

Interdisziplinäre Tagung: Leben 3.0 und die Zukunft der Evolution  
16. September, 16:30 Uhr

## ABSTRACT

### **Biologische und kulturelle Evolution des Menschen – quo vadis?**

Prof. Dr. Karl Sperling, Institut für Humangenetik, Charité – Universitätsmedizin  
Berlin

Mittelpunkt der Lebenswissenschaften bildet die Biologie. Sie gründet sich auf die erklärungskräftigste Theorie der Naturwissenschaften, die Evolutionstheorie. Nur diese macht verständlich, warum ganz verschiedene Organismen in grundlegenden Eigenschaften übereinstimmen wie z. B. dem genetischen Code und elementaren Stoffwechselprozessen, der zellulären Organisation und der Steuerung des Entwicklungsgeschehens. Nur sie gibt Antwort auf die grundlegenden Krankheitsursachen. Über die „evolutionäre Erkenntnistheorie“ und die „evolutionäre Ethik“ ergibt sich zudem ein unmittelbarer Bezug zu den Geistes- und Sozialwissenschaften. In dem Vortrag wird gezeigt, wie jeder Mensch ein Produkt genetisch gesteuerter Entwicklungsprozesse ist, die durch kulturelle Überlieferungen entscheidend ergänzt werden. So ist es falsch von Genen für Intelligenz oder charakterliche Veranlagung zu sprechen, da es sich hierbei ja erst um Ergebnisse sehr komplexer Entwicklungsprozesse handelt. Diese sprachlichen Ungenauigkeiten sind aber 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. Die evolutionäre Erkenntnistheorie macht zudem verständlich, weshalb der Mensch eine starke Neigung besitzt, kausale Erklärungen für unsinnige Sachverhalte anzunehmen. In Europa hat die Aufklärung der Rationalität zum Durchbruch verholfen und in Verbindung damit auch der Wissenschaft und Technik. So gesehen, stellt die Biologie mit ihrer evolutionären Sichtweise die Leitwissenschaft innerhalb der „Life Sciences“ dar.

Prof. Dr. Karl Sperling, Jahrgang 1941; 1971 Professor am FB Biologie der FU Berlin; 1976 o. Professor, Leiter des Instituts für Humangenetik und der Genetischen Beratungsstelle, jetzt der Charité, Berlin; Mitglied der Deutschen Akademie der Naturforscher Leopoldina und der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften; Ehrenmitglied der Czech Medical Society of Jan Evangelista Purkyne und der Deutschen Gesellschaft für Humangenetik; Professor h.c. der Guru Nanak Dev University, Amritsar, India

Interdisziplinäre Tagung: Leben 3.0 und die Zukunft der Evolution  
17. September, 09:00 Uhr

## ABSTRACT

### **Was bedeutet die Entschlüsselung des Genoms für uns? Das ‚1000 Dollar-Genom‘ und seine Folgen für die Forschung und Krankenversorgung**

Prof. Dr. Hans-Hilger Ropers  
Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik, Berlin

Während der vergangenen zehn Jahre sind die Kosten für die DNS-Sequenzierung exponentiell gesunken, von ca. 3 Milliarden Dollar auf gegenwärtig 10.000 Dollar für das gesamte menschliche Genom, und schon in wenigen Jahren wird es möglich sein, das ganze Genom für weniger als 1000 Dollar zu sequenzieren. Diese Entwicklungen eröffnen neue Chancen für die Erforschung von häufigen Volkskrankheiten, die sich als weitaus schwieriger erwiesen hat, als allgemein erwartet. Wesentlich mehr wird davon jedoch die Erforschung von Krankheiten profitieren, die auf Defekte einzelner Gene zurückgehen. Diese ernstesten Störungen treten meist bereits im Säuglingsalter auf, und ihr Wiederholungsrisiko in Familien beträgt 25 oder sogar 50%. Bis heute sind nur ca. 10% der menschlichen Gene mit Krankheiten in Verbindung gebracht worden, jedoch ist dies sicher nur die Spitze des Eisberges. Daher konzentriert sich die internationale Genomforschung jetzt zunehmend auf diese früher vernachlässigten ‚Orphan Diseases‘ und auf die Entwicklung von universellen Tests zur Erkennung von Anlageträgern. Derartige non-invasive Tests bieten Eltern neue Möglichkeiten zur Vermeidung schwerer Krankheiten bei ihren Nachkommen, analog zur seit 40 Jahren angebotenen Pränataldiagnose von Chromosomenveränderungen bei älteren Müttern. Nach Ansicht amerikanischer Fachleute wird die Genomsequenzierung bei Neugeborenen bereits innerhalb von zehn Jahren etablierter medizinischer Standard sein, wenn die Kosten dafür weiter fallen. Jedoch wird dies viele neue Fragen aufwerfen, die uns alle angehen und deren Beantwortung wir deshalb nicht den Fachleuten überlassen sollten. Eine bessere Information der Bevölkerung über diese Entwicklungen ist dafür unerlässlich. Die sich abzeichnende Revolution im Bereich der genetischen Forschung und Diagnostik, der daraus folgende explosionsartige Wissenszuwachs und der rasch zunehmende Beratungsbedarf wird schließlich ganz neue Anforderungen an die Organisation der genetischen Krankenversorgung stellen. Für Deutschland wird es höchste Zeit, sich diesen Entwicklungen zu stellen.

Prof. Dr. Hans-Hilger Ropers ist seit 1994 Direktor des Max-Planck-Instituts für molekulare Genetik, Berlin. Er studierte Medizin in Freiburg und München, promovierte und habilitierte 1978 im Fach Humangenetik an der Universität Freiburg. Von 1971 bis 1984 war er Wissenschaftlicher Mitarbeiter und Assistenzprofessor am Institut für Humangenetik der Universität Freiburg und von 1984 bis 1997 Ordinarius und Leiter des Departments of Human Genetics, University of Nijmegen (NL). Seit 2002 ist er Mitglied der Royal Netherlands Academy of Arts and Sciences, seit 2003 Council Member, Human Genome Organization und Mitglied der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften. Seit 2008 ist er Sekretär der Biowissenschaftlich-Medizinischen Klasse der BBAW und seit 2009 Ehrenmitglied der Deutschen Gesellschaft für Humangenetik (GfH). Mithilfe von Positionsklonierung und verwandter Methoden konnten er und seine Mitarbeiter wesentliche Beiträge zur Erforschung genetischer Ursachen der erblichen Formen von Blindheit, Taubheit und geistiger Behinderung leisten. Sein jetziger Schwerpunkt ist die systematische Erforschung angeborener geistiger Defekte und verwandter Störungen, insbesondere deren autosomal rezessive Formen. Mit „Next-Generation-Sequencing“ und Genom-Partitionierung kommen Methoden zum Einsatz, die im Begriff sind, die genetische Forschung zu revolutionieren. H.-H. Ropers ist Autor von mehr als 350 Publikationen.

Interdisziplinäre Tagung: Leben 3.0 und die Zukunft der Evolution  
17. September, 11:30 Uhr

## ABSTRACT

### **Konstruktion von Leben? Herstellungsideale und Machbarkeitsgrenzen in der Synthetischen Biologie**

Prof. Dr. Dr. Kristian Köchy  
Institut für Philosophie, Universität Kassel

Synthetische Biologie sucht in großem Umfang, das Ingenieurparadigma in den Lebenswissenschaften zu etablieren und folgt dabei alten Idealen, die innerhalb der Biologie etwa prominent in Jacques Loeb's Programm zu Beginn des 20. Jahrhunderts vertreten wurden. Das Ziel der Synthetischen Biologie ist es, komplexe biologiebasierte oder inspirierte Systeme zu erzeugen, die Funktionen erfüllen können, die so in der Natur nicht auftreten. Dieses Herstellungsideal soll auf allen Hierarchieebenen Anwendung finden, in manchen Positionen gar bis zu ganzen Lebewesen. Neben diesen Hoffnungen auf umfassende technische Konstruktion von Leben verweisen jedoch nüchterne Beobachter des Feldes auf das derzeit noch deutliche Gewicht von Grundlagenforschung (fundamental synthetic biology, Serrano) respektive auf bestehende Schwierigkeiten in der Umsetzung rationaler Konstruktionsprogramme (Drew Endry). Ziel des Beitrags ist es, die Herstellungsideale der Synthetischen Biologie und das in ihnen deutlich werdende Technikverständnis mit möglichen Machbarkeitsgrenzen und den daraus ersichtlichen natürlichen Bedingungen dieser Fertigung zu konfrontieren.

Prof. Dr. Dr. Kristian Köchy ist seit 2003 Professor für Theoretische Philosophie an der Universität Kassel. Er studierte Biologie, Wissenschaftsgeschichte und Philosophie in Braunschweig und Dortmund, und promovierte 1991 in Biologie sowie 1995 in Philosophie. 2000 folgte die Habilitation in Philosophie und von 2001 bis 2003 war er Koordinator der Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ an der Berlin Brandenburgischen Akademie. Seit 2003 Mitglied dieser Arbeitsgruppe. Von 2005 bis 2009 Mitglied der AG „Humanprojekt“ ebenfalls an der Berlin Brandenburgischen Akademie. Von 2008 bis 2010 Mitglied der AG „Leben“ der Forschungsstätte der evangelischen Studiengemeinschaft (FEST, Heidelberg), und seit 2010 Mitglied der AG „Naturphilosophie“ ebenfalls FEST. Forschungsschwerpunkt Philosophie der Biowissenschaften, Bioethik, Naturphilosophie, Geschichte der (Bio-) Wissenschaften im 18.–20. Jahrhundert, Philosophie des Deutschen Idealismus.