

Vorteile des Humangenomprojekt

Florian Jostock

14. Juni 2005

Zusammenfassung

Das Humangenomprojekt wurde 1990 gegründet, um das Menschliche Genom komplett zu entschlüsseln. Dieses Ziel wurde im Jahr 2003 erreicht. Im folgendem sollen Vorteile des Projekts aufgezeigt werden.

Ein wichtiges Ziel des Humangenomprojekt war es, durch die Entschlüsselung des gesamten Genoms ein Grundlegendes Verständnis der Funktionsweise des Menschlichem Organismus zu erhalten.

Es ist klar, dass allein die Kenntnis der Basen-Sequenz eines Menschlichem Genoms nicht genügt, um den Menschlichen Organismus zu verstehen. Allerdings war es zur Entschlüsselung nötig, sehr viel weitergehende Forschung zu betreiben, die sehr zum Verständnis beigetragen hat.

Wahrscheinlich ist die Basen-Sequenz des Genoms nicht die wichtigste Erkenntnis des Humangenomprojekts. Vielmehr wurden Verfahren zur Entschlüsselung entwickelt, die nun zu vielen Zwecken eingesetzt werden können. Dazu mussten die Eigenschaften der DNS sehr genau untersucht werden, was dazu führt das man Vererbung noch besser versteht - schließlich mussten praktikable Methoden zur Vermehrung der DNS, Abtrennung einzelner Abschnitte und Analyse der Abschnitte gefunden werden. Weiterhin wurden Methoden gefunden, um gezielt einzelne Gene zu Isolieren - so kann man aus der mRNA die aktiven Gene der Zelle eines bestimmten Organs bestimmen, und kann so leichter Genen Funktionen zuordnen. Dazu wurden Aufgaben an viele Forschungszentren und Arbeitsgruppen vergeben und die Informationen zentral ausgewertet, so das man nun auf eine sehr große Wissensbasis zugreifen kann.

Eine große Rolle spielt dabei auch die Bioinformatik, die Algorithmen zur Speicherung und Analyse der großen Menge an Genetischen Daten nur eines einzigen Organismus entwickelt. Außerdem können sogar Proteinstruktur und Interaktion vorhergesagt werden, so dass man die Auswirkungen von genetischen Veränderungen (ansatzweise) simulieren kann, um sinnvolle Veränderungen zu finden.

DNS-Sequenzen und weitere Daten, die beim Humangenomprojekt angefallen sind, wurden in Datenbanken angelegt, so dass nach und nach immer mehr Informationen zu den Genen und deren Funktionen in verschiedenen Organismen gesammelt werden können.

Wenn man in der Lage ist, DNS-Sequenzen schnell zu analysieren (und dazu hat das Humangenomprojekt sicher beigetragen) kann man auch Gene gesunder und kranker Menschen auswerten, um mit statistischen Methoden Gene zu entdecken, die auf Erbkrankheiten hindeuten. Solche Gentests sind allerdings noch ethisch umstritten, und bisher gibt es wenige Test, die mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit auf eine zukünftige Erkrankung hinweisen.

Bei therapierbaren Erkrankungen kann ein solcher Test jedoch sinnvoll sein. Genau wie bei Medikamenten, die nur für manche Menschen (mit bestimmten Erbanlagen) verträglich sind - so können vielleicht mehr Medikamente entwickelt werden, die nur für manche Menschen sehr hilfreich sind, andren jedoch schaden könnten, weil durch einen Gentest sicher gestellt ist, dass es nicht zu Fehlanwendungen kommt.

In der Krebsforschung ist die Kenntnis der Basen-Sequenz des Menschlichen Genoms von Bedeutung, da die Mechanismen bei der Entstehung von Krebs analysiert werden können. Vielleicht hilft es auch irgendwann ein Mittel zu finden, dass vor allem Krebszellen vernichtet, und gesunde Zellen nicht.