Unser Erbgut ist aus Viren aufgebaut

Thomas Hardtmuth

Die modernsten genetischen Sequenzier-Geräte sind nicht viel grösser als ein Smartphone und bestimmen die gesamten Nukleotidsequenzen eines Organismus innerhalb weniger Stunden. Als im Jahre 2001 das erste menschliche Genom sequenziert war, hatten hunderte Wissenschaftler viele Jahre gearbeitet und Kosten in Milliardenhöhe verursacht.

Mittlerweile sind unzählige Genome von Menschen, Tieren, Pflanzen, Bakterien und Viren entschlüsselt und es lassen sich dadurch evolutive Entwicklungslinien und Stammbäume nachzeichnen, die in vielerlei Hinsicht unser evolutionsbiologisches Verständnis revolutionieren. Eine der bedeutendsten Entdeckungen ist, dass unser rezentes Genom weniger die Folge von Mutation und Selektion ist, wie es die Synthetische Theorie des Neodarwinismus lehrt, sondern das Ergebnis von unzähligen genetischen Austauschprozessen darstellt, deren ursprüngliche Vermittler die Viren sind. Die gesamte Gen-Physiologie, genetische Rekombinationen, Translation, Transkription und Transposition, wie sie innerhalb der eukaryotischen Zelle konserviert sind, waren ursprünglich exogene virale Prozesse!

Die renommierte Virologin Karin Mölling zählt die Entdeckung der viralen Herkunft unseres Genoms zu den wichtigsten wissenschaftlichen Errungenschaften des 21. Jh. (Mölling 2015). Seit der Frühgeschichte des Lebens gibt es keinen Organismus, der nicht von Viren – meist mehrfach – besiedelt worden wäre. Pathogene Viren, die die befallenen Zellen auflösen (lytischer Lebensstil) sind nur ein Ausnahmefall; in der Regel sind virale Kolonisationen (sesshafter Lebensstil) von Organismen mit einem evolutiven Fortschritt verbunden, indem neue phänotypische Eigenschaften oder gewisse immunologische Kompetenzen auf den Wirt übertragen werden. Nur bei Stressbelastung des Wirtsorganismus kann ein sesshaftes Virus in einen lytischen Lebensstil konvertieren, d.h. die potentiell neu veranlagte Fähigkeit kann auch einen krisenhaften Krankheitszustand auslösen. Das Verständnis der genetischen Evolution ändert sich damit grundlegend. Die internalisierten, sesshaften Viren sind somit genetisch mitentscheidend für evolutive Innovationen und Artenvielfalt. Zufällige Mutationen sind also für die Evolution des Genoms nicht zwingend erforderlich.

Der horizontale Gentransfer, der bislang nur den Prokaryonten zugeschrieben wurde, ist nach den neuen Erkenntnissen viel weiter verbreitet als bisher angenommen und spielt auch bei allen höheren Lebensformen eine Rolle. Hierbei werden nicht nur einzelne Gene und Plasmide transferiert,

sondern an diesem Vorgang sind immer auch Viren aus der Umgebung mitbeteiligt, die zusätzlich genetische Informationen in diese Austauschprozesse einbringen oder auch herausziehen.

Viren sind die häufigsten Lebensformen überhaupt. 1 ml Meerwasser enthält durchschnittlich etwa 1 Million Bakterien, etwa zehnmal so viele Viren, unzählige Virenfragmente und RNA-Partikel. Viren mutieren etwa tausend Mal schneller als Bakterien und eine Million Mal schneller als menschliche Körperzellen. Sie haben damit ein enorm hohes Evolutionsstempo je nach Umweltsituation. Man kann es als Regel betrachten, dass die Virenaktivität in einem biologischen System bei Stress im Sinne eines erhöhten Anpassungs- bzw. Selektionsdruckes ansteigt, d.h. es kommt zu einer Intensivierung der interzellulären Kommunikation mit erhöhtem Genaustausch. Die Folge sind gezielte genetischen Umbauprozesse, die der US-amerikanische Biochemiker *James Alan Shapiro* als das «Natural Genetic Engineering» bezeichnet (2013). Die Viren sind dabei die ursprünglichen genetischen «Agenten» dieser evolutiven Dynamik und verkörpern damit gewissermassen die genetische Ur-Substanz der Erde.

Die alte Frage, ob man die Viren überhaupt zu den Lebewesen zählen darf, beantwortet sich von selbst, wenn wir den aussichtslosen Versuch der lokalen Zuschreibung von «Leben» aufgeben und zu einem erweiterten Organismus-Begriff finden. Die aktuell intensiv betriebene Mikrobiomforschung zeigt immer deutlicher, dass sich die Funktionen von Viren und Bakterien weniger aus ihrer Eigengesetzlichkeit bzw. aus ihren genetischen Determinanten ergeben, sondern vielmehr aus den peripheren Lebenszusammenhängen, in die sie eingebettet sind (vgl. *Hardtmuth* 2017). Ihr Verhalten ist damit im Gegensatz zu höheren Organismen hochgradig extrinsisch. D.h. auch, dass ihre Analyse als Einzelorganismen ohne Kenntnis des systemischen Umkreiskontextes wenig ergiebig ist. So werden die meisten bakteriellen Toxine von Viren erzeugt, die als Bakteriophagen aus der Umgebung aufgenommen werden. Die Mikroorganismen sind Glieder eines «grösseren Organismus'», der sich uns aber nicht als geschlossene, sichtbare Gestalt darbietet. Daher ist die Anzucht von bakteriellen Monokulturen nur bei etwa einem Prozent der Keime möglich. Ein Magen, ein Finger oder ein Gehirn lassen sich ebenso wenig als einzelne Lebewesen erhalten wie die meisten Mikroben. Die gesunde Homöostase von grösseren Ökosystemen wie Böden und Gewässern hängt wesentlich mit der «prä-organismischen» Gesamtheit einer intakten Mikrobiosphäre zusammen. Die Einzel-Analyse von Mikroorganismen ohne Berücksichtigung ihres systemischen Bezugsrahmens stellt ein methodisches Grundproblem dar, welches schon zu zahlreichen Irrtümern, v.a. im medizinischen Denken geführt hat. Wir wollen diesen wichtigen Punkt an einem Beispiel verdeutlichen: