

# Generalschlüssel wofür?

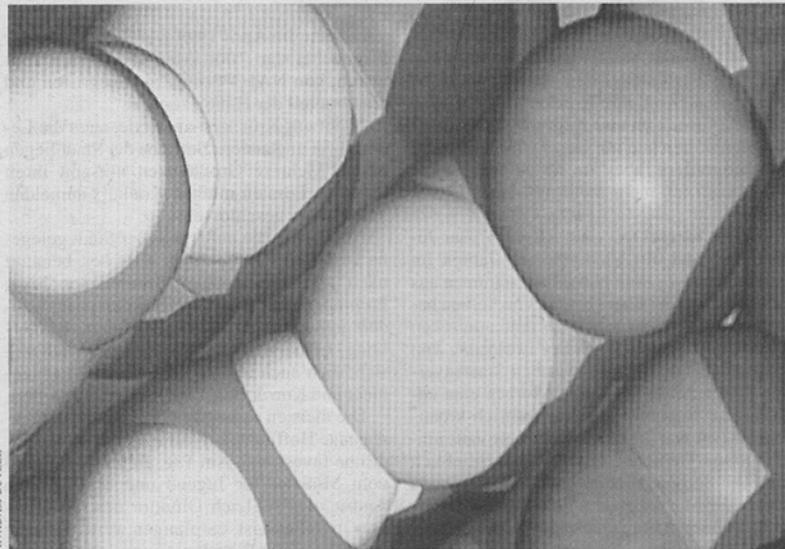
Bezüglich des entschlüsselten Genoms warnt selbst die pharmazeutische Industrie vor überzogenen Hoffnungen. Von Fabian Kröger

Im Zuge der sogenannten »Entschlüsselung« des menschlichen Genoms wurden weitreichende Versprechen in die mediale Umlaufbahn geschossen: »maßgeschneiderte Medikamente« mit drastisch reduzierten Nebenwirkungen; Gentests, mit denen Reaktionen auf bestimmte Arzneien vorhersagbar würden usw. Aber noch ist kein einziges Medikament auf dem Markt, das auf einer genomischen Hypothese beruht. Derzeit wird statt dessen immer deutlicher, wie kompliziert es ist, die im Zuge der Entzifferung des menschlichen Genoms gewonnenen Daten für die Medikamentenentwicklung zu nutzen.

Auf einem kürzlich in Berlin veranstalteten Symposium des Bundesverbandes der Pharmazeutischen Industrie (BPI) zeichnete sich ab, daß Behandlungen mit »maßgeschneiderten Medikamenten« teuer werden: Da die Vorlaufinvestitionen für die Wirkstoffforschung derzeit deutlich anstiegen, werde es schwierig, die Entwicklungskosten über den Medikamentenverkauf zu decken, gab Michael Zühlsdorf vom Institut für Klinische Pharmakologie der Bayer AG schon mal zu bedenken. Weil jede Krankheit entsprechend der spezifischen Genomprofile darüber hinaus mit verschiedenen Medikamenten behandelt werden müßte, seien außerdem stark fragmentierte Märkte zu erwarten.

Bis zu »20 000 Euro pro Behandlung« prognostizierte Werner Herrmann von der Firma 3ClinicalResearch, die im Auftrag von Biotech-Firmen klinische Forschungen durchführt. Herrmann wies auf ein weiteres »heißes Eisen« hin: Wenn Medikamente für bestimmte Patientengruppen entwickelt würden, führe das »zum Ein- und Ausschluß von Patienten« – wer ein selteneres Profil habe, werde von der Behandlung ausgeschlossen, da es sich für die Industrie nicht lohne, ein Medikament herzustellen.

Auch die Hoffnung der Pharmaindustrie, teure Tierversuchstudien durch Genexpressionsanalysen per Biochip abzulösen, muß vorerst relativiert werden. Laut Bernd Müller von Schering sind die Zwischenergebnisse »außer-



AP/ADAM BUTLER

Riesige Luftblasen? Modell des DNS-Doppelhelix

ordentlich ernüchternd«: Mit Biochips sei derzeit »keine zuverlässige Vorhersage des Therapieerfolgs möglich«. Gerade bei genetisch komplexen Krankheiten werde es wohl auch »nie möglich sein«, Tests zu entwickeln, die verlässliche Aussagen darüber liefern, wie bestimmte Polymorphismen (individuelle genetische Unterschiede) mit bestimmten Medikamenten interagieren.

Die meisten Wissenschaftler glauben, daß die Schwierigkeiten in Zukunft technologisch gelöst werden. Andere halten die Forschungsansätze selbst für problematisch. Werner Meves vom Institut für Bioinformatik der TU München etwa meinte, die Zellen dürften nicht länger auf der Basis von kontextunabhängigen Hypothesen untersucht werden. So würden »Millionen investiert, um falsche Genomdaten zu erhalten«. In einer Zeit, in der täglich in je-

dem einzelnen Labor ein bis zehn Gigabyte Daten anfallen, die nicht unmittelbar nützlich sind, müsse die ganze Aufmerksamkeit auf deren Interpretation liegen. Meves verglich das Genom mit den einzelnen Teilen einer Fahrradschaltung: Derzeit habe man »vage Beschreibungen der Einzelteile«. Aber »welche sind einmalig, welche interagieren miteinander? Es bestünden enorme Schwierigkeiten, solche Fragen zu beantworten.

Die allgemeine Ernüchterung hat ihre guten Seiten. Florianne Koechlin vom Genethischen Informationsdienst zum Beispiel hat treffend analysiert, daß das biomedizinische Paradigma, das die Gene als zentrale Steuerungsinstanz versteht, inzwischen kaum noch überzeugend wirkt. Vermehrt wird deswegen »das komplexe Zusammenspiel von Genen und ihrer Umgebung« zum Gegenstand von Forschungsprojekten.