

# kritische Zusammenfassung der Dokumentation: "Der Gen-Code"

Roland Heynkes, 25.5.2015

Auf dieser Seite fasse ich kritisch zusammen, was ich in der zweiteiligen Dokumentation: "Der Gen-Code" gesehen habe.

## Quellen

Unter dem Titel: "Der Gen-Code" senden seit 2014 gelegentlich die Fernsehsender GEO Television und ZDF eine verkürzte Version der BBC-Dokumentation: "[The Gene Code](#)" aus dem Jahr 2011. Darin erklärten einige [Naturwissenschaftler](#) wichtige Erkenntnisse damals moderner [Genom-Forschung](#). Wie bei deutschen Übersetzungen angelsächsischer Wissenschaftssendungen üblich, leidet auch diese deutschsprachige Version unter den Fehlern eines Übersetzers, dessen [biologische](#) Kenntnisse nicht ausreichen. Deshalb trifft es sich gut, dass man im World Wide Web beide Folge des Zweiteilers im Original ansehen kann:

[Der Gen-Code 1 Das Buch des Lebens \(The Gene Code 1 The Book Of Life\)](#)

[https://www.youtube.com/results?search\\_query=The+Gene+Code+1of2+The+Book+of+Life](https://www.youtube.com/results?search_query=The+Gene+Code+1of2+The+Book+of+Life)

[Der Gen-Code 2 Wie entschlüsseln wir unseren Code \(The Gene Code 2 Unlocking our Code\)](#)

<http://www.dailymotion.com/video/x14wt0a>

## Der Gen-Code 1 Das Buch des Lebens

Wo auch immer auf und in unserem Planeten [Biologen](#) gründlich danach suchten - praktisch überall fanden sie [Lebewesen](#), deren [Spezies](#) sich selbst an extremste [Umweltbedingungen](#) angepasst haben. Aber obwohl sich [Archäen](#), [Bakterien](#), [pflanzliche](#), [pilzliche](#) und [tierische Einzeller](#) und [Vielzeller](#) stark von einander unterscheiden, bestehen die [Baupläne](#) in ihren [Zellen](#) alle aus [DNA-Doppelsträngen](#). Lediglich bei einigen [Viren-Spezies](#) bestehen die [Genome](#) in der nicht aktiv [lebenden](#) Transportform aus [RNA](#). Wirklich allen bisher daraufhin untersuchten [Viren](#) und zellulären [Lebewesen](#) gemeinsam ist aber die Sprache (die [Codierung](#)), in welcher die [Baupläne](#) geschrieben sind. Der Londoner Professor für [Genetik Steve Jones](#) schließt daraus, dass die bekannten, heute noch auf der Erde existierenden [Spezies](#) alle von nur einem gemeinsamen Urahn abstammen ("Das Leben ist kein Wald, sondern ein Baum").

Nachdem man die [Genome](#) von Menschen und Tausenden anderen [Spezies](#) vollständig [sequenziert](#) (gelesen oder entschlüsselt) hatte, führten genaue Analysen und Vergleiche zu einer wichtigen Erkenntnis. Unsere [DNA](#) enthält nicht nur eine schockierend geringe Anzahl von [Genen](#) ([nur 20-25 Tausend](#)), sondern auch zahlreiche Spuren unserer [Entwicklungsgeschichte](#). So zeigt beispielsweise der Vergleich mit den [Genomen](#) von [Archäen](#) und [Bakterien](#) auffällige Ähnlichkeiten zwischen [DNA-Sequenzen](#) in [Archäen](#) und unseren [Zellkernen](#) sowie zwischen heutigen [Bakterien](#) und unseren [Mitochondrien](#). Noch heute findet man 200 [Gene](#) in [Archäen](#) und in unseren [Zellkernen](#). Daraus schließt unter anderem der bekannte Londoner [Evolutionbiologen Dr. Nick Lane](#), dass wir [Eukaryoten](#) von einer [Archäe](#) abstammen, die vor 1-2 Milliarden Jahren ein [Bakterium](#) in sich aufnahm. Daraus entstand eine [Endosymbiose](#), also eine für beide Partner vorteilhafte Partnerschaft, in der die [Archäe](#) immer größer und [komplexer](#) werden konnte, weil sie von ihren heute [Mitochondrien](#) genannten [Bakterien](#) mit [chemischer Energie](#) versorgt wurde.

Durch [DNA-Sequenz-Vergleiche](#) konnten unter anderem der in Oxford lehrende [Prof. Peter Holland](#) und die im Trinity College Dublin tätige [Aoife McLysaght](#) zeigen, dass eine Vervierfachung des [Genoms](#) eines frühen Vorfahren eines heutigen Meereswurms (des [Lanzettfischchens Branchiostoma lanceolatum](#)) vor rund einer halben Milliarde Jahren zur [Entwicklung](#) der Wirbeltiere führte.

Vergleicht man die [Genome](#) von Schlangen und Menschen, dann sieht man die gleichen [Gene](#) für die Bildung der Wirbelknochen. Statt der menschlichen 33 hat beispielsweise eine Boa Constrictor über 300 Wirbelknochen, weil bei ihr die Wirbelknochen-[Gene](#) während der [Embryonalentwicklung](#) in viel kürzeren Abständen aktiviert werden.

Der Humangenetiker [Dr. Matt Hurles](#) im [Wellcome Trust Sanger Institute](#) erklärt, dass es im menschlichen [Genom](#) nicht nur zu Austausch einzelner Buchstaben kommt. In der menschlichen [DNA-Sequenz](#) kann man durch Vergleiche innerhalb und außerhalb unserer [Spezies](#) erkennen, dass ganze Abschnitte verloren gingen oder verdoppelt wurden. Dabei wurden Kopien teilweise weit entfernt und manchmal sogar in umgekehrter Richtung in das [Genom](#) eingefügt. Nach einer Vervielfältigung eines [Gens](#) entwickeln sich die Kopien unabhängig voneinander weiter und können unterschiedliche [Funktionen](#) annehmen.

Während der Vorherrschaft der Dinosaurier waren die Säugetiere sehr wahrscheinlich zu einer nachtaktiven oder unterirdischen [Lebensweise](#) gezwungen. Vermutlich ist das der Grund für das verglichen mit Vögeln schwach ausgeprägte Farbsehen der Säugetiere. Die meisten Säugetiere besitzen nur zwei [Sorten](#) von [Farbsinneszellen](#) (Zapfen) und sehen deshalb nur Farben, die sich aus blauem und grünem [Licht](#) mischen lassen. Vergleiche menschlicher und anderer Primaten-[Genome](#) haben gezeigt, dass es vor einigen Millionen Jahren in einem frühen Menschenaffenvorfahren auf dem [X-Chromosom](#) zu einer Verdopplung des [Gens](#) für das auf grünes [Licht](#) reagierende [Lichtsinneszell-Pigment](#) kam. Eine der beiden Kopien mutierte so, dass wir und unsere nächsten Verwandten unter den Primaten heute auch rotes [Licht](#) wahrnehmen und dadurch reife von unreifen [Früchten](#) unterscheiden können.

Die [Evolution](#) verläuft aber nicht zielgerichtet zu immer [differenzierteren](#) Sinnesleistungen. Im menschlichen [Genom](#) fand man Hunderte defekte [Gene](#) für [Riechrezeptoren](#), die bei Mäusen noch [funktionieren](#) und diesen [Tieren](#) einen herausragend feinen Geruchssinn geben. Werden [Gene](#) nicht mehr gebraucht, dann sammeln sich in ihnen [Mutationen](#), bis sie kein [funktionsfähiges](#) Genprodukt mehr [codieren](#). Dann bleiben sie als sogenannte [fossile Gene](#) im [Genom](#). Sie können aber auch durch weitere [Mutationen](#) plötzlich brauchbare neue [Eiweiße](#) oder [RNAs](#) [codieren](#).

Durch einen Vergleich mit dem Schimpansen-[Genom](#) schaut [Prof. Steve Jones](#) in die menschliche Frühgeschichte und erkennt, dass wir Menschen aufgrund von [Gen-Mutationen](#) viele [Rezeptoren](#) unseres Geruchssinns, sehr viel Muskelkraft, unser Fell und die meisten unserer [Verdauungsenzyme](#) verloren haben. Letzteres dürfte daran liegen, dass schon der allererste Homo sapiens von seiner Mutter gekochtes und gebratenes Essen bekam. [Prof. Jones](#) meint, Menschen könnten sich im Gegensatz zu unseren Primaten-Verwandten nicht von Rohkost ernähren. Insbesondere im Hinblick auf Inuit bin ich mir da nicht so sicher. Ich bezweifle auch die Behauptung von [Prof. Jones](#), die [genetische](#) Vielfalt sei bei Menschen viel geringer als bei Schimpansen. Unter uns Neandertaler-Homo sapiens-Mischlingen außerhalb Afrikas mag das aufgrund relativ kleiner Gruppen von Auswanderern so sein, aber in Afrika dürfte die [genetische Variabilität](#) unter den Menschen im Gegenteil größer als unter den letzten Schimpansen sein. Unter [Biologen](#) weit verbreitet und trotzdem falsch ist auch die Schlussfolgerung, die [Prof. Jones](#) aus der vermeintlich geringen [genetischen](#) Vielfalt der [Spezies](#) Mensch zieht. Das fast alle Nichtafrikaner von einer relativ kleinen Gruppe gemeinsamer Ahnen abstammen, bedeutet nämlich keineswegs, dass es irgendwann vor Zigtausend Jahren außer diesen unseren Ahnen keine weiteren Menschen gegeben habe. Mit Sicherheit gab es außer unseren Ahnen noch jede Menge Afrikaner, Neanderthaler, Homo floresiensis und wahrscheinlich weitere, heute ausgestorbene Menschenarten oder -rassen.

[Prof. Peter Donnelly](#) ist Mathematiker und wendete im Zentrum für Humangenetik der Universität Oxford Methoden der Statistik an, um das menschliche [Genom](#) zu untersuchen. So fand seine Arbeitsgruppe heraus, warum Menschen und Schimpansen keine fruchtbaren [Nachkommen](#) haben können. Die Ursache sind [Mutationen](#) in einem [Gen](#) ([PRDM9](#)), welches die Stellen (Recombination hotspots) festlegt, an denen während der Bildung von [Geschlechtszellen](#) das mütterliche und das väterliche [Chromosom](#) eines [Chromosomenpaares](#) Abschnitte austauschen (Crossing Over), um die [genetische Variabilität](#) der [Geschlechtszellen](#) zu steigern. Stimmen diese Recombination hotspots von Mutter und Vater nicht überein, dann entstehen in deren [Nachkommen](#) bei der Bildung neuer [Geschlechtszellen](#) beim Crossing Over unterschiedlich lange [Chromosomen](#) und viele [Gene](#) gehen entweder verloren oder werden verdoppelt. Deshalb könnten [Nachkommen](#) von Menschen und Schimpansen keine [funktionsfähigen](#) [Geschlechtszellen](#) bilden.

[Dr. K. Thangaraj](#) (Centre for Cellular and Molecular Biology in Hyderabad und Präsident der Indian Society of Human Genetics) erforscht [Genome](#) in verschiedenen Volksgruppen Indiens. In der [DNA](#) fand er Unterschiede, die für sehr wenig Durchmischung zwischen den indischen Kasten seit Jahrzehntausenden sprechen. So findet man ([selektiv](#) und verbreitet) bei fast allen und fast nur bei Mitgliedern der Kaste der Vaishya (Kaste der Kaufleute) eine [Mutation](#) im [Gen](#) für die Pseudocholinesterase. Die Betroffenen können die bei Operationen unter Vollnarkose eingesetzten Muskelrelaxantien (Medikamente, die Muskeln erschlaffen lassen) Mivacurium und Suxamethonium im [Blutplasma](#) nur sehr langsam abbauen. Bei ihnen führen deshalb diese Muskelrelaxantien dazu, dass nach einer Vollnarkose die Lähmung der Atemmuskulatur noch lange anhält und eine künstliche Beatmung erforderlich macht.

Man findet in Indien auch immer noch einen Volksstamm, der von einer früheren Gruppe afrikanischer Auswanderer abstammt. Nach Ansicht von [Dr. Thangaraj](#) wanderten die früheren Einwanderer in den Süden Indiens. Später verteilten sie sich auf dem gesamten indischen Subkontinent, wo man ihre [Gene](#) heute noch findet. Erst vor etwa 50.000 Jahren sollen sich [genetisch](#) davon unterscheidbare Afrikaner in Nordindien angesiedelt haben. Auch deren [Nachkommen](#) verteilten sich später in ganz Indien, aber im Gegensatz zu der ersten Gruppe zeigen sie eine größere Verwandtschaft mit den Europäern.

Natürlich ist auch in dieser Dokumentation nicht alles ganz richtig, manches sogar komplett unsinnig und irreführend.

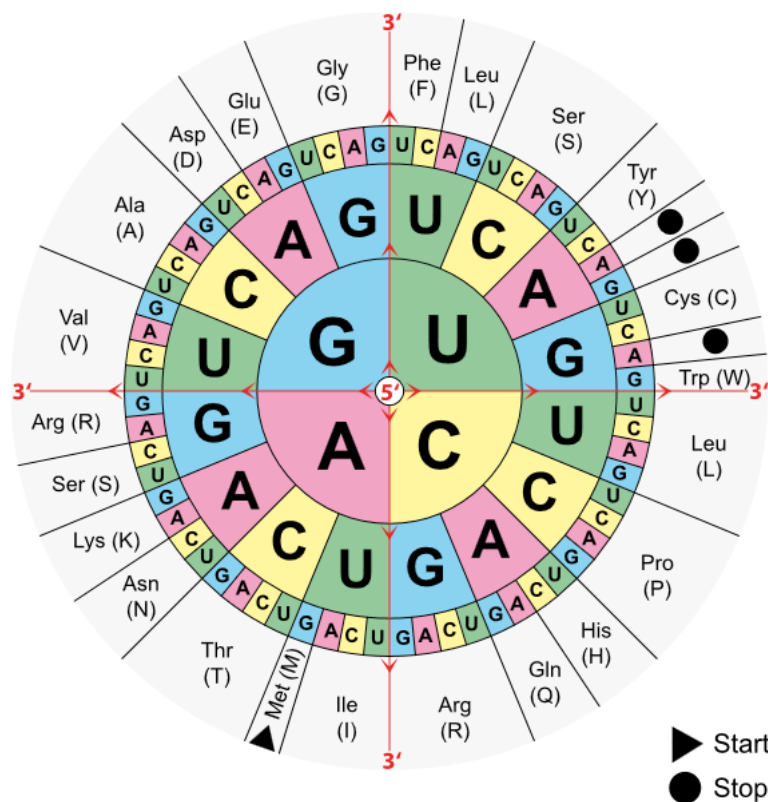
- Weder ist die [DNA](#) ein [chemisches](#) Alphabet, noch sagt sie einer [Zelle](#), was sie tun und ob sie Hirnzelle sein oder [Blut](#) bilden soll. Was sie ist und was sie tut, das entscheidet die [Zelle](#) in Abstimmung mit vielen anderen [Zellen](#) selbst. Die in der [DNA](#) [codierten](#) [Gene](#) sind eher Rezepte, die der [Zelle](#) zeigen, wie ein bestimmtes Genprodukt ([Protein](#) oder [RNA](#)) hergestellt wird.
- Das bei Menschen EEF1 alpha1 (Eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1) genannte [Gen](#) kommt zwar in allen [Lebewesen](#) vor, aber in [Archäen](#) und [Bakterien](#) heißt es EF-Tu.
- Dr. Hurler stellt korrekt fest, dass Vervielfältigungen von [Genen](#) in jedem [Genom](#) vorkommen. Daraus macht der Übersetzer die falsche Aussage, Vervielfältigungen passierten unvermeidlich in allen [Genen](#).
- Es ist nicht wahr, dass alle Nichtafrikaner von nur einer kleinen Gruppe von Auswanderern aus Afrika abstammen. Wie der Sprecher sich selbst widersprechend richtig sagt, gab es vielmehr mehrere Auswanderungsereignisse durch selbstverständlich mehrere Gruppen von Auswanderern. Und es gab außerdem mehrere Kreuzungen dieser ausgewanderten Homo sapiens mit Neandertalern ([Homo neanderthalensis](#)) und anderen europäischen und asiatischen [Nachkommen](#) des Homo erectus (z.B.: Homo erectus ergaster georgicus, Homo erectus javanicus und Homo erectus pekinensis).
- Vaishyas haben nach einer Narkose nicht Probleme mit dem Aufwachen, sondern sie können sich nach dem Aufwachen nicht bewegen und nicht selbst atmen. Deshalb benötigen sie nicht ein anderes Betäubungsmittel, sondern ein anderes Mittel zur Muskelentspannung.

## **Der Gen-Code 2 Die Entschlüsselung des Menschen**

Nur drei Monate nach der Veröffentlichung ihres berühmten Artikels: "A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid" in "[Nature 171, 737-738](#)" wurden James D. Watson and Francis H.C. Crick im Sommer 1953 vom [Physik](#)-Professor [George Gamow](#) in einem Brief gefragt, wie der [DNA-Code](#) [funktioniert](#). Wo andere nur eine [DNA-Doppelhelix](#) sahen, erkannte Gamow die Möglichkeit, in der Reihenfolge der [Nukleobasen](#) [Erbinformationen](#) zu speichern. Von da an wollten [Naturwissenschaftler](#) wissen, wie unsere [Zellen](#) die in der [DNA](#) gespeicherten [Erbinformationen](#) weitergeben und nutzen können. Und dazu mussten sie vor allem verstehen, wie der mit 4 Buchstaben auskommende [genetische Code](#) übersetzt ([Translation](#)) werden kann in den Aufbau von [Proteinen](#), deren [Strukturen](#) und [Funktionen](#) von der Reihenfolge der 20 verschiedenen [Aminosäuren](#) abhängen, aus denen

die [Proteine](#) bestehen. Mit einer Reihe [bahnbrechender Experimente](#) erarbeiteten Heinrich Matthaei, Marshall Nirenberg und Philip Leder 1961-1964 die Zuordnungstabelle für die [Codierung](#) einer [Aminosäure-Sequenz](#) durch eine [Nukleotid-Sequenz](#).

Die [Codonsonne](#) veranschaulicht den [genetischen Code](#). Gelesen werden die [Codons](#) von innen nach außen. Ganz außen stehen die mit 3 Buchstaben abgekürzten Namen der [Aminosäuren](#), die durch jeweils 3 [Nukleotide](#) [codiert](#) werden.  
[Mouagip, Public Domain](#)



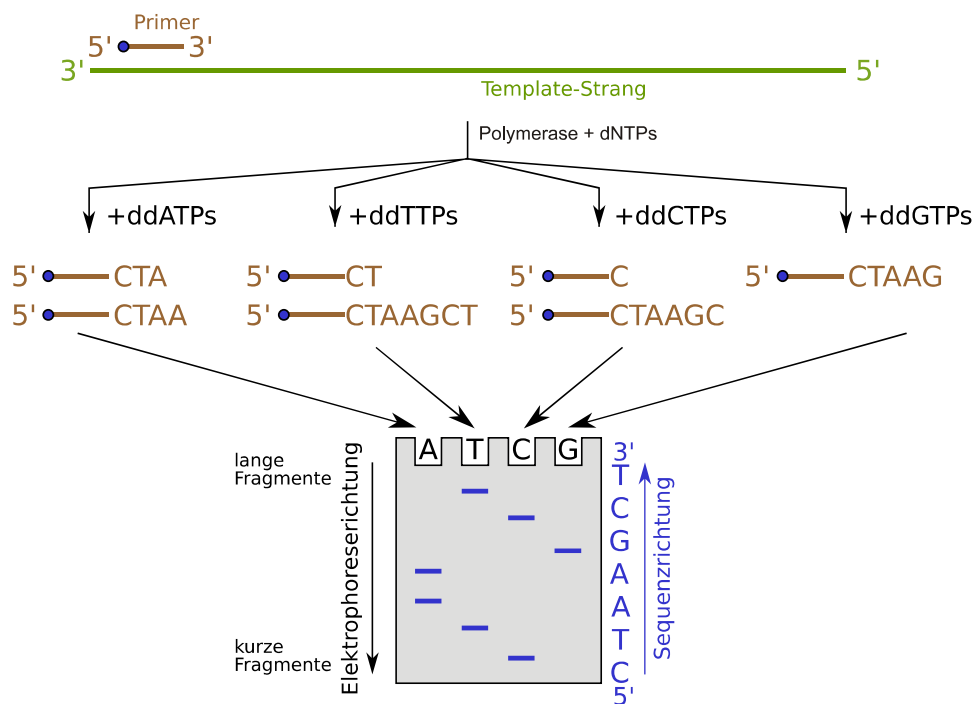
Die [Genetik](#)-Professorin [Kay Davies](#) gehörte zu den ersten, die nach mehr als 10 Jahren mühsamer Laborarbeit einer [Erbkrankheit](#) ([Duchenne Muskeldystrophie](#)) eine [Gen-Mutation](#) zuordnen konnten. Heute ist das in wenigen Wochen machbar. Wichtig ist das, weil die Kenntnis [pathogener](#) (krankmachender) [Mutationen](#) die [Entwicklung](#) von Gentests ermöglicht, mit denen [Erbkrankheiten](#) bei noch gesunden und sogar schon bei ungeborenen Menschen identifiziert werden können. Zunehmend werden solche Gentests während der frühen Schwangerschaft angewendet und meistens führt der Nachweis einer [Erbkrankheit](#) zu einer Abtreibung.

Heute sind Gentests für einzelne [Erbkrankheiten](#) eigentlich überflüssig. Raffinierte [chemische](#) oder [physikalische](#) Verfahren, Robotik und Computerprogramme haben ein Ausmaß von Automatisierung ermöglicht, welches die komplette [Sequenzierung](#) ganzer [Genome](#) unschlagbar günstig macht. Schon im Jahr 2011 konnte eine einzige Sequenziermaschine in einer Woche 20 menschliche [Genome](#) vollständig [sequenzieren](#). So konnte beispielsweise [Prof. Mark McCarthy](#) in der Universität von Oxford die [Genome](#) von 3000 Diabetikern [sequenzieren](#) und fand durch den Vergleich mit gesunden Vergleichspersonen neue [Mutationen](#) in nicht [codierenden](#) [Sequenzen](#), welche das [Diabetes](#)-Risiko erhöhen. Hat man seine eigene [DNA-Sequenz](#) auf dem eigenen Computer, dann kann man darin problemlos nach jeder heute und in naher Zukunft bekannten [Erbkrankheit](#) suchen und sogar noch unbekannte Abweichungen von gesunden Varianten unserer [Gene](#) finden. Problematisch wird es aber, wenn Andere Zugriff auf das [Genom](#) eines Menschen bekommen. Das kann heute schon zur Abtreibung eines Menschen führen. In Zukunft könnte es auch zu Problemen mit Krankenversicherungen und [potentiellen](#) Arbeitgebern führen. Sehr wahrscheinlich wird es nie eine wirklich vertrauenswürdige Institution geben, der man sein [Genom](#) zusammen mit medizinischen [Informationen](#) unbesorgt überlassen könnte. Das ist sehr schade, denn durch das Vergleichen sehr vieler menschlicher [Genome](#) ließen sich viele wertvolle Erkenntnisse für die Medizin gewinnen.

Heute ist die Zahl der vergleichbaren Genome noch viel zu klein, um so gewagte Aussagen wie die angeblich besonders geringe genetische Variabilität der Spezies Mensch seriös tätigen zu können.

Das Grundprinzip der DNA-Sequenzierung nach Frederick Sanger (auch Didesoxymethode oder Kettenabbruch-Synthese genannt) ist relativ einfach. Durch kurzes Erhitzen trennt man die beiden Stränge vieler Kopien eines DNA-Doppelstranges. Dann kühlt man das Reaktionsgefäß auf eine Temperatur ab, bei der kurze Oligonukleotide (Primer) selektiv an eine komplementäre Sequenz der zu sequenzierenden DNA binden. Anschließend läßt man DNA-Polymerasen passende Nukleotide an die Starter-Oligonukleotide anhängen. In geringen Konzentrationen beigemischte fluoreszierend (früher radioaktiv) markierte Nukleotide sorgen gelegentlich für den Abbruch der Kettenverlängerung und markieren das Ende jeder neu synthetisierten Kopie der zu sequenzierenden DNA-Einzelsstränge. Anschließend wird das Gemisch unterschiedlich langer, fluoreszierend markierter DNA-Fragmente gelelektrophoretisch der Größe nach getrennt. Nach einer ausreichend langen Wegstrecke werden die fluoreszierenden Nukleotide durch einen LASER-Strahl zum Leuchten angeregt und Detektoren übermitteln fortlaufend an ein aufzeichnendes Computerprogramm, mit welcher Intensität und in welchen Farben die gerade vorbeiziehenden DNA-Einzelsstränge leuchten. Weil man heute die 4 Nukleotidsorten A, C, G und T mit unterschiedlich fluoreszierenden Farbstoffen markiert, lässt sich die Reihenfolge der Nukleotide direkt und sogar automatisch durch den Computer ablesen, der dann nur noch überlappende Sequenzen aus verschiedenen Sequenzierungen zu einer Gesamtsequenz zusammenfügen muss. Inzwischen wird die Sanger-Sequenzierung zunehmend durch Sequenzierungsverfahren der zweiten und dritten Generation verdrängt, die noch schneller sind und teilweise sogar die Sequenzierung der DNA und RNA einzelner Zellen ermöglichen.

### Schema der Sanger-Sequenzierung mit radioaktiver Markierung



Dr. Norman Mauder, auf Basis einer Datei von Christoph Goemans, GNU Free Documentation License 1.2

Bei radioaktiver Markierung sind vier getrennte Sequenzierungs-Reaktionen und Gelspuren erforderlich. Nur der A-Reaktion wird Didesoxyadenosintriphosphat (ddATP) für den selektiven Kettenabbruch zugegeben. In der C-Reaktion ist es Didesoxycytosintriphosphat (ddCTP) und in den G- und T-Reaktionen sind es ddGTP bzw. ddTTP.

Nach der ersten vollständigen Sequenzierung eines menschlichen Genoms war man über die mit nur rund 20.000-25.000 verblüffend geringe Anzahl menschlicher Gene sehr überrascht. Man traute sogar seinen eigenen Daten nicht und nannte zunächst eine noch viel zu große Zahl. Zwischen den

Genen fand man riesige Abschnitte (insgesamt 97-98%), die keinerlei Erbinformationen zu enthalten schienen und die deshalb sogar Junk-DNA (Schrott-DNA) genannt wurden. Diese lange an den Universitäten als vermeintliches Faktum gelehrt Meinung kann heute nur noch als Mahnung dienen, Unwissenheit nicht mit Wissen um die vermeintliche Nichtexistenz des noch Unbekannten zu verwechseln. Erkennt man in einer DNA-Sequenz keine Erbinformationen, dann ist das kein Beweis dafür, dass die DNA-Sequenz tatsächlich keine Erbinformationen enthält. Und auch wirklich Informations-freie DNA-Abschnitte könnten wichtige Funktionen haben, die man sich heute noch nicht vorstellen kann.

Heute wissen wir, dass viele Krankheiten und Eigenschaften des Menschen durch mehrere Gene, die Umwelt und das eigene Verhalten beeinflusst werden. Vor allem die letzten Jahre haben immer deutlicher gezeigt, dass wir durch ausgewogene Ernährung, ausreichend Schlaf und Erholung, ein intaktes soziales Umfeld, ein vernünftiges Maß von Ausdauersport und nicht zuletzt Muskeltraining das Risiko von Zivilisationskrankheiten, Infektionen, Krebs und Demenz dramatisch senken können.

Vergleicht man die Ähnlichkeiten eineiiger und zweieiiger Zwillinge, dann sieht man bei vielen Eigenschaften und Krankheiten einen sehr großen Einfluss der Gene. Das gilt nicht nur für Eigenschaften wie die zu etwa 80% erblich bedingte Körpergröße und die Augenfarbe. Auch die Lesefähigkeit scheint zu mehr als der Hälfte erblich bedingt zu sein. Dem steht aber eine sehr viel geringere Unterschiedlichkeit der codierenden Gen-Sequenzen gegenüber. Es scheint sogar so, als würden viel mehr Eigenschaften vererbt, als wir überhaupt Gene haben. Tatsächlich beruhen die erblichen Unterschiede zwischen Menschen häufiger nicht auf unterschiedlichen Bauanleitungen, sondern auf Unterschieden hinsichtlich der Zeitpunkte und Intensitäten ihrer Benutzung. Und diese werden bestimmt durch nicht codierende Sequenzen in der vermeintlichen Schrott-DNA, durch chemische Modifikationen am Gerüst der DNA (Epigenetik) und durch die räumliche Struktur der DNA. Es wird aber noch lange dauern, bis wir dieses komplexe Zusammenwirken verschiedenster Faktoren wirklich verstehen.

Natürlich ist auch in dieser Dokumentation nicht alles ganz richtig, manches sogar komplett unsinnig und irreführend.

- Das Human Genom Project entschlüsselte nicht das durchschnittliche menschliche Genom, sondern nur irgendein menschliches Genom. Ich halte es auch für fragwürdig, überhaupt von einem menschlichen Durchschnitts-Genom zu sprechen. Viel sinnvoller ist meines Erachtens die Vorstellung eines breiten Spektrums menschlicher Genome mit vielen Varianten (Allelen) von Genen und regulatorischen Sequenzen.
- Die BBC-Dokumentation erweckt den heute nicht mehr richtigen Eindruck, es könne sich lohnen, professionellen Gen-Laboratorien einen Teil der Sequenzierarbeit abzunehmen. Das ist nicht mehr der Fall, weil spezialisierte Labore aufgrund überlegener Technik heute jeden Schritt der Isolierung und Sequenzierung menschlicher DNA billiger, sauberer und schneller als jeder Genetik-Heimwerker durchführen können.
- Die DNA muss die Aminosäuren nicht entziffern, sondern codieren. Und es werden auch nicht DNA-Buchstaben durch Aminosäuren gebildet, sondern die Reihenfolge von jeweils drei Nukleotiden codiert eine Aminosäure. Weil Fachleute niemals solchen Unsinn erzählen würden, dürfen diese Fehler wohl als typische Beispiele für die Qualität von Übersetzungen gelten, bei denen die Übersetzer von den zu übersetzenden Inhalten keine Ahnung haben.
- Mit Hilfe der Rastersondenmikroskopie ist es sehr wohl möglich, die Reihenfolge der Nukleobasen in einer DNA direkt zu lesen. Das lohnt sich nur nicht, weil die moderne Sanger-Sequenzieretechnik viel schneller und billiger ist.
- Man kann DNA nicht dazu bringen, sich selbst zu kopieren. DNA wird mit Hilfe von Oligonukleotiden durch Enzyme kopiert.