

Die Genetik ist zu einer der grundlegenden Wissenschaften unserer Zeit geworden. Das Wissen um unsere Erbinformation hat viele Bereiche der Lebenswissenschaften revolutioniert. Sei es das Herausfinden von Verwandtschafts- oder Abstammungsbeziehungen zwischen Lebewesen oder auf molekularer Ebene die Gewinnung von Erkenntnissen über die Funktionsweise einzelner Gene. Das Wissen im großen Feld der Genetik ist regelrecht explodiert und tut es in manchen Bereichen immer noch. Ein Teilbereich der Genetik dreht sich um die aktive Veränderung der DNA, die Gentechnik. Um die Gentechnik besser ergründen zu können, soll vorab eine kurze Einführung in die Genetik und deren molekulare Grundlagen erfolgen.

---

## 2.1 Von Mendel bis zur DNA

Die Auseinandersetzung mit Genetik ist schon sehr alt. Die Frage nach der Funktionsweise der Vererbung beschäftigte Gelehrte, Philosophen genauso wie die Landwirte seit deren Anfängen. Trotzdem wird das Werk von Gregor Mendel gemeinhin als der Beginn genetischer Forschungen angesehen. Etwa hundert Jahre vor der Aufklärung der Struktur der DNA stieß Johann Gregor Mendel (1822 – 1884) bei Kreuzungsversuchen im Garten des Augustinerklosters in Brünn auf Gesetzmäßigkeiten, die später ihm zu Ehren Mendel'sche Regeln genannt wurden. Er konnte zeigen, dass „etwas“, er nannte es Faktoren, in Pollen und Eizelle die Eigenschaften der Nachkommen bestimmt. Heute wissen wir deutlich mehr über die Erbanlagen und im folgenden Text wird dieses Wissen auch in die Erklärungen eingebaut, auch wenn diese Begrifflichkeiten und Hintergrundinformationen nicht von Mendel stammen und ihm auch nicht bekannt waren.

Er führte über Jahre hinweg Kreuzungsversuche an Erbsen durch. Erbsen eigneten sich deshalb gut für die Versuche, weil sie klar unterscheidbare Merkmale

haben, wie etwa weiße oder violette Blüten bzw. glatte oder runzelige Samenkörner. Besonders praktisch für die Handhabung war auch die Eigenschaft, dass Erbsen in unseren Breiten weitgehend selbstbestäubend sind. Somit konnte Mendel die Pflanzen durch Entfernung der Staubbeutel aus der Blüte gezielt mit einfachem Werkzeug kreuzen.

---

### Infobox

Unter *Genotyp* versteht man die Gesamtheit der Gene. Ein deutscher Begriff für Genotyp wäre Erbbild.

Unter *Phänotyp* versteht man die Gesamtheit der sichtbaren, äußeren Merkmale. Ein deutscher Begriff für Phänotyp wäre Erscheinungsbild.

Ein *Allel* ist eine Genvariante. Jedes Gen kommt beim Menschen und generell bei fast allen Lebewesen, die sich geschlechtlich fortpflanzen, zweifach vor. Einmal wird es vom Vater, einmal von der Mutter vererbt. Dieses eine Gen kann in verschiedenen Ausprägungen oder Varianten vorliegen, was als Allel bezeichnet wird. Liegt ein Gen in zwei gleichen Varianten (=Allelen) vor, so spricht man von reinerbig (=homozygot). Liegt es in zwei verschiedenen Allelen vor, so nennt man das mischerbig (=heterozygot).

*Rezessiv* bedeutet zurücktretend: Ein rezessives Merkmal wird im Phänotyp nur sichtbar, wenn es von beiden Eltern vererbt wird. Wenn also beide Allele eines Gens reinerbig rezessiv sind.

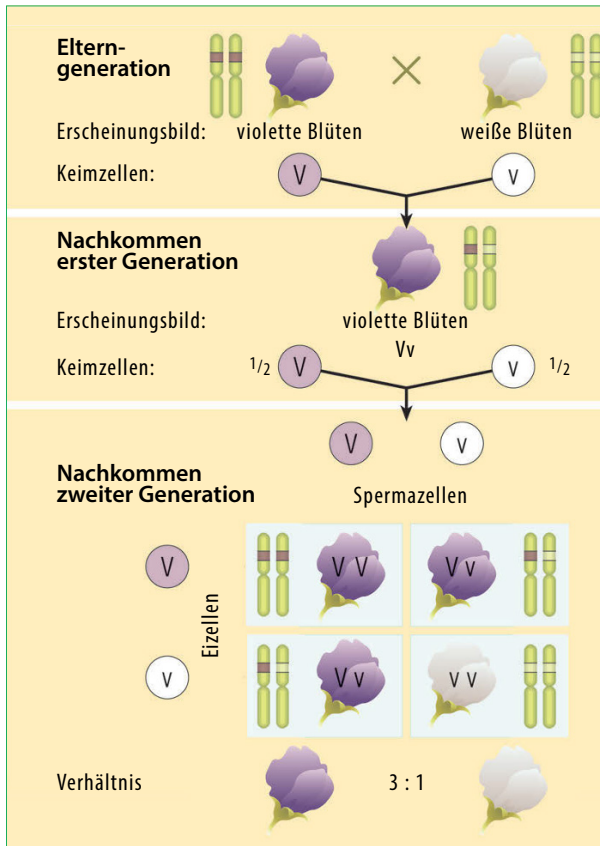
*Dominant* bedeutet überdeckend: Ein dominantes Merkmal zeigt sich im Phänotyp auch, wenn es nur von einem Elternteil vererbt ist, also in einem Allel vorkommt.

*Intermediär* heißt übersetzt dazwischenliegend. Diese Merkmale sind weder zurücktretend noch überdeckend. Es kommt zu einer Mischung der Merkmale, wenn das Allel heterozygot ist.

---

Zunächst führte er Vorversuche durch, um reinerbige (= homozygote) Erbsensorten zu erhalten. Reinerbig oder homozygot bedeutet, dass diese Pflanzen von beiden Elternteilen die Erbanlage für beispielsweise violette Blüten bekommen haben und auch alle Nachkommen dieses Merkmal haben. Beide Varianten oder Allele sind identisch.

Kreuzte Mendel seine reinerbigen Erbsen mit violetten Blüten mit reinerbigen Erbsen mit weißen Blüten, so hatten alle Nachkommen die gleiche Blütenfarbe, in diesem Fall violett. Die Anlage für die weiße Blüte ist aber nicht verlorengegangen,



**Abb. 2.1** Mendels Spaltungsregel: Bei diesem dominant-rezessiven Kreuzungsbeispiel werden reinerbig violettblühende Erbsen mit reinerbig weißblühenden Erbsen gekreuzt, wobei violett dominant (V) und weiß rezessiv (v) ist. In Anlehnung an: Brigitte Gold, Wien © Veritas-Verlag, Linz. Entnommen aus: Andreas Schermaier, Herbert Weisl: bio@school 8. Linz: Veritas-Verlag 2015 (8. Auflage), S. 12

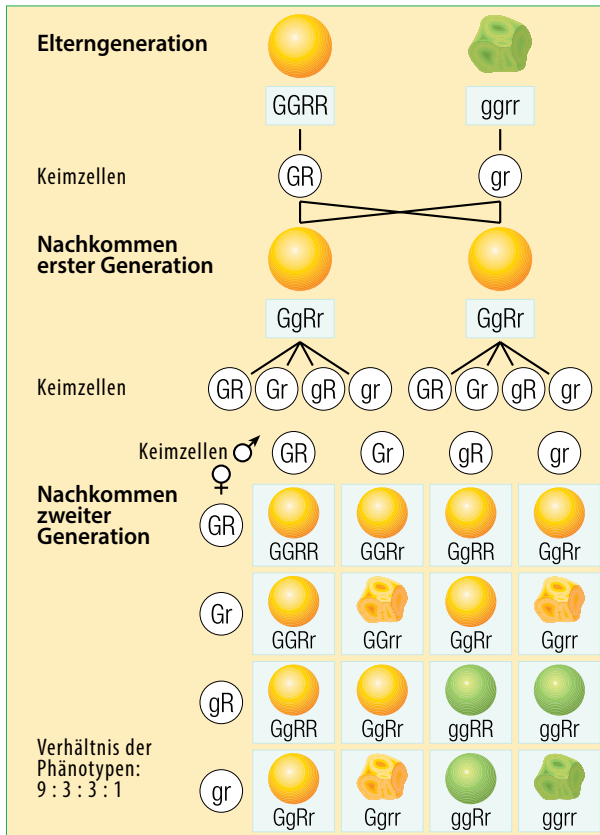
sie taucht wieder auf, wenn man diese nun mischerbigen Nachkommen unter sich kreuzt. Einen solchen Erbgang, bei dem eine Eigenschaft die andere zu- oder verdeckt, nennt man dominant-rezessiv. In dem Fall ist violett die dominante (zudeckende) Variante dieses Gens und weiß das rezessive (verdeckte) Allel. Im Erscheinungsbild

der Pflanze (= Phänotyp) sieht man nur die Eigenschaft violett. Im Genotyp oder Erbbild sind aber beide Eigenschaften, violett und weiß, gleichermaßen vorhanden. In der folgenden Generation mit den mischerbigen Eltern taucht bei 25 Prozent der Nachkommen die weiße Farbe wieder auf. Alle anderen Blüten sind violett. Im Erbbild zeigt sich, dass 25 Prozent der Nachkommen reinerbig das Merkmal für die violette Farbe haben, 25 Prozent das Merkmal für die weiße Farbe und dass 50 Prozent mischerbig sind (siehe Abb. 2.1).

Es gibt neben dem dominant-rezessiven auch einen anderen Erbgang, bei dem eine Mischung der beiden Merkmale entsteht, wie z.B. bei der japanischen Wundblume, bei der die Eltern reinerbig rot und reinerbig weiß und die Nachkommen mischerbig rosa sind (intermediärer Erbgang). Hier sind beide Allele gleichwertig und kommen auch beide im Phänotyp zur Ausprägung.

Eine weitere Gesetzmäßigkeit beobachtete Mendel bei aufbauenden Versuchen mit Erbsen, die sich in zwei Merkmalen voneinander unterschieden. Er kreuzte etwa reinerbige, gelbe, runde Erbsen mit reinerbigen, grünen, runzeligen Erbsen. In der ersten Generation waren wiederum alle Nachkommen gleich, nämlich gelb und rund. Diese beiden Merkmale waren offenbar dominant. In der nächsten Generation aber erhielt er gelbe-runde, gelbe-runzelige, grüne-runde und auch grüne-runzelige Erbsen (siehe Abb. 2.2). Er entdeckte somit, dass es zur Neukombination der Merkmale und damit zur Entstehung neuer Sorten kommt.

Diese Vererbungsregeln gelten für alle Lebewesen gleich. Heute wissen wir allerdings um gewisse Einschränkungen. So kommt es etwa zur Neukombination von Merkmalen nur, wenn die Gene/Merkmale auf verschiedenen Chromosomen liegen. Zudem sind die Gesetzmäßigkeiten nur dann gültig, wenn eine bestimmte Eigenschaft nur von einem einzigen Gen abhängt. Beim Menschen wären das z.B. die Blutgruppen, oder ganz bestimmte, monogene (von einem Gen abhängige) Erbkrankheiten. Immer dann, wenn mehrere Erbanlagen für eine bestimmte Eigenschaft verantwortlich sind, und das ist in der überwiegenden Zahl der Merkmale der Fall, kann man die Mendel'schen Regeln nicht direkt anwenden. Ganz abgesehen davon, dass natürlich immer die Umwelt eines Menschen, seine gesamte Entwicklung, seine Erlebnisse etc. und auch die gegenseitige Beeinflussung von Genen eine mehr oder weniger große Rolle spielen. Die letztendlichen Eigenschaften sind fast immer ein Resultat aus der Wirkung verschiedener Erbanlagen und mit diesen in Wechselwirkung tretenden, vielfältigen, nicht genetischen, äußeren Einflüssen.



**Abb. 2.2** Erbschema zum dihybriden Erbgang: Bei diesem dominant-rezessiven Kreuzungsbeispiel werden zwei unterschiedliche Merkmale gekreuzt. Die reinerbig gelben (G) und runden (R) Erbsen werden mit reinerbig grünen (g) und runzeligen (r) Erbsen gekreuzt, wobei gelb und rund dominant sind sowie grün und runzelig rezessiv. In der zweiten Generation zeigt sich eine Durchmischung beider Merkmale. In Anlehnung an: Brigitte Gold, Wien © Veritas-Verlag, Linz. Entnommen aus: Andreas Schermaier, Herbert Weisl: bio@school 8. Linz: Veritas-Verlag 2015 (8. Auflage), S. 14

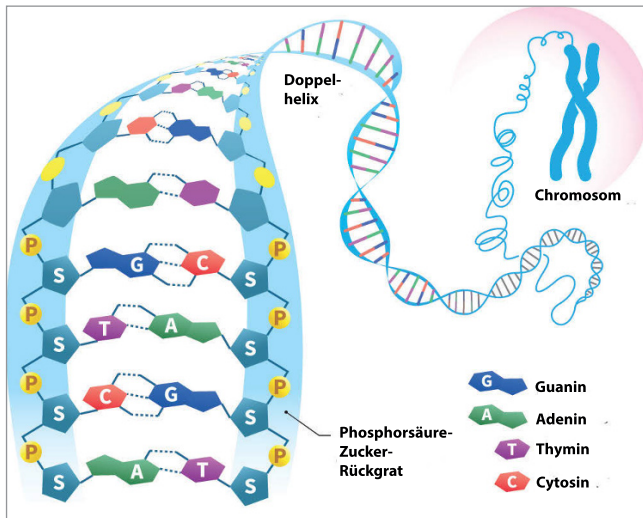
Mendel selbst blieb die Anerkennung für seine Entdeckungen übrigens versagt, erst zu Beginn des 20. Jahrhunderts wurden seine Regeln von Hugo de Vries, Carl Correns und Erich Tschermak wiederentdeckt, bestätigt und dann zu seinen Ehren so benannt. In diesen ersten Jahren des neuen Jahrhunderts entstand durch die Beobachtungen in der Zellforschung die Theorie von Theodor Boveri und Walter Sutton, dass Chromosomen bei der Vererbung eine Rolle spielen. In dieser Zeit wurden auch die Begriffe „Genetik“ und etwas später „Gen“ geprägt. Durch die Versuche von Thomas Hunt Morgan ab 1910 an Fruchtfliegen konnte er zeigen, dass bestimmte Merkmale auf bestimmten Chromosomen liegen. Er entdeckte auch, dass Gene, die auf einem Chromosom liegen und somit gemeinsam vererbt werden, während der Bildung der Keimzellen trotzdem ausgetauscht werden können. Später wurden aufbauend auf diesen Erkenntnissen Genkarten erstellt. Frederick Griffith setzte mit seinen Versuchen an Mäusen mit verschiedenen Bakterienstämmen einen Meilenstein für die Entdeckung der DNA als Träger der Erbinformation. Diese Erkenntnisse wurden von Oswald Avery und später Alfred Hershey sowie Martha Chase fortgeführt. Dadurch wurde die Rolle der DNA und schrittweise auch deren Aufbau immer deutlicher.

---

## 2.2 Aufbau der DNA

Die materielle Grundlage der Erbanlagen, der Gene, ist die DNA (desoxyribonucleic acid) oder auf deutsch DNS (Desoxiribonukleinsäure). Die Grundlagen der Vererbung sind bei allen Lebewesen gleich.

Aufgeklärt wurde die Struktur der DNA, nach grundlegenden Arbeiten des Exilösterreichers Erwin Chargaff und Rosalind Franklins, 1953 durch James Watson und Francis Crick, die den Nobelpreis dafür erhielten. Die DNA ist ein langes fadenförmiges Molekül, das aus zwei Strängen besteht und wie eine Wendeltreppe oder eine verdrehte Strickleiter gewunden ist, daher der Name Doppelhelix („Helix“ kommt vom lateinischen Namen für die Weinbergschnecke, *Helix pomatia*; man bezeichnet damit in der Biochemie allgemein schraubenartig gewundene Strukturen). Jeder dieser beiden Stränge ist aus Nukleotiden aufgebaut, die aus den drei Bausteinen Phosphorsäure, einem Zucker (Desoxiribose) und vier verschiedenen Kernbasen Adenin, Thymin, Guanin oder Cytosin bestehen, wie Abb. 2.3 zeigt. Die Stricke der Strickleiter bilden lange Abfolgen von Zucker und Phosphorsäure. An jedem Zuckermolekül hängt je eine Kernbase. Die beiden gegenüberliegenden Kernbasen schauen zueinander, sind über Wasserstoffbrücken miteinander verbunden und bilden somit die Sprossen der Strickleiter.

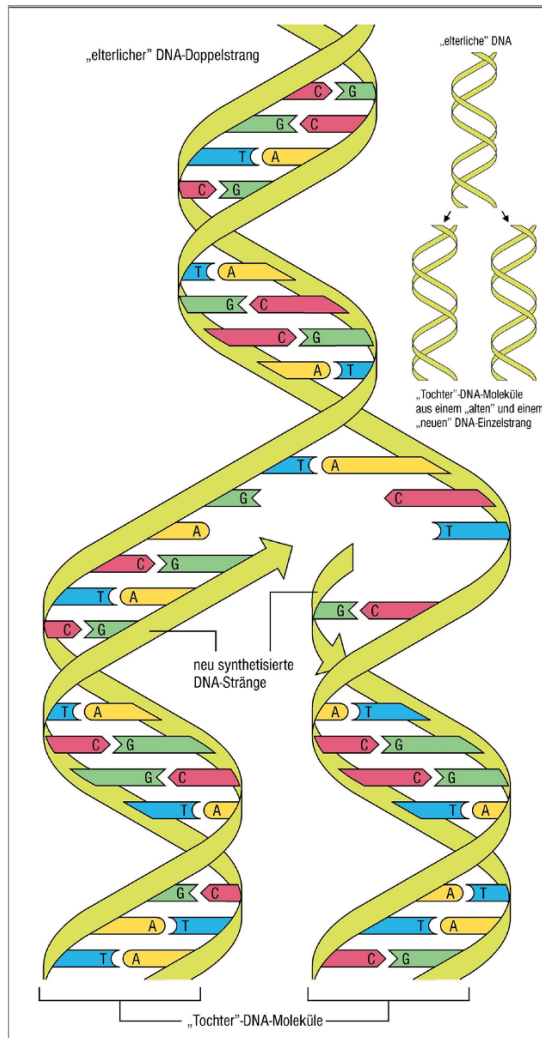


**Abb. 2.3** Aufbau der DNA: Diese schematische Darstellung der DNA zeigt den molekularen Aufbau der DNA mit den vier Kernbasen und dem Phosphorsäure-Zucker-Rückgrat, die Doppelhelix und die Verpackung des DNA Fadens als Chromosom während der Zellteilung. Eine bestimmte Sequenzabfolge, die für ein Protein codiert, wird als Gen bezeichnet. In Anlehnung an: © jack0m / Getty Images / iStock

Die Basen der beiden gegenüberliegenden Hälften der DNA stehen in einer charakteristischen Beziehung zueinander: Adenin ist immer mit Thymin gepaart; ebenso ist Cytosin immer mit Guanin verbunden. Die beiden Einzelstränge der DNA sind also nicht identisch, sondern sie ergänzen sich zur ganzen Doppelhelix, man sagt, sie sind komplementär. In der Abfolge der vier Kernbasen liegt die Erbinformation gespeichert. Somit ist ein Gen ein Abschnitt auf der DNA mit einer charakteristischen Abfolge von Kernbasen.

Da die beiden Stränge nicht identisch sind, sondern komplementär, hätten beide Stränge eine andere Information: tatsächlich sind die Gene aber nur in einem der beiden Stränge gespeichert, der andere ist eine Art Platzhalter, dient als Blaupause bei Reparaturen von Fehlern und ist wichtig bei der Verdoppelung der DNA vor jeder Zellteilung. Dabei weichen die beiden Stränge auseinander und zu jedem Einzelstrang wird ein komplementärer neuer dazu gebaut, sodass im Endeffekt zwei neue Doppelstränge entstehen, die immer aus einer neuen und einer alten Hälfte bestehen (siehe dazu Abb. 2.4). Diese semikonservative Verdoppelung ist wichtig,

weil beim Kopieren der DNA Fehler passieren können, die dann nach der Vorlage des alten Stranges repariert werden können.



**Abb. 2.4** Replikation: Bei der Verdoppelung der DNA während der Zellteilung wird zu jedem alten Strang ein neuer Strang hinzugefügt. Dieser semikonservative Vorgang ist weniger fehleranfällig. © dpa / picture alliance



Die DNA liegt nicht lose im Zellkern, sondern bildet mit Eiweißen lange fadenförmige Stränge, die Chromosomen. Üblicherweise sind Chromosomen mit einem Lichtmikroskop nicht zu sehen, sie sind dazu zu dünn. Nur wenn eine Zelle sich teilt, werden sie sichtbar, da sie sich dann eng spiralisieren, und können auch fotografiert werden. An Hand von Chromosomenbildern können genetische Defekte, die auf der Änderung der Chromosomenzahl oder einzelner Chromosomen beruhen, nachgewiesen werden. Die Zahl der Chromosomen ist charakteristisch für jede Spezies, z.B. beim Menschen sind das 46. Von den 46 Chromosomen stammen 23 von der Mutter (im Zellkern der Eizelle) und 23 vom Vater (im Zellkern der Samenzelle). Somit haben wir und alle anderen Lebewesen, die sich geschlechtlich fortpflanzen, jede Erbanlage doppelt, eine vom Vater und eine von der Mutter. Wenn die Zahl der Chromosomen nicht stimmt, kann das zum Tod führen oder zu einer erbten Veränderung oder Behinderung. Ein Beispiel dafür wäre das Down Syndrom, bei dem ein Chromosom (Chromosom Nr. 21) dreimal statt zweimal vorhanden ist.

---

**Infobox**

*DNA* ist die Abkürzung für den englischen Begriff desoxyribonucleic acid oder zu deutsch Desoxiribonukleinsäure. Die DNA besteht aus zwei komplementären, also sich gegenseitig ergänzenden, Strängen.

*RNA* ist die Abkürzung für ribonucleic acid oder Ribonukleinsäure. Im Unterschied zur DNA hat die RNA ein anderes Zuckermolekül, die Base Thymin wird durch Uracil ersetzt und ist einsträngig. Die RNA ist wesentlich an der Übersetzung (Boten-RNA) der DNA-Informationen in Proteine beteiligt.

---

---

## 2.3 Von der DNA zum Protein

Wofür stehen nun die Gene und wie wird die Erbinformation verwirklicht? Gene enthalten Informationen für den Bau von Eiweißen oder Proteinen, die eine wichtige Rolle in jedem Lebewesen spielen. Eiweiße sind Bauelemente für alle Lebewesen (alle Strukturen im Körper bestehen zu einem guten Teil aus Eiweißen), sie dienen als Transporteinrichtungen, als Hormone und als Enzyme, eine der herausragenden Aufgaben von Eiweißen.

**Infobox**

*Enzyme* sind biologische Katalysatoren, die praktisch alle Prozesse, alle Abbau-, Aufbau- und Umbauvorgänge im Organismus steuern. Was immer auch in Lebewesen hergestellt oder zerlegt wird, jedes Mal ist ein bestimmtes Enzym daran beteiligt. Meist können Enzyme nur eine bestimmte Reaktion beeinflussen und damit steuern, deswegen gibt es sehr viele verschiedene Enzyme in jedem Organismus. Alle Bausteine einer Zelle müssen, sofern nicht mit der Nahrung als Ganzes aufgenommen, hergestellt werden, wofür die Zelle diese Enzyme braucht.

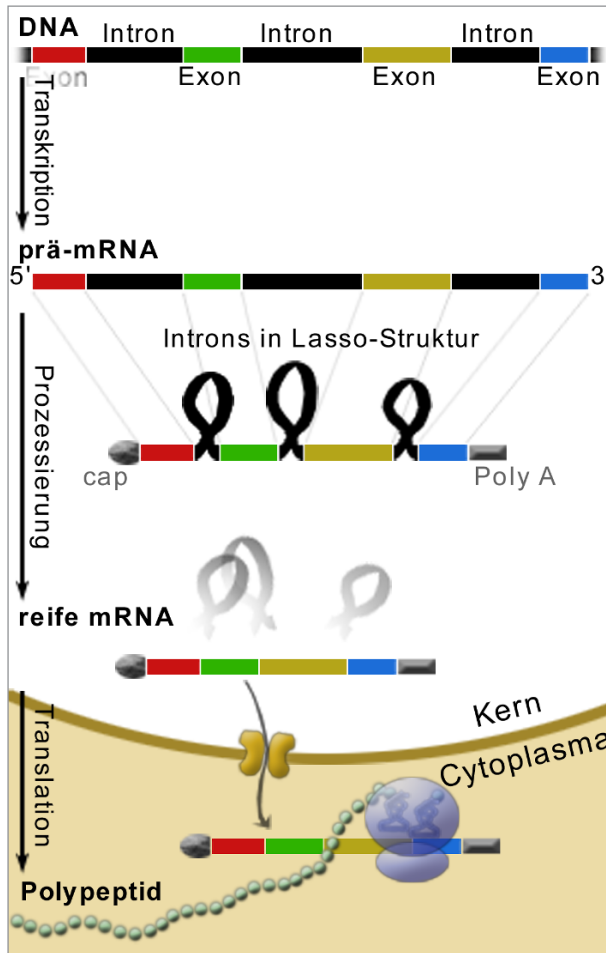
Eiweiße sind aus Aminosäuren zusammengesetzt, wobei die Abfolge der Aminosäuren für jedes Eiweiß charakteristisch ist und damit seine dreidimensionale Struktur sowie seine Funktion bedingt. Das bedeutet, dass in der Abfolge der vier Kernbasen in den Genen die Abfolgen der 20 verschiedenen Aminosäuren für die vielen verschiedenen Eiweiße gespeichert ist. Damit diese Codierung funktionieren kann, werden immer drei hintereinanderliegende Kernbasen (Basentriplets) gemeinsam abgelesen und stehen für eine Aminosäure. Das Basentriplet Adenin-Adenin-Guanin steht etwa für die Aminosäure Lysin. Dabei stehen manchmal auch mehrere Basentriplets für eine Aminosäure und es gibt ein charakteristisches Triplet für den Anfang und das Ende eines jeden Gens, die sogenannten Start- und Stoppssequenzen.

Für die Übersetzung der DNA in Proteine sind zwei Teilschritte notwendig, die Transkription (Abschreibeprozess) und die eigentliche Translation (Übersetzungsvorgang). Die DNA befindet sich im Zellkern, im Innersten einer jeden Zelle. Die Bildung von Eiweißen erfolgt aber im Zellplasma, das den Kern umgibt. Immer wenn ein Eiweiß gebraucht wird, muss die Information dafür aus dem Zellkern und in das umgebende Plasma transportiert werden, wo dann auf Basis dieser Information das Protein gebildet wird. Diese Informationsübertragung vom Zellkern in das Plasma nennt man Transkription. Diese läuft, vereinfacht, etwa folgendermaßen ab: Die beiden Stränge der Doppelhelix weichen auseinander und entlang dem informationstragenden Teil wird eine komplementäre RNA (Ribonukleinsäure), die Boten- oder messenger-RNA gebildet, die sich von der DNA löst und ins Plasma wandert. Damit ist die Information dort angelangt, wo die Eiweiße gebildet und meist auch gebraucht werden. Auf Grund dieser Information, der Abfolge der Basentriplets, wird im Zellplasma nun das gewünschte Eiweiß zusammengebaut. Dafür sind eigene Strukturen im Plasma notwendig, die Ribosomen, Eiweißfabriken der Zelle, und eine weitere Art der RNA, die transfer-RNA, die die Aminosäuren

mitbringt und gemeinsam mit der Boten-RNA für die richtige Abfolge der Aminosäuren im entstehenden Eiweiß sorgt.

Glaubte man ursprünglich, die DNA bestehe vor allem aus Genen, Informationen für Eiweiße, so stellte sich später heraus, dass nur ein kleiner Teil der DNA wirklich Gene sind. Die Hauptmasse besteht aus Teilen, deren Funktion lange unbekannt war und die etwas abfällig und in Unkenntnis früher junk- DNA, also Abfall-DNA, genannt wurde. Diese Teile, die keine Gene sind, dienen zum großen Teil der Regulation der Aktivität der Gene. Teilweise sind das auch Erbanlagen, die zwar derzeit nicht direkt als Gene gebraucht werden, aber nicht funktionslos sein dürften. Teilweise besteht die DNA aus scheinbar sinnlosen, viele Male wiederholten Nukleotidabfolgen. Nur etwa drei Prozent der DNA sind das, was man Gene nennt, also Informationen für Eiweiße.

Aber diese Gene bilden keine zusammenhängende Einheit auf der DNA, sondern sind gewissermaßen zerstückelt. Es ist, als hätte man in einen Text an mehreren Stellen andere Textstücke eingeschoben. Beim Bau von Eiweißen wird zuerst eine lange, unreife Boten-RNA (prä-mRNA) gebildet, die alles enthält. Dann werden diese Einschübe (man nennt sie Introns) herausgeschnitten. Dabei bilden sich Schleifen, die an Lassos erinnern. Die so entstandenen Einzelstücke, die die gerade benötigte Information enthalten (man nennt sie Exons), werden wieder zusammengesetzt (siehe dazu Abb. 2.5). Was seltsam erscheint, hat sich als ein genialer Vorgang, den man Prozessierung oder Spleißen nennt, erwiesen. Eine Zelle kann die Einzelteile der Gene unterschiedlich kombinieren und dadurch mit einem Gen durch unterschiedliches Herausschneiden und Kombinieren von Textstellen mehrere, verschiedene Eiweiße erzeugen. Dadurch ist das Genom außerordentlich flexibel.



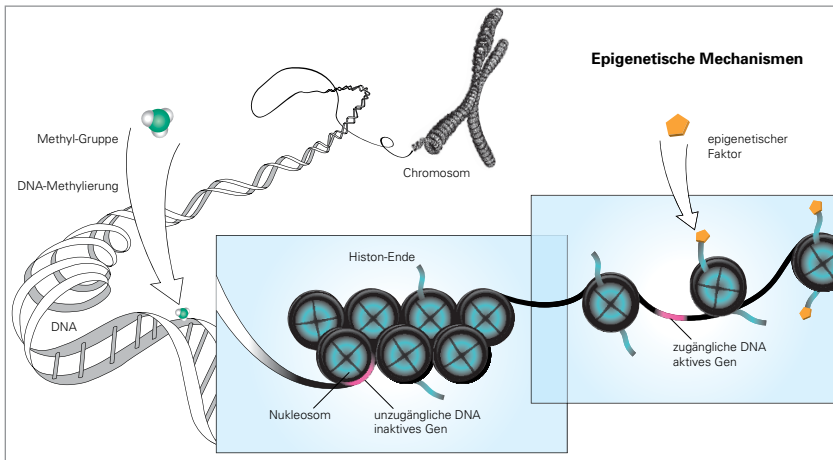
**Abb. 2.5** Von der DNA zum Protein: In den Zellen höherer Lebewesen wird die DNA in eine prä-mRNA (unreife Boten-RNA) abgeschrieben. Bei der Prozessierung bilden die Introns Schleifen oder Lasso-Strukturen und werden herausgeschnitten. Die Exons werden zusammengefügt und enthalten die Information für das Protein. Die reife mRNA wird aus dem Kern zu den Ribosomen gebracht und in Proteine (Polypeptide) übersetzt. Quelle: [www.lukashensel.de](http://www.lukashensel.de)

## 2.4 Epigenetik

Die Epigenetik ist ein relativ neuer Zweig der Wissenschaft. Während im Jahr 2000 mit der Entschlüsselung der menschlichen DNA noch viele glaubten, dass sie hiermit den Schlüssel zum Verständnis der Gene in der Hand hätten, so weiß man heute, dass die Abläufe doch viel komplexer sind. Das Genom, die Summe aller Gene, ist in jeder Zelle des Körpers mit mehr oder weniger großen Abweichungen (Mutationen) gleich. Allerdings sind in den verschiedenen Zelltypen unterschiedliche, je nachdem was benötigt wird, Gene ein- oder ausgeschaltet. Die Regulation und Steuerung der Gene ist sehr komplex und wird unter dem Begriff der Epigenetik zusammengefasst. Ein Teil der Steuerungsmechanismen ist auch durch Umweltfaktoren beeinflusst. Das bedeutet, dass die DNA, etwa durch chemische Verbindungen, markiert und dadurch reguliert wird. In Leberzellen werden zum Teil ganz andere Gene benötigt als in Nervenzellen, beide haben die selbe DNA, aber unterschiedliche epigenetische Markierungen.

### Infobox

Die Epigenetik gilt als das Verbindungsstück zwischen den Umwelteinflüssen und der Genetik. Der Begriff Epigenetik umfasst ein komplexes Steuerungssystem, das durch die Umwelt beeinflusst wird und Gene reguliert, das heißt ein- oder ausschaltet. Die Summe aller Markierungen auf der DNA (Proteine, chemische Verbindungen) wird als Epigenom bezeichnet. Das bekannteste Beispiel hierfür ist die so genannte Methylierung: dabei binden Methylgruppen (das sind kleine Moleküle) an der DNA und führen zu einem Inaktivieren bzw. Ausschalten des nachfolgenden Gens, wie Abb. 2.6 zeigt. Eine weitere Möglichkeit ist die Histonmodifikation, also die chemische Veränderung an den Histonen. Histone sind Teil der Verpackung des DNA-Fadens zu Chromosomen.



**Abb. 2.6** Epigenetik: Diese Abbildung stellt vereinfacht und schematisch einen Ausschnitt epigenetischer Mechanismen dar. © Stefan Pigur

Wie weitreichend die Folgen der Epigenetik sind, zeigen folgende Beobachtungen und deren Interpretationen: Forscher konnten etwa zeigen, dass eineiige Zwillinge zu Beginn ihres Lebens nicht nur ein identes Genom haben, sondern auch ein sehr ähnliches Epigenom. Je älter eineiige Zwillinge dieser Studie waren, desto mehr hatte sich ihr Epigenom auseinanderentwickelt, während die Gene freilich immer noch, abgesehen von Mutationen, ident waren.<sup>[1]</sup> Die Epigenetik ermöglicht also Anpassungen der Gene an die Lebensumstände innerhalb eines Lebens bzw. innerhalb weniger Generationen. So konnte man feststellen, dass sich epigenetische Informationen über die Keimzellen auch vererben lassen. Dramatische Ereignisse wie Hungersnöte, Kriege, aber auch schlichtweg die Art der Lebensführung hinterlassen epigenetische Spuren, die mitunter auch in folgenden Generationen noch zum Tragen kommen. Vor allem bei der Vererbung über Generationen hinweg gibt es noch viele Fragen zu klären.

Schwangere Frauen haben mit ihrem Lebensstil während der Schwangerschaft großen Einfluss auf das heranwachsende Kind, das ist völlig klar. Jedoch werden bei weiblichen Babys die Anlagen für deren Eizellen bereits in einer frühen Phase der Schwangerschaft angelegt. Das hat zur Folge, dass eine Frau, die mit einem weiblichen Embryo schwanger ist, mit ihrem Lebensstil auch bereits die Enkelkinder beeinflusst. So konnte gezeigt werden, dass beispielsweise rauchende Schwangere epigenetische Markierungen auf dem Genom der Kinder und bei Mädchen auch

auf deren Eizellen verursachen. In Schweden ergab eine Untersuchung, dass Enkelkinder rauchender Großmütter ein deutlich höheres Asthmarisiko haben, auch wenn die Mütter nicht geraucht haben.<sup>[2]</sup> Im Zuge dieser Erkenntnisse zeigt sich auch immer mehr die Rolle der Väter.<sup>[3]</sup> So kam mittlerweile bei einer norwegischen Untersuchung klar heraus, dass rauchende Väter ebenso das Asthmarisiko der Kinder erhöhen können. Je länger die Väter vor der Zeugung rauchten, desto schwerwiegender die Auswirkungen.<sup>[4]</sup> Diese Phänomene sind wohl ebenso mit epigenetischen Markierungen erklärbar, auch wenn diese im Detail noch nicht erforscht sind. In diesem Zusammenhang wird auch eine ethische Diskussion geführt werden müssen. Eltern, auch Väter, müssen mit ihrem Lebensstil nicht nur für sich selbst Verantwortung übernehmen, sondern zudem für die epigenetische Ausstattung der Kinder und Enkelkinder.

Mit der Erkenntnis, dass „erworbene“ Eigenschaften über den Weg der epigenetischen Markierungen sehr wohl an zukünftige Generationen weitergegeben werden können, müssen Lehrbücher zum Thema Evolution eigentlich umgeschrieben werden. Denn die Theorie von Lamarck, dass die Giraffen ihren langen Hals davon haben, dass sie sich ihr Leben lang nach Blättern strecken und diese Anpassung auch weitervererben, stimmt zumindest ein bisschen. Und der berühmte österreichische Wissenschaftler Paul Kammerer, der überzeugt war, die Vererbung erworbener Eigenschaften bewiesen zu haben, den man aber für einen Fälscher hielt und immer missachtet hat, lag wahrscheinlich auch nicht so falsch.

Epigenetische Vorgänge können aber auch kurzfristiger wieder rückgängig gemacht werden. Hierfür ist der grüne Tee ein gutes Beispiel: Mit Hilfe der Epigenetik kann nämlich die positive Wirkung von grünem Tee als Vorbeuger gegen Krebserkrankungen erklärt werden. Ein Stoff der grünen Teeblätter löscht eine epigenetische Abschaltung von einem „Anti-Krebs-Gen“, die im Laufe des Lebens erfolgt und mit zunehmendem Alter häufiger vorkommt. Durch den Inhaltsstoff des Tees wird das Gen somit wieder eingeschaltet und das Protein kann wieder in der Zelle gegen Krebserkrankungen arbeiten.

Anhand der wenigen genannten Beispiele kann man die Bedeutung der Epigenetik und die weitreichenden Folgen für die verschiedensten Bereiche der Genetik und darüber hinaus bereits erahnen. Es kann getrost als eines der wichtigsten Zukunftsthemen der Lebenswissenschaften betrachtet werden. Viele Studien zu dem Themenkreis laufen bereits und werden immer neue Erkenntnisse liefern. Ebenso gilt es, Verfahren weiterzuentwickeln, um epigenetische Markierungen lesen, zu einzelnen Basen zuordnen und schließlich interpretieren zu können. Derzeit werden Epigenomkarten gesunder und kranker Zellen als Vergleichswerte gesammelt und der Forschung zur Verfügung gestellt. Es ist aber schon aufgrund der jetzigen Datenlage davon auszugehen, dass Alterungsprozesse, altersabhängige

Erkrankungen wie Alzheimer oder Parkinson, chronische Erkrankungen, aber auch Persönlichkeitsmerkmale mit epigenetischen Markierungen in Zusammenhang gebracht werden können.

Sowohl pharmazeutische als auch biotechnologische Unternehmen haben die Bedeutung der Epigenetik in der Medizin erkannt und arbeiten an der Entwicklung entsprechender Diagnoseverfahren und in weiterer Folge an Therapiemöglichkeiten, bei denen es um die Veränderung der epigenetischen Markierungen geht. Erste Tumormedikamente, deren Wirkmechanismen auf das Epigenom abzielen, werden bereits bei bestimmten Arten von Blutkrebs eingesetzt.

Im Hinblick auf die Gentechnik spielt die Epigenetik auch eine wichtige Rolle. Lebewesen tendieren verständlicherweise dazu, nicht benötigte Gene epigenetisch abzuschalten. Die gentechnisch eingefügten Gene sind oft für die veränderten Organismen selbst kein Vorteil. Somit ist es mitunter schwierig, Gene in transgene Lebewesen dauerhaft und stabil einzubauen.



Gentechnik geht uns alle an!

Ein Überblick über Praxis und Theorie

Luger, O.; Tröstl, A.; Urferer, K.

2017, IX, 211 S. 27 Abb., 26 Abb. in Farbe., Softcover

ISBN: 978-3-658-15604-6