit Jahrzehnten kontrovers. Neu dagegen ist die ethische Beschäftigung mit digitalen Sequenzinformationen (DSI), also elektronisch gespeicherten, «immateriellen» Entsprechungen genetischer Ressourcen. Sind sie im Hinblick auf Eigentumsrechte genauso zu behandeln wie genetische Ressourcen im biochemischen Sinne? Im Zentrum der Betrachtung steht das Nagoya-Protokoll mit seinem Grundsatz «freier Zugang und Vorteilsausgleich». Gilt dieser Grundsatz auch für DSI, und wenn ja, wie lässt sich seine Praktikabilität verbessern? Der Autor nähert sich dieser Problematik durch eine philosophisch und vergleichende kulturgeschichtliche Darstellung der nötigen Grundlagen.



Herwig Grimm und
Christian Dürnberger
*Genome Editing und
Gentherapie in der
Veterinärmedizin*
Ein ethisches Gutachten
2021

217 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.0015.d
ISBN: 978-3-906211-74-9

Dieser Band befasst sich mit Genome Editing Verfahren in der Veterinärmedizin. Er klärt, welche gentherapeutischen Massnahmen zukünftig möglich sind bzw. aktuell angestrebt werden und zielt auf ein besseres Verständnis der Vor- und Nachteile dieser Anwendungen in moralischer Hinsicht ab. Hierbei erfolgt nicht nur eine ethische Diskussion wesentlicher Kriterien und normativer Bezugspunkte veterinärmedizinischer Praxis, es wurde auch eine Befragung durchgeführt: Wie schätzen Expertinnen und Experten, die im Feld der neuen Verfahren forschen, die Entwicklungen in den verschiedenen Bereichen der Mensch-Tier-Beziehung ein? Welche Szenarien erscheinen ihnen in moralischer Perspektive wünschenswert? Welche lehnen sie ab? Das Gutachten zeigt, dass die Diskussion von Genome Editing in der Veterinärmedizin über Fragen des tierlichen Wohlbefindens hinausgeht.



Teesa Kortetmäki
*Agriculture
and Climate Change*
Ethical Considerations
2022

139 pages
Article number:
810.016.eng
ISBN: 978-3-906211-79-4

This volume examines the ethical issues that arise at the intersection of climate change, climate action, and agriculture. Climate change impacts will threaten agricultural production, food security, and food quality around the world and require large-scale adaptation measures in agriculture. Simultaneously, the significance of food related climatic emissions calls for systemic transformations that will change how we eat and will have far-reaching socioeconomic and cultural impacts. To understand the ethical dimensions of this complex issue, the report draws on food and agricultural ethics as well as interdisciplinary food system studies to provide a synthesis of agricultural and food ethics in times of climate change and different ways in which these questions can be approached.



Samuel Camenzind
Xenotransplantation
Neue gentechnische
Möglichkeiten –
neue ethische Fragen?
2023

175 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.017.d
ISBN: 978-3-906211-87-9

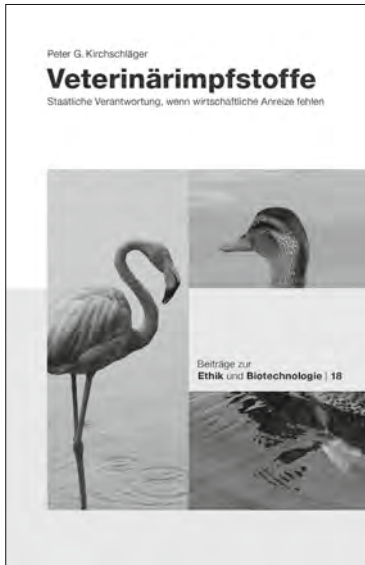
Dieser Band befasst sich mit ethischen Fragen der Xenotransplantation nach Einführung der Genome-Editing-Verfahren. Untersucht wird insbesondere, ob die aktuellen bio- und gentechnologischen Entwicklungen für die Ethik im Ausserhumanbereich neue ethische Fragen aufwerfen oder ob alte ethische Fragen neu zu beantworten sind. Neben der Darstellung der medizinischen und biotechnologischen Grundlagen wird die Xenotransplantation mit Bezug auf die Würde der Kreatur und zeitgenössische Positionen der Ethik der Mensch-Tierbeziehung analysiert und bewertet. Das Gutachten zeigt, dass die Genomeditierung für die Xenotransplantation in Bezug auf die Ethik im Ausserhumanbereich keine qualitativ neuen ethischen Fragen generiert. Die biotechnologischen Entwicklungen sollten jedoch zum Anlass genommen werden, bestehende ethische Fragen in verschärfter sowie dringlicher Weise zu diskutieren.



Eidgenössische Ethikkommission für Biotechnologie im Ausserhumanbereich EKAH und Ariane Willemsen (Hrsg.)
Ethik im Ausserhumanbereich
Beiträge zum aktuellen Diskurs

212 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.018.d
ISBN: 978-3-906211-89-3

Am 17. Mai 1992 wurde ein neuer Verfassungsartikel über den ausserhumanen Bereich der Gentechnologie mit dem Schutzziel «Würde der Kreatur» in die Schweizer Bundesverfassung aufgenommen. Damit kamen auf die Rechtsetzung und den Rechtsvollzug neue Aufgaben aus dem Gebiet der Ethik zu. Im April 1998 wurde die EKAH als ausserparlamentarische Kommission eingesetzt mit dem Auftrag, den Bundesrat und die Bundesverwaltung in ihrem gesetzlich verankerten Mandatsbereich aus ethischer Sicht zu beraten. Dieser Band versammelt Texte ehemaliger und aktiver Kommissionsmitglieder sowie der Geschäftsstelle. Sie beleuchten aus verschiedenen ethischen und disziplinären Blickwinkeln eine Auswahl aktueller und aktuell bleibender Themen der Kommission und reflektieren die Rahmenbedingungen und Umsetzung des Kommissionsmandats.



Peter G. Kirchschräger
Veterinärimpfstoffe
Staatliche Verantwortung,
wenn wirtschaftliche Anreize
fehlen

100 Seiten
BBL-Artikelnummer:
810.019.d
ISBN: 978-3-906211-90-9

Viruskrankheiten sind nicht nur für erkrankte Wildtiere eine Gefahr, sie können eine ganze Tierart oder viele Tierarten zugleich betreffen. Es besteht zudem das Risiko, dass sie auf Zoo- und Nutztiere übergreifen und zum Krankheitserreger für Menschen werden. Gefährden Epidemien Wildtiere sowie Zoo- und Nutztiere, erweisen sich fehlende wirtschaftliche Anreize für die Entwicklung und Produktion von Impfstoffen als Herausforderung. Es wird zu wenig an Impfstoffen geforscht und für Unternehmen lohnt sich die Entwicklung und Produktion nicht. Dieser Band befasst sich mit der wirtschaftsethischen Frage, ob Forschung, Entwicklung und Produktion vor diesem Hintergrund allein dem freien Markt überlassen werden sollen oder ob sich eine staatliche Verantwortung ergibt und wie in diesem Kontext eine durch Patente angestrebte Innovationsförderung einzuordnen ist.

