

# Zielscheibe DNA

## Gegenwart und Zukunft militärischer Nutzung von Gentechnik

von Dr. Heike Knops

Wie kann man andere Menschen töten, ohne sich selbst zu gefährden?  
Offenbar treibt diese Frage die Militärs aller Zeiten um.

- Römische Soldaten versenkten faulende Tierkadaver in den Brunnen ihrer Feinde
- 1346 schleuderten die Tataren Pestleichen über die Stadtmauern ihrer Feinde, um die Belagerten zu infizieren
- Engländer schenkten Indianern pockenverseuchte Decken (18. Jhd.)
- 1942 gab es einen japanischen Angriff auf China mit pestverseuchten Flöhen

Die Militärs agieren mit viel Fantasie und vor allem ohne Skrupel!

Was offenbar selbst den Politikern Angst macht.  
Denn in den 70er Jahren wurde ein weltweites Verbot von biologischen Waffen in der Biowaffen-Konvention festgeschrieben.

### Die Biowaffenkonvention

(Biowaffen-Konvention - Biological and Toxin Weapons Convention – BTWC)

Die BTWC <sup>1</sup> trat 1975 in Kraft und wurde bis 2014 von 170 Staaten ratifiziert. Darunter die USA, Russland, Großbritannien, Frankreich, China, Deutschland, Österreich und die Schweiz. Zu den NICHT-Vertrags-Staaten gehören v.a. solche in Afrika sowie im Nahen und Mittleren Osten.

Die Biowaffen Konvention ist in ihrem umfassenden und eindeutigen Verbot einer ganzen Waffengattung wohl einzigartig. Jegliche Entwicklung, Produktion, Lagerung oder Beschaffung von biologischen oder Toxin-Waffen ist verboten.

Die Konvention verbietet jede feindselige Entwicklung oder Produktion biologischer Mittel, ohne jede Einschränkung oder Ausnahme. Dabei umfasst sie sowohl Mittel, die gegen Menschen als auch Tiere, Pflanzen oder Materialien gerichtet sind, und sie ist nicht explizit auf Kriegssituationen beschränkt. Es ist auch keine Ausnahme für den Polizeigebrauch vorgesehen.

Eine ganz klare Absage an Bio-Waffen – könnte man denken!

---

<sup>1</sup> Artikel 1 der Konvention lautet:

Each State Party to this Convention undertakes never in any circumstances to develop, produce, stockpile or otherwise acquire or retain:

(1) Microbial or other biological agents, or toxins whatever their origin or method of production, of types and in quantities that have no justification for prophylactic, protective or other peaceful purposes.

ABER: biologische Waffen werden auf der Grundlage des so genannten "general purpose criterion" definiert einem „allgemeinen Zweckkriterium“. Der spezielle Verwendungszweck als Waffe wird verboten – nicht die Entwicklung bestimmter tödlicher oder schädlicher Organismen.

Dafür gibt es einen einleuchtenden Grund. Denn die Grundlagen biologischer Waffen sind gleichzeitig die Grundlagen pharmakologischer Entwicklungen.

Sie lassen sich also in zwei Richtungen anwenden:

- zu friedlichen, meist medizinischen
- und zu kriegerischen Zwecken

Das wird als das „dual-use-Problem“ bezeichnet.

Selbst gefährliche natürliche Organismen können auch für nützliche Zwecke eingesetzt werden. Praktisch das gesamte Wissen und jegliche Ausrüstung, die für ein offensives Biowaffen-Programm benötigt wird, kann auch für die zivile Forschung in Medizin und Biologie angewendet werden. Ob ein bestimmtes Experiment offensiver oder defensiver Natur ist, liegt allein in der Absicht der jeweiligen Forscher begründet.

Eine Überwachung der Einhaltung der Biowaffen Konvention ist somit von vorneherein schwierig.

Anfang der 1990er Jahre wurde dann offensichtlich, dass mindestens zwei Länder gegen die Konvention verstoßen und offensive B-Waffen-Programme unterhalten haben.

1992 gab der russische Präsident Jelzin zu, dass die frühere Sowjetunion biologische Waffen entwickelt und produziert hat. Kurz darauf fand eine spezielle UN-Kommission (UNSCOM) im Irak klare Beweise für ein offensives B-Waffen-Programm.

Diese Entdeckungen waren mitentscheidend für die Aufnahme internationaler Verhandlungen zur Stärkung der Biowaffen-Konvention.

1994 richtete eine außerordentliche Vertragsstaaten-konferenz der Biowaffen-Konvention (BTWC) eine Ad-Hoc-Gruppe ein, die das Mandat bekam, ein rechtlich bindendes Protokoll zur Stärkung der Konvention auszuarbeiten. Seither gibt es fast jährliche Treffen auf UN Ebene – auch 2016 wird planmäßig wieder eines sein. Der globale Konsens gegen den nicht-friedlichen Einsatz lebender Organismen soll fortgeschrieben werden.

Die genannte „dual-use“ Problematik erschwert natürlich, ein offensives B-Waffen Programm irgendwo auf der Welt zu entdecken oder ein Land davon abzuhalten, biologische Waffen zu entwickeln.

Die Biowaffen sind in der Regel selbstreplizierende Organismen, d.h., sie können selbst eine Kopie von sich herstellen. Daher kann auch aus winzigsten Mengen in kurzer Zeit genügend waffenfähiges Material gewonnen werden.

In der Bundesrepublik, die die Biowaffen Konvention mit unterschrieben hat, gibt es daher auch keine Entwicklung von Biowaffen – sondern nur: „*biologische Abwehrforschung*“! Der Etat hierfür wird seit 1995 massiv ausgebaut. Er ist im Vergleich zum Gesamthaushalt überdurchschnittlich stark gestiegen. (Etat um 60 % gestiegen!)

Geforscht wird an der Sanitätsakademie der Bundeswehr in München sowie am Wehrwissenschaftlichen Institut für Schutztechnologien in Munster. Die BRD betreibt somit nur B-Waffen-Schutzforschung, eine defensiv ausgerichtete Forschung zum Schutz vor potentiellen Angriffen mit Biowaffen.

Defensivforschung ist nach dem Biowaffen-Übereinkommen ausdrücklich erlaubt.

Die Biowaffen Konvention hat also zwei entscheidende Schwachpunkte:

- das dual-use Problem der Forschung
- die Defensivforschung

Seit den 80er Jahren ist durch die Revolution in der Biotechnologie ein drittes Element in der Biowaffen-Entwicklung dazu gekommen.

Denn heute gehört es weltweit zur Grundausbildung in der Biologie, Mikroorganismen zu kultivieren und zu manipulieren. Weltweit existieren Forschungs- und Produktionsanlagen, die für die Herstellung von Biowaffen nutzbar gemacht werden können.

Noch nie war es so leicht wie heute, eine Biowaffe zu bauen.

Und die Gentechnik bietet ein unerschöpfliches Arsenal, biologische Waffen noch effektiver zu machen.

## **Gentechnik in der Biowaffen-Forschung**

Angesichts der rasanten technischen Entwicklung in Biologie und Medizin erscheinen ethnische Waffen heute tatsächlich machbar. Eine ethnische Waffe soll gezielt bestimmte Populationen schädigen oder töten.

Eine Analyse des Human Genom Projects<sup>2</sup> ergab, dass Hunderte, vielleicht auch Tausende von Gensequenzen im menschlichen Genom vorliegen, die als Zielscheibe für sog. populationsspezifische Waffen dienen könnten.

---

<sup>2</sup> Das **Humangenomprojekt** (HGP, [engl. Human Genome Project](#)) war ein internationales Forschungsprojekt. Es wurde im Herbst 1990 mit dem Ziel gegründet, das [Genom](#) des [Menschen](#) vollständig zu entschlüsseln, d. h. die Abfolge der [Basenpaare](#) der menschlichen [DNA](#) auf ihren einzelnen [Chromosomen](#) durch [Sequenzieren](#) zu identifizieren. Das menschliche Genom enthält die Gesamtheit der vererbaren Informationen. Mit den Basenpaaren seiner DNA codiert es unter anderem alle [Proteine](#). Die vollständige Sequenzierung des Genoms bildet die Grundlage für die Erforschung vieler biologischer Prozesse, wie etwa die Möglichkeit, [Erbkrankheiten](#) zu erforschen und molekulare Mechanismen der [Krebsentstehung](#) besser zu verstehen. Durch Vergleich des menschlichen Erbguts mit dem anderer Lebewesen erhoffen sich Wissenschaftler zudem weitere Erkenntnisse über den Ursprung bestimmter Krankheiten und neuer [Therapiemöglichkeiten](#).

Infektionskrankheiten z.B. könnten also entlang bestimmter genetischer oder ethnischer Grenzen wirken. Ethnische Waffen müssen nicht unbedingt eine tödliche Wirkung haben. Sie könnten einen Gegner auch nur vorübergehend außer Gefecht setzen bzw. eine dauerhafte körperliche Schwächung verursachen oder auch sterilisierend wirken.

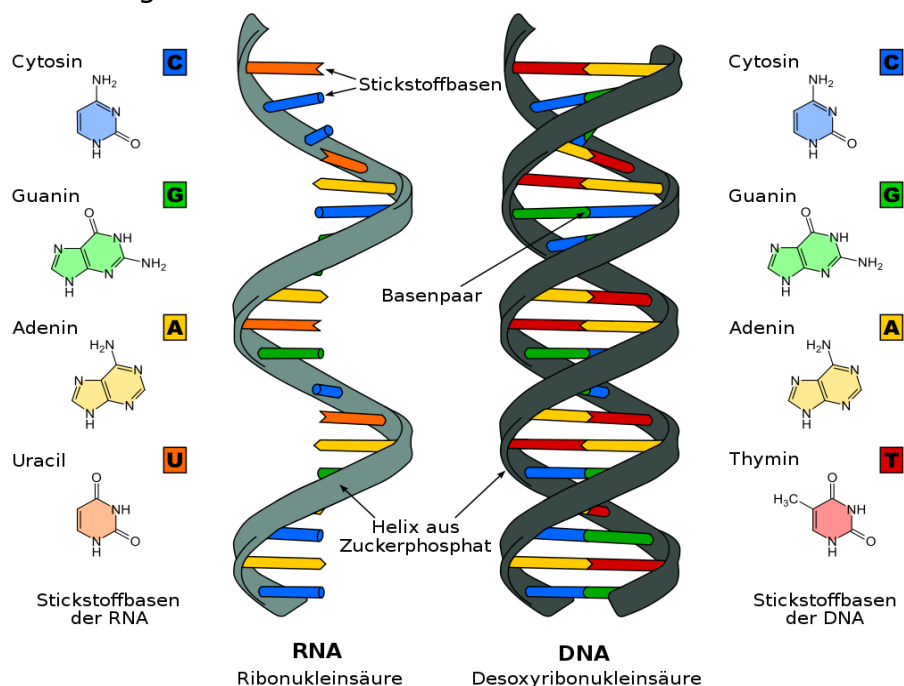
Ihr möglicher Einsatz ist nicht auf klassische Kriege begrenzt, sondern kann vielmehr auch im Rahmen von verdeckten Operationen in lang anhaltenden Konflikten erfolgen, um eine gegnerische Gesellschaft auf Dauer sozial oder ökonomisch zu schwächen.

Genau das macht die Sache so brisant!

Es gibt bereits Techniken, die Gene mit einer spezifischen Sequenz hemmen können. Sie zielen auf die so genannte mRNA, das Molekül, das die genetische Information von der DNA zum Ort der Proteinsynthese innerhalb der Zelle vermittelt.

Gene sind in jedem Zellkern auf sog. Chromosomen.  
Gene sind Rezepte, die bestimmte Funktionen in der Zelle steuern.  
Chromosomen bestehen aus DNA.

DNA hat eine sog. Buchstabenfolge „ATCG“ – das sind Abkürzungen für chemische Stoffe. Diese chemischen Stoffe bilden in einem Doppelstrang die DNA und treten als festgelegte Paare auf: A – T / C – G aber in beliebiger Reihenfolge.



Das Human Genom Project ermittelte die komplette Reihenfolge dieser Basen „ATCG“ im Menschen. Man fand ca. 30 000 Gene im Menschen – viel weniger als angenommen! – diese sitzen verteilt auf den DNA Strängen. Der Mensch hat 2 x 23 DNA Stränge; zwei Mal weil diese jeweils von Mutter und Vater stammen.

Mit SNP bezeichnet man nun den natürlichen Vorgang, bei dem einzelne Basen (Buchstaben ATCG) ausgetauscht werden. Das nennt man Mutation. Im Laufe dieser Mutationen ergaben sich auch unterschiedliche Basen in den verschiedenen Populationen.

Diesen natürlichen Vorgang kann man inzwischen auch künstlich herbeiführen! Ziel sind bestimmte Arten von Genen. Grob gesagt gibt es zwei Arten:

Die sog. „Haushaltsgene“, die ständig aktiv sind und wie die gute Hausfrau für die täglichen routinemäßigen Vorgänge im Menschen zuständig sind. Fürs Atmen zum Beispiel.

Daneben existieren auch andere Gene, die nur unter bestimmten Voraussetzungen aktiv werden. Dafür gibt es spezielle Kontrollstrukturen auf der DNA.

Inzwischen kann man, wie gesagt, die oben genannte Mutation der Basen (ATCG) künstlich herbeiführen. Künstlich und zielsicher!

Dazu wird die RNA nachgebaut, die diese Vorgänge auch in der Natur steuert. Diese nachgebaute RNA wird mit Viren in die DNA eingeschleust und greift dort in die übliche Paarbildung der Basen in der DNA ein und beeinflusst das System in gewünschter Weise. Z.B. : durch Blockieren bzw. Inaktivieren der entsprechenden Base.

Das klingt hoch kompliziert – aber diese Technik wird bereits in der Entwicklung von pharmakologischen Wirkstoffen eingesetzt, u.a. von der US-Firma Ibis Therapeutics.

Mit solchen Techniken lassen sich Gene mit einer spezifischen Sequenz hemmen.

Wenn in diesen Genen Unterschiede zwischen verschiedenen Populationen vorliegen, könnte das dazu genutzt werden, sie spezifisch in einer Population zu hemmen, während Menschen anderer Populationen davon unbeeinträchtigt bleiben.

Um diese Techniken für die Waffenentwicklung nutzen zu können, müssten populationsspezifische Sequenzen in Genen identifiziert werden, die eine aktive oder lebenswichtige Funktion im menschlichen Körper haben.

Die Frage ist, ob derartige Marker überhaupt existieren.

Es heißt, dass 99,9% der genetischen Bausteine von zwei Menschen identisch sind. Dabei darf jedoch nicht übersehen werden, dass die verbleibenden 0,1% immerhin noch 3 Millionen ‚Buchstaben‘ im genetischen Alphabet ausmachen. Da es 30 000 Gene im menschlichen Genom gibt, kann selbst bei einer 99,9 prozentigen Übereinstimmung der Gensequenz von zwei Individuen jedes einzelne Gen einen mehr oder weniger großen Unterschied aufweisen.

Ein Teil dieser enormen genetischen Diversität spiegelt sich auch in Unterschieden zwischen verschiedenen Bevölkerungsgruppen wider.

Aus militärischer Perspektive wäre es sicherlich optimal, wenn ein sehr hoher Anteil – bis zu 100% – der Zielpopulation die entsprechende genetische Sequenz trägt. Aber das ist keinesfalls eine Grundvoraussetzung für „militärisch sinnvolle“ Waffen. Selbst wenn nur 10% oder 20% einer Bevölkerung davon betroffen wären, hätte dies einen katastrophalen Effekt auf die betroffene Armee bzw. Gesellschaft.

Bei einer Diskussion um geeignete genetische Marker für ethnische Waffen sind also solche Gensequenzen relevant, die in einer Population eine Frequenz nahe Null aufweisen und in einer anderen Population eine ausreichend hohe Frequenz aufweisen.

Eine Frequenz von 20% oder höher kann als ausreichend für militärische Zwecke angesehen werden.

Die systematische Suche von Sunshine Project in zwei Datenbanken hat ergeben, dass derartige genetische Sequenzen in unerwartet hoher Zahl tatsächlich existieren. In dieser Analyse hat sich das Project auf so genannte Einzel-SNPs (*single nucleotide polymorphisms*) konzentriert, die die weitaus häufigsten genetischen Variationen im menschlichen Genom darstellen.

SNPs sind, wie bereits erwähnt, Variationen in einzelnen Buchstaben der DNA-Sequenz.

In den vergangenen Jahren wurden mehrere Millionen SNPs durch verschiedene industrielle oder öffentlich finanzierte Institutionen identifiziert. Es wurden fast 300 SNPs aus den Datenbanken<sup>3</sup> analysiert. Ein unerwartet hoher Anteil davon war tatsächlich populationsspezifisch<sup>4</sup>!

Wir sprechen hier von „Allelen“. Allele sind verschiedene Variationen eines Gens.

Zwei Beispiele dafür:

Das Allel „\*3A“ (der Thiopurin Methyltransferase) – ein Enzym, das im Stoffwechsel einiger Medikamente eine Rolle spielt – ist bislang nicht in ostasiatischen Bevölkerungsgruppen gefunden worden. (van Aken et al. 2003).

Dieses Allel „\*3A“ ist das bei weitem häufigste mutierte Allel dieses Enzyms in europäischen Bevölkerungsgruppen.

---

<sup>3</sup> Das SNP Consortium (TSC), das von mehreren pharmazeutischen Firmen und gemeinnützigen Organisationen getragen wird, unterhält eine öffentlich zugängliche Datenbank mit einer großen Zahl an SNPs. Eine andere Datenbank, die SNP500Cancer Database, wird vom Cancer Genome Anatomy Project der US National Institutes of Health betrieben.

In beiden Datenbanken finden sich für einige SNPs Angaben zu Allelfrequenzen in verschiedenen Populationen.

<sup>4</sup> Bei 6,7% der SNPs in der TSC-Datenbank und bei 1,6% der SNPs der SNP500Cancer Database<sup>6</sup> war ein Allel in einer der untersuchten Populationen überhaupt nicht vertreten während es gleichzeitig eine Frequenz von mindestens 20% in wenigstens einer anderen Population hatte.

Ein anderes Allel (rs2894804) <sup>5</sup> aus einer Krebsdatenbank, das eine wichtige Funktion in der Entgiftung von toxischen Substanzen wie pharmazeutischen Wirkstoffen oder Umweltgiften hat, war in einer afroamerikanischen Population mit einer Frequenz von 23% vertreten während es in keiner der anderen drei untersuchten Populationen gefunden wurde.

Zusammenfassend kann man festhalten, dass eine signifikante Anzahl populationsspezifischer SNPs existiert. Es wird heute davon ausgegangen, dass beim Menschen ein SNP auf ca. 200 Basenpaare kommt (Schneider et al. 2003). Bei insgesamt 3 Milliarden Basenpaaren würden also insgesamt 15 Millionen SNPs im menschlichen Genom liegen. Wenn in einer vorsichtigen Schätzung davon ausgegangen wird, dass nur 0,1% populationsspezifisch sind, könnten insgesamt 15.000 genetische Zielsequenzen für künftige Ethnowaffen existieren.

Es ist fraglich, ob ethnische Waffen heute schon existieren oder in Kürze realisiert werden.

Deutlich ist aber, dass sie grundsätzlich machbar wären. Genauso deutlich ist, dass wir mit ihrem Einsatz rechnen müssen, wenn sie existieren!

## **Südafrika**

Aus dem Südafrika der Apartheid ist das „Project Coast“ bekannt, mit dem in den frühen 80er Jahren der Arzt und Oberstleutnant Wouter Basson betraut wurde. Es ging um die Aufrüstung Südafrikas mit chemischen und biologischen Waffen. Der Zweck dieses Projekts ist es gewesen, „Individuen zu ermorden und ganze Bevölkerungsgruppen gesundheitlich zu schädigen, ja auszurotten.“

Am 18. Dezember 2013 wurde Wouter Basson deswegen der Prozess gemacht. Er wurde von der südafrikanischen Ärztekammer HPCSA wegen standeswidrigen Verhaltens in vier Anklagepunkten schuldig gesprochen.

Ethnische Säuberung mittels Gentechnik - eine Horrorvorstellung!

Und eine effektive Kontrolle biologischer Waffen existiert praktisch nicht.

Auch die Sammlung genetischer Daten ist nicht mehr aufzuhalten.

In verschiedenen Bereichen werden zur Zeit umfangreiche genetische Daten von verschiedenen Bevölkerungsgruppen analysiert und gesammelt:

---

<sup>5</sup> Von einigen der hier identifizierten populationsspezifischen SNPs ist die natürliche Funktion bekannt. So liegt der SNP mit der Codenummer rs2894804 aus der SNP500Cancer Datenbank in einem Gen namens GSTA1, das für Glutathione S-Transferase kodiert. Dieses Enzym hat eine wichtige Funktion in der Entgiftung von toxischen Substanzen wie Karzinogenen, pharmazeutischen Wirkstoffen oder Umweltgiften. Eines der Allele in GSTA1 war in einer afroamerikanischen Population mit einer Frequenz von 23% vertreten während es in keiner der anderen drei Populationen gefunden wurde.

- **Pharmakogenetik und Pharmkogenomik:**

*Zunehmend werden klinische Studien an pharmakogenetisch relevanten Genen durchgeführt, die möglicherweise einen Einfluss auf die (Neben-)Wirkung von Medikamenten haben.*

*Um pharmakogenetische Tests weltweit oder in multikulturellen Gesellschaften sicher implementieren zu können, müssen verlässliche Daten zu den Frequenzen der entsprechenden Allele in allen relevanten Bevölkerungsgruppen vorliegen.*

*Dementsprechend werden derzeit in vielen pharmako-genetischen Studien im großen Maßstab ethnisch spezifische genetische Daten erhoben – eine mögliche Fundgrube für künftige Biowaffen-Konstrukteure.*

*Die Pharmako-Genetik ist aus Sicht der ethnischen Waffen ein besonders heikles Feld, da hier insbesondere solche Gene untersucht werden, die eine Rolle im Stoffwechsel von Medikamenten – und anderen Giftstoffen – spielen und deshalb möglicherweise besonders leicht als Auslöser für einen biologischen (Waffen-) Effekt benutzt werden könnten.*

- **Das HapMap Projekt:**

*Im Oktober 2002 wurde ein internationales Projekt zur Kartierung von so genannten Haplotypen<sup>11</sup> im menschlichen Genom initiiert. Im Rahmen dieses Projektes wird die genetische Variation von vier Populationen untersucht:*

*Han-Chinesen, Japaner, Yorubas in Nigeria und US-Bürger europäischer Abstammung.*

*Es kann davon ausgegangen werden, dass das HapMap Projekt umfangreiche genetische Marker generieren wird, die für jede der vier Populationen spezifisch sind.*

- **Forensische Genetik:**

*Der genetische Fingerabdruck zum Abgleich der DNA eines Verdächtigen mit einer Spur vom Tatort ist bereits fest in der Kriminaltechnik etabliert.*

*Mittlerweile geht die Entwicklung jedoch bereits einen Schritt weiter. Vor allem in den USA wird versucht, aus einer DNA-Spur vom Tatort zusätzliche Information über den Täter herauszuholen.*

*Erste Ansätze zur Abschätzung der ethnischen Zugehörigkeit eines Täters aufgrund der hinterlassenen DNA-Spuren gibt es bereits (Shriver et al. 1997).*

*Die US Firma DNAPrint Genomics Inc. bietet kommerzielle Tests zur Bestimmung der Rasse („race proportions“) anhand von DNA-Proben an, obwohl diese Techniken noch als umstritten gelten (Brenner 1998).*



*Auch wenn diese Entwicklungen erfolgreich sein werden, müssen sie nicht unbedingt für ethnische Waffen relevant sein.*

*Wenn allerdings im Rahmen der forensischen Genetik systematisch nach ethnisch spezifischen Gensequenzen gefahndet wird, kann nicht ausgeschlossen werden, dass hier auch der eine oder andere Marker identifiziert wird, der für eine ethnische Waffe nutzbar wäre.*

Diese Entwicklungen kann man kritisch verfolgen, öffentlich machen – aber aufhalten kann man sie nicht mehr. Im Grunde stehen wir möglichen Bio-Waffen oder Ethno-Waffen hilflos gegenüber.

So konnte ich mit diesem Text nur einen Einblick in das Grauen geben – aber keine Strategie, es zu kontrollieren oder gar zu verhindern.

Angesichts von Bio-Waffen bleibt nur, Frieden und Verständigung zu fördern und sich dafür aktiv einzusetzen.