

Köpfe und Ideen

Craig Venter: Bio-Visionär schafft „Leben“ aus der Retorte

Von Reinhard Renneberg



J. Craig Venter

„Kleg Wentel 4 p. m.!“... Nach meiner ängstlich-besorgten Rückfrage stellte sich heraus, dass alle meine chinesischen Studenten in die Hongkonger Nachbaruni pilgern wollten, um den „Mann mit der goldenen DNA-Nase“ zu sehen: den Genpionier, Multimillionär, Weltumsegler und Lebenskreator J. Craig Venter.

Ich traf Craig Venter zum ersten Mal. Er hielt einen Showvortrag vor restlos begeisterten chinesischen Studenten. Ich hatte ihn mir unglaublich arrogant vorgestellt. An der Hong Kong University standen die Studenten Schlange wie letztes Mal nur bei Stephen Hawking. Venter gab Autogramme, scherzte und signierte einen herangekehrten DNA-Sequenzierer. Ein Visionär in der Stadt des Geldes! *Das* Vorbild für meine Studenten! Und: Er war jedenfalls ganz einfach nett! Auch so sehen *heute* Biologen aus!!

Der US-Amerikaner Venter hatte seinerzeit das Rennen um das Humangenom dramatisch beschleunigt, indem er mit privatem Kapital begann, dem staatlichen Projekt von Francis Collins Konkurrenz zu machen. Das Ziel seiner Firma Celera war, gefundene menschliche Gene zu patentieren.

Das wurde in letzter Minute verhindert. Am 26. Juni 2000 verkündete Bill Clinton Arm in Arm mit Staatswissenschaftler Collins und Privatmann Venter in scheinbarer Harmonie emphatisch das gemeinsame Ergebnis: „Nun verstehen wir die Sprache, in der Gott das Leben geschrieben hat.“

Venter war zu dieser Zeit der wohl meistgehasste und -bewunderte DNA-Forscher in den USA. Unbestritten ist, dass er die Entschlüsselung des Humangenoms um Jahre beschleunigte. Dann wurde es stiller um ihn. Nun steht Venter wieder im Rampenlicht, das er so liebt.

Nach dem DNA-Geldregen hatte sich der Millionär und leidenschaftliche Segler zunächst die 90-Foot-Segelyacht *Sorcerer II* („Zauberer II“) gekauft. Im Sommer 2002 unternahm Venter mit seiner Crew eine Testfahrt an die Sargassosee bei den Bermudainseln. Die Sargassosee, wo bekanntlich unsere Aale laichen, ist als „biologische Wüste“

im Meer bekannt. Die erstaunliche Ausbeute: Allein in den ersten sechs Proben steckten mehr als 1,2 Millionen neuer Gene – fast zehnmal mehr, als bis dahin weltweit bekannt waren. Darunter fanden sich 782 Photorezeptorgene. Mit deren Hilfe gelingt es winzigen Meeresbewohnern, Energie aus Sonnenlicht zu gewinnen. Immerhin 50 000 Gene für die Verarbeitung von Wasserstoff wurden entdeckt. „Energie aus Sonnenlicht und Wasser ist ein bislang wenig erfolgreiches Projekt ... das kann sich ändern!“, meint Venter.

Statt die Mikroben – wie bislang üblich – einzeln zu kultivieren (was viele Arten verweigern), fütterten die Forscher daheim ihre DNA-Sequenzierautomaten mit dem Erbgut, das sie aus etwa 1500 Litern Wasser gefiltert hatten. 70 000 Gene waren völlig unbekannt. In vielen Fällen gelang es, aus den unsortierten Einzelstücken die vollständigen Gensequenzen (Genome) ganzer Organismen zusammenzusetzen. Demnach waren in den Proben mindestens 1800 Arten vertreten. Obwohl die Sargassosee zu den bestuntersuchten Meeresregionen zählt, entdeckte Venter gleich 148 neue Bakterienarten.

Spezielle Computerprogramme verglichen die neuen Sequenzen mit Datenbankinformationen über die Funktion bereits bekannter Gene. Mit der Anwendung hochautomatisierter genetischer Techniken auf ökologische Fragestellungen schlägt Venter eine ganz neue Richtung ein, Ökologische Metagenomik. Zunehmend richteten Biologen und speziell die Genforscher ihren Blick auf die Gene ganzer Lebensgemeinschaften.

Die Yacht *Sorcerer II* durchpflügte den Ozean vom Nordatlantik durch den Panamakanal bis zum Südpazifik (nachvollziehbar im Internet unter www.sorcerer2expedition.org). Kein geringerer als Charles Darwin hatte auf der H.M.S. *Beagle* und der H.M.S. *Challenger* ebenfalls Teile dieser Reiseroute befahren. Das Meer ist eine Goldgrube für Entdecker und Wissenschaftler!

Venters Analysemittel zum Zweck war die „Schrottschussmethode“. Sie hatte auch schon beim Humangenomprojekt wertvolle Dienste geleistet. Dabei wird die DNA-Flut zweimal mittels verschiedener Verfahren in kleinere Segmente fragmentiert und in Bakterien millionenfach vermehrt. Ist dann die Sequenz der einzelnen DNA-Stückchen bekannt, kommt ein Super-Computerprogramm zum Einsatz. Es vergleicht überlappende DNA-Fragmente und rekonstruiert die Originalreihenfolge.