

Genetik aktuell

Liebe Leserinnen und Leser,

auch in diesem Jahr geben wir Ihnen in Genetik aktuell einen Überblick über die neuesten Entwicklungen in der Genetik. Prof. Ernst Peter Fischer, seit vielen Jahren unser Berater zu Fragen der Genetik und Gendiagnostik, berichtet u. a. von den Bemühungen um eine europaweite Harmonisierung von Gentests, die zu einer Qualitätssicherung führen soll. Der Bericht der zuständigen Kommission kritisiert u. a. die derzeit hohe Fehlerquote bei den Ergebnissen von Gentests, die Studien in Europa und den USA festgestellt haben.

Entwicklung eines Organismus mit diesem Ausdruck passend beschreiben? Und wie beeinflussen solche Begrifflichkeiten den Umgang mit technischen Möglichkeiten wie dem therapeutischen Klonen?

Außerdem berichten wir von der zweiten Phase des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN) in Deutschland sowie weiteren Vorhaben in der internationalen Genomforschung.

Wir wünschen Ihnen eine anregende Lektüre!

Ihr Genetik aktuell Redaktionsteam

Inhalt

Harmonisierung und Qualitätssicherung bei Gentests	2
Herzfehlern auf der Spur	3
Die Klonierung eines Humanembryos und seine Stammzellen	5
Das nationale Genomforschungsnetz NGFN	8
Gene für die Fitness	9
Mehr Genomdaten	10
Ein neues Großprojekt der Genomforschung	10
Medizinische Datenbanken in England	11
„Diebstahl von DNA“	11
Impressum	12

Auf dem Gebiet verbesserter Gendiagnostik befassen wir uns mit Genchips, die bei der Analyse angeborener Herzfehler eingesetzt werden. Mit Hilfe dieser Gen- oder Biochips will man die Früherkennung von Krankheiten und die Entwicklung von Medikamenten verbessern.

Ausgehend von der Meldung über die Klonierung eines Humanembryos im Februar dieses Jahres gehen wir dem Begriff des „Programms“ in der Biologie nach. Ist die

Prof. Dr. Ernst Peter Fischer



Harmonisierung und Qualitätssicherung bei Gentests

Im September 2003 hat die Europäische Kommission durch ihr Joint Research Centre einen 130 Seiten umfassenden Bericht über die Qualitätssicherung bei Gentests vorgelegt¹, in dem auch gefragt wird, wie eine europaweite Harmonisierung bei der Anwendung von Genanalysen möglich werden kann (Abb. 1). In dem Text wird von 730.000 Gentests gesprochen, die im vergangenen Jahr in Europa durchgeführt worden sind, wobei zu beachten ist, dass in dieser Zahl weder die Vaterschaftsnachweise noch die forensischen Erbgutanalysen mitgezählt worden sind, die inzwischen in verstärktem Maße von Rechtsmedizinern gefordert werden. In dem Bericht der Europäischen Kommission wird dabei mit klaren Worten der nicht überzeugende Umgang bemängelt, der in zahlreichen Laboratorien und Kliniken festgestellt werden konnte.



Abb. 1: Bericht des Joint Research Centre der Europäischen Kommission über die Qualitätssicherung bei Gentests

Beschwerden dieser Art sind nicht neu und bereits im Frühjahr 2003 ausführlich von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) angesprochen worden, die damals eine Stellungnahme zur prädiktiven genetischen Diagnostik abgegeben und eine angemessene gesetzliche Regelung der Qualitätssicherung angemahnt hat.² Mit dieser Forderung richtete sich die DFG an das Bundesgesundheitsministerium, das seit einigen Jahren bemüht ist, ein „Gentest-Gesetz“ zu formulieren. In einem Referentenentwurf³ wird versucht, die Qualitätssicherung bei Gentests durch den so genannten Arztvorbehalt zu erreichen. Dabei geht es darum, dafür zu sorgen, dass genetische Untersuchungen „nur durch hierfür qualifizierte Ärztinnen und Ärzte veranlasst werden“ und die „Durchführung nur auf deren Veranlassung nach fachlicher Weisung unter ihrer Aufsicht oder durch eine von ihr beauftragte und dafür qualifizierte Person oder Organisation“ erfolgen kann. Das Ergebnis der Untersuchung dürfe zudem „dem genetisch Untersuchten nur durch den veranlassenden Arzt mitgeteilt werden.“

Hohe Fehlerquote

Der jetzt vorliegende Bericht über „Qualitätssicherung und Harmonisierung genetischer Testangebote in der EU“ macht deutlich, dass das angestrebte Ziel mit solchen Vorgaben allein kaum zu erreichen ist und eine Verunsicherung der Patienten und anderer Betroffener wahrscheinlich wird. Als Ausgangspunkt der Untersuchung dienten die Ergebnisse von amerikanischen und europäischen Studien⁴, bei denen eine Fehlerquote von bis zu zwei Prozent ermittelt wurde. Eine Erhebung des „European Molecular Genetics Quality Network“ hat sogar ergeben, dass bei zehn häufigen Erbkrankheiten wie Fragiles-X-Syndrom, Duchenne Muskeldystro-

phie oder familiärer Brustkrebs auch bei vermeintlich seriösen Einrichtungen erschreckende Fehlerraten zwischen zwei und zehn Prozent gefunden wurden.⁵ Dies ist völlig inakzeptabel, wie die FAZ in ihrem Bericht zu der Studie (in der Ausgabe vom 3.12.2003) feststellte, in dem es zur Begründung unter anderem heißt:

„Ein Gentest wird im Normalfall nur einmal im Leben vorgenommen. Und die Information, die der Untersuchte erhält, kann, wenn es um schwere Erbkrankheiten geht, nicht nur für seine eigene Zukunft, sondern auch für diejenige seiner Angehörigen entscheidend sein. Deshalb müssen an die Richtigkeit und Aussagekraft eines Gentests besonders hohe Anforderungen gestellt werden.“

Wie so oft in solchen Fällen sieht die Wirklichkeit anders aus, bei der es sich um einen wachsenden Markt mit einem derzeitigen Umsatz von € 500 Mio. handelt. Insgesamt 750 Laboratorien bieten in Europa Gentests an, von denen 15% auf kommerzieller Basis betrieben werden. Mehr als die Hälfte der Gentests werden in öffentlichen Krankenhäusern vorgenommen. Deutschland nimmt mit 90 Laboratorien einen der vorderen Plätze in Europa ein. Von diesen Laboratorien stehen allerdings fast 50% unter einer privaten Leitung.⁶

Preisunterschiede innerhalb Europas

Der Preis für einen Gentest liegt der Studie zufolge bei rund € 573, was Experten zufolge als moderat eingestuft wird. Auffällige Unterschiede zwischen einzelnen Ländern lassen allerdings erwarten, dass es eine Art „Test-Tourismus“ geben könnte. Als Beispiel wird die Schweiz genannt, in der ein Gentest für einen mittleren Preis von € 700 zu haben ist,

während in Großbritannien kaum € 200 aufzuwenden und in Kroatien sogar nur rund € 100 zu zahlen sind. Die Tendenz, Testergebnisse im Ausland zu besorgen, wird zudem durch den Umstand gefördert, dass genetische Analysen für viele der hundert Krankheiten, für die es inzwischen molekular diagnostische Verfahren und Methoden gibt, nur in einigen und nicht in allen Ländern angeboten werden. Die meisten Gentests mit fast 200.000 Stück werden dabei aus Italien gemeldet. Dem Spitzenreiter folgen Großbritannien mit etwa 60.000 und Belgien mit 50.000 Gentests.

Mit der skizzierten Testfülle treten die bekannten Probleme auf, die unter anderem in der Datenflut bestehen, für die viele Datenbanken nicht vorbereitet sind. Schwierigkeiten ergeben sich aber auch durch die Tatsache, dass viele Testergebnisse – vor allem von Internetfirmen – völlig unabhängig von jeder genetischen Beratung geliefert werden. Damit werden – wie die zitierte Bestandsaufnahme darlegt – die Ergebnisse vieler Tests falsch interpretiert und der Nutzen falsch eingeschätzt.

- 1 Vgl. <http://www.jrc.es/home/publications/publication.cfm?pub=1124>
- 2 Vgl. http://www.dfg.de/aktuelles_presse/reden_stellungnahmen/2003/redstell/praed_genetische_diagnostik.html
- 3 Bislang nicht veröffentlicht, vgl. FAZ vom 3.12.2003, S. N1
- 4 Vgl. Towards quality assurance and harmonisation of genetic testing services in the EU, S. 16 ff.
- 5 Vgl. <http://www.emqn.org/downloads.php>
- 6 Vgl. hierzu und im folgenden FAZ vom 3.12.2003, S. N1

Herzfehlern auf der Spur – Genchips zeigen genetische Muster

Zu den wissenschaftlich-technisch fortschreitenden Entwicklungen auf dem Sektor der Gendiagnostik gehört die Verbesserung von Genchips oder Biochips, mit deren Hilfe auf einem Quadratzentimeter möglichst viele DNS-Fragmente untergebracht und getestet werden können. Besonders vorangetrieben wird die Chiptechnologie durch das Unternehmen Affymetrix und dessen Mitbegründer, dem Biologen Stephen Fodor. Während Fodor 1989 einen Biochip präsentierte, auf dem rund 40.000 DNS-Abschnitte angebracht werden konnten, gelingt es seinem Unternehmen inzwischen, über 60 Millionen (!) DNS-Stücke auf einem einzigen Genchip unterzubringen. Dabei hat Fodor eine Technologie patentieren lassen, die es erlaubt, beliebige DNS-Abschnitte auf dem Chip zu schaffen, und die dazugehörigen theoretischen Analysen der Fragmentierung lassen den Schluss zu, dass es auf diese Weise möglich werden kann, das gesamte Genom einer menschlichen Zelle in 100 chemischen Schritten zu erzeugen.

Krankheitsforschung mit Genchips

Es ist nicht nur von akademischem Reiz, beliebige DNS-Stücke auf einem Chip parat zu haben, um in Blutproben oder Bakterienkulturen gezielt nach ihnen fahnden zu können, um etwas über ihre biologische Rolle zu lernen. Auch die Pharmaindustrie hat Interesse an dieser Entwicklung, wie sich durch das Engagement erweist, mit dem der weltgrößte Hersteller von Diagnostika, der in Basel und New Jersey stationierte Roche Konzern, bei Affymetrix eingestiegen ist. Zwischen beiden Partnern wurde Ende 2003 ein Abkommen geschlossen, das die Entwicklung von zukünftigen Gentests mit Biochips vorsieht. Zwar sind keine Details der Vereinbarung bekannt geworden, aber die Zielsetzung der Unternehmen stellt kein Geheimnis dar. Es geht vor allem um die Früherkennung von Krankheiten und die Ermittlung der besten Dosierung eines Medikaments (möglichst natürlich aus dem eigenen Haus – Diagnostik und Therapie aus einer Hand).

Die Biochips dienen dazu, durch eine Genanalyse herauszufinden, wie

schnell der Stoffwechsel eines Patienten zum Abbau der jeweils eingesetzten Medikamente führt. Außerdem erlauben die Genchips die bessere Unterscheidung von Krankheiten – wie etwa der Leukämie – durch die Feststellung der Aktivität einzelner Gene in dem betroffenen Gewebe. Unter Brustkrebspatienten lassen sich mit Biochips zum Beispiel diejenigen herausfinden, die keine Metastasen bilden. Dies bedeutet für die betroffenen Patientinnen, dass eine Operation zur Heilung ausreichen wird und auf eine nachfolgende Chemotherapie verzichtet werden kann. Als größte Herausforderung werden in dem Zusammenhang Krankheiten mit komplexen Ursachen angesehen, wobei als Beispiele die Osteoporose und Herzleiden genannt werden.

Dass die Markteinführung von Biochips keine geradlinige Erfolgsgeschichte werden wird, zeigt das Eingreifen der amerikanischen Bundesbehörde FDA (Food and Drug Administration), die im November 2003 den Verkauf des Biochips mit Namen AmpliChip CYP450 gestoppt hat, der von Roche und Affymetrix an klinische Laboratorien verkauft werden

einen einfachen Erbdefekt, da sich bei ihnen keine Vererbung nach den Mendelschen Regeln nachweisen lässt. Es ist zu erwarten, dass ein Zusammenspiel vieler Gene für die angeborenen Herzfehler verantwortlich ist, wobei natürlich auch andere Faktoren einwirken können.

In den vergangenen 20 Jahren konnten im Rahmen molekularbiologischer Entwicklungen zahlreiche Gene identifiziert werden, welche die Heranbildung und das Wachstum des Herzens im Verlauf der Embryogenese kontrollieren und bedingen. Die meisten dieser Erkenntnisse wurden an Modellorganismen wie Fliegen und Mäusen gewonnen, doch die dabei erkannte Übereinstimmung lässt auf einen uralten Prozess schließen, der von der Evolution konserviert worden ist. Einige der Gene, die für die Herzentwicklung verantwortlich sind, tragen auch zu der kardialen Hypertrophie und dem Herzversagen bei. Die Hoffnung besteht darin, über sie neue Ansätze zur Behandlung von Herzkrankheiten zu etablieren.

Die Entwicklung des menschlichen Herzens findet zwischen der dritten und siebten Embryonalwoche statt und schließt mit der Bildung des vierkammrigen Herzens ab. Die rechte Seite ist mit dem Niederdrucksystem der Lunge verbunden, die linke mit dem Hochdrucksystem des Kreislaufs. Angeborene Herzfehler beruhen in der Regel auf nicht geschlossenen Verbindungen zwischen dem Nieder- und dem Hochdrucksystem oder auf Verengungen der Herzklappen.

Um ein möglichst genaues Bild der molekularen Gegebenheiten sowohl eines gesunden Herzens mit seinen verschiedenen Kompartimenten als auch von dessen Veränderungen bei angeborenen Herzfehlern zu bekommen, haben Wissenschaftler des Berliner Max-Planck-Instituts für molekulare Genetik und des Deutschen Herzzentrums Berlin die Aktivität möglichst aller menschlichen Gene in 55 Herzproben analysiert.⁴ Sie haben dafür spezielle Biochips verwendet, die im Englischen auch

eine Rolle spielen und dazu führen können, dass ihre Träger schwere Nebenwirkungen bei der Einnahme eines Medikaments erleiden. Die FDA erwartet von den Unternehmen bessere Daten, mit denen die Funktionstüchtigkeit der Biochips nachgewiesen wird, bevor sie erlauben will, was als erste weitreichende Anwendung von Diagnose-Chips weltweit angesehen werden kann und einen weiteren Schritt auf eine Medizin hin bringt, die sich am Genom orientiert.

Genchip-Analyse und angeborene Herzfehler

Eine erste umfassende Anwendung von Genchips wird zur Zeit bei der Analyse von angeborenen Herzfehlern versucht.² Angeborene Herzfehler stellen mit

einer Häufigkeit von 8% den am weitesten verbreiteten Geburtsfehler bei Menschen dar.³ In vielen Fällen handelt es sich dabei nicht um

sollte.¹ Dieser Chip ist in der Lage, Mutationen in zwei Genen zu ermitteln, die beim Stoffwechsel eines Proteins namens Cytochrom P450

arrays – technisch korrekt cDNA arrays – heißen. Auf ihnen waren 49.000 DNA-Sonden angebracht, die potentiell als Gene in Frage kommen. Dabei war von 13.000 Sonden tatsächlich bekannt, dass ihre DNA diese Funktion übernimmt. Insgesamt wurden bei den Messungen fast 10 Millionen Daten erhoben, die Auskunft über die Aktivität (Expression) der Genstücke gaben. Zur Charakterisierung der verschiedenen kardialen Komponenten wurden Proben aus den vier Herzkammern und aus der Scheidewand (Septum) der Hauptkammern untersucht. Darüber hinaus wurden Proben kardialer Gewebe von Patienten mit verschiedenen angeborenen Herzfehlern analysiert, und zwar dem Morbus Fallot (TOF) und dem Ventrikelseptumdefekt (VSD), wie die fachlichen Bezeichnungen lauten.

Das Ziel der Untersuchung bestand darin, die Erscheinungen bestimmter Fehlbildungen auf der Ebene der Moleküle zu charakterisieren und durch den Vergleich verschiedener Phänotypen die Einflüsse genetischer oder externer Faktoren (zum Beispiel Medikamente) zu unterscheiden.

Der Morbus Fallot geht mit einer pathologischen Verdickung der Wand des rechten Ventrikels einher, eine Erscheinung, die auch bei anderen Fehlbildungen zu beobachten ist und allgemein rechtsventrikuläre Hypertrophie (RVH) heißt. Der Vergleich der Genaktivitäten in Herzproben von TOF- oder RVH-Patienten (Abb. 2) lässt erkrankungsspezifische Gene erkennen, zeigt aber zugleich auch, dass die große Zahl der Gene eine Herausforderung für die Auswertung darstellt, welche Fortschritte in der

Bioinformatik erfordert, um praktisch besser nutzbare Resultate zu erhalten.

Die Molekularbiologen verstehen ihre Arbeit als ersten Schritt auf einem Weg, an dessen Ende es gelingen soll, dem 1936 angelegten anatomischen Atlas von angeborenen Herzfehlern eine molekulare Ausgabe an die Seite zu stellen.

1 Vgl. <http://www.fda.gov/cdrh/oivd/letter-roche2.html>

2 Literatur: B. Kayak et al., Genome-wide array analysis of normal and malformed human hearts. In: *Circulation* 107 (2003), S. 2467-2474

3 Vgl. *GenomXPress* Juni 2003, S. 6

4 Vgl. ebd.

Die Klonierung eines Humanembryos und seine Stammzellen

Mitte Februar 2004 hat es eine Nachricht aus der Wissenschaft geschafft, in die Fernsehnachrichten und auf die Titelseiten der Tageszeitungen zu kommen. Gemeint ist die aus Süd-Korea gemeldete und von koreanischen und amerikanischen Bioforschern gemeinsam durchgeführte Anfertigung eines Menschenklons (vgl. zum Beispiel die FAZ vom 13. 2. 2004, mit Berichten auf der ersten Seite und Analysen im Feuilleton auf den S. 33 und 34).

Bei den Experimenten ist kein erwachsener Mensch entstanden, sondern nur ein menschlicher Embryo, und zwar in dem Stadium, in dem diese Lebensform aus rund 200 Zellen besteht. Die Experten sprechen dann von einer Blastozyste, in der sich zwei Zelltypen finden. Eine bildet die Außenhülle, und die andere stellt die so genannte innere Zellmasse dar. Sie repräsentiert das eigentliche Ziel des Versuchs, der von den Forschern selbst als therapeutisches Klonen bezeichnet wird, wie gleich verständlich wird. Das eher unheimliche Gegenstück dazu bildet das reproduktive Klonen, wobei diese Art der Anfertigung von genetisch gleichen Organismen durch das Schaf Dolly bekannt geworden ist.

Die inneren Zellen der Blastozyste sind der Öffentlichkeit besser als embryonale Stammzellen (ES) bekannt, und das Interesse der Forscher an ihnen hat seit einiger Zeit aus zwei Gründen stark zugenom-

men. Zum einen gibt es Hinweise darauf, dass diese Zellen sich in all die anderen Zelltypen umwandeln lassen, die in einem menschlichen Körper zu finden sind und benötigt werden. Man sagt auch, die embryonalen Stammzellen sind totipotent.

Zum zweiten ist es seit einigen Jahren möglich, diese Stammzellen in Kulturschalen im Laboratorium wachsen zu lassen – zu züchten, wie man etwas ungeschickt sagt. Und mit beiden Tatbeständen zusammen ergibt dies die medizinisch und ökonomisch lohnende Aussicht, geeignetes Material für eine Zelltherapie zu finden, wie sie etwa bei neurodegenerativen Erkrankungen (Morbus Parkinson) oder auch beim Diabetes wünschenswert wären. Im Idealfall lassen sich die embryonalen Stammzellen, die zuvor noch in die benötigten Spezialzellen umgewandelt werden müssten, aus Blastozysten gewinnen, die mit dem genetischen Material des Patienten ausge-

stattet sind, da in diesem Fall keinerlei Probleme durch die Immunabwehr zu erwarten sind.

Für dieses Szenarium sind nun die Voraussetzungen geschaffen worden, denn in den aus Süd-Korea berichteten Versuchen ist es gelungen, Eizellen erst zu entkernen, ihnen dann das genetische Material einer anderen Zelle zu übertragen und sie zur Ausbildung einer Blastozyste anzuregen. An dieser Stelle wurde das Experiment mit dem therapeutische Klonen abgebrochen, wobei noch zu erwähnen ist, dass die Spenderzellen aus so genannten Cumuluszellen stammen, die sich als Nährgewebe im Eierstock befinden.

Seit bekannt ist, wie embryonale Stammzellen gezüchtet werden können, war damit zu rechnen, dass dieser Versuch durchgeführt würde. Er ist mehrfach gescheitert, was die technisch-wissenschaftlich gemeinte Frage erlaubt, worin die Besonderheiten des jetzigen Erfolgs liegen. Die publizierten Daten lassen drei Neuerungen erkennen. Zum einen wurden den neu mit genetischem Material versorgten Eizellen nach der Übertragung des Zellkerns mehr Stunden Zeit gegeben, als es sonst üblich war. Zum zweiten wurde ihnen ein neuartiger chemischer „Cocktail“ zugesetzt, um sie mit seiner Hilfe zu veranlassen, sich zu teilen und zu einem Embryo zu werden. Und zum dritten wurde ein eigenwilliges „Energiesubstrat“ verwendet, um die sich teilenden Zellen in der Nährschale zu versorgen.

Ethische Einwände gegen das therapeutische Klonen

Diese technischen Einzelheiten interessieren mehr den Fachmann als den Laien, der sich eher Gedanken über ethische Aspekte macht und wissen will, worin der Sinn dieses Experiments liegt. Viele Forscher haben den Erfolg aus Süd-Korea begrüßt, aber der Präsident der DFG, der Genetiker Ernst-Ludwig Winnacker, hat ihn als einen Irrweg bezeichnet und darauf hingewiesen, dass therapeutisches Klonen in

Deutschland und vielen anderen Ländern verboten ist – unter anderem deshalb, um von Anfang an den Gedanken – mit all seinen Konsequenzen – gar nicht erst aufkommen zu lassen, dass Embryonen etwas sind, was verbraucht werden kann und mit dem sich dann auch Handel treiben lässt.¹ Es gibt aber noch weitere Gründe gegen das therapeutische Klonen, das natürlich sehr nahe beim reproduktiven Klonen angesiedelt ist und in den ersten Stadien der Zellteilung nicht von ihm zu unterscheiden ist.

Der Hauptgrund gegen solche Versuche liegt in der Unkenntnis der Vorgänge, die im Inneren einer Eizelle ablaufen, die sich anschickt, ein Embryo zu werden. Die Wissenschaft hat nämlich nicht den geringsten Hinweis darauf, was mit dem genetischen Material der Spenderzelle passieren muss, damit es wieder in seine Ausgangsposition zurückgeht, um die Entwicklung da anzufangen, wo es sich gehört, nämlich am Anfang. So klar es ist, dass (fast) alle Zellen eines Körpers die gleiche Quantität an genetischem Material enthalten, so klar ist es auch, dass es sich in seiner Qualität unterscheidet. Das Genom einer spezialisierten Leberzelle zum Beispiel muss seine Information anders einsetzen als das Genom einer Eizelle, und die Fragen lauten, welche molekularen Mechanismen dafür sorgen und ob ein einmal in Bewegung gekommenes Genom reversibel verändert werden kann.

Die grundlegende Aufgabe der Wissenschaft besteht – laut Winnacker², der in Übereinstimmung mit anderen Forschern urteilt – darin, zu verstehen, wie dieser „Reprogrammierungsschritt gesteuert“ wird, der dazu nötig ist. Möglicherweise ist die Aufgabe aber noch wesentlich schwieriger, wie in dem folgenden Exkurs erläutert wird. Es geht dabei um die Frage, wie geeignet der Begriff des Programms ist, um die Entwicklungsvorgänge des Lebens zu verstehen.

Ein Exkurs: Falsch programmiert – Gedankenlosigkeit beim Klonen

Der Begriff „Programm“ tauchte in der Biologie zum ersten Mal in den sechziger Jahren auf, als sich die ersten Computer im Alltag bemerkbar machten. Der Evolutionsforscher Ernst Mayr und der Molekularbiologe François Jacob schlugen seine Verwendung vor, um verständlich zu machen, wie die Gene ihre Aufgabe erfüllen.³ Sie meinten mit Programm eine vorgegebene Menge an Information, die einen biologischen Prozess so steuert, dass er sein Ziel erreicht, nämlich das Entstehen einer lebendigen Gestalt.

Das Konzept vom genetischen Programm hat zuerst zwar nur wenige Anhänger gefunden und lange Zeit hindurch eine Art Schattendasein geführt. Dafür ist es jetzt aber um so mehr in Mode gekommen, und es konnte vor allem in diesen Tagen eine Hochkonjunktur erleben, in denen es um die Frage ging, ob für therapeutische Zwecke Menschenzellen kloniert werden dürfen.

Wann immer jemand Stellung dagegen bezog und sich nach der Aufzählung moralischer und ethischer Bedenken auf die Ebene von wissenschaftlicher Sorgfalt und Machbarkeit begab, führte er ein- und denselben Begriff in seine Argumentation ein, eben den des Programms bzw. der Programmierung. Ian Wilmut zum Beispiel, der Vater des Klonschafes Dolly, warnt dringend davor, seine Methode auf den Menschen auszudehnen, weil in einem klonierten Embryo „die Neuprogrammierung des übertragenen Zellkerns“ anders vor sich geht als bei der normalen Befruchtung. Zwar habe man die „Zellprogrammierung“ in einem Embryo noch nicht in allen Details verstanden, aber bei der „Reprogrammierung seiner Gene“ können sich sicher leicht Fehler einschleichen, meinen Wilmut und seine Kollegen.⁴

Es ist merkwürdig: Die Experten wissen zwar nicht, was es mit dem genetischen Programm auf sich hat. Sie glauben aber zu wissen, dass

das genetische Programm die Schuld daran trägt, wenn die meisten klonierten Tiere während der Embryonalentwicklung absterben oder krank zur Welt kommen. Beobachtungen dieser Art erlauben natürlich längst die Vermutung, dass dies wahrscheinlich erst recht mit klonierten Menschen passieren wird, was den Gedanken, dem therapeutischen Klonen das reproduktive folgen zu lassen, schon allein deswegen unheimlich und abstoßend werden lässt.

Viele Genetiker sehen das Hauptargument gegen die Absichten der Klonierer im mangelhaften Funkzionieren des genetischen Programms bzw. in der kurzen Zeit, „die für die Umprogrammierung des Genoms beim Klonen zur Verfügung steht“, wie man inzwischen vielfach und immer wieder nachlesen kann.⁵ Mit diesem Satz wird der Tatbestand angesprochen, dass sich das klonierte Leben ja aus einem Ei entwickeln soll, das nicht auf die traditionelle Weise befruchtet worden ist, sondern sein genetisches Material von einer anderen Zelle bekommt, und zwar einer Zelle, die schon einen langen Lebensweg und damit viele Teilungen hinter sich hat.

Man vermutet nun, dass das genetische Material – das Genom – dabei nicht nur jeweils verdoppelt, sondern nach jeder Teilung auch etwas modifiziert und neu eingerichtet wird. Die Natur programmiert eine erwachsene Zelle auf diese Weise immer neu für ihre jeweiligen Aufgaben, wie man sagt oder annimmt. Dies wiederholt sich so lange, bis ihr Genom zuletzt für ihre Spezialfunktion – etwa als Haut- oder Blutzelle – programmiert ist. Wenn nun das so bearbeitete genetische Material einer Zelle im Falle des Klonierens für einen vollständigen Neuanfang gebraucht werden soll, muss es – in dieser Vorstellung – erneut und massiv umprogrammiert werden, wie Wilmut meint. Doch solch eine Rückprogrammierung geht nicht in einem Aufwasch. Sie gelingt nur, wenn ausreichend Zeit zur Verfügung steht, wie die Kenner meinen, und genau dies ist im Experiment

bzw. beim technischen Eingriff des Klonierens nicht der Fall, was das Vorhaben scheitern lässt.

Genetisches Programm – Ein passender Begriff?

Das genetische Programm ist mehr oder weniger zum Zauberwort geworden, das sowohl die natürliche Entwicklung einer Eizelle als auch die experimentellen Schwierigkeiten beim Klonieren abdeckt und erfasst. Seltsamerweise sind sich an dieser Stelle die Journalisten mit den Wissenschaftlern einig. Sie singen alle zusammen das Hohelied vom genetischen Programm der Zellen bzw. ihrer Genome, das neu-, um- oder reprogrammiert werden muss und kann, wenn man mit ihnen etwas erreichen will, und keiner der Sänger merkt, dass sie dabei von einem Ding künden, das es zwar reichlich im Alltag und in jedem Computer gibt, das aber im Leben einer Zelle so gut wie keine Rolle spielt und im Leben eines Organismus überhaupt keinen Sinn ergibt.

Natürlich macht es im Alltag Sinn, von einem Programm zu sprechen – etwa dem einer Tagung –, und es ist auch keine Frage, dass er auf Computer passt, die aus Software und Hardware bestehen. Keine Frage, sowohl Maschinen als auch Menschen können sich – beide auf ihre besondere Weise – an Programme halten, und dies ist es, was den Begriff scheinbar verständlich und somit allzu verführerisch macht. Aber darauf folgt noch lange nicht, dass es auch Sinn macht, bei den Zellen und ihren Genen von programmatischen Abläufen zu reden.

Biologen reden von Programmen, wenn sie einen komplexen Ablauf erläutern – die Entwicklung eines Organismus – und mehr sagen wollen, als dass er regelmäßig abläuft und sich in jeder Generation wiederholt. Die biologische Entwicklung muss physikalische Ursachen und natürliche Gesetze haben, die sie regeln, und den Forschern reicht es verständlicherweise

nicht, wenn sie die Regelmäßigkeit des Vorgangs beschreiben. Es ist daher gut zu verstehen, dass sie am Programm festhalten, solange niemand Alternativen aufzeigt – was tatsächlich ein Manko ist, ohne dass dazu an dieser Stelle mehr gesagt werden könnte.

Als ersten Schritt zu einem alternativen Begriff müsste versucht werden, sich mehr Gedanken über die mannigfachen Regelmäßigkeiten zu machen, mit der die Natur ihre Vielfalt erreicht. Es gilt zum Beispiel, zwischen verschiedenen Ordnungsmechanismen Unterschiede zu erkennen, statt alles Geschehen mit dem einen Begriff der Programmierung zuzudecken und das Werden der Menschen wie das Funktionieren einer Maschine zu verstehen. An einem einfachen Beispiel aus dem Alltag soll erläutert werden, warum nicht alle gleichartigen und gleichmäßigen Abläufe programmatisch sein müssen und mehr Intelligenz zu ihrem Verständnis gefordert ist, als die Benutzung eines einzelnen Wortes – nämlich „Programm“ – erfordert:

An einem Theaterabend kann man zwei Bereiche unterscheiden, nämlich das, was auf der Bühne passiert, und das, was im Zuschauerraum vor sich geht. Für das, was die Schauspieler auf der Bühne tun, gibt es einen Text, und insofern lässt sich sagen, dass ihre Handlungen programmatisch ablaufen (die ein Regisseur oder Dramaturg sogar nach seinen Wünschen und Vorstellungen neu regeln – umprogrammieren – kann). Für das, was die Zuschauer tun, gibt es Regeln, Etikette und andere Vorgaben, aber keinen Text. Zwar spielen sich jeden Abend im Parkett, auf dem Rang oder im Foyer etwa die gleichen Szenen ab – jemand hustet, jemand lacht, jemand schläft ein, jemand trinkt etwas in der Pause –, aber die sich hier zeigende zwar hohe, aber eher langweilige Regelmäßigkeit ist auf keinen Fall programmiert.

Auf der Suche nach einer neuen Metapher

Bevor sich die Genetiker an der Aufgabe versuchen, die technischen Details ihrer Eingriffe zu verbessern, wäre es zweckmäßiger, Zeit auf die Frage nach der richtigen Metapher zu verwenden. Ein Versuch könnte darin bestehen, sich an der menschlichen Tätigkeit zu orientieren, die sich um das bemüht, was auch die Entwicklung hervorbringt, nämlich eine Form. Gemeint ist die Kunst, und wenn man sich als Gedankenexperiment einmal auf die Vorstellung einlässt, das Genom agiere so kreativ, wie ein Kunstschaffender es tut, und versucht, die Entstehung der lebendigen Form wie die Entstehung eines Bildes zu beschreiben, wird man den wesentlichen Unterschied zu den alten Metaphern merken. In dem Kunstbild lässt sich der Machende nicht vom Gemachten trennen. Genau dies gilt ebenfalls für die

biologische Entwicklung. Auch bei ihrer Beschreibung sollte man nicht versuchen, das Bildende von dem Gebildeten zu trennen, weil die Gene und ihre Produkte in kontinuierlicher Wechselwirkung stehen.

In diesem Bild lässt sich dann erkennen, dass dieses Zusammenspiel empfindlich gestört wird, wenn es an das Klonieren geht. Der Menschenklon muss ohne all die Kreativität auskommen, die das Leben im Verlauf der Evolution erwerben musste, um zu lernen, sich selbst hervorzubringen. Mit dem Klonieren fallen wir hinter die Geschichte des Lebens zurück, weshalb allein aus diesen Gründen dringend von allen Experimenten in diese Richtung abgeraten wird.

Die Zukunft der Klontechnik

Es ist sicher zu früh, um sinnvoll über die Anwendungsfähigkeit der

Klontechnik zu spekulieren. Aber wenn sie funktioniert, wird es eher weniger darum gehen, Gewebeimplantate anzufertigen, und mehr darum, pharmakologische Analysen vorzunehmen. Gemeint sind konkret Gentests, mit denen ermittelt wird, wie ein Mensch auf ein Medikament reagiert und welche Dosierung einzusetzen ist. Ideal für diesen Zweck wären Gewebekulturen eines Patienten, und sie könnten durch therapeutisches Klonen erzeugt werden. Unser Körper würde quasi um ein Testlabor erweitert, mit dem sich natürlich auch andere Experimente durchführen ließen.

1 Vgl. FAZ vom 13.2.2004, S. 33

2 Vgl. ebd.

3 Vgl. Francois Jacob, Die Logik des Lebendigen, Frankfurt/Main 1972 und Ernst Mayr, Die Entwicklung der biologischen Gedankenwelt, Heidelberg 1985

4 Ian Wilmut, Dolly, München 2002.

5 Am deutlichsten bei Walter Gehring, Wie Gene die Entwicklung steuern, Basel 2001

Das Nationale Genomforschungsnetz NGFN

Zu Beginn des 21. Jahrhunderts wurde in Deutschland das Nationale Genomforschungsnetz (NGFN) vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) initiiert (mehr dazu unter www.ngfn.de) und vor kurzem erneut für weitere drei Jahre mit Bundesmitteln ausgestattet (www.gesundheitsforschung-bmbf.de/foerderung/bekanntmachungen_bmbf/tech_transfer.)

In diesem Großprojekt arbeiten Ärzte und klinische Forscher mit Genomforschern, Bioinformatikern, Epidemiologen und anderen Fachwissenschaftlern zusammen, um die Funktionen einzelner Gene zu erkunden und ihr Zusammenspiel bei der Entstehung multifaktorieller Erkrankungen zu verstehen.

Das NGFN konnte gestartet werden, weil die Bundesregierung im

Jahre 2000 einen Teil der Erlöse aus dem UMTS-Geschäft im Rahmen ihres Zukunftsinvestitionsprogramms der Humangenomforschung zugewiesen hat. Für das NGFN wurden aus diesen Mitteln 180 Millionen Euro für drei Jahre zur Verfügung gestellt. Anfang 2003 hat eine Evaluation stattgefunden, die sich um Antworten auf folgende Fragen bemühte:

Hat sich die inhaltliche Ausrichtung des NGFN (Aufklärung von Krankheitsursachen und Bekämpfung von Volkskrankheiten) als richtig erwiesen?

Hat sich das Konzept der engen Verzahnung von systematischer Genforschung und klinischer Medizin bewährt?

Sind die Strukturen für Koordination und Management funktionsfähig, so dass eine exzellente wissenschaftliche Projektleitung, ein effi-

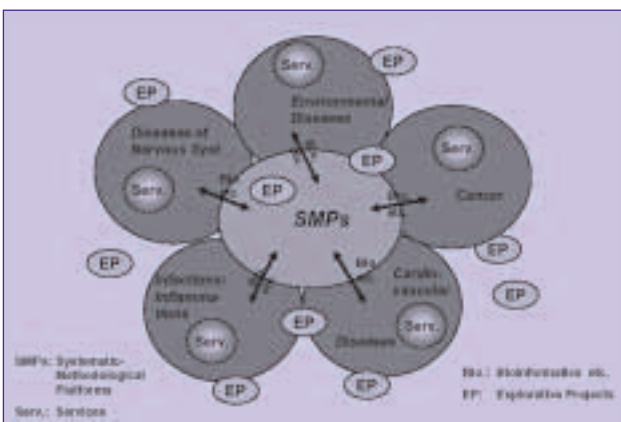


Abb. 3: Das neu geförderte NGFN-2 besteht aus drei Komponenten, zu denen Projektförderungsanträge eingereicht werden können – Krankheitsbezogene Genomnetze (KG), Systematisch-Methodische Plattformen (SMP) und Explorative Projekte (EP)
Quelle: NGFN

zienter Informationsaustausch sowie ein gutes Qualitäts- und Kapazitätsmanagement gewährleistet sind?

Haben sich die Interaktionen zwischen den Forschern unterschiedlicher Fachrichtungen verbessert und konnte ein Netzwerkbewusstsein geschaffen werden?

Offenbar sind die Antworten positiv ausgefallen, denn am 31.10.2003 hat das BMBF „trotz schwieriger Haushaltslage für dieses in Europa einzigartige und beispielhafte Programm zur Bekämpfung der wichtigen Krankheiten wie Krebs und Herz-Kreislauf-Erkrankungen 135 Millionen Euro für drei Jahre zur Verfügung“ gestellt, wie es auf einer Pressekonferenz an diesem Tag mit Vertretern aus dem Ministerium und dem Lenkungsausschuss des NGFN hieß.

Erste wissenschaftliche Erfolge

Das NGFN, dessen neu geförderte Struktur (NGFN-2) von den Beteiligten wie eine blühende Struktur dargestellt wurde (Abb. 3), kann bereits auf wissenschaftliche Erfolge verweisen, wie sie etwa von Professor Peter Propping von der Universität Bonn erläutert wurden. Es gibt – so Propping – in der Erforschung der Epilepsie zwei Projekte, die bereits so weit fortgeschritten sind, dass sich erste Möglichkeiten für die Entwicklung von Medikamenten zeigen. Die Forschungen im Rahmen des NGFN belegen, dass Gene, die an der Epilepsie beteiligt sind, die Erregung und Hemmung von Nervenzellen regulieren. In einem Fall sorgt das Gen für einen molekularen Kanal, durch den Chlorid-Ionen strömen und der bei Epilepsie-Patienten nicht geeignet funktioniert, mit der Folge, dass die Nervenzellen aus ihrem Rhythmus geraten und zu stark erregt werden.

Wissenschaftler der Gesellschaft für Biotechnologische Forschung (GBF) in Braunschweig und der Universität Gießen konnten im Rahmen des NGFN klären, auf welche Weise die als Listerien bekannten Bakterien in einen menschlichen Orga-

nismus eindringen. Listerien verursachen Infektionen, die besonders für Schwangere und immungeschwächte Patienten bedrohlich sind und eine hohe Sterblichkeit nach sich ziehen.

Bei dem oben erwähnten Pressetermin wurde immer wieder die wirt-

schaftliche Verwertbarkeit der Forschungsergebnisse angesprochen und mit dem Hinweis beantwortet, dass Forscher aus den Universitäten und der Industrie hier auf Augenhöhe zusammengebracht werden und das ganze Projekt eine integrative Wirkung entfaltet.

Gene für die Fitness

Wer vor allem als Patient oder Aktuar von der Genomforschung hört, könnte den Eindruck gewinnen, dass Gene da sind, um Menschen krank zu machen. Tatsächlich ist natürlich das Gegenteil der Fall. Gene sind im Rahmen der Evolution entstanden, um uns fit zu machen. Insofern klingt es sehr vernünftig, wenn man hört, eine Gruppe von Genomforschern habe eine „Fitness-Genkarte“ (Abb. 4) publiziert, und zwar in einer Fachzeitschrift mit dem Titel „Medicine & Science in Sports & Exercise“.¹

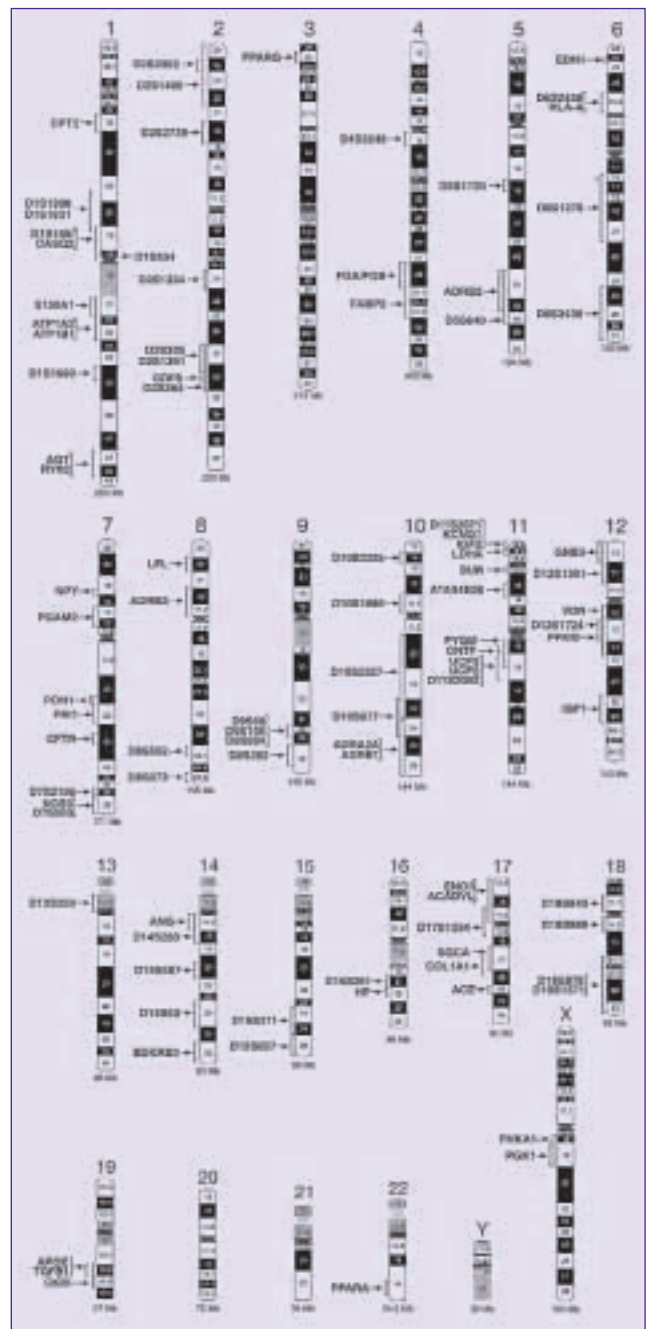


Abb. 4: Die 24 Chromosomen des Menschen mit den Genorten, die zur Fitness beitragen.

Quelle: American College of Sports Medicine

Auf dieser Karte haben die Wissenschaftler alle Orte eingetragen, die von Genetikern entdeckt bzw. beschrieben wurden und in irgendeiner Form mit Muskelkraft, Ausdauer und Körperbau in dem Sinne zu tun haben, dass damit die sportliche Leistungsfähigkeit steigt. Dabei sind über 100 „Fitness-Gene“ zusammengekommen, von denen 90 auf den Autosomen, zwei auf dem X-Chromosom und rund ein Dutzend auf dem genetischen Material der Mitochondrien liegen. Das sind die Zellorganellen, die für

Mehr Genomdaten

Die Zahl der Organismen, deren Genome sequenziert werden, steigt ständig weiter. Zurzeit rechnet man mit einem Genom, das pro Woche den Datenbanken hinzugefügt wird. Im Februar 2004 stand die Zählung bei 150, und die beste Datensammlung bietet an dieser Stelle das European Bioinformatics Institute im britischen Cambridge unter dem Namen Cogent an. Die Datenbank führt auch eine Liste der Proteine an, die sich aus den gewonnenen Genomdaten vorhersagen lassen. Details im Internet unter <http://maine.ebi.ac.uk:8000/services/cogent>.

Die Stanford Universität in Kalifornien hat unter dem Namen PharmGKB eine Datenbasis geschaffen (siehe unter www.pharmgkb.org), auf der man nach Genen suchen kann, die Einfluss auf die Wirkung von Medikamenten nehmen. Man kann auch den umgekehrten Weg gehen und nach Arzneimitteln und Krankheiten suchen, die durch die Genetik besser verstanden werden können. Die Datei führt Angaben zur Literatur und eigene experimentelle Ergebnisse an, die von Wissenschaftlern zur Verfügung gestellt wurden – etwa in Hinblick auf die Nebenwirkungen, die ein Medikament gegen Krebs hat und die mit verschiedenen Versionen von Stoffwechsellzymen in Verbindung gebracht werden.

Da die Website Informationen über individuelle Patienten enthält, müssen Benutzer über sich selbst Auskunft geben und Vertraulichkeit zusagen, bevor sie die Datenbasis erkunden können.

die Energieversorgung des Lebens zuständig sind.

Kritiker haben darauf hingewiesen, dass viele der Genorte höchstens indirekt und nur zu einem geringen Teil mit körperlichem Wohlbefinden zu tun haben.² Sie regeln mehr die Herzfrequenz oder die Fettverbrennung. Der Katalog enthält aber auch der biologisch-medizinischen Wissenschaft eher vertraute Anlagen wie etwa das Gen für den Wachstumsfaktor mit Namen IGF-1 auf Gen 12. Besonders interessant ist das Gen, das zu einem Protein namens ACE führt und den Blutdruck beeinflusst. ACE steht für Angiotensin Converting Enzyme und kommt in zwei Versionen vor. Die als I bezeichnete Form stammt von einem Gen, das zwar verlängert ist, sich aber so auswirkt, dass die Aktivität des Enzyms vermindert wird. Wie sich bei Sportlern, Soldaten und Senioren zeigt, sind die Träger dieser Version bei Ausdauerleistungen im Vorteil, während die Trä-

ger des kurzen Gens mit der Abkürzung D auf Chromosom 17 besser sprinten können.

Ein weiteres Gen weist in dieselbe Richtung, wie im Juli-Heft des Jahres 2003 im American Journal of Human Genetics nachzulesen ist. Hierin berichtet Kathrin North von der Universität Sydney, dass bei einer Untersuchung von mehr als 400 Sportlern ebenfalls zwei Versionen eines Gens erkannt wurden, von denen eine die Ausdauer und eine die Sprintfähigkeit betrifft. Das Gen heißt ACTN-3 und sorgt für ein Protein in den Muskeln. Wer die unpassende Variante hat, kann zwar lange oder schnell laufen, er hat aber kaum Chancen, ein Spitzensportler zu werden – wobei niemand weiß, ob die wirklich fit in dem Sinne sind, den die Evolution anvisiert.

1 Vol. 35 (8) August 2003, S. 1248-1264

2 So z. B. Matt Ridley und Evelyn Fox-Keller

Ein neues Großprojekt der Genomforschung

Im Dezember 2003 hat sich das International HapMap Consortium vorgestellt, um ein Projekt in Angriff zu nehmen, das so heißt wie das Konsortium, nämlich International HapMap Project (Details in Nature 426 (Dec. 2003), S. 789-796 oder unter www.hapmap.org/index.html) und über dessen erste Schritte bereits in „Genetik aktuell“ 2003 berichtet worden ist.

Konkret geht es bei diesem Vorhaben um einen neuen Weg zur Erkundung der Variationen, die sich im menschlichen Genom befinden, und diese Kenntnis wird angestrebt, um solche Varianten identifizieren zu können, die mit Volkskrankheiten verbunden sind und zu ihrer Entstehung beitragen. Die wissenschaftlichen und ethischen Themen solch einer Zielsetzung sind auf einer Konferenz erörtert worden, deren Ergebnisse unter www.genome.gov/10001665 nachgelesen werden können. Mit der HapMap wird anvisiert, mit den Datenmengen zurechtzukommen, die fast logisch zu erwarten sind, wenn nach dem offiziellen Ende des Humanen Genomprojektes der Anfang des Sequenzierens individueller Genome an die Reihe kommt.

Medizinische Datenbanken in England

In Großbritannien ist die Einrichtung einer Biobank geplant, mit der man hofft, die weltweit größte Sammlung von DNA-Proben zu erstellen, die sich auf medizinische Daten bezieht.¹ In Großbritannien verfügt man bereits über die größte forensische DNA-Datensammlung, die benutzt wird, um Verdächtigen auf die Spur zu kommen.

Die Biobank ist im Mai 2003 beschlossen und mit 45 Mio. Pfund ausgestattet worden. Spender im Alter zwischen 45 und 69 Jahren werden eine Blutprobe abgeben, einen Fragebogen ausfüllen, der über ihre Lebensweise Auskunft gibt, und den Forschern unbegrenzt Zugang zu den medizinisch relevanten Daten erlauben. Mehr als 20 Universitäten sind mit der Sammlung und Auswertung der Daten beschäftigt, die in zweifacher Ausfertigung an unterschiedlichen Stellen gelagert werden sollen. Die Hoffnung dieses Projekts besteht darin, dass sich beim Vergleich der Daten und Lebensgewohnheiten erkennen lässt, welche Faktoren zusammenkommen müssen, um Krebs, Herzerkrankungen oder andere komplexe Krankheiten zu bekommen. In zehn Jahren sollten erste erkennbare Ergebnisse vorliegen, wenn die ersten Spender zwischen 55 und 79 Jahren alt sein werden.

1 Vgl. <http://www.aerztezeitung.de/docs/2003/05/13/088a0203.asp>

Kartierung des menschlichen Genoms

Um zu verstehen, was bei einer HapMap gemacht werden soll, muss der Begriff „Haplotyp“ erläutert werden, denn HapMap kürzt ab, was auf Deutsch eine „Karte des Haplotyps“ heißen würde und eine Kartierung des menschlichen Genoms meint. Das Wort „Haplotyp“ ist nach dem Ausdruck „Genotyp“ gebildet, das bald einhundert Jahre alt wird und die Gesamtheit der Gene meint, die in Zellen bzw. in dem aus ihnen bestehenden

Organismus zu finden sind. Die beiden Vorsilben stammen von dem griechischen Wort „haplos“, was „einfach“ heißt, und ein Haplotyp ist eine Zusammenstellung von einfachen Varianten im genetischen Material. Einfach ist dabei wörtlich zu nehmen, nämlich die Veränderung eines Bausteins in der DNA, die auch als SNP bekannt ist, wobei diese Buchstaben den Ausdruck „single nucleotide polymorphism“ abkürzen (was ausführlich erläutert wurde in „Genetik aktuell“ 2001). Tatsächlich finden sich im Genom Stellen, die in allen Menschen gleich sind, und Stellen, an denen genau ein Baustein (ein Nukleotid) ausgetauscht worden ist.

Für die Forschung und die diagnostische oder therapeutische Anwendung sind vor allem die variablen Stellen von Interesse, und in der HapMap versucht man, sie alleine zusammenzustellen, weil auf diese Weise viel weniger Datenmengen zu handhaben sind, nämlich bestenfalls 0,1% des gesamten Genoms. Indem die Sequenzen eines gegebenen Chromosoms von

individuellen Menschen verglichen werden, können die DNA-Bausteine bestimmt werden, die Unterschiede anzeigen. Sie werden als Haplotyp zusammengefasst, der die Kombination aller benachbarten SNPs auf einem Chromosom ist.

Das Ziel des HapMap Projektes besteht in der Reduktion der zu bearbeitenden Datenmengen in der Absicht, Wissenschaftlern bessere Möglichkeiten an die Hand zu geben, genetische Faktoren zu identifizieren, die für Krankheiten anfällig machen (Suszeptibilität) oder dagegen schützen und die Einfluss auf die Wirksamkeit von Medikamenten nehmen. Während das Humane Genomprojekt das ganze menschliche Genom ins Auge gefasst hat, reichen dem HapMap Projekt die 0,1%, in denen sich Individuen unterscheiden. Das Konsortium hat dazu aufgerufen, dass zur Nutzung der wissenschaftlich bestehenden und umsetzbaren Möglichkeiten eine Kooperation zwischen Genetikern, Sozialwissenschaftlern, Ethikern und der Öffentlichkeit angestrebt wird.

„Diebstahl von DNA“

Unter dieser Überschrift erschien in der britischen Fachzeitschrift Nature Genetics Review ein Beitrag über eine neue Art des Verbrechens. In einem offiziellen Bericht über den künftigen Nutzen der Genetik ist die Verwendung des genetischen Materials einer Person zu Testzwecken ohne deren Einverständnis als ein neuer Straftatbestand („offence“) vorgeschlagen worden (Schriften des Department of Health, Our Inheritance, Our Future: Realising the Potential of Genetics in the National Health Service, Cm 5791-II vom Juni 2003).

Obwohl es bereits eine Körperverletzung („assault“) ist, jemandem gegen seinen Willen irgendein körperliches Material – also auch DNA – zu entnehmen, war es bislang noch kein Vergehen, dies zu verwenden. Konkret gedacht wird dabei an auf diese Weise erzwungene Vaterschaftsnachweise, bei denen es nicht nur um Datenschutz geht, sondern bei denen auch zwischen den Interessen des Mannes und des Kindes abzuwägen ist.

Der Bericht weist auf den Schaden hin, den illegal erhaltene genetische Informationen haben können – unter anderem dann, wenn sie Versicherungsunternehmen oder Arbeitgebern zur Verfügung gestellt würden. Die rechtlichen Fragen, die in Zusammenhang mit dem Privat-

bleiben von genetischen Informationen auftreten, sind zusammenfassend in dem Buch *Genetic Privacy: A Challenge to Medico-Legal Norms* dargestellt, das 2002 in der Cambridge University Press erschienen ist.

Ähnliche Maßnahmen auch in Australien

Auch in Australien ist ein Gentest ohne Zustimmung als Vergehen eingestuft worden, und zwar bereits in einem im Mai 2003 publizierten Bericht der Australian Law

Reform Commission mit dem Titel *Essentially Yours: The Protection of Human Genetic Information*.¹ In diesem Fall wird sogar eine Mitverantwortung der beteiligten Laboratorien und die Möglichkeit gefordert, von ihnen Schadensersatz zu fordern.

Beide Vorschläge lassen in ihren Formulierungen offen, was genau unter einem Gentest zu verstehen ist. Die Arbeit des Gesetzgebers wird vor allem darin bestehen, diese Tätigkeit durch Regulierungen festzulegen, die einerseits nicht zu eng sind, um lohnende Ergebnisse

unmöglich zu machen, und die zugleich nicht zu weit gefasst sind, dass jede „genetische“ Gesetzgebung bedeutungslos wird.

Dazu eine Anmerkung, da in dem britischen Papier an einer Stelle von einem DNA-Diebstahl die Rede ist. Rechtlich korrekt bezieht sich Diebstahl auf Eigentum, und die Frage darf gestellt werden, ob meine DNA tatsächlich mein Eigentum ist oder nicht etwas anderes – nämlich ein Teil von mir.

¹ <http://www.austlii.edu.au/au/other/alrc/publications/reports/96/>



Kölnische Rückversicherungs-Gesellschaft AG
Theodor-Heuss-Ring 11
50668 Köln
Tel. 0221 9738-0
Fax 0221 9738-494
www.genre.com

© Kölnische Rückversicherungs-Gesellschaft AG
2004

Redaktion

Prof. Dr. Ernst Peter Fischer, Dr. Marianne Kutzner (verantwortlich), Simone Ledermann
Tel. 0221 9738-678
Fax 0221 9738-824
kutzner@genre.com

Genetik aktuell ist eine Publikation der
Gen Re Business School.

Druck

Druckhaus Locher GmbH, Köln

Auflage: 1500

Erscheinungsweise: jährlich

Die veröffentlichten Beiträge genießen urheberrechtlichen Schutz.

Diese Informationen wurden von Gen Re zusammengestellt und dienen als Hintergrundinformationen unserer Kunden sowie für unsere Fachmitarbeiter. Die Informationen müssen eventuell von Zeit zu Zeit überarbeitet und aktualisiert werden. Sie sind nicht als rechtliche Beratung anzusehen. Bitte sprechen Sie mit Ihrem Rechtsberater, ehe Sie sich auf diese Informationen berufen.