

ANDREAS BARNER

Position Pharmaindustrie

I. Einführung

Meine Damen und Herren,

zuerst einmal möchte ich danken, dass ich hier sein darf. Es ist nicht unbedingt die Regel, dass die Fachdisziplinen – sei es aus der Versicherungs-, der Pharmaindustrie oder aus anderen Bereichen – in den Dialog einbezogen werden.

Grundsätzlich sollte man nie einen Vortrag mit einer Enttäuschung beginnen. Das kann ich heute jedoch nicht vermeiden. Wir sind zu spät dran, das Thema ist zu spät. Seit heute früh weiß ich nämlich, dass nicht nur das Genom entschlüsselt ist, sondern – wie eine Zeitung, hinter der normalerweise kluge Köpfe stecken, sagt – dass auch das Zellinnere gänzlich entschlüsselt ist. Das heißt, wir brauchen uns um das Genom gar nicht mehr zu kümmern, weil wir ja jetzt auch das Zellinnere verstehen, d. h. wir kennen die Proteine und ihre Interaktion. Die Genomfrage wäre somit thematisch deutlich zu spät.

Dass ich dennoch gekommen bin, liegt nicht nur an diesem schönen Ort hier, sondern daran, dass ich vermute, dass auch diese Prognose zu denen gehören wird, die sich kurz oder mittelfristig als falsch herausstellen werden.

Lassen Sie mich eine zweite Vorbemerkung machen: Die pharmazeutische Industrie ist natürlich, wie das schon gesagt wurde, ein Haus mit unterschiedlichen Wohnungen. Sie haben in mir einen Vertreter einer aussterbenden Spezies vor sich. Aussterbend, weil die forschende Arzneimittellindustrie der Unternehmen, die ihren Stammsitz in Deutschland haben, zunehmend kleiner wird – noch gehören Bayer, Boehringer Ingelheim, Merck oder Schering dazu, Aventis ist mittlerweile französisch und Boehringer Mannheim ist Teil der schweizerischen Hoffmann La Roche. Vielleicht haben Sie mit mir auch eine Auswahl getroffen, die nicht den Durchschnitt widerspiegelt: Ich nehme bei der ganzen Frage der Genomforschung und der Stammzellforschung eher einen konservativen Standpunkt ein, glaube aber, dass er diskussionswürdig und wissenschaftlich tragfähig ist.

Ich möchte versuchen, einen systematischen Bogen zu spannen und möglicherweise das eine oder das andere zu wiederholen. Aber ich glaube, die Systematik erfordert es, um die unterschiedlichen Aspekte der Genomforschung wirklich wahrnehmen und diskutieren zu können.

Ich werde ganz kurz auf DNA/RNA eingehen, dann festhalten, was heute schon gang und gäbe ist, was uns aber vor wenigen Jahren zu einer ganz ähnlichen Diskus-

sion geführt hat wie heute. Dann werde ich auf die Biotechnologie, auf die Genomforschung eingehen: Was sagt die Pharmaindustrie zur Frage „Vorhersehbarkeit von Krankheiten“? Was können wir uns erhoffen? Weiterhin die Genomforschung als wichtiges Thema der Arzneimittelforschung. Ferner werde ich auf Ziele in der Forschung und dann letztlich auf Gentherapie und Stammzelltherapie eingehen.

II. DNA/RNA

Die DNA und RNA haben die meisten von uns in der Schule noch als Chromosomensatz kennen gelernt. Und seit 1953 weiß man – durch die späteren Nobelpreisträger Watson und Crick –, dass die DNA, die Erbinformation, als Doppel-Helix vorliegt. Und man weiß etwas, was alle, die je versucht haben, einen Computer anzuschließen, eigentlich beeindruckend müsste: Mit insgesamt vier Buchstaben schafft es die Natur, Informationen zu speichern und weiterzugeben. Wenn wir ein derartiges standardisiertes System hätten – bei Computern oder anderen technischen Systemen – dann wäre das sehr beeindruckend.

Ganz wichtig dabei ist, dass es ein universelles Prinzip in der Natur gibt: Die Transkription der DNA zur RNA, von RNA in das Eiweiß, ist bei allen Lebewesen gleich. Dass dieses Prinzip grundsätzlich funktioniert, ist die Basis, die erlaubt, die Frage der Genomforschung zu diskutieren, biotechnologische Produktion durchzuführen, aber auch Modelle am Tier benutzen zu können, um Vorhersagen über Krankheiten und deren Therapie machen zu können.

Ein einheitlicher genetischer Code, die Transkription der DNA in RNA, Übersetzung in das Protein, gilt universell für alle Lebensformen.

III. Biotechnologie, Genomforschung

Im Jahr 1973 gelingt es erstmals, eine fremde DNA, eine fremde Erbinformation in einen anderen Organismus einzuschleusen. Dies war der Startpunkt der Biotechnologie.

Es dauerte dann nur noch ganz wenige Jahre bis zum ersten biotechnologischen Medikament. Wenn Sie sich überlegen: 1973 war man das erste Mal in der Lage, ein Stück Erbinformation – von einer anderen Spezies – in ein Bakterium einzuschleusen. Das beginnt dann unfreiwillig diese Erbinformation zu lesen, produziert ein Eiweiß, und dieses kann man dann aus diesen Bakterien wieder gewinnen. Dies wurde im Jahr 1973 erstmals durchgeführt und seit 1985 sind die ersten biotechnologisch produzierten Medikamente auf dem Markt.

Bekannt als Medikamente sind natürlich die Eiweiße. Und ein ganz bekanntes Beispiel ist das Insulin, das Medikament, das bei der Zuckerkrankheit eingesetzt wird. Die Diskussion, ob man biotechnologisch produzieren kann, wurde sehr sehr intensiv, gerade in der Bundesrepublik, geführt. Entstanden ist die erste Humaninsulin produzie-

rende Anlage nicht in Höchst bei Frankfurt. Es hat viele Jahre gedauert, bis dort die Firma, eine biotechnologische Produktionsanlage fertig stellen konnte.

Boehringer Ingelheim hatte zwei Standorte, einen in Ingelheim, in Rheinland-Pfalz, und einen in Biberach, in Baden-Württemberg. Wir haben damals in Biberach in dem Ministerpräsidenten Späth einen aktiven Befürworter der neuen Technologie gefunden, der sagte, „wir glauben, dass diese neue Technologie wichtig ist“, und sind deswegen mittlerweile eine der weltweit größten Produzenten von Arzneimitteln auf biotechnologischer Basis. Ich denke, dass das Geheimnis wirtschaftlichen Erfolges bei gleichzeitigem gesellschaftlichen Konsens eine gute Interaktion zwischen Politik und Wirtschaft, aber auch eine offene Austarierung der Interessen der Bürger ist. In Deutschland müssen diese Fähigkeiten noch verbessert werden. Wir müssen den Dialog viel intensiver, vielleicht schneller führen als wir das im Augenblick tun.

Boehringer Ingelheim selbst hat tPA (Actilyse), ein Medikament zur Behandlung des akuten Herzinfarktes entwickelt. Dies war eines der ersten gentechnologisch produzierten Medikamente. Ich möchte kurz die medizinische Relevanz darlegen: Anfang der achtziger Jahre war die Sterblichkeit der Patienten, die mit akutem Herzinfarkt ins Krankenhaus eingewiesen wurden, noch bei 15%. Also, 15% aller Patienten, die damals mit akutem Herzinfarkt eingewiesen wurden, starben innerhalb von 30 Tagen. Diese Zahl ist heute, durch große Studien belegt, heruntergegangen auf 6%. Dies sind enorme Erfolge der Medizin, der optimalen Behandlung im Krankenhaus und auch der eingesetzten Medikamente.

Warum fand die biotechnologische Produktion von Arzneimitteln plötzlich Akzeptanz? Die Problematik der Infektion durch Medikamente, die von Menschen gewonnen wurden – ganz vornehmlich geht es hier um die Blutersatzstoffe, wie z.B. die Gerinnungsfaktoren – die mit HIV und Hepatitis Viren infiziert waren, haben dazu geführt, dass man erkannte, dass die gentechnologisch produzierten Medikamente besser sind, vor allem reiner sind, und standardisierter produziert werden können. Lassen Sie mich bitte auch hinzufügen – es hätte auch genau so gut anders herum kommen können: Dass man Probleme bei den gentechnologisch produzierten gefunden hätte und nicht bei den anderen. Aber ich glaube, wir können heute sagen (weil wir über Jahre Erfahrung verfügen), dass wir diese Medikamente sicher produzieren können; es kommen jedes Jahr wichtige neue Medikamente hinzu. Gerade in dem letzten Jahr wahrscheinlich mit eines der beeindruckendsten: Ein Medikament für die Behandlung der rheumatoiden Arthritis, früher primär chronische Polyarthritits genannt. Das menschliche Genom ist weitgehend bekannt: drei Milliarden Buchstaben hat das menschliche Genom. 30 000–40 000 Gene, die Schätzungen gehen bisweilen etwas höher, dann wieder herunter. Ich bin gespannt, wie viele Gene es letztendlich geben wird – früher hatte man einmal 100 000 Gene geschätzt. Die Annahme ist, dass es 3–10 Millionen Unterschiede in den einzelnen Buchstaben gibt. Das heißt, wenn Sie sich mal ganz kurz zu Ihrem Nachbarn umdrehen und ihn anschauen, dann werden Sie feststellen, dass die Unterschiede zu diesem Nachbarn – oder zu dieser Nachbarin für eine Frau – eigentlich marginal sind. Und trotzdem sind wir uns alle einig, dass wir doch recht unterschiedlich sind. Das heißt, das Genom alleine, das wir alle stolz entschlüs-

selt glaubten, wird es uns nicht erlauben, ohne weiteres die Zukunft vorherzusagen und ich denke, Professor Bartram hat das heute morgen auch sehr klar in Perspektive gesetzt.

IV. Vorhersehbarkeit von Krankheiten

Trotzdem: Alle die, die Zeitungen lesen, haben gesehen, dass natürlich nach der Publikation in *Science* und *Nature* – ähnlich wie heute früh in der Frankfurter Allgemeinen Zeitung – geschlossen wurde: „Jetzt können wir die personenbezogene individualisierte Medizin beginnen und wir können auch die personenbezogene Risikobeurteilung vornehmen.“ Aber das ist nicht so ganz einfach.

Nehmen Sie als Beispiel ein Gen, das bekannte BRCA1 Gen, das mit einem deutlich erhöhten Risiko an Brustkrebs verknüpft ist. Wegen des sehr hohen Risikos der betroffenen Frauen an einer besonders aggressiven Form eines Brustkrebses zu erkranken, wurden Studien durchgeführt, bei denen die Brust präventiv amputiert wurde. Diese Studien belegten, dass diese Maßnahme Morbidität und Mortalität verringerte. – Das sind ganz erschreckende persönliche Konsequenzen, die die Betroffenen ziehen und ziehen müssen.

Dies zeigt uns auch, wie ethisch schwierig die Themen, die aus der Genomforschung erwachsen, sind und wie ernst wir diese Fragestellungen nehmen müssen.

Das BRCA1 Gen ist ein Beispiel, bei dem man relativ genau eine Korrelation zwischen Genom und einer Krankheit finden kann, aber andere Beispiele sind wesentlich weniger klar – denken Sie an Alzheimer, denken Sie an bestimmte Tumore, an die Parkinson'sche Krankheit – überall werden Bezüge zu bestimmten Genmustern hergestellt. Aber die Vorhersagbarkeit ist natürlich hier notwendigerweise ungenau. Wie könnte denn die Zukunft aussehen? Lassen Sie mich dies ganz plakativ darstellen (Abbildung 1). Nehmen Sie an, wir wären in der Lage, unser Risiko individuell vorherzusagen. Betrachten wir drei Menschen. Sie sehen hier dargestellt, dass das Risiko für Herzinfarkt bei Mensch 1 reduziert ist (minus 10% im Vergleich zur Allgemeinheit), 20% bei Mensch 2, aber der Dritte hat ein erhöhtes Risiko: 25%. Man nimmt an, dass man in der Zukunft in der Lage sein wird, solche Risikoreduzierungen und -erhöhungen vorherzusagen. Es gibt auch schon erste Berechnungen für bestimmte Genmuster, bei denen man für bestimmte Krankheiten solche Risiken angibt.

Dann geht es aber weiter: Herzinfarkt ist ja nicht das einzige und auch nicht das häufigste Risiko. Nehmen Sie das Kolonkarzinom, nehmen Sie die Alzheimer Erkrankung oder die Parkinson'sche Erkrankung. Wenn wir die Risiken vorhersagen könnten, würden wir dann ein Muster wie abgebildet (s. Abbildung 1) erhalten: Für einige Krankheiten ergibt sich ein reduziertes, für andere Erkrankungen ein erhöhtes Risiko. Was heißt dies für die Gesellschaft? Was heißt dies für die Versicherungen? Was heißt dies für die Solidargemeinschaft? Was heißt dies für Arbeitgeber? Was machen wir denn, wenn der erste Bewerber hingehet und einem Arbeitgeber seine Bewerbung schickt und auf einem Beiblatt dazuschreibt, dass er ein Genmuster hat, das für ausge-

sprochene Leistungsfähigkeit spricht? Es muss ja nicht nur auf der negativen Seite beginnen, aber die Konsequenz ist dann irgendwann, dass der, der kein solches Genmuster und entsprechende Bewertung beilegt, natürlich auch der ist, von dem man vermuten würde, dass er entweder Angst hat, das Genmuster bestimmen zu lassen oder möglicherweise ein schlechtes Risiko darstellt. Also hier kommen Fragen auf uns zu, die die Gesellschaft ausgesprochen intensiv diskutieren muss.

Abbildung 1: Genom und Vorhersagbarkeit von Krankheiten
Individuelles Risikoprofil – Zukunftsszenario

	Mensch 1	Mensch 2	Mensch 3
Herzinfarkt	- 10%	- 20%	+ 25%
Kolonkarzinom	- 20%	+ 30%	+ 50%
Alzheimer'sche Erkrankung	- 20%	- 10%	+ 20%
Parkinson'sche Erkrankung	- 20%	± 0%	+ 10%
...	-	-	-
...	-	-	-
...	-	-	-

⇒ Versicherung?
Arbeitgeber?
Gesellschaft?

Was sind die Chancen? Die Chancen sind natürlich, dass man in bestimmten Patientengruppen, die ein deutlich erhöhtes Risiko haben, Medikamente oder therapeutische Optionen oder Präventionen vorschlagen kann, die eben genau für diese Patientengruppe gelten. Aber, meine Damen und Herren, da sind wir noch lange nicht. Wir werden noch über Jahre erst einmal Daten sammeln müssen. Viele Humangenetiker und Mediziner werden viel Zeit und Energie brauchen; ich fürchte mehr Humangenetiker als die fünfhundert, die heute morgen eingefordert worden sind. Wir brauchen sehr viele Leute, die diese Dinge systematisch anschauen und zu interpretieren versuchen, um daraus etwas zu machen.

Langfristig hofft man also, Medikamente zu entwickeln, die in Dosis und Art des Medikaments auf Grund des individuellen Genmusters optimal sind, weniger Nebenwirkungen und bessere Wirksamkeit haben.

Kurzfristig hofft man – und das ist wahrscheinlich das einzige, was wir alle in den nächsten zehn, fünfzehn, zwanzig Jahren erleben könnten – dass wir über die Umwandlung der Arzneimittel im Körper mehr verstehen. Aber auch das alleine würde schon einen ganz großen Schritt bedeuten, wenn wir ganz individuell die Dosis adjustieren können – erhöhen bei denen, die schnell Stoffe abbauen, heruntersetzen bei denen, die langsam abbauen.

V. Die Frage der Genom- und der Arzneimittelforschung

In der Arzneimittelforschung spielt die Genomforschung eine ganz wesentliche Rolle. Wir benutzen sie zur Bestätigung wissenschaftlicher Hypothesen. Die berühmte „knock-out-Maus“ ist eine Maus, deren Genom so verändert wurde, dass ein bestimmtes Gen fehlt. Man möchte verstehen, was es bedeutet, wenn ein solches Gen fehlt – und damit das Protein, d. h. das Eiweiß fehlt, das das Gen kodiert. Was passiert ohne das Gen im Sinne eines Krankheitsbildes?

Dann interessiert uns eine weitere wichtige Frage – „was passiert denn auf Genebene bei einem kranken Menschen im Vergleich zu einem gesunden Menschen?“ Damit generieren wir neue Hypothesen, die man erforschen kann. Lassen Sie mich das an einem Beispiel deutlich machen.

Es ist bekannt, dass 20% der Raucher eine chronisch obstruktive Lungenerkrankung entwickeln. Es ist ja eigentlich erstaunlich: Sie haben 100 Raucher, 80 entwickeln keine chronisch obstruktive Lungenerkrankung und 20 entwickeln eine derartige Erkrankung, die den Patienten sehr beeinträchtigt. Die Fragen, die sich stellen, sind:

1. Kann man Unterschiede identifizieren zwischen den Rauchern, die gesund sind (also keine chronische Lungenerkrankung entwickeln) und denen, die krank sind?
2. Kann man, wenn man diese Unterschiede sieht, sich Ansätze überlegen, um ein Medikament zu entwickeln, das sicherstellt, dass, wenn ein Raucher mit Anzeichen der chronischen Lungenerkrankung ins Krankenhaus kommt, zumindest die weitere Entwicklung dieser Erkrankung verhindert wird?

Ohne Frage, um noch die schlechte Nachricht für die Raucher hinzuzufügen, aufhören zu rauchen, ist grundsätzlich Begleittherapie. Dies ist eine Therapie, die nicht entwickelt werden muss.

Das Vorgehen ist das folgende: Mit Genchips wird analysiert, ob es Unterschiede auf Genomebene zwischen den gesunden und den kranken Rauchern gibt. Dann wird untersucht, welche Funktion diese hochregulierten Gene beim Kranken haben. Schließlich versucht man Interventionsstrategien und Forschungsansätze zu definieren. Dann erst beginnt die klassische Arzneimittelentwicklung – um sich die Zeitachse klar zu machen – wenn Sie ein solches Forschungsprojekt beginnen, braucht es vier, fünf, sechs Jahre, bis Ansätze vorliegen. Die Arzneimittelentwicklung dauert dann noch einmal etwa zehn Jahre und kostet mittlerweile, so hat gerade die Tufts University ausgerechnet, 800 Millionen Dollar d. h. es sind relativ langfristige Investitionen in die Forschung und Entwicklung zu tätigen.

Aber das heißt auch: Wenn wir heute etwas in der Zeitung lesen, was als Grundlagenforschungsergebnis bekannt gegeben wird, dann müssen wir 10–20 Jahre warten, bis es dann als therapeutische Option zur Verfügung steht.

Im Frühjahr 2001 wurde das Genom entschlüsselt, hier die Titelseite aus dem Focus: Es ist offensichtlich, dass die Erkenntnis des Genoms Auswirkungen auf die Arzneimittelforschung hat, weil diese Kenntnisse erst einmal die Forschung komplexer, aber

auch vielfältiger machen. Wir kennen viel mehr Genom-Stücke und die medikamentösen Ansatzmöglichkeiten vervielfachen sich dadurch. Die Anzahl der Ziele in der Arzneimittelforschung werden deutlich erhöht. Und dennoch: Haben wir damit den Schlüssel zur Heilung in der Hand?

Wenn Sie sich anschauen, dass wir 30000–40000 Gene haben, aber 500000 Eiweiße, das heißt, dass es eine Reihe von Vorgängen gibt, die wir noch nicht verstanden haben. Es kommt neben dem Genom auch auf die Eiweiße an, und die werden in ihrer Gesamtheit „Proteom“ genannt. Eiweiße können Botenstoffe, können Enzyme sein – Insulin ist ein Eiweiß – es können schließlich Antikörper sein. Die Schwierigkeit aber ist: Schauen wir uns Menschen mit einem wohldefinierten Genom an: Sehen wir uns hier im Saal um, betrachten wir die, die dort sitzen, wo es ein bisschen kühler ist, weil die Fenster näher sind, und sehen wir uns die an, die vielleicht direkt unter der Lampe sitzen, diese werden eine ganz andere Situation, eine ganz andere Körpertemperatur, andere Stressbedingungen und werden auch möglicherweise ganz andere Eiweißmuster haben. Dies ist nur ein Beispiel, das zeigt, dass die Komplexität der Frage des Proteoms deutlich größer ist als die des schon komplexen Genoms.

Abbildung 2: Die Strukturbiologie liefert die 3D-Struktur medizinisch relevanter Proteine



Und zweitens ist wichtig, das es auch wesentlich schwieriger ist, Eiweiße zu analysieren und zu differenzieren, insbesondere die Eiweiße, die in ganz kleinen Mengen vorkommen. Aber das ist auch eine sehr gute Nachricht! Das heißt, wir haben zwar den entschlüsselten Menschen, aber eigentlich wissen wir erstaunlich wenig. Und damit ist dies für die, die Forschung gerne mögen, gut – wir haben noch sehr viele interessante Fragestellungen und viel Arbeit.

Es wird noch schwieriger: Jetzt haben Sie gesehen, dass aus DNA die RNA gebildet wird, aus der RNA werden dann Proteine gemacht. Proteine sind eine einfache Schnur von Aminosäuren.

Aber: Wenn Sie sich Proteine dreidimensional anschauen, d. h. wie diese wirklich im Raum aussehen, dann sieht dies so aus wie die Abbildung 2 zeigt.

Wenn Sie sich vorstellen, dass Proteine auch noch ihre Struktur, ihre dreidimensionale Struktur ändern können, dann sind Sie noch mal erfreuter, denn wir können festhalten: Zwar ist der Mensch entschlüsselt, aber es bleibt noch erstaunlich viel zu tun im Sinne des Verständnisses, was denn wirklich aus dem jeweiligen Genom entsteht.

VI. Gentherapie

Vor zehn Jahren stand hier vielleicht jemand, der über Gentherapie gesprochen hat. Das ist ein Ansatz, bei dem man versucht, Gene einer Zelle so zu verändern, dass diese bestimmte Proteine produziert. Aber im Unterschied zur biotechnologischen Produktion wird hier die Frage gestellt, ob auch beim lebenden menschlichen Organismus Zellen so verändert werden können, dass ein gewünschter Stoff produziert wird. Nehmen wir ein Beispiel: Sie alle kennen die Menschen, die keine Gerinnungsfaktoren haben, Bluter genannt. Bis vor einigen Jahren musste man die Gerinnungsfaktoren aus gespendetem Plasma gewinnen. Diese können heute biotechnologisch produziert werden. Man kann diese Gerinnungsfaktoren auch in reiner Form gewinnen, aber sie müssen trotzdem regelmäßig injiziert werden. Die Frage war offensichtlich: Wäre es möglich, körpereigene Zellen z. B. Muskelzellen zu ermuntern, Gerinnungsfaktoren zu produzieren? Wenn man das könnte, dann müsste man den Patienten nicht regelmäßig Gerinnungsfaktoren injizieren, müsste möglicherweise ein, zwei, dreimal im Jahr die Prozedur wiederholen, die bewirkt, dass Muskelzellen Gerinnungsfaktoren produzieren. Und man weiß auch, dass in einen Muskel injizierte DNA auch exprimiert wird.

Trotz aller Hoffnung: Vor zehn Jahren hätten Ihnen Wissenschaftler – sei es aus Industrie oder von Universitäten – gesagt: „Das wird in zehn Jahren Realität sein.“ Wir können heute sagen: Selbst bei den monogenen Erkrankungen (Erkrankungen also, bei denen nur ein Gen betroffen ist) ist es bisher nicht gelungen, die Gentherapie mittelfristig in der Klinik und beim Patienten regelmäßig anzuwenden. Ich denke aber, dass diese Therapieform, bei der wir Körperzellen verändern, also keine Keimbahnzellen, möglich werden wird und ihre klinische Erprobung und Entwicklung gerechtfertigt ist.

Zur Veränderung der Erbinformation in der Keimbahnzelle ist mein Standpunkt ganz klar: Das darf und kann nicht gemacht werden, soll nicht gemacht werden. Und ich denke auch, dass wir in dieser Frage über Landesgrenzen hinweg einen internationalen Konsens brauchen. Denn, wenn wir beginnen, das Erbgut der Menschen zu verändern, ist es natürlich nur ein ganz ganz marginaler Schritt von der Therapie des kranken Menschen zur Frage der Optimierung des Menschen. Und das sind Schritte – dies hat überhaupt nichts mit der pharmazeutischen Industrie zu tun – aber das sind Schritte, von denen ich glaube, dass wir sie als Menschheit nicht gehen sollten.

VII. Stammzellen

Der nächste Ansatz, der nach der somatischen Genterapie – zu Keimbahnzellen habe ich Stellung genommen – intensiv und hoffnungsvoll diskutiert wird, ist die Stammzellforschung.

Die Hoffnung lässt sich klar umschreiben: Gewebeersatz, denken Sie an Patienten mit Zuckerkrankheit, Diabetes, Parkinson'sche Erkrankung, Alzheimer oder an Patienten, die eine gravierende Herzinsuffizienz haben. Ziel ist es, Gewebe zu finden, das das kranke Gewebe ersetzen kann, mit der Folge, den Patienten gesünder zu machen.

Aber die Hoffnungen gehen auch weiter. Ich glaube, wir sollten auch diese Fragen nicht aus den Augen verlieren. Wir verstehen viele Aspekte der Zelldifferenzierung nicht. Es gibt eine ganze Reihe von Fragen der Zellbiologie, die wir sicher nur mit der Stammzellforschung beantworten können. Stammzellforschung kann und soll primär dort stattfinden, wo sie auch unproblematisch möglich ist, nämlich im Tierexperiment. Wir haben viele Fragen auch im Tierexperiment bei weitem nicht geklärt.

Wir sollten, wo auch immer möglich, Tiermodelle nutzen. Ich glaube aber, dass wir die humane embryonale Stammzellforschung brauchen. Und sei es nur, um einige der Grundlagenfragen zu beantworten: Beispielsweise zum Unterschied „adult“ und „embryonal“. Ich glaube weiterhin, dass dies sinnvoll ist, jedoch nur unter transparenten Bedingungen im Grundlagenforschungsbereich.

Ich glaube auch, dass eine solche Forschung sinnvollerweise zeitlich begrenzt werden kann und werden soll. Ich glaube, wir müssen sicherstellen, dass wir nicht in die Situation kommen, uns an die Nutzung von Embryonen zu gewöhnen. Die Thematik des Gewebeersatzes könnte aller Wahrscheinlichkeit nach dazu führen – wenn wir embryonale Stammzellen einsetzen, – dass wir regelmäßig Leben schaffen, um dann Leben zu vernichten.

Lassen Sie mich auch sagen: Die Stammzellen, die aus der in-vitro-Fertilisation übrig bleiben, sollten für die Fragen der Grundlagenforschung ausreichen. Ich glaube nicht, dass wir regelmäßig und dann noch kommerziell Stammzellen produzieren sollten.

Ich bin zudem beeindruckt, dass bei der Frage der Stammzelltherapie die Frauen überhaupt nicht berücksichtigt werden. Es wurde heute bereits einmal angesprochen.

Es handelt sich um eine invasive Prozedur: Unter Ultraschall wird das über einige Tage, 14 Tage, hormonstimulierte Ovar punktiert. Aber bei jeder Punktion ist die Nähe zu Arterien, Gefäßen gegeben, Blutungen oder auch Infektionen können resultieren. Und somit ist die Annahme, man könne routinemäßig oder regelmäßig Eizellen gewinnen, um dann eine therapeutische Option zu verfolgen, eine Annahme, die ohne die betroffene Frau im Auge zu haben, getroffen wurde. Und wo wir sicherlich nicht hin wollen, – deswegen ist die Frage in Deutschland auch so wichtig – und auch nicht hinkommen sollen, ist, dass wir dann in anderen Ländern Frauen finden, die für Geld bereit sind, ihre Eizellen zu spenden.

Zusammenfassend zu den Stammzellen: Ich denke, wir brauchen die Grundlagenforschung. Transparent, gut kontrolliert, Ethikkommissionen involvierend, mit Eizellen oder Embryonen, die aus der in-vitro-Fertilisation ohnehin übrigbleiben und andernfalls verworfen werden würden.

VIII. Zusammenfassung

Lassen Sie mich zusammenfassen: Wo stehen wir heute?

Die somatische Gentherapie wird weiter klinisch erforscht werden. Breite Anwendbarkeit ist heute nicht absehbar, aber wenn sie bei Krankheiten, wie bei der Bluterkrankheit erfolgreich eingesetzt werden könnte, wäre das sicherlich ein wichtiger therapeutischer Schritt.

Eingriffe in die Keimbahn sind strikt abzulehnen, Tierexperimente – das kann man unterschiedlich sehen – werden aber derzeit relativ breit durchgeführt und helfen, grundlegende Fragen zu klären.

Stammzellen für Forschungsfragen: Ich hatte bereits gesagt, eine breite Anwendung lehne ich persönlich ab. Natürlich vertrete ich hier nicht all die pharmazeutischen Firmen, die als start-ups sich die Stammzelltherapie auf die Fahnen geschrieben haben, um zu versuchen, auf diesem Gebiet neue Therapieformen zu entwickeln. Diese werden diese Frage natürlich anders bewerten.

Embryonale Stammzellen für Gewebeersatz: Da sehe ich weder die Notwendigkeit noch ethisch die Möglichkeit der breiten Anwendung. Hierzu muss uns etwas Klügeres einfallen. Für Forschungsfragen, wie gesagt, akzeptabel, aber das Ziel muss sein, Besseres zu finden. Und ich glaube auch, dass die wissenschaftlichen Ergebnisse, die man zur Zeit mit adulten Stammzellen gewinnt, durchaus hoffen lassen, dass man therapeutische Optionen ohne Verbrauch von Embryonen realisieren kann.

Auch in Zukunft werden wir natürlich die biotechnologische Produktion sehen und die Zahl der so produzierten Medikamente wird zunehmen. Dies vor allem, weil es eine ganze Reihe von sehr vielversprechenden Medikamenten in späten Phasen der klinischen Entwicklung gibt.

Zur Frage der Genomforschung und der Vorhersage von Krankheitsrisiken: Ich denke, dass hier erst einige Zeit verstreichen muss, um herauszufinden, was dies denn wirklich heißt. Welches Genmuster korreliert mit welchem Risiko und mit welchen

Krankheiten? Und die breite Anwendung scheint mir heute ohnehin die Ausnahme, weil wir einfach zu wenig wissen. Aber die Gesellschaft muss die Diskussion zu führen beginnen. Es ist nicht auszuschließen, dass viele Fragen vorerst offen bleiben werden: Sei es bei Fragen der Versicherung, der Arbeitsverhältnisse und der Solidargemeinschaft.

Optimierung von Medikamenten: Hier wird sicher einiges erreicht werden. Im weitesten Sinne in der Pharmakogenetik. Ich bin sehr optimistisch, dass wir mittelfristig Therapieverbesserung durch individueller eingesetzte Medikamente sehen werden. Die gänzlich individualisierte Medizin ist eine Idealvorstellung. Grundlagenforschung zu dieser Frage wird man in den kommenden Jahren machen, aber eine breite Anwendung bleibt vorerst Vision, da wir wissenschaftlich noch nicht weit genug sind.

Genomforschung und Arzneimittelforschung werden sich auch in Zukunft ergänzen: Der Vergleich gesund versus krank oder hochregulierte Gene im Vergleich zu suprimierten Genen anzuschauen, Genmuster zu verstehen sind Ansätze, aus denen dann neue Hypothesen entstehen. Diese können dann später einmal zu neuen Medikamenten führen.

Die beiden Aspekte, die mir zum Abschluss am Herzen liegen: Ein Artikel der Frankfurter Allgemeine Zeitung von vor wenigen Tagen ist betitelt: „Frische Eizellen zu Tausenden gesucht“. Ich denke, wir müssen in der ganzen Diskussion darauf achten, dass wir die Gesamtheit der Problematik im Auge behalten. Lassen Sie mich abschließend sagen: Der Mensch ist für mich nach wie vor ein Wunder und wir sollten alles tun, dass wir Menschen dieses Wunder nicht zerstören.

Dankeschön.