

Leben als Maschine: Wie entschlüsseln wir den Corona-Kode?

Prof. Dr. Klaus Mainzer
TUM Senior Excellence Faculty
Technische Universität München

Klaus Mainzer

Leben als Maschine: Wie entschlüsseln wir den Corona-Kode?

Von der Systembiologie und Bioinformatik
zu Robotik und Künstlicher Intelligenz

2. überarbeitete und erweiterte Auflage
des Buches »Leben als Maschine?«

BRILL | mentis

Abbildung des Corona-Virus: © peterschreiber.media, Adobe Stock
Umschlagabbildung: © fotolia.de, Tonis Pan

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

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

Alle Rechte vorbehalten. Dieses Werk sowie einzelne Teile desselben sind urheberrechtlich geschützt. Jede Verwertung in anderen als den gesetzlich zugelassenen Fällen ist ohne vorherige schriftliche Zustimmung des Verlags nicht zulässig.

2., überarbeitete und erweiterte Auflage 2020

© 2010 mentis Verlag, ein Imprint der Brill-Gruppe (Koninklijke Brill NV, Leiden, Niederlande; Brill USA Inc., Boston MA, USA; Brill Asia Pte Ltd, Singapore; Brill Deutschland GmbH, Paderborn, Deutschland)

Internet: www.mentis.de

Einbandgestaltung: Anne Nitsche, Dülmen (www.junit-netzwerk.de)

Wissenschaftlicher Satz: satz&sonders GmbH, Dülmen

Herstellung: Brill Deutschland GmbH, Paderborn

ISBN 978-3-95743-222-3 (paperback)

ISBN 978-3-95743-689-4 (e-book)

Inhalt

| | |
|---|-----|
| Einleitung: Die Corona-Maschine – Kodeknacker retten Leben | 7 |
| Einführung (zur 1. Auflage) | 15 |
| Kapitel 1: Historische Anfänge | 27 |
| »Der Mensch – eine Maschine« (La Mettrie) | 27 |
| Natürliche Automaten und Berechenbarkeit der Welt (Leibniz) | 28 |
| Selbstorganisation des Lebens versus Maschine (Von Aristoteles bis Kant) | 35 |
| Evolution und Selektion des Lebens (Darwin) | 39 |
| Anfänge der Rechenmaschinen und Computer | 42 |
| Kapitel 2: Dynamische Systeme – Schlüssel zur Komplexität der Welt | 47 |
| Entropie und Zerfall (2. Hauptsatz der Thermodynamik) | 47 |
| Selbstorganisation und die Entstehung von Neuem | 49 |
| Von der linearen zur nichtlinearen Dynamik | 52 |
| Attraktoren komplexer dynamischer Systeme | 55 |
| Kapitel 3: Systembiologie – Schlüssel zur Komplexität des Lebens | 59 |
| Leben als komplexes dynamisches System | 59 |
| Zellen als komplexe dynamische Netzwerke | 63 |
| Biologische und technische Schaltpläne | 68 |
| Biologische Nanomaschinen und Nanomotoren | 78 |
| Mathematische Modelle komplexer zellulärer Netzwerke | 81 |
| Computermodelle komplexer zellulärer Netzwerke | 95 |
| Von der Systembiologie zur Medizin | 100 |
| Von der Systembiologie zur synthetischen Biologie | 103 |
| Kapitel 4: Bioinformatik – Schlüssel zum Kode des Lebens | 107 |
| Sequenzanalyse als biologische Computerlinguistik | 107 |
| Struktur- und Funktionsbestimmung in der Bioinformatik | 113 |
| Bayessche Wissenschaftstheorie in der Bioinformatik | 114 |
| Vom Bayesschen Lernen zum Machine Learning | 119 |
| Anwendungen neuronaler Netze in der Bioinformatik | 124 |

| | |
|--|------------|
| Markov-Modelle in der Bioinformatik | 128 |
| Kausalmodelle in der Bioinformatik | 130 |
| Lernalgorithmen entschlüsseln die Evolution | 137 |
| Lernalgorithmen auf dem Weg zu neuen Impfstoffen | 140 |
| Kapitel 5: Robotik – Schlüssel zur Komplexität der Technik | 147 |
| Roboter als Dienstleister | 147 |
| Humanoide Roboter | 152 |
| Kognitive Roboter | 157 |
| Evolutionäre Robotik und Organic Computing | 176 |
| Roboter mit Schwarmintelligenz | 193 |
| Evolution der Cyborgs | 200 |
| Kapitel 6: Künstliche Intelligenz – Schlüssel zur Komplexität des Geistes | 211 |
| Symbolische KI | 211 |
| Turingmaschine und Berechenbarkeit | 217 |
| Komplexität und Algorithmen | 223 |
| Intelligenz, Embodiment und Fuzziness | 232 |
| Emotionale Intelligenz und Affective Computing | 235 |
| Bewusstsein und Extended Mind | 244 |
| Kapitel 7: Cyberphysical Systems – Schlüssel zur Komplexität der Gesellschaft | 251 |
| Internet als künstliches Nervensystem | 251 |
| Künstliches Leben in der virtuellen WWW-Maschine | 260 |
| Mechatronische Systeme und Embodiment | 281 |
| Cyberphysical Systems und Extended Mind | 287 |
| Kapitel 8: Quo vadis Mensch und Maschine? | 297 |
| Symbiose von Mensch und Maschine | 297 |
| Cyberphysical Systems und vereinigte Theorie komplexer Netzwerke | 301 |
| Ethik, Maschinen und komplexe Netzwerke | 313 |
| Literaturverzeichnis | 333 |
| Glossar | 341 |
| Personenverzeichnis | 357 |
| Sachverzeichnis | 359 |

Einleitung: Die Corona-Maschine – Kodeknacker retten Leben

Als der Mathematiker und Computerpionier Alan M. Turing während des 2. Weltkriegs mit britischen und polnischen Kryptoanalytikern den Code der deutschen Enigma-Maschine entschlüsselt hatte, war die Gefährlichkeit der feindlichen Angriffswellen gebrochen. Nachrichten- und Informationsketten des Feindes konnten entschlüsselt, manipuliert und unterbrochen werden. Die Kodeknacker vom Bletchley Park entschieden maßgeblich über das Ende einer globalen Bedrohung. Auch die Beherrschung einer viralen Pandemie wie Corona Sars-CoV-2 wird entscheidend von der Entschlüsselung und Manipulation eines Codes abhängen. Die Maschine ist diesmal ein Virus und der Code eine biochemische Sequenz. Auch diesmal können Kodeknacker Leben retten.

Als dieses Buch 2010 veröffentlicht wurde, ging es von der Leitfrage aus, wie sich und bis zu welchem Ausmaß Leben als Maschine verstehen lässt. Das Buch verfolgte die historische Entwicklung von mechanischen Geräten über energieverarbeitenden Motoren bis zu informationsverarbeitenden Computern. Dabei schälte sich ein übergeordneter Systembegriff heraus, für den die genannten Beispiele von Maschinen nur spezielle Modelle sind. Unter dieser Voraussetzung konnten auch biochemische Systeme als »Maschinen« aufgefasst werden. Ein Virus lässt sich dann sogar in einem präzisen Sinn als informationsverarbeitende Maschine verstehen.

Dazu sei kurz an den logisch-mathematischen Begriff einer informationsverarbeitenden Rechenmaschine erinnert, den wiederum Turing 1936 erstmals auf den Punkt gebracht hatte. Im Buch wird die Turingmaschine ausführlich erläutert. Hier genügt der Hinweis, dass in einer Turingmaschine Informationen mit Symbolen (z. B. Bits 0 und 1) auf einem Band notiert werden. Einfache Instruktionen geben an, wie ein Schreib- und Lesekopf Symbole drucken, löschen, das Band nach links und rechts verschieben und schließlich nach Beendigung eines Programms stoppen kann. Die Annahme eines unbeschränkten Bandes entspricht der Annahme eines unbegrenzten bzw. nach Bedarf vergrößerbaren Rechenspeichers, wie er in technischen digitalen Computern seit vielen Jahren Alltag ist.

Statt eines Rechenbandes wird in einer mathematisch äquivalenten Registermaschine von einer unbeschränkten Anzahl von Registereinheiten ausgegangen, in denen Informationen verarbeitet werden. Das kommt der technischen Hardware von Chips in heutigen Computern näher. Aber lo-

gisch-mathematisch ist diese technische Architektur unerheblich. Entscheidend ist, dass jedes Smartphone, jeder Laptop oder Supercomputer im Prinzip eine Turingmaschine ist. Nach der Churchschen These lässt sich jedes berechenbare Computerprogramm auf einer Turingmaschine simulieren, unabhängig davon, auf welcher Hardware dieses Programm realisiert wird.

In diesem Sinn lässt sich auch ein Virus als molekulares System wie ein Computerprogramm verstehen, das auf einer Turingmaschine simuliert werden kann. Beim Knacken des Enigma-Kodes war Turing von der Idee inspiriert, die Enigma-Maschine auf einer Art Turingmaschine zu simulieren, um den verwendeten Kodes auf die Spur zu kommen. Die Schlüsselfrage lautet deshalb, ob uns die Idee der Turingmaschine auch helfen kann, die Informationsverarbeitung in Corona Sars-CoV-2 zu entschlüsseln, zu manipulieren und auszuschalten.

Viren enthalten ein molekular kodierte Programm, um sich auszubreiten und zu vermehren. Im Unterschied zu einer Zelle besitzen sie aber keinen eigenständigen Synthese-Apparat zur Vermehrung (Replikation) und keinen eigenen Stoffwechsel (Metabolismus). Dazu sind sie auf eine Wirtszelle angewiesen. Wegen dieser fehlenden Funktionen werden Viren in der Biologie in der Regel auch nicht als »lebende« Systeme verstanden. Sie stehen zwischen »toter« Materie und Leben. Die Nukleinsäuren eines Virus sind meistens von einer Proteinkapsel umschlossen, die als Kapsid bezeichnet wird.

Diese Umhüllung verleiht Viren eine Gestalt von verstörender Schönheit, wenn man die Gefährlichkeit der in ihr verborgenen Botschaft kennt. So ist das Kapsid eines Adenovirus ein perfektes Ikosaeder, also ein platonischer Körper von vollkommener Symmetrie. Auch die Kugelgestalt von SARS-CoV-2 wirkt wie der symmetrische Todesstern aus einem Star Wars-Film, wenn man weiß, was sich im Inneren verbirgt. Literarisch gebildeten Zeitgenossen fällt ein Zitat aus Thomas Manns Roman »Zauberberg« ein, in dem er Hans Castorp angesichts von Schneekristallen über die Lebensfeindlichkeit »kalter« Symmetrie sinnieren lässt:

... aber in sich selbst war jedes der kalten Erzeugnisse von unbedingtem Ebenmaß und eisiger Regelmäßigkeit, ja, dies war das Unheimliche, Widerorganische und Lebensfeindliche daran; sie waren zu regelmäßig, die zum Leben geordnete Substanz war es niemals in diesem Grade, dem Leben schaudert vor der genauen Richtigkeit, es empfand sie als tödlich, als das Geheimnis des Todes selbst.¹

1 T. Mann, *Der Zauberberg* (1924), GFKF (Große kommentierte Frankfurter Ausgabe) S. Fischer Verlage: Frankfurt 2002, 722–723

Was den Stoffwechsel einer Wirtszelle betrifft, so ähneln Viren einer App, also einer Anwendungssoftware wie z. B. eine Weckerfunktion, die auf die Systemsoftware z. B. eines Smartphones als »Wirtszelle« angewiesen ist. Was Viren aber besonders gefährlich und schwer kalkulierbar macht, ist die Replikation, also die Fähigkeit, sich evolutionär zu verändern. Unter diesem Gesichtspunkt gleicht ein molekularer Virus einem gefährlichen Phänomen im Zeitalter der Digitalisierung – dem Computervirus.

Ein Computervirus ist ein Programmcode, der sich mit einer Wirtsdatei verbindet und sich selbständig reproduzieren und (in besonders gefährlichen Fällen) verändern kann. Er verändert nicht nur Daten, sondern Funktionen und kann im schlimmsten Fall die Zerstörung des Wirtscomputers und der an den Computer angeschlossenen Systeme und Infrastrukturen auslösen. In der Informatik werden Computerviren zur Malware gezählt. Andere Malware wie Trojaner und Würmer unterscheiden sich von Computerviren, da sie andere Infektionswege nutzen. Während ein Computervirus von einem Wirtsprogramm abhängig ist, verbreiten sich Würmer selbstständig. Ein Computervirus dringt in ein System ein, kopiert sich selbst und infiziert andere Systeme über ein angeschlossenes Netzwerk. Ein Trojaner verbirgt sich in einer Software und täuscht dem Nutzer falsche Funktionen vor. Durch die Nutzung dieser Funktionen können Schadcodes ausgelöst werden.

Es könnte nun eingewendet werden, dass es sich bei der Rede von »Computerviren«, »Programmen« und »Kodes« um bloße Metaphern aus der Welt der Computer und Digitalisierung handelt. Tatsächlich ist der Programmcode eines Virus durch eine molekulare Sequenz aus Nukleinsäure realisiert. Derselbe Code wird im Computer »in silico« auf Siliziumchips dargestellt. Dazu muss das molekulare Alphabet der Aminosäuren nur in den binären Code von 0 und 1 übersetzt werden. Im Sinn einer Turingmaschine lässt sich das binäre Rechnen auch auf einem Fließband mit geöffneten und geschlossenen Bierflaschen für 0 und 1 vorstellen. Zur Berechnung und Voraussage der Funktionen eines Programms spielt die Realisierung der Codes im Prinzip keine Rolle. Siliziumchips sind für das Rechnen nur wesentlich effektiver als Bierflaschen. In Viren bieten sich Aminosäuren als Informationsträger an. Ob Silizium, Bierflaschen oder Aminosäuren – die Turingmaschine als Grundlage der Berechenbarkeit von Programmen und Algorithmen ist davon unabhängig.

Diese Einsicht ist keineswegs neu, sondern steht am Anfang neuzeitlicher Wissenschaft. Newtons mathematische Formel für physikalische Kraft kann ebenfalls unterschiedlich realisiert werden. Wir können uns menschliche Muskelkraft, Pferdestärke (PS), Dampfmaschine, Elektro-, Diesel- oder Otto-

Motoren vorstellen. Jedenfalls lassen sich damit effektive Messverfahren und genaue Voraussagen in Natur und Technik verbinden. Zudem ist es möglich, dass die angenommene Formel durch Experiment und Beobachtung überprüft, korrigiert und widerlegt werden kann.

Dabei zeigt sich aber auch, dass Newtons Kraftbegriff keineswegs universell ist, sondern von der Skalierung des Anwendungsbereichs abhängt: Für sehr große Schwerkraft wie in Schwarzen Löchern, große Geschwindigkeiten nahe der Lichtgeschwindigkeit und große kosmische Entfernungen müssen Newtons Formeln nach Einsteins Relativitätstheorie korrigiert werden. Für sehr kleine Abstände gelten die Gesetze der Quantenwelt. Ebenso muss der Informations- und Maschinenbegriff in der Quantenwelt verändert werden. Ein Quantensystem wie ein Elektron hat nicht entweder einen links- oder einen rechtsdrehenden Drehimpuls (Spin), sondern ist mit einer Wahrscheinlichkeit in dem einen und mit einer Restwahrscheinlichkeit in dem alternativen Zustand ausgestattet. Statt mit alternativen Bits von 0 und 1 rechnen Quantencomputer daher mit »überlagerten« Wahrscheinlichkeiten von Quantenbits.²

Jedenfalls setzt im Zeitalter Newtons eine Mathematisierung der Naturwissenschaft ein, die sich keineswegs auf die Physik im engeren Sinn beschränkte, sondern später auf Chemie, Biochemie und Biologie ausgeweitet wurde. Damit ist keineswegs eine Reduktion des »Lebens« auf die Gesetze der Physik gemeint. Vielmehr geht es um die erfolgreiche Ausweitung neuer und durchaus auch anderer mathematischer Methoden als in der Newtonschen Mechanik. Während in aristotelischer Tradition die Prinzipien der Naturphilosophie qualitativ gefasst waren, lautet der Titel von Newtons Hauptwerk »Principia Mathematica Philosophiae Naturalis«: Die Theorie der Physik bzw. theoretische Physik ist nun mathematisch.

Die »Principia Mathematica« fallen aber nicht auf einmal vom Himmel herab. Bis heute wirkt Newton auf nicht wenige Zeitgenossen wie Moses, der vom Berg herabstieg und nun die Grundgesetze der Physik in einem fremdartigen mathematischen Kode verkündete. Mathematik ist nichts Fremdartiges oder Rätselhaftes. Mathematik ist ein Ergebnis des gesunden Menschenverstandes, der sich präzise formale Instrumente schafft, um Probleme zu lösen, die ihm vorher verschlossen waren. Größen- und Mengenvergleiche werden in der Evolution schon von höher entwickelten Tieren durchgeführt. Daraus entstehen das Zählen und der Zahlbegriff. Aus

2 K. Mainzer, *Quantencomputer. Von der Quantenwelt zur Künstlichen Intelligenz*, Springer: Berlin 2020

Formen und Mustern in der Wahrnehmung werden die Grundlagen der Geometrie abstrahiert. Durch Anwendung von Zählen und Zahlen in der Geometrie wird Messen möglich. Die natürliche Sprache ist zu ungenau, um diese Zusammenhänge zu erfassen. Auch der Chirurg setzt präzise Instrumente ein, da er komplizierte und winzige Gefäße mit seinen natürlichen Fingern buchstäblich nicht erfassen kann.

Im 20. Jahrhundert setzt eine Mathematisierung der Biochemie und Biologie ein. Eine in der Tradition von Darwins Evolutionstheorie zunächst qualitativ verfasste theoretische Biologie versteht sich zunehmend als mathematisierte Systembiologie. Diese Entwicklung wurde bereits in der 1. Auflage dieses Buchs dargestellt. Die experimentell und mathematisch arbeitenden »Life Sciences« werden allerdings mit einer ungeheuren Datenmenge (Big Data) konfrontiert, die ohne die gesteigerten Rechenkapazitäten moderner Computer nicht zu bewerkstelligen ist. Auch die komplexen Zusammenhänge der Daten sind ohne Computer nicht mehr durchschaubar. Die mathematische Theorie muss daher in Software überführt werden, um die Kompatibilität der Messdaten mit Hypothesen und Prognosen prüfbar zu machen. So entsteht die Bioinformatik aus dem Geist der theoretischen Biologie und übernimmt weitgehend ihre Rolle. Bemerkenswert ist, dass auch die gegenwärtige theoretische Physik zunehmend von computergestützten Verfahren abhängig wird und sich bereits eine »digitale Physik« herauskristallisiert.

Deshalb wurde in dieser 2. Auflage ein neues Kapitel unter dem Titel »Bioinformatik – Schlüssel zum Kode des Lebens« (Kap. 4) aufgenommen. Der Kode einer biochemischen Sequenzanalyse ist allerdings keine »Computermetapher«, sondern der digitale Schlüssel zu der dadurch zum Ausdruck gebrachten Information, aus der sich auf biologische Strukturen, Kontexte und Funktionen bis zu Krankheitsverläufen schließen lässt. Sequenzanalyse wird in der Bioinformatik zur biologischen Computerlinguistik. Strukturanalyse führt zum Computermodell von z. B. Proteinen, aus deren geometrischen Faltungen sich biologische Funktionen berechnen lassen. Hier setzt das Machine Learning der heutigen KI (Künstlichen Intelligenz)-Forschung an.

Die unüberschaubaren Datenmengen schließen es zunehmend aus, dass einzelne WissenschaftlerInnen gesetzmäßige Zusammenhänge erkennen, wie es noch Kepler und Newton z. B. bei der Beobachtung von Sternenmuster am nächtlichen Himmel möglich war. Um Korrelationen und damit mögliche gesetzmäßige Zusammenhänge in biochemischen Datenmengen zu entdecken, müssen maschinelle Lernalgorithmen der Mustererkennung eingesetzt werden. Das Grundproblem heutigen Machine Learning besteht

allerdings darin, dass es sich weitgehend um computergestützte Verfahren der statistischen Lerntheorie handelt. Damit werden sehr grundlegende methodisch-erkenntnistheoretische Probleme aufgeworfen, die bis in die Zeit Newtons, Humes und Kants zurückreichen: Wie lassen sich Modelle in diesem Fall von Proteinen aus Daten statistisch rechtfertigen? Deshalb wird in Kapitel 4 auf die Bayessche Wissenschaftstheorie eingegangen, die sich mit der wahrscheinlichkeitstheoretischen Rechtfertigung von Modellen und Datenmengen beschäftigt.

Jeder Anfänger der Statistik weiß zudem, dass statistische Korrelationen keine Kausalerklärungen ersetzen. Daher stützt sich die heutige Forschungspraxis auf (nur) schwache Künstlichen Intelligenz (KI). In diesem Kapitel wird auf erste Ansätze einer starken KI eingegangen, in der Lernprogramme in der Lage sind, wenigstens an ausgewählten Beispielen hinter der Datenmenge von Big Data kausale und damit gesetzmäßige Zusammenhänge zu erkennen, was bisher nur menschlichen ForscherInnen vorbehalten war.³ Jedenfalls wächst nun Bioinformatik mit der KI-Forschung zusammen.

Damit kommen wir zur Ausgangsfrage dieser Einleitung zurück, ob uns Computeralgorithmen auch helfen können, die Informationsverarbeitung des Corona-Virus und zukünftiger Pandemien zu entschlüsseln, zu manipulieren und auszuschalten. Wie bei einem Antiviren-Programm gegen Computerviren müsste das menschliche Immunsystem trainiert werden, um z. B. Corona-Viren als feindliche Eindringlinge rechtzeitig zu erkennen und abzuwehren. Das könnte durch Lernalgorithmen der Mustererkennung mit neuronalen Netzen simuliert werden.

Bereits 2016 war es mit einer Software namens AlphaGo gelungen, ein neuronales Netz derart zu trainieren, dass es schließlich Champions des asiatischen Brettspiel GO besiegte. 2018 folgte AlphaFold, um aus den Mustern von Proteinsequenzen die komplexen Proteinfaltungen zu erkennen, die alle Proteinfunktionen und damit entsprechende zelluläre Funktionen festlegen. Mustererkennung ist auch ein Schlüssel zur Bekämpfung des Coronavirus. Das Immunsystem erzeugt hunderttausende Antikörper, um das körperfremde Protein eines Virus zu erkennen und zu neutralisieren. Solche neutralisierenden Antikörper finden sich im Blut von als geheilt geltenden Corona-infizierten Patienten. Welche dieser Antikörper schaffen aber die Neutralisierung? Dazu wird im Computer die Struktur dieser therapeuti-

3 K. Mainzer, *Künstliche Intelligenz. Wann übernehmen die Maschinen?* Springer: Berlin 2. Auflage 2019

schen Antikörper berechnet, die sie an das virale Oberflächenprotein bindet.

Im Gegensatz zu einem Impfstoff wirkt aber ein therapeutischer Antikörper nur bei akuter Infektion, bietet also keinen dauerhaften Schutz. Deshalb versucht man in der Bioinformatik, Impfstoffe im Computer zu designen. Das ist ein typischer Lernprozess: Aufgrund von Computerexperimenten mit Software wie z. B. AlphaFold lassen sich dann gezielte Laborexperimente durchführen. Dadurch erhält man ein genaues Computermodell über die molekularen Abläufe. Die Entdeckung eines Wirkstoffs ist dann nicht länger ein unverstandener Zufall.

Nach Corona ist nicht ausgeschlossen, dass wir von noch gefährlicheren Pandemien heimgesucht werden. Die Evolution der Viren läuft »im Untergrund« weiter. Für die Zukunft wäre daher wünschenswert, wenn mit KI mögliche Veränderungen von Viren vorher simuliert werden könnten, um damit einen Toolkasten zur schnellen Zusammenstellung von Impfstoffen zu entwickeln – quasi mit auf Vorrat produzierten KI-Algorithmen. Hier rückt ein Gebiet der Bioinformatik ins Zentrum, das sich mit der Entschlüsselung und Simulation evolutionärer Entwicklungen beschäftigt. Es geht dabei nicht nur um die nachträgliche Erklärung der faktisch verlaufenen Evolution wie in der traditionellen Evolutionsbiologie. Es geht darum, was sich nach den Evolutionsgesetzen unter sich verändernden Nebenbedingungen in Zukunft entwickeln könnte. Auf der Grundlage dieser Prognosen würde ein Frühwarnsystem für zukünftige Pandemien denkbar.

Die Evolution von Viren zeigt aber auch, dass es nicht das Ziel sein kann, Viren auszurotten. Da sie keine Zellen sind, können sie auch nicht wie Bakterien »abgetötet« werden. Zudem beschäftigt sich die Forschung mit Therapien, wie Viren zur Heilung von Krankheiten eingesetzt werden könnten. Dabei geht es um z. B. onkolytische Viren zur Bekämpfung von Tumoren ebenso wie um gezielte Infektion von Bakterien, die gegen Antibiotika resistent sind. Eingesetzt werden Viren auch in der Gentherapie von Gendefekten.

Es kommt also darauf an, dass wir lernen, mit der Evolution von Viren zu leben. Alle Befunde weisen darauf hin, dass der Ausbruch viraler Pandemien mit einer Globalisierung zusammenhängt, die rücksichtslos in fremde Lebensräume von Tieren, Pflanzen und Kulturen eindringt. Dabei werden Viren übertragen, die im neuen Wirt ihre lebensbedrohliche Wirkung entfalten können. Hier wird der kausale Zusammenhang mit der anderen derzeitigen Geißel der Menschheit offenbar – der Umweltkrise.

Pandemien könnten deshalb der Globalisierungs- und Umweltkrise dieses Planeten untergeordnet werden. Pandemien sind dann nur eine Form,

mit der die Natur zurückschlägt und in Zukunft immer gefährlicher reagieren wird. Dieser Gesamtzusammenhang muss verstanden werden, um das globale Zusammenleben der Spezies Mensch mit der Natur dieser Erde nachhaltig zu gestalten. Zur Einsicht in diese komplexen Zusammenhänge trägt ein wissenschaftliches Systemverständnis entscheidend bei. Wenn in diesem Buch von »Maschinen« die Rede ist, dann sind damit eben nicht die Bulldozer gemeint, die den Urwald am Amazonas zerstören, ohne die Rückwirkungen auf das Gesamtsystem zu berücksichtigen. Diese Maschinen sind die Symbole einer überholten Industrialisierung. Daher benötigen wir eine Stärkung der menschlichen Urteilskraft und Wertorientierung, damit die von uns geschaffenen Maschinen nicht aus dem Ruder laufen.