



Karl Sperling

Reduktionismus und seine Folgen am Beispiel der Humangenetik

Einführung

Alles Einfache ist theoretisch falsch und alles Komplexe praktisch nicht vermittelbar, so könnte man – frei nach Paul Valéry – das Dilemma der modernen Humangenetik beschreiben. Was gibt es Komplexeres als die Entwicklung eines Menschen, *Homo sapiens sapiens*, aus einer Eizelle, nicht größer als dieses i-Pünktchen. Diese Eizelle unterscheidet sich zudem in morphologischer Hinsicht praktisch nicht von der einer Maus oder eines Gänseblümchens, auch nicht von jener der gemeinsamen Vorfahren von Tieren und Pflanzen, die vor etwa 1,5 Milliarden Jahren existierten. Einen entscheidenden Unterschied gibt es allerdings: die Menge und Art der genetischen Information in den jeweiligen Zellkernen, das heißt ihres Bestandes an Erbanlagen, den Genen. Chemisch gesehen, handelt es sich dabei um nichts anderes als eine Folge von vier unterschiedlichen Bausteinen, der Nukleotide, die in Form der DNA-Doppelhelix im Zellkern vorliegen. Etwa drei Milliarden Basenpaare werden von jedem Elternteil ererbt, sie bilden die 30 000 bis 40 000 Genpaare des Menschen, die jedoch weniger als fünf Prozent des gesamten Erbgutes ausmachen. Die Abfolge dieser Basensequenz ist heute weitgehend entschlüsselt, ein spektakulärer Erfolg des Humangenomprojektes.

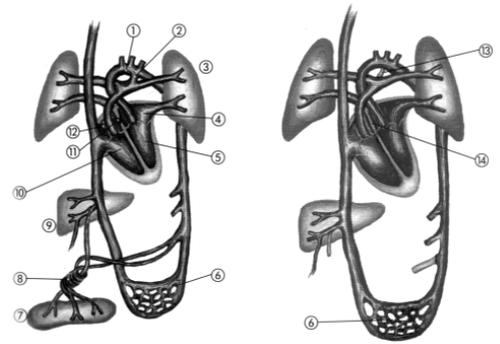
Deutschland war die letzte große Industrienation, die sich an diesem internationalen Vorhaben beteiligte, nicht zuletzt der großen Bedenken wegen: Werden die Möglichkeiten besserer genetischer Diagnostik nicht gleichzeitig zum ›gläsernen Menschen‹ führen, werden die angepriesenen Möglichkeiten einer Gentherapie schwerer Krankheiten nicht notwendigerweise zu manipulativen Eingriffen in die Keimbahn führen, und ist damit nicht die Transformation der Gattung Mensch in Reichweite gerückt? Es gibt nur wenige Meinungsbildner unserer Gesellschaft, die dem widersprechen würden. Die Frage also stellt sich: Ist die Komplexität des Entwicklungsge-

schehens gar nicht so komplex, lassen sich die Eigenschaften des Neugeborenen durch Analyse der DNA vorhersagen bzw. durch Einfügung spezieller Gene gezielt beeinflussen?

Analyse von Komplexität durch Theorie-geleiteten Reduktionismus

Seit dem 18. Jahrhundert wissen wir: Entwicklung ist kein präformierter, sondern ein epigenetischer Prozess. Heute wissen wir, dass dieser Prozess auf der Interaktion der Gene beruht, entscheidend von Umweltfaktoren abhängt und auch Zufallsprozesse einschließt, und dies zu jedem Zeitpunkt der Entwicklung in sehr spezieller Weise. Verstanden ist das Entwicklungsgeschehen bislang nur in Ansätzen. Zugleich illustriert aber seine Aufklärung beispielhaft, auf welchem Wege heute Einblick in diese Komplexität zu erlangen ist: durch reduktionistische Vorgehensweise und geleitet von einem bedeutenden theoretischen Konzept. Es sind die Theorien (hier im wissenschaftlichen Sprachgebrauch), die Komplexität vereinfachen, indem sie ansonsten nebeneinander stehende Fakten einheitlich verständlich machen. Je umfassender dies geschieht, desto bedeutender ist die Theorie. In dieser Hinsicht wird für den Bereich der Biologie die Evolutionstheorie von keiner anderen übertroffen, gefolgt von der Theorie des Gens.

Die Theorie vom Gen als Einheit der Übertragung genetischer Information von einer Generation auf die nächste hat dank des Humangenomprojektes besondere Aktualität gewonnen. Zwar verrät die Basenabfolge selbst noch nichts über die Funktion, aber schon der Vergleich über die Speziesgrenzen hinaus lässt erkennen, welche Sequenzen von Bedeutung sind. Generell gilt hierbei: Je stärker ein DNA-Abschnitt in der Evolution konserviert wurde, desto wichtiger ist er auch in funktioneller Hinsicht. Aus der 1885 von August Weismann aufgestellten Theorie von der ›Kontinuität der Keimbahn‹ folgt zu-



dem, dass die Weitergabe der genetischen Information seit Anbeginn des Lebens niemals unterbrochen wurde. Das Erbgut jedes Individuums repräsentiert daher zugleich die im Laufe der Stammesgeschichte angesammelten molekularen Veränderungen, was gleichsam als eine moderne Version von Haeckels biogenetischem Grundgesetz angesehen werden kann.

Die Bedeutung einzelner Gene lässt sich dann erschließen, wenn sie durch Mutation abgewandelt sind (Allele) und zu einer veränderten Merkmalsbildung führen. Immer dann, wenn ein bestimmtes Merkmal entsprechend den Mendel'schen Gesetzen vererbt wird, beruht es also – unabhängig von der Komplexität seiner Erscheinung – auf der Veränderung eines Gens. Auf diese Weise lässt sich die Wirkung dieses Allels vor dem Hintergrund aller übrigen Gene analysieren. Beeinflusst das betreffende Gen die Entwicklung, erhält man entsprechende Einblicke in die genetischen Grundlagen der Ontogenese. Dabei hat sich überraschenderweise gezeigt, dass die genetischen Netzwerke grundlegender morphogenetischer Prozesse bei Tieren, wie die Ausbildung der Körperachse und die Segmentierung, bereits uralte sind. Untersuchungen an den so genannten Hox-Genen der Taufliege *Drosophila melanogaster* und ihrer Homologen bei Maus und Mensch waren maßgeblich für diese Erkenntnisse verantwortlich. So führt eine Mutation in einem bestimmten Hox-Gen bei *Drosophila* dazu, dass am Kopf anstelle von Fühlern Beine entstehen, bei der Maus (und beim Menschen) führt eine Mutation in dem entsprechenden (homologen) Gen zu Defekten spezieller Wirbelregionen. Noch spektakulärer aber ist, dass dieses Mausgen auch bei *Drosophila* die Ausbildung von Beinen veranlassen kann.

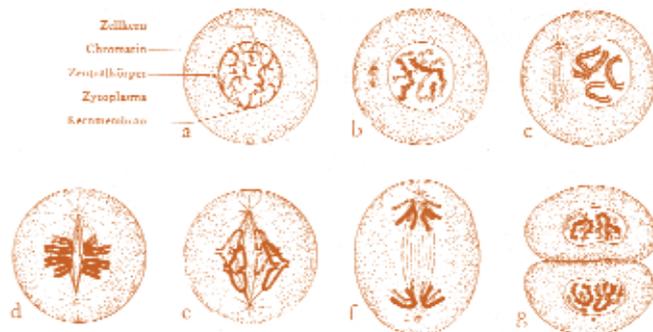
Eine andere Schalterstellung in der Entwicklung nimmt das auf dem Y-Chromosom gelegene SRY-Gen ein, das bei fast allen Säugetieren zu finden ist. Es wird normalerweise vom Vater auf sämtliche Söhne vererbt. Kommt es bei einem Spermium zu einer Mutation in einem funktionell wichtigen Bereich dieses Gens, führt dies zu einer Tochter mit einem ansonsten unauffälligen männlichen Chromosomensatz. Das heißt, durch einen einzigen Unterschied in den drei Milliarden Basenpaaren des Spermiums wird die Entwicklung statt in männliche

in weibliche Richtung gelenkt. Handelt es sich damit um das ›Männlichkeitsgen‹, und ist damit zugleich der Unterschied zwischen beiden Geschlechtern erklärt? Keiner wird auf diesen Gedanken kommen, denn hierfür sind alle weiteren – epigenetischen – Entwicklungsschritte maßgeblich. Es ist vielmehr ein Beispiel für die außerordentliche Erklärungskraft der Genetik aufgrund ihres reduktionistischen Ansatzes. Unter der großen Zahl von Kindern mit Auffälligkeiten bei der Geschlechtsdifferenzierung findet sich nur ein kleiner Teil mit Neumutationen in diesem Gen. Es bedurfte zudem spezieller theoretischer Überlegungen, zum Beispiel, dass dieses Gen auf dem kurzen Arm des Y-Chromosoms gelegen sein musste, um es überhaupt zu identifizieren. Wenn bis heute für etwa 1 500 seltene, monogen bedingte Krankheiten die molekulare Ursache aufgeklärt werden konnte, dann basierte dies auf dieser stark reduktionistischen Vorgehensweise.

Diagnose versus Prognose

Allgemein haben diese Untersuchungen gezeigt, dass eine spezifische Abfolge räumlicher und zeitlicher Aktivitätsmuster der Gene die Entwicklung steuern, diese aber gleichzeitig wieder von bestimmten exo- und endogenen Faktoren abhängt. Stark vereinfacht kann man sagen, dass die früheren Lebensphasen stärker genetisch bestimmt sind als die späteren und dass eine Störung des genetischen Netzwerkes als Folge einer Genmutation daher generell schwerwiegendere klinische Konsequenzen hat und sich häufig als monogen bedingte Krankheit manifestiert. Ihre Gesamtzahl wird auf 4 000 bis 5 000 geschätzt. Es handelt sich jedoch um jeweils seltene Erkrankungen, etwa 90 Prozent davon manifestieren sich bis zur Pubertät. Danach überwiegen die multifaktoriell bedingten Erkrankungen. Dazu zählen die Herz-Kreislauf-Erkrankungen, Diabetes oder die Psychosen, von denen jeweils einige Prozent der Bevölkerung betroffen sind. In diesen Fällen liegen häufig genetische Polymorphismen oder Varianten vor, die im Zusammenspiel mit anderen Faktoren genetischer und umweltbedingter Art zu der jeweiligen Erkrankung führen. Die Polymorphismen zählen zur ›normalen Variabilität‹ des Erbgutes, denen unter anderen Umweltverhältnissen durchaus ein Vorteil zukommen konnte. So muss man immer beden-

... es sind Beispiele für die außerordentliche Erklärungskraft der Genetik aufgrund ihres reduktionistischen Ansatzes.



ken, dass der Mensch die weitaus längste Zeit seiner Stammesgeschichte nomadisch als Jäger und Sammler lebte und seine genetische Ausstattung daher auch primär diesen Lebensumständen angepasst ist. Damals gab es kein Überangebot an Nahrung, keinen Bewegungsmangel und keine Verführung durch das Rauchen.

Dank des Humangenomprojektes werden wöchentlich etwa acht bis zehn neue genetisch bedingte Erkrankungen beim Menschen beschrieben. Je strenger die Familien ausgewählt werden, je reduktionistischer also der Ansatz ist, desto größer ist die Wahrscheinlichkeit, das zugrunde liegende Gen zu erfassen. Daraus folgt aber zugleich, dass angesichts des Erkenntnisgewinns durch Reduktionismus die Ergebnisse nicht ohne weiteres verallgemeinert werden dürfen. So gilt, dass in der Regel der Indexpatient (das heißt der Erstuntersuchte) in einer Familie stärker betroffen ist als zum Beispiel seine Geschwister mit der gleichen genetischen Veränderung. Noch ausgeprägter sind die Unterschiede oftmals zwischen Genträgern aus unterschiedlichen Familien, wobei die Spanne von gesund bis schwer krank reichen kann.

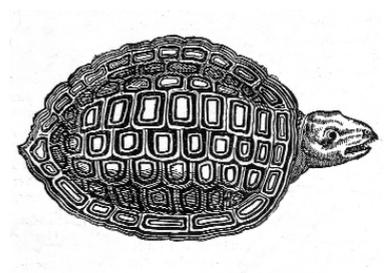
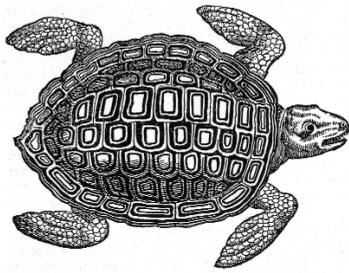
Verständlich wird die Variabilität in der Merkmalsmanifestation, wenn man die Komplexität der Genwirkung beachtet. Die Gene sind danach Grundlage eines homöostatischen Netzwerkes, welches das Ergebnis eines langen evolutionären Prozesses ist. Die Veränderung eines Gens betrifft dabei oftmals nur eine Komponente dieses stark gepufferten Systems, dessen Eigenschaft es gerade ist, nachteilige Auswirkungen zu kompensieren. Es kommt hierbei zu vielfachen Wechselwirkungen und auch Rückkopplungsprozessen, bei denen Umweltfaktoren (epistatische Prozesse) und stochastische Veränderungen (Zufall) eine entscheidende Rolle spielen können.

Die Gene selbst sind verantwortlich für die Bildung eines oder mehrerer Proteine, die die eigentliche Funktion in der Zelle ausüben. Nimmt man die vielfachen Modifikationen der Proteine hinzu, die erst zu funktionstüchtigen Molekülen führen, kann ein einzelnes Gen unter Umständen zu mehreren Hundert unterschiedlichen Proteinen führen, wobei hier noch nicht einmal die Unterschiede in verschiedenen Entwicklungsstadien eines Individuums berücksichtigt sind. Einzelne Proteine weisen zudem oftmals unterschiedliche funktionelle Domänen auf, die wieder mit ganz unterschiedlichen Molekülen interagieren. So überrascht es auch nicht, dass verschiedene Mutationen eines Gens zu ganz unter-

schiedlichen Krankheiten führen können. Die Komplexität ist überwältigend.

Große Hoffnungen im Hinblick auf ein tieferes Verständnis sind daher auf globale Ansätze gerichtet, bei denen praktisch sämtliche Proteine (das Proteom) eines Gewebes erfasst und ihre Wechselwirkung ermittelt werden. Dies erfordert ganz neue konzeptionelle Ansätze, die mit den Begriffen ›Systemanalyse‹ und ›theoretische Biologie‹ gekennzeichnet werden.

Es macht daher einen grundlegenden Unterschied aus, ob man bei einem betroffenen Individuum eine Diagnose stellt oder zum Beispiel im Rahmen der Prä-Implantationsdiagnostik an einem achtzelligen Embryo einen auffälligen molekulargenetischen Befund erhebt und eine Prognose abgeben soll. In letzterem Fall hat man den gesamten epigenetischen Entwicklungsprozess zu berücksichtigen. Dieser Aspekt ist dem Humangenetiker besonders vertraut, da er Familien mit genetisch bedingten Krankheiten zu beraten hat, damit sie auf dieser Basis eine Entscheidung treffen können. Auch der weitere wissenschaftliche Fortschritt wird an der eingeschränkten Präzision der Vorhersage nichts Grundsätzliches ändern. Der Vergleich mit der Wettervorhersage liegt nahe. Trotz immer größeren Messaufwandes ist allein aufgrund stochastischer Prozesse und der Komplexität der Wechselwirkungen eine präzise Vorhersage nur eingeschränkt möglich. Die Vermittlung dieses Wissens an Patienten bzw. Ratsuchende setzt daher einen Fachmann (Arzt für Humangenetik bzw. Fachhumangenetiker) voraus. Eine fehlerhafte Befundinterpretation oder -bewertung kann im Bereich der genetischen Diagnostik genauso schwerwiegende Probleme bereiten wie eine falsche Therapie. Andererseits kann ein eindeutiger klinisch-genetischer Befund den Betroffenen oftmals eine große Anzahl – zum Teil invasiver – weiterer diagnostischer Maßnahmen ersparen und als Grundlage eines rationalen Therapieansatzes dienen. Für die medizinische Genetik leiten sich aus diesen Gegebenheiten wichtige Maximen ab: das Recht auf informationelle Selbstbestimmung, das das Recht auf Wissen und Nicht-Wissen einschließt, den Gleichheitsgrundsatz hinsichtlich des Einsatzes genetischer Diagnostik, die Vertraulichkeit, das Recht auf umfassende Aufklärung, den Informed Consent, die Schweigepflicht sowie die Freiwilligkeit der Inanspruchnahme. Auch bei der Bewertung genetischer Screening-Programme sollte der Nutzen für das Individuum das entscheidende Kriterium sein.



Unbeabsichtigte Folgen reduktionistischer Betrachtungsweise

Aus dem Gesagten folgt zugleich: Es gibt keine Gene für sichtbare Merkmale oder bestimmte charakterliche Veranlagung, da es sich hierbei ja erst um Ergebnisse sehr komplexer Entwicklungsprozesse handelt. Die Gleichsetzung eines Gens mit einem sichtbaren Merkmal (Phän) ist daher unzulässig. Im allgemeinen Sprachgebrauch spricht man hingegen wie selbstverständlich von Genen für ›rote Blütenfarbe‹ oder ›Kurzfingerigkeit‹. Dies geht noch auf den Beginn der Genetik zurück, als man keine Vorstellung von der Natur der Gene hatte und nur die Vererbung bestimmter Merkmale gemäß der Mendelschen Gesetze verfolgen konnte. Wie selbstverständlich wird tagtäglich von Genen für Intelligenz, für Aggressivität oder für soziales Verhalten gesprochen, wobei gleich zwei Fehler begangen werden. Man spricht von Genen, meint aber Allele. Die verschiedenen Menschen unterscheiden sich ja in der Regel nicht hinsichtlich ihres Bestandes an Genen, sondern in Bezug auf Veränderungen in diesen Genen, den Allelen. Noch schwerwiegender ist aber die Gleichsetzung eines Gens bzw. eines Allels mit einem komplexen klinischen Merkmal. Tatsächlich müsste man vor diesem Hintergrund auch die Lehrbücher der Genetik umschreiben, in denen – wie selbstverständlich – von Erbkrankheiten gesprochen wird. Auch dieser Begriff ist im Prinzip falsch gewählt, da ja nicht die Krankheiten vererbt werden, sondern die zugrunde liegenden Allele. Diese sprachlichen Ungenauigkeiten sind durchaus nicht vernachlässigbar, da sie unser Denken bestimmen und suggerieren, dass man durch genetische Diagnostik diese Eigenschaften präzise vorhersagen und durch Eingriffe in die Keimbahn gezielt beeinflussen könnte. Dies ist angesichts der Komplexität des Entwicklungsgeschehens ein Trugschluss.

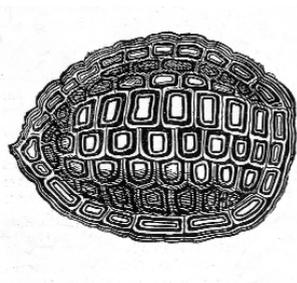
Sollte ein Eingriff in die Keimbahn aber nicht dann ethisch geboten und vom Ergebnis vorhersagbar sein, wenn ein defektes Gen durch ein intaktes ersetzt und dadurch eine schwere genetisch bedingte Krankheit ursächlich geheilt wird? Derzeit sind solche Maßnahmen noch nicht möglich. Dies ist aus medizinischer Sicht jedoch unerheblich, da es für eine Keimbahntherapie praktisch

keine Indikation gibt, die sich einfach aus der Gentheorie herleiten lässt. Nahezu ausnahmslos sind im Falle schwerer, genetisch bedingter Krankheiten, für die eine Keimbahntherapie in Frage käme, nicht sämtliche Kinder eines Ehepaares betroffen, sondern nur 25 Prozent (autosomal rezessiver Erbgang). Demgemäß weisen auch nur 25 Prozent der befruchteten Eizellen diesen Defekt reinerbig auf. Verzichtet man darauf, diese zu implantieren, oder bietet den Eltern die Möglichkeit einer pränatalen Diagnostik an, kann so einfach und ohne jede genetische Manipulation die Geburt eines schwer kranken Kindes vermieden werden. In diesem Zusammenhang nur der kurze Hinweis, dass der geringe Fortschritt auf dem Gebiet der somatischen Gentherapie nicht zuletzt Ausdruck der Komplexität der Genwirkung ist.

Im Licht der evolutionären Erkenntnistheorie

Die evolutionäre Betrachtungsweise macht zugleich klar, dass das, was den Menschen auszeichnet, die Intelligenz, das jüngste Ergebnis der Evolution ist. Den Homo sapiens sapiens gibt es seit etwa 30 000 Jahren. Hinsichtlich seiner Erbanlagen ist der damalige Steinzeitmensch kaum verschieden von dem Menschen der Jetztzeit. Er besaß bereits sämtliche Anlagen zur Entwicklung der Kultur. Die kulturelle Evolution geht daher – anders als die biologische Evolution – praktisch nicht mit Veränderungen der Erbanlagen einher. Hierzu hat Konrad Lorenz treffend festgestellt, dass der Mensch schon phylogenetisch so konstruiert ist, dass viele seiner Verhaltensweisen, ja seiner nervlichen Organisationen gar nicht funktionieren können, ohne durch kulturelle Überlieferungen ergänzt zu werden. Als ein Beispiel kann das Erlernen der Sprache im Alter von zwei bis drei Jahren dienen. Folgt man Chomsky, liegt der Syntax ein angeborenes Programm zugrunde; welche Sprache jedoch erworben wird, ist eine Frage der jeweiligen Umwelt. Zugleich hat Konrad Lorenz aber auch betont, dass der Verstand nicht entstanden ist, um die Wahrheit zu erkennen, sondern um das Überleben zu sichern. In seiner ›evolutionären Erkenntnistheorie‹ hat er damit zugleich Antwort auf eine zentrale Frage der Erkenntnisphilosophie gegeben, die die Voraussetzungen jedweder Erkenntnis betrifft. Es sind die Kant'schen Apriori, zu denen der Kausalnexus

Je reduktionistischer der Ansatz ist, desto größer ist die Wahrscheinlichkeit, das zugrunde liegende Gen zu erfassen. Daraus folgt aber zugleich, dass die Ergebnisse nicht ohne weiteres verallgemeinert werden dürfen.



und zum Beispiel das Denken in Raum-Zeit-Kategorien zählen. Diese sind zwar ein Apriori für das Individuum, jedoch ein Aposteriori, wenn man die menschliche Stammesgeschichte betrachtet, da diese Art und Weise zu denken in den Erbanlagen niedergelegt ist. Das menschliche Anschauungsvermögen ist daher für das Begreifen der realen Welt (Mesokosmos) entwickelt. Wir können uns jedoch nicht vorstellen, wie die Welt einmal angefangen hat oder welche Entfernung ein Lichtjahr ausmacht. Auch das Leib-Seele-Problem und die Freiheit des Willens sind danach nur Ausdruck unseres kognitiven Unvermögens. Hans Mohr hat hierzu treffend festgestellt, dass wir noch imstande sind, die Aporie zu formulieren, aber nicht mehr in der Lage, sie aufzulösen.

Die evolutionäre Erkenntnistheorie macht zudem verständlich, wie begrenzt unsere intellektuellen Fähigkeiten sind. Dazu zählt zum Beispiel die Neigung, kausale Beziehungen zu Dingen herzustellen, die nichts miteinander zu tun haben. Weil der Verstand das jüngste Ergebnis der Evolution darstellt, ist er nach Konrad Lorenz auch am wenigsten erprobt. Ein ›Privileg‹ des Menschen ist daher, an reinen Unsinn zu glauben. Ganz in diesem Sinne hat der Philosoph Wolfgang Stegmüller konstatiert, dass sich an Absurdität überbietende Ideologien die kulturelle Entwicklung des Menschen begleitet haben. Belege dafür lassen sich in nahezu beliebigem Umfang anführen. In Europa hat die Aufklärung der Rationalität zum Durchbruch verholfen, und in Verbindung damit auch der Wissenschaft und Technik. Wir haben die weit verbreitete Vorstellung aufgegeben, dass genetisch bedingte Krankheiten die Bestrafung für Fehlverhalten in einem früheren Leben darstellen. In Asien gibt es diese Auffassung noch, weshalb angeborene Fehlbildungen eher tabuisiert werden und das Klonen praktisch keine Diskussionen auslöst, da die Vorstellung besteht, ohnehin wiedergeboren zu werden. Bei uns wiederum sind noch viele Menschen überzeugt, dass die Planeten das Schicksal mitbestimmen. Durchgesetzt hat sich die wissenschaftliche Aufklärung auf unserem Erdball noch nicht.

Es war auch die Aufklärung, die die frühere Verbindlichkeit der christlichen Ethik für unseren Kulturkreis relativierte. Bei der Umsetzung des neuen genetischen Wissens in die medizinische Praxis stehen aber stets auch Wertentscheidungen an. Dabei sollte grundsätzlich respektiert werden, dass es in einer pluralistischen Gesellschaft auch einen Pluralismus an Wertvorstellungen gibt.

Diese lassen sich zwar nicht naturwissenschaftlich begründen. Genauso aber gilt die Feststellung von Hans Mohr, dass die Moralen der Menschen aus den sozialen Instinkten der Tiere entstanden sind und damit eine genetische Grundlage aufweisen. Nur: Angesichts der Komplexität und der völlig gewandelten Lebensumstände reichen die angeborenen ›Ratgeber‹ heute nicht mehr aus. Das Zusammenleben muss durch die Konventionen des Rechts gesichert werden.

Ausblick

Am Beispiel der Humangenetik lässt sich exemplarisch zeigen, wie Einblick in Komplexität (Ganzheit) durch reduktionistische Vorgehensweise (Analyse von Teilsystemen) gelingt und wie eng damit Begriffs- und Theorienbildung verwoben sind. Diese Vorgehensweise verleitet aber zugleich dazu, dass man mehr zu wissen glaubt, als man tatsächlich weiß. Die öffentliche Diskussion über die Auswirkungen der Gentechnologie insgesamt sind Ausdruck davon. Hinsichtlich der mit ihr verbundenen Chancen und Risiken gilt, dass in fast beliebiger Weise Beispiele angeführt werden können, bei denen Experten die Gefahren unterschätzt bzw. Kritiker maßlos übertrieben haben, die richtige Antwort jedoch nicht im Vorhinein gegeben werden konnte. Ein Grund dafür ist, dass es sich in vielen Fällen um so komplexe Systeme handelt, dass sich die Folgen grundsätzlich nicht genau vorhergesagen lassen. Im Prinzip entspricht dies der Feststellung Kants, dass die Möglichkeit des Erkennens nie so weit reicht wie die Notwendigkeit des Entscheidens. Für den Bereich der Humangenetik kann man sicherlich mit einiger Beruhigung feststellen: Hinsichtlich der verantwortungsbewussten Durchführung genetischer Diagnostik liegen bereits umfangreiche standesrechtliche Empfehlungen vor, bezüglich einer genetischen Manipulation des Menschen besteht keinerlei Bedarf, eher ein Bedarf an Entrüstung darüber. Unverändert gültig ist jedoch die Mahnung André Gides: Vertraue denen, die die Wahrheit suchen, misstraue denen, die sie gefunden haben.