

# Den Göttern gleich ich nicht

Christiane Nüsslein-Volhard

Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie, Tübingen

---

Alle reden von Genom. Und die allermeisten wissen nicht, was es damit auf sich hat. Das menschliche Genom sei entschlüsselt, wird gesagt- das bedeute den gläsernen Menschen, in den man reinsehen könne. Gene erklären auf einmal alles. Es sei nur eine Frage der Zeit, wann die Wissenschaftler Menschen mit bestimmten wünschenswerten Eigenschaften herstellten. Als sei das beschlossene Sache. Etwa zeitgleich kommen neue Meldungen über Klonen, Embryonen und Stammzellen und werden sofort mit Genmanipulationen verschnitten, alles wird mit mehr Eifer als Sachkenntnis im Gedankenexperiment durchmischt und beliebig kombiniert, um abenteuerliche Zukunftsvisionen zu entwerfen. Ethiker, Politiker, Theologen und Philosophen heben den Zeigefinger und mahnen an, dass schleunigst zu überlegen sei, was wir (die Menschheit) denn eigentlich wollen, und vor allem, dass den Forschern Schranken zu setzen seien, bevor sie Fürchterliches anstellen. Die Verwirrung ist gross.

Zunächst einmal - es ist keine Erfindung der Forscher, dass Gene die Bauanleitung für alle Bestandteile einer Zelle darstellen und praktisch alle Vorgänge der Körperentwicklung und Physiologie eines jeden Lebewesens entscheidend steuern und bedingen. Es macht daher keinen Sinn, gegen Gene zu protestieren oder Forscher zu verunglimpfen. Auch Selektion ist nicht etwas, gegen das man einfach so sein kann, die man verdammen und verbannen kann. Sie findet statt, täglich, stündlich, in uns, durch uns, in der Natur, in allen Lebensbereichen. Die Ergebnisse der Genforschung sind Realität, und von den Forscherpersönlichkeiten ganz unabhängig. Genauso gelten bestimmte grundsätzliche Erkenntnisse der biologischen Forschung, die in den letzten 20 Jahren mit Hilfe der Gentechnik erworben worden sind, egal, ob wir ihre Auswirkungen für das Verständnis der menschlichen Biologie mögen oder nicht. Nur scheinen diese die Biologie wirklich revolutionierenden Erkenntnisse niemanden zu interessieren, denn in all den Horrorvisionen und Allmachtsszenarien, die reichlich in der Presse beschrieben sind, wird darauf keinerlei Bezug genommen. Die Ignoranz treibt Blüten.

Was ist denn aber nun wirklich interessant an dieser neuen, aber auch der alten Genforschung? Wo stehen wir jetzt?

Gene waren postuliert worden als Träger von erblichen Eigenschaften, die nach bestimmten Regeln, die nach Mendel benannt und seit etwa 100 Jahren bekannt sind, weitergegeben werden. Jede Zelle des Körpers enthält alle Gene, und zwar doppelt, eine Kopie stammt von der Mutter, die andere vom Vater. Die physikalische Struktur der Gene wurde 1953 von Watson und Crick entdeckt. Es ist DNS, ein Fadenmolekül, das aus nur vier Bausteinen, den Basen A, T, G, und C linear aufgebaut ist. Der DNS Faden setzt sich aus zwei umeinander gewundenen Strängen, die zu einander komplementär sind, zusammen. Das heisst, dass die Reihenfolge der Basen des einen Strangs eindeutig der des anderen entspricht (A in einem bedeutet T im anderen Strang, entsprechendes gilt für G und C). Damit lässt sich leicht die identische Verdoppelung der Gene, die bei jeder Zellteilung stattfindet, erklären: die Stränge trennen sich und an jedem Einzelstrang wird eine komplementäre Kopie angelegt.

Die Reihenfolge der Basen bedingt in verschlüsselter (kodierter) Form die Zusammensetzung von Proteinen. Diese sind aus zwanzig verschiedenen Bausteinen (Aminosäuren), die chemisch weit unterschiedliche Eigenschaften haben, aufgebaut. Jeweils drei Basen der DNS bestimmen eine Aminosäure im Protein. Zusätzlich gibt es noch Stopkodons für das Ende des Proteins. Das nennt man den genetischen Code. Es sind die Proteine, nicht die Gene, die die eigentlichen Bau- und Wirkstoffe der Zellen darstellen, und die letztendlich die Eigenschaften bedingen, die das Leben ausmachen. Die Zusammensetzung der Proteine ist es auch eigentlich, die man mit Hilfe der Gentechnik herausbekommen möchte, da die direkte Proteinanalyse viel schwieriger ist als die Genanalyse.

In der klassischen Biochemie hat man sich vornehmlich mit der Analyse von Proteinen und nicht Genen befasst, mit Enzymen, Zellbausteinen, Faktoren, Strukturelementen der Zellen und Gewebe. Nicht jedes Protein ist in jeder Zelle vorhanden, sondern sie werden nach Bedarf, sozusagen auf Abruf und in weit unterschiedlichen Mengen hergestellt. Besonders schwer zu isolieren und durch biochemische Analyse aufzuklären sind seltene Proteine, wie Hormone, die deshalb bedeutsam sind, weil sie zum Beispiel in Steuerungsvorgänge wie Wachstum und regionale Differenzierung eingreifen, und im Organismus nur in äusserst geringer Menge, oder nur in wenigen Zellen zu bestimmten Zeiten anzutreffen sind.

Die Gene dazu sind dagegen alle gleich häufig (wie gesagt, jedes in zwei Kopien pro Zelle), und die Leichtigkeit, mit der sie isoliert und analysiert werden können, hängt weder von der Funktion, noch der Struktur der Proteine ab, für die sie kodieren. Vor etwa 25 Jahren wurden Mechanismen entdeckt, die es erlauben, die DNS zu zerstückeln, einzelne DNS-Abschnitte in einzelne Bakterien zu bringen und in diesen zu vermehren (zu

“klonieren”). Mit einem neuen eleganten Verfahren (PCR genannt) lassen sie sich heute sogar *in vitro* (also ohne Zelle) vermehren. Damit kann leicht ein bestimmtes Gen (oder ein Bruchteil eines Gens) in hoher Kopienzahl isoliert werden. In solchen reinen Populationen von relativ kurzen DNS Stücken ist mit neuen Technologien die Reihenfolge der Basen leicht zu bestimmen und mit Hilfe des genetischen Kodes die Proteinzusammensetzung abzulesen, ohne die viel schwierigere direkte Proteinanalyse durchführen zu müssen.

Hat man die einzelnen Gene isoliert, so lassen sich auch die dazugehörigen Proteine in Bakterien oder Zellkulturen in grossem Massstab herstellen. Man macht sich dabei die Maschinerie der DNS- und Proteinsynthese der Wirtszellen zu nutze. Seltene Proteine, zum Beispiel Hormone, Blutfaktoren, Enzyme und Antikörper können so in besonders reiner Form und in grossen Mengen gewonnen werden, ohne sie aus tierischem oder menschlichen Material isolieren zu müssen. Hierin liegt eine der grossen medizinisch bedeutenden Anwendungsbereiche der Genforschung. Bereits vor mehr als 20 Jahren wurden Verfahren zur gentechnischen Herstellung von verschiedenen menschlichen Hormonen, wie Insulin, Wachstumshormon, und Erythropoetin (ein körpereigener Faktor, der zur Blutbildung benötigt wird) entwickelt. Diese und einige andere Produkte wie Enzyme und Antikörper haben hochspezifische Wirkungen im menschlichen Körper und sind mit geeigneten Modifikationen ausserordentlich erfolgreiche Pharmaka geworden, die segensreich für viele Kranke sind, und auch den Unternehmen hohe Gewinne bescheren. Es ist zu vermuten, dass es zusätzlich noch eine große Zahl bisher unbekannter körpereigener Faktoren gibt, die möglicherweise Ausgangspunkte zur Entwicklung ähnlich wirksamer Medikamente darstellen könnten. Ziel vieler Pharmaunternehmen ist es, weitere solche Wirkstoffe zu entdecken und diese dann gentechnisch herzustellen. Ein Weg, der dabei eingeschlagen wird, ist, das entzifferte menschliche Genom nach Genen zu durchsuchen, denen man mit geeigneten Computerprogrammen ansehen kann, dass sie Ähnlichkeiten mit bereits bekannten “Erfolgsmolekülen” haben und daher gute Kandidaten für die Entwicklung von neuen Medikamenten sind. Im Wesentlichen ist es diese Anwendung, die die ungeheuer hohen Kosten des privat finanzierten Sequenzierprojektes des menschlichen Genoms der US Firma Celera letzt endlich tragen soll. Da die Entwicklung von neuen Pharmaka sowohl ausserordentlich kostspielig als auch riskant ist, ist nicht zu verwundern, dass Patente die Rechte der “Erfinder”, die das Potential eines Gens für die Entwicklung eines Medikamentes als erste bemerkten, vor konkurrierenden Projekten schützen müssen.

Die Entzifferung des menschlichen Genoms stellt ohne Frage einen vorläufigen Höhepunkt der Genforschung dar. Das internationale Humangenomkonsortium hat 10 Jahre an dem Projekt gearbeitet. Es waren Forschergruppen aus 6 Nationen, allen voran die USA

und England, beteiligt. Deutschland, nach Frankreich und Japan mit weniger als drei Prozent vorletzter, vor China. Die Genomdaten sind für jederman frei im Internet zugänglich.

Ein Jahrhundert-Ereignis und internationale Zusammenarbeit von ihrer besten Seite. Dennoch können wir bisher die ungeheure Informationsmenge, die uns damit beschert wird, erst in Anfängen verstehen. Die Auswertungen der Genomdaten durch Experten verschiedenster Disziplinen, die jetzt in den Fachzeitschriften NATURE und SCIENCE beschrieben sind, sind wahrlich eindrucksvoll, und es wird noch eine Weile brauchen, bis wir das alles auch nur annähernd verdaut haben. Das menschliche Genom ist immerhin 20 mal grösser als das Genom der Fliege Drosophila, das bisher grösste der entzifferten Genome. Nur ein kleiner Teil der DNS des menschlichen Genoms ist in Genen angelegt. Zu Beginn des Genomprojekts wurde daher auch debattiert, ob die Entzifferung des gesamten menschlichen Genoms ihren Preis wert sei, und ob nicht mit der ungeheuren Geldsumme, die zu investieren war, durch gezielte Untersuchungen einzelner Gene mehr Fortschritt für das Verständnis der menschlichen Biologie und Medizin zum jetzigen Zeitpunkt hätte gewonnen werden können. In der Tat sind bereits vorher etliche menschliche Krankheitsgene auf Grund ihrer Position im Genom kloniert und sequenziert worden. Viele menschliche Gene mit besonderen Eigenschaften waren in Bruchstücken schon bekannt, sodass sich jetzt kein abrupter Sprung in der Zunahme der Erkenntnis erwarten lässt. Das Humangenomprojekt rechnet sich aber sicher auf lange Sicht, da es die Forschungen in Zukunft wesentlich vereinfachen wird. Das entzifferte Genom stellt einen Datenpool dar, auf den jederzeit und unter Einsatz inzwischen gewonnener neuer Verfahren zurückgegriffen werden kann. Die Lesbarkeit und Interpretierbarkeit der DNS hängt sehr vom Stand der Computerprogramme ab, die auf Grund neuer Erkenntnisse modifiziert werden können. Mit neuen Ideen und Fragestellungen lassen sich in Zukunft auch ganz neue Erkenntnisse und Interpretationen der vorhandenen Daten erwarten.

Was lernen wir jetzt schon? Zunächst einmal die Zusammenfassung: 3 Gigabasen. 3 Milliarden Buchstaben. Ungeheuer viel Information. Wie schon gesagt, nur wenig davon bestimmt Proteinstrukturen: ungefähr 1,3%. Was ist der Rest? Etwa die Hälfte der DNS ist etwas, was man Füllsel nennen mag, auch mit Junk (Müll) bezeichnet. Das bedeutet, dass man weder weiss, was diese Regionen sollen, noch ob sie überhaupt wichtig sind. Proteine kodieren sie jedenfalls nicht, denn sie sind durchsetzt von Stopkodons. Diese DNS Regionen stammen offenbar von Viren ab, deren Erbsubstanz ins Genom integriert wurde, und scheinen schon lange keine Funktion mehr zu haben. Sie mögen uns interessante Aufschlüsse über die Entstehungsgeschichte des menschlichen Genoms geben. Es finden sich auch Bruchstücke von bakteriellen Genen, die offenbar erst vor kurzem ins menschliche Genom hereingekommen sind. Es gibt keine Hinweise auf Gene von

Nahrungsmitteln, Getreide, Tomaten. Gut zu wissen, und hoffentlich die grünen Gengegner beruhigend.

Es gibt nur ungefähr 30 000 Gene. Das ist viel weniger als man noch bis vor kurzem geglaubt hatte. Die Hefe hat 6000, die Fliege *Drosophila* 13 000, der Wurm *Caenorhabditis* 19 000 und die Pflanze *Arabidopsis* 26 000 Gene. Im Vergleich sind die Gene des Menschen aber erheblich komplexer aufgebaut und sehr viel größer. Das ist wichtig, denn es bedeutet, dass die Zunahme an Eigenschaften und Strukturen im Laufe der Evolution nicht einfach durch eine Zunahme an Genen geschehen ist. Menschliche Gene sind in höherem Masse als die Gene von Würmern und Fliegen von Regionen unterbrochen, die nicht in Proteine übersetzbar sind. Es ist unwahrscheinlich, dass diese Regionen ganz ohne Funktion sind, aber wir können sie vorläufig noch nicht gut verstehen. Möglicherweise gibt es da keine einfachen Regeln, und wahrscheinlich ist, dass sie bei der Regulation der Gene beteiligt sind, und so etwas wie Gebrauchsanweisungen enthalten, also bestimmen, wo, wann und wie viel von dem Genprodukt, dem Protein, entsteht.

Man hat inzwischen gelernt, in Proteinen kürzere und oft vorkommende Module zu erkennen, denen bestimmte biochemische Eigenschaften zugeschrieben werden können. Die meisten Proteine besitzen mehrere solcher Module, und es gibt gewisse Gesetzmässigkeiten, mit denen sie gemeinsam auftreten. In den menschlichen Genen finden sich in der Regel mehr solcher Module pro Gen, auch gibt es neue Kombinationen, im Vergleich zu den Genen der Fliege. Es ist anzunehmen, dass von den meisten Genen mehrere Proteine gebildet werden, die sich in der Zusammensetzung dieser Module unterscheiden. Das erhöht die Möglichkeiten, verschiedene Proteine mit unterschiedlichen Funktionen zu machen, aber erschwert die Vorraussagbarkeit der Genfunktion für den Forscher. Von den bisher bekannten ca 1200 solcher Module sind nur 94 (8%) im Menschen neu entdeckt worden. Die meisten waren bereits aus anderen Tieren bekannt.

Das Menschliche ist das erste Genom eines Wirbeltiers, das vollständig entziffert worden ist. Eine der interessantesten Quellen zu seinem Verständnis bietet der Vergleich mit den bereits entzifferten Genomen von Modellorganismen. Allen voran sind das die beiden Nicht-Wirbeltiere, die großen kleinen Tiere der Vererbungsforchung- der Wurm *Caenorhabditis elegans*, und die Fliege *Drosophila melanogaster*. Dem Menschen näher sind Wirbeltiere, die Hausmaus und der Zebrafisch. Die Genomdaten für Wurm und Fliege liegen seit kurzem vor, das Mausgenom ist kurz vor der Fertigstellung, das Fischgenom wird dieser Tage in Angriff genommen und soll in etwa 2 Jahren fertig sein. Das wird dann sehr spannend werden, denn der Vergleich von näher verwandten Arten, vor allem der Maus als Säugetier, ist es, der uns Aufschluss über das wirklich Wichtige und Unentbehrliche im menschlichen Genom bringen wird.

Weshalb dann einfache Modellorganismen? Deshalb, weil sie leicht und billig zu halten sind und man über ihre Biologie schon sehr viel weiss. Die Wirkungen vieler ihrer Gene im Organismus kennt man schon lange gut. In Würmern und Fliegen, mit Einschränkungen inzwischen auch in Mäusen und Fischen, lässt sich vieles ganz einfach durch genetische Experimente nachfragen: Es lassen sich leicht Mutanten isolieren- Familien, in denen einzelne Gene verändert oder funktionslos sind, ähnlich wie bei Erbkrankheiten des Menschen. Man erkennt an den Tieren, die nur das defekte Gen enthalten, in welchen Prozessen im Tier das betroffene Gen beteiligt ist und kann damit etwas über seine Funktion erfahren. Zusammen mit diesem "Phänotyp", dem Erscheinungsbild, ergibt die Analyse des Gens, seines Proteins und seiner zeitlichen und räumlichen Wirkung oft aufregende und weitreichende Erkenntnisse über die Form- und Organbildung während der Entwicklung eines Tiers. Bei diesen Tieren lassen sich isolierte Gene leicht in den Organismus einschleusen. Die Gene können auch aus anderen Organismen stammen oder aus Bruchstücken verschiedener Gene zusammengesetzt sein. Auf Grund der Gensequenzen lassen sich molekulare Sonden herstellen, die es erlauben, die Wirkung einzelner Gene im lebenden Organismus nachzuweisen und zu verfolgen. All dies hat dazu geführt, dass viele grundlegende Lebensprozesse bei Würmern und Fliegen bis in kleine Details verstanden sind, viel besser als in Wirbeltieren, wo der Aufwand, um vergleichbare Ergebnisse zu bekommen, um Grössenordnungen höher ist.

Die Forschung an Modellorganismen hat zu einigen sehr aufregenden und keineswegs trivialen Schlussfolgerungen über die Logik des Lebens geführt, die jetzt durch die Ergebnisse des Humangenomprojekts nur bekräftigt und bestätigt werden.

*Erstens: Bei vielzelligen Organismen gibt es viel weniger Gene als Eigenschaften.* Das bedeutet zum Einen, dass praktisch jedes Gen mehrere Funktionen ausübt, und zum anderen, dass einzelne Eigenschaften von mehreren Genen beeinflusst werden. Diese These ist besonders bei der Fliege in etlichen Fallstudien schon sehr gut belegt. Auch bei vielen Genen, die man glaubte sehr gut zu verstehen, tauchen immer mehr und mehr Eigenschaften auf, die durch sie betroffen werden. Im menschlichen Genom, das ja über eine verhältnismässig geringe Zahl an Genen verfügt, ist die komplexe Beziehung zwischen Genen und Eigenschaften, besonders offensichtlich. Sie weicht krass von der naiven "jede Eigenschaft hat ein Gen" - Vorstellung ab.

Die Schlussfolgerung aus dieser These ist, dass es unsinnig ist, von dem Gen für Musikalität, Aggression, oder Schizophrenie zu reden. Es gibt auch kein Gen für den großen Zeh oder eine gute Figur. Viele Gene beeinflussen diese Eigenschaften. Auf die Spitze getrieben bedeutet das auch, dass man vielleicht von keinem Gen (weder in Fliege, noch

Mensch) wirklich genau vorraussagen kann, oder gar weiss, was es alles beeinflusst. Wird man den entzifferten Genen des Menschen ihre Funktionen je genau ansehen können? Wie kann man heraus finden, was sie alles tun? Die Forschung kann nur grobe Anhaltspunkte ergeben und es ist wirklich fraglich, ob man je in der Lage sein wird Gene zu identifizieren, die einzeln in ein (genetisches) Individuum gebracht, diesem mit Sicherheit (und ohne Nebenwirkungen) bestimmte wünschenswerte Eigenschaften verleihen.

*Zweitens: Es gibt einen hohen Grad der Verwandtschaft zwischen Genen verschiedener Tiere.* So sieht man in etwa der Hälfte der Gene des Menschen deutliche Ähnlichkeiten mit solchen von Hefe, der Fliege, oder dem Wurm. Umgekehrt gilt das gleiche auch für die jeweiligen Organismen. Diese Verwandtschaften bedeuten zum einen, dass die Proteine, die jede Zelle aufbauen, gemeinsame Ursprünge haben. Das ist vielleicht nicht so verwunderlich, da wir ja sicher alle von Einzellern abstammen, die die wesentlichen Bausteine einer Zelle bereits besaßen. Was aber als große Überraschung vor etwa 10 Jahren durch die vergleichenden Untersuchungen von Genen der Nicht- Wirbeltiere mit Wirbeltiergenen (zu denen der Mensch ja auch gehört) herauskam, war, dass auch übergeordnete Mechanismen, die den Bauplan der Tiere bestimmen, die festsetzen, wo oben und unten, vorn und hinten ist, wo und wie Augen, Beine angelegt werden, offenbar recht ähnlich sind. Und das, obwohl sich die Tiere (wie Fliege und Maus) oft gar nicht ähnlich sehen. Bei diesen Mechanismen spielen häufig komplexe Wechselwirkungen von Proteinen eine Rolle, die man- und das ist das Überraschende- in weit voneinander entfernten Arten in gleicher oder sehr ähnlicher Beziehung findet. Wohlgemerkt, entsprechende Gene bei Mensch, Maus und Fliege sind in den seltensten Fällen völlig gleich, aber man erkennt immer noch deutlich, dass sie auf einen gemeinsamen Ursprung zurückgehen. Das heisst, dass in der Evolution, bei der Entstehung von neuen Arten, die Proteine mit ihren Wechselwirkungen abgewandelt, verdoppelt, modifiziert, verloren, oder neu kombiniert wurden, und nur selten wirklich Neues dazu kam. Viele dieser molekularen Parameter der Baupläne haben die Tiere gemeinsam, obwohl man in ihrer endgültigen Gestalt die gemeinsame Abstammung häufig nicht mehr zu erkennen vermag.

Diese Entdeckungen der Genforschung bestätigen aufs schönste die Ideen, die Linne zum Aufstellen seines natürlichen Systems der Pflanzen, und Goethe zu seinen naturwissenschaftlichen Philosophien der Metamorphose der Pflanzen und Tiere gebracht hat: *“Alle Glieder bilden sich aus nach ewgen Gesetzen, doch die seltenste Form bewahrt im Geheimen das Urbild”*. Es war Darwin, der in dieser natürlichen Ordnung mehr gesehen hat als die Einfallslosigkeit eines Schöpfers, dem es etwa leichter fiel, Ähnliches statt Neuem zu schaffen. Darwin erkannte, dass Ähnlichkeit der Gestalten häufig auf gemeinsame Abstammung zurückgeht und schlug als Mechanismus, der die Entstehung von neuen aus bereits bestehenden Arten erklären kann, erbliche Variation gefolgt von

natürlich erfolgreicher Selektion vor. Seine Überlegungen, die er in dem sehr lesenswerten Buch "On the Origin of Species by Means of Natural Selection" 1859 veröffentlichte, basierten auf einer genialen Kombination von bemerkenswerten Beobachtungen. Die grandiosen Fossilien in den südamerikanischen Anden, der Einfluss der Auswahl durch den Züchter bei der Entstehung von Tauben- und Hunderrassen, die Anpassung von offenbar sehr nah verwandten Arten von Finken an das Erschliessen verschiedenster Nahrungsquellen und anderes mehr führten ihm die Veränderbarkeit der Arten und auch die Kräfte, die dies bewerkstelligen mögen, vor Augen. Seine Abstammungstheorie hat damals die Öffentlichkeit auf äusserste irritiert, und trotz der tausendfachen Bestätigung, nicht zuletzt auch durch die Genomforschung, gibt es immer noch Leute, die Mutation und Selektion als treibende Kraft der Veränderung in Frage stellen.

Karl Marx hat sich übrigens wie alle Philosophen damals mit Darwins Buch intensiv auseinandergesetzt. Darwin allerdings fand die Verknüpfung von Sozialismus mit Evolution nicht gelungen (*"What a foolish view seems to prevail in Germany on the connection between Socialism and Evolution through natural selection!"*.....) Darwin hat noch nichts über Gene gewusst, den Aufsatz von Mendel nicht gelesen. Gene kamen erst Anfang des 20. Jahrhunderts auf, nachdem Mendels geniale Arbeit, in der er die Regeln der Vererbung einfacher Merkmale der Erbse beschrieb, im Jahre 1900 wieder entdeckt wurde. Der bedeutende Würzburger Zoologe und Zellforscher Boveri erkannte in den Chromosomen, die in den Zellkernen von Körperzellen doppelt vorhanden, und in den Keimzellen auf den einfachen Satz verringert sind, die Träger der Gene. Die Chromosomentheorie der Vererbung wurde dann besonders mit der Genetik der Fliege *Drosophila* in amerikanischen Labors erarbeitet. Dann kam die Genetik der Bakterien und ihrer Viren auf, bei der es um wirklich kleine und einfache Systeme ging, die es erlaubten auch die molekulare, nicht nur die formale Natur der Vererbung anzugehen.. Erst mit der Entwicklung der Gentechnik Anfang der siebziger Jahre war man dann in der Lage, auch Gene höherer Organismen- Einzeller, Vielzeller, Wurm, Fliege, Maus, Mensch- die zwar in Mutanten, aber nur selten in ihren biochemischen Auswirkungen erkennbar waren, zu untersuchen, zu vergleichen und verstehen zu lernen.

Da sind wir jetzt.

In Deutschland ist zwar die Genforschung nicht besonders gut aufgehoben (wie gesagt, 3% Beteiligung am Humangenomprojekt), aber Weisheit gibt es dafür reichlich. Wie immer kann Goethe am Besten ausdrücken, was der Forscherr /die Forscherin empfindet:

*Den Göttern gleich ich nicht! zu tief ist es gefühlt,  
Dem Wurme gleich ich, der den Staub durchwühlt.*



*(Faust.)*

Ich danke meinen Mitarbeitern Florian, Frank, Holger, und Ralf, sowie Maria und Friedrich für Diskussionen und Textkritik.

Frankfurter Allgemeine Zeitung, Februar 2001