

Ein Bericht über einen Workshop in Helsinki, 30. Oktober - 1. November 2005

Roland Glaser

„Omics“ in der Forschung zu Feldeffekten



Eigentlich ist „omics“ nur eine doppelte Endsilbe, wird jedoch verwendet, um Begriffe wie **Genomics**, **Transcriptomics**, **Proteomics** und **Metabolomics** zu bündeln. Sie gehören zu einem Methodenspektrum, das man mit der Abkürzung HTST belegt: „**H**igh **T**hroughput **S**creening **T**echnology“- also Screening-Technologien mit schnellem Durchsatz. Das charakterisiert die Methode, sagt jedoch nichts zum Inhalt aus. „Omics“ hingegen kennzeichnet eine Entwicklungsstufe der Molekularbiologie, methodisch bedingt durch

die Möglichkeit mit einem hohen Grad an Automatisierung eine bisher ungekannte Fülle neuer Analysendaten biologischen Geschehens zu fördern und, zum Teil wenigstens, zu bearbeiten. Was bringt dies in der Frage nach möglichen Gesundheitsschäden durch elektromagnetische Felder?

Um zunächst die Begriffe zu erläutern: Als „Genomics“ wird die Analyse des „Genoms“ (also des Erbmaterials) bezeichnet, welches eine Zelle, ein Gewebe oder auch einen Organismus enthält. „Transcrip-

tomics“ hingegen erfasst diejenigen Gene, die im Moment der Untersuchung gerade aktiv sind, also gerade „transkribiert“, d. h. überschrieben werden, um die Produktion bestimmter Proteine zu aktivieren. Dies erfolgt bekanntlich über die so genannten Messenger-Ribonuklein-Säuren, auch als mRNA abgekürzt. Das führt hin zur „Proteomics“, einer Untersuchung der in der Zelle gerade synthetisierten Eiweiße. Noch ein Schritt weiter, kommt man dann zur „Metabolomics“, der Erfassung von Stoffwechselprodukten der Zelle, um daraus Schlussfolgerungen auf Prozesse zu ziehen, die in der Zelle ablaufen, oder die der Zelle möglicherweise durch äußere Einflüsse aufgezwungen sind.

Man ist versucht, Mephisto zu zitieren: „Dann hat er die Teile in der Hand, fehlt leider nur das geistige Band! ‘Metabolomics’ nennt’s die Chemie, spottet ihrer selbst und weiß nicht wie“ (Entschuldigung, Herr von Goethe! muss natürlich ‘Encheiresin naturae’, also ‘Naturerkenntnis’ heißen, doch bietet sich das moderne Wort förmlich als Ersatz an!). Das Problem besteht nämlich zur Zeit tatsächlich darin, dass die modernen Methoden eine derartige Fülle von Daten zu ermitteln erlauben, dass die Molekularbiologen völlig überfordert sind, diese zu integrieren. Eigentlich müsste die „Genomics“ die „Transcriptomics“, diese die „Proteomics“ und diese wiederum die „Metabolomics“ erklären, denn eines bedingt schließlich das andere. Doch dies würde bedeuten, dass wir das Uhrwerk der Zelle tatsächlich verstehen, und soweit sind wir noch längst nicht. Dieses Problem durchzog denn auch Vorträge und Diskussionen des gesamten Workshops.

Doch zurück zu der Tagung: Um die Kardinal-Frage zu klären: „Gibt es gesundheitliche Schäden durch die immer stärker werdende Exposition des Menschen durch elektromagnetische Felder technischen Ursprungs?“, ist jeder methodische Fortschritt der Molekularbiologie zu nutzen, sowie jede Möglichkeit mit höchster Empfindlichkeit eventuelle Änderungen im molekularen Geschehen der lebenden Zelle zu erfassen und zu bewerten. **Darius Leszczynski** von der „Radiation and Nuclear Safety Authority“ (STUK), Finland, der Initiator dieser Tagung, die als Aktivität des

COST 281-Programms mit Unterstützung verschiedener Organisationen, darunter auch die FGF, veranstaltet wurde, formulierte eingangs eine Reihe von Fragestellungen, deren Beantwortung er von dem Workshop erhoffte: Ist die HTST geeignet, neue Einsichten in die Frage gesundheitlicher Risiken durch elektromagnetische Felder (EMF) zu liefern? Welche der Methoden verspricht die meiste Aussagekraft? Kommen wir durch den Einsatz der HTST zu Aussagen über biophysikalische Mechanismen? Lässt sich mit Hilfe der HTST ein schneller und standardisierter Test zu möglichen Wirkungen neuer Frequenzbänder erarbeiten?

Gleichzeitig betonte Leszczynski, sicher auch auf die eigenen Arbeiten bezogen: die bisher gefundenen Effekte seien unklar. Die HTST habe natürlich auch ihre Grenzen und Unsicherheiten. Könnten diese Methoden aber vielleicht trotzdem helfen, die offenen Probleme zu lösen? **Chiyoji Ohkubo** überbrachte im Auftrag von Michael Repacholi Grüße der WHO und unterstrich in seinem kurzen Beitrag, dass epidemiologischen Untersuchungen möglicher EMF-Wirkungen unbedingt experimentelle beigefügt werden müssten, wobei der Proteomics und der Transcriptomics sicherlich eine besondere Bedeutung zukäme.

Den Zielen der Veranstalter entsprechend gliederte sich der Workshop in zwei Teile: Am ersten Tag kamen vorwiegend Spezialisten der unterschiedlichen HTST-Methoden zu Wort und legten Möglichkeiten und Grenzen ihrer Methoden dar. Der Bogen zu EMF-Wirkungen wurde auch hier in den Diskussionen immer wieder gespannt. Erst der zweite Tag war dann den eigentlichen Untersuchungen zu möglichen EMF-Wirkungen gewidmet, wobei die Referenten des Vortages wesentlich zur Diskussion der Ergebnisse, insbesondere ihrer biologischen und medizinischen Relevanz beitrugen. In drei Arbeitsgruppen, in die sich die Teilnehmer der Konferenz aufteilten, wurden schließlich zusammenfassende Gesichtspunkte festgehalten, die am letzten Tag in einer Generaldebatte ausführlich diskutiert wurden. Daraus soll schließlich ein Abschlussdokument formuliert werden.

Risto Renkonen (Helsinki) schnitt das Problem an, wie die neue, durch HTST gewonnene Datenfülle



schließlich verarbeitet und verstanden werden kann. Er unterstrich die Notwendigkeit einer System-Biologie und erläuterte dies am Beispiel der Glykolyse, einem im Vergleich zu anderen Vorgängen noch relativ einfachen und gut verstandenen Prozess, der dennoch durch die Vielzahl der Reaktionen und Stoffwechsel-Verzweigungen kaum zu bewältigen ist. **Martin Meltz** (USA) wies in der Diskussion darauf hin, dass EMF-Effekte, so sie denn auftreten, biologisch unspezifisch und deshalb systemfremd seien. Die Analyse müsse deshalb auch diese Art Reaktionen berücksichtigen, sowie Prozesse, die solche Veränderungen biologisch eliminierten.

Timothy Griffin (USA) erläuterte die Aufbereitung der Zell-Proteine bis zu einer Endanalyse mit Hilfe der Massenspektrometrie. Dies schließt elektrophoretische und gel-analytische Methoden ein, bis hin zur Zerlegung der Proteine in Peptide, ein Prozess, der inzwischen weitgehend automatisiert worden ist. Diese Methode erlaubt es, bis zu 1000 Proteine auf einmal zu erkennen. Griffin betonte, dass man diese Daten lediglich als erste Fingerzeige („first pass discoveries“) zu betrachten habe, die durch andere Methoden ergänzt und vor allem daraufhin untersucht werden müssten, ob sie durch Gen-Analysen gestützt und aus biologischer Sicht überhaupt sinnvoll seien. In der Diskussion wurde unterstrichen, dass gerade der letzt genannten Anforderung hinsichtlich EMF-Wirkung kaum nachgekommen werden kann, da weder eine „Antenne“, noch ein Mechanismus der Wirkung bekannt sind.

Brigitte Wittmann-Liebold (WITA GmbH, Teltow) begann ihren Vortrag mit einem illustrativen Bild: die Raupe und der Schmetterling - ein Genom, doch zwei Transkriptionen - wie schwer ist es, den Systemzusammenhang beider Niveaus zu erfassen. Ausgehend von den derzeitigen Grenzen der Proteomics, z. B. der Notwendigkeit, auch die funktionelle Vielgestaltigkeit der Proteine zu berücksichtigen, stellte sie ein Produkt ihrer Firma vor, das es erlaubt 5.000 bis 10.000 Proteine in einem Analysengang zu erfassen.

Dieter Stoll (Univ. Tübingen) verwies auf eine andere Möglichkeit, nämlich die Erfassung der Zellproteine durch „Microspot capture assays“. Das sind Analyse-

Chips mit einer großen Anzahl von Spots, Bindungs-orten für spezifische Proteine. Auf diesem Sektor gibt es offenbar eine schnelle Entwicklung sowohl was die Bindungs-Mechanismen als auch was die Anzahl der Spots (man rechnet bis 20.000!) sowie die Automatisierung der Auswertung betrifft. Die Miniaturisierung der Spots bedeutet nicht nur eine Erhöhung der Anzahl erfassbarer Proteine, sondern gleichzeitig eine Verminderung der erforderlichen Probenmenge. Bei der Entwicklung dieser Methode wird berücksichtigt, dass die Proteine auch getrennt nach ihrem Grad an Phosphorylierung erfasst werden können, d. h. nach ihrem funktionellen Zustand.

Auch **Dirk Koczan** (Univ. Rostock) widmete sich in seinem Vortrag der Chip-Technologie und unterstrich die enormen Möglichkeiten einerseits, andererseits ging er jedoch auch auf die Vieldeutigkeit der Methoden hinsichtlich der Komplexität des Systems ein. Extrakte aus ganzen Organen, beispielsweise des Gehirns sind analytisch kaum beherrschbar, da die unterschiedlichen Zellen mit unterschiedlichen Transkriptionsmustern die Methoden und auch ihre Auswertung überfordern. Je kleiner die Probe, um so homogener ist sie, gleichzeitig jedoch auch mengenmäßig begrenzt. Auch er sprach von der Problematik, wie man der Datenflut Herr werden könnte, und von der Notwendigkeit, durch Entwicklung entsprechender Systemanalysen aus den Daten eine therapeutisch aussagefähige Information zu gewinnen. Wichtig war auch seine Aussage über die drei Arten von Fehlermöglichkeiten dieser Methode: basierend auf biologischer Variabilität, Streuungen bei der Präparation der Proben und letztlich solche der Analysenmethode selbst. Aus diesen Gründen ist die einfache statistische Aussage, die eventuell nur die letztere Art der Streuung berücksichtigt, mit Vorsicht zu betrachten. Ein „signifikantes“ Messergebnis braucht nicht unbedingt auf eine signifikante biologische Veränderung hinzuweisen.

Royston Goodacre (Univ. Manchester, UK) begann seinen Vortrag zu Metabolomics mit einem Zitat von Poincaré: „Die Wissenschaft ist aus Fakten aufgebaut wie ein Haus aus Steinen. Aber eine Sammlung von Fakten ist ebenso wenig Wissenschaft, wie ein

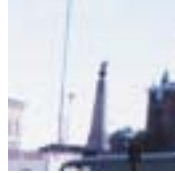
Haufen von Steinen ein Haus“. Er definierte „Metabolics“ als Stoffwechselbild einer Zelle oder eines Gewebes unter einer bestimmten Konstellation von Bedingungen. Wie ist aber ein solches Bild mit relevanter Aussagekraft zu schaffen? Lässt sich ein „metabolic fingerprint“ aus einem biologischen Material (Blut, Urin, Follicular-, Cerebrospinal-Flüssigkeit, Biopsie-Homogenat ...) erstellen, welcher tatsächlich diagnostischen Wert besitzt? Kann man zum Beispiel mit einem solchen Daten-Set Aussagen darüber machen, ob eine Schwangerschaft normal verläuft, der Fötus sich gesund entwickelt? Reichen Multivarianz-Analysen der Konzentrationswerte von Stoffwechselprodukten ohne Kenntnis des metabolischen Hintergrunds für derartige Schlussfolgerungen aus? Ist es gar genug, Infrarot-Spektren verschiedener Probenmaterialien als „fingerprint“ zu nutzen? Der Autor meinte, dass die Tausende analytischer Stoffwechseldaten, von denen vielleicht nur eine Handvoll aussagekräftig sind, nur dann sinnvoll verwendet werden können, wenn es eine Kenntnis des metabolischen Zusammenhanges gibt.

Zu einem ähnlichen Schluss kam auch **Douglas Armstrong** (Univ. Edinburgh, UK), obgleich er sich auf ein vergleichsweise enges Gebiet begrenzte, nämlich auf die Proteomics der synaptischen Übertragung von Nervenimpulsen im menschlichen Hippocampus. Dieses Problem ist wichtig für das Verständnis der Vorgänge in der Neuropathologie. Es war beeindruckend, selbst in diesem eng umgrenzten funktionellen Bereich die Komplexität metabolischer und regulatorischer Prozesse zu sehen, die bisher kaum überschaubar ist. Hatte man sich früher noch bemüht, biochemische Reaktionsketten durch ein System von Differentialgleichungen zu beschreiben, so ist man jetzt dazu gezwungen, lediglich qualitative Modelle von Wechselwirkungsbeziehungen zu konstruieren und graphentheoretisch zu analysieren. Kommt man auf diesem Weg noch zu quantitativen Aussagen?

Juha Saharinen (Natl. Public Health Inst., Helsinki) schloss diesen Teil des Workshops mit einem Vortrag über „Bioinformatics and Data Mining“ aus Sicht der molekularen Medizin ab. Hier ging es im wesentlichen darum, durch Korrelationsanalysen Schlüssel-

formationen zu finden, die Aussagen über Krankheitsbilder mit Hilfe der Genomanalyse erlauben.

Den zweiten Tagungsteil eröffnete **Dariusz Leszczynski** (STUK, Helsinki) mit einer Übersicht über Stand der Forschung zu EMF-Effekten und Erfordernisse bei der Verwendung von Transcriptomics und Proteomics auf diesem Gebiet. Er begann mit einer kritisch wertenden Darstellung vorliegender Publikationen, die zum Teil positive, zum Teil negative Resultate aufweisen. Gezieltes Suchen nach Effekten schwacher HF-Felder wird allerdings dadurch erschwert, dass es derzeit keinerlei Vorstellungen über mögliche biophysikalische Mechanismen dieser Wirkungen gibt. Schließlich kam Leszczynski auf die eigenen, bereits an anderer Stelle vorgetragenen und publizierten Ergebnisse zum Einfluss hochfrequenter Felder (900 und 1800 MHz GSM-Signale) zu sprechen, bei denen er eine Zunahme der Protein-Phosphorylierung, also Aktivierung von Proteinen, und insbesondere auch eine Expression von Stress-Proteinen fand. Gleichzeitig verwies er jedoch auf die hohe Variabilität der Zellen, die selbst unter geringsten Differenzen der Kulturbedingungen in verschiedenen Labors und unter verschiedenen zeitlichen Zuständen der Kulturen, verschiedenes Verhalten zeigen könnten. Leszczynski kam zu der Schlussfolgerung, dass die HTST zwar wertvolle neue Daten liefern könne und deshalb ein wichtiges Instrument zur Erfassung möglicher EMF-Effekte sei, dass es jedoch noch wesentlich mehr Replikationen der Befunde erfordere, um diese zu erhärten. Doch sogar bestätigte Ergebnisse der HTST-Analysen seien nicht ausreichend, um unmittelbar Rückschlüsse auf gesundheitliche Konsequenzen zu ziehen, da die Kausalketten von Protein-Reaktionen bis zu physiologischen oder gar gesundheitlich relevanten Konsequenzen weitgehend unbekannt sind. Andererseits könnten solche Resultate jedoch geeignet sein, gezielte Tierversuche zu empfehlen und die Orte der primären Einwirkung der Felder zu finden, wodurch man den biophysikalischen Mechanismen näher käme. Eine internationale Kooperation unter genauer Koordination der Experimente auf diesem Gebiet hält Leszczynski für dringend erforderlich.



In der Diskussion zu diesem und auch anderen Vorträgen wurde immer wieder hervorgehoben, dass die Kosten der für die HTST verwendeten Analysenmittel außerordentlich hoch seien. Dies bedeutet, dass Replikationen, welche nicht nur eine statistische Absicherung aus methodischer Sicht erlauben, sondern zusätzlich noch die biologische Variabilität berücksichtigen, die finanziellen Möglichkeiten einzelner Labors und Projekte übersteigen. Auch wurde auf folgende Besonderheit der EMF-Forschung hingewiesen: Während man normalerweise nach molekular-genetischen Ursachen für eine gegebene Krankheit suche, forsche man hier nach Hinweisen aus Proteomics und Genomics auf mögliche gesundheitliche Konsequenzen, ohne eine physiologische oder gar pathologische Wirkung schwacher Hochfrequenzfelder überhaupt zu kennen.

Frank Witzmann (USA) fand geringe, nicht signifikante Änderungen von Proteinexpressionen in menschlichen Glioma-Zellen unter dem Einfluss schwacher niederfrequenter Magnetfelder. Allerdings erklärte er in der Diskussion über Expositionsbedingungen und Dosimetrie, keine Auskunft geben zu können, da er diese Experimente lediglich als Physiologe für eine andere Gruppe durchgeführt und sich um die physikalischen Parameter nicht gekümmert habe.

Roza Sypniewski (USA) berichtete über Experimente mit Mikrowellen (Ratten: 35 GHz, 75 mW/cm², 50 min). Infrarot-Bilder zeigten, dass sich dabei die Körperoberfläche bis auf 41-42 °C erwärmt. Könnte sich dies auf Blut und innere Organe auswirken? Mit Hilfe von Proteinanalysen konnte festgestellt werden, dass es dabei tatsächlich zu einer Aktivierung von Makrophagen im Blut kommt.

Zhengping Xu von der Zhejiang Universität (China) stellte erste Ergebnisse zum Einfluss von nieder- (50 Hz, 0,4 mT) und hochfrequenten Feldern (1800 MHz, 3,5 W/kg) auf Zellkulturen (MCF-7-Zellen) vor. Dabei wurden in großem Umfang sowohl modifizierte Gen-Aktivitäten als auch Proteinexpressionen registriert. Einige der Veränderungen erwiesen sich als statistisch signifikant. Der Autor war in seinen Schlussfolgerungen jedoch sehr vorsichtig und konnte auch in der Diskussion die Fragen nach Reproduzierbarkeit

der Ergebnisse nicht schlüssig beantworten. Das Hauptproblem besteht darin, dass ein funktioneller Zusammenhang der Befunde untereinander, also zwischen den Resultaten von Genomics und Proteomics, nicht feststellbar ist. Auch fehlt ein Nachweis zellphysiologischer Konsequenzen, die entsprechend den molekularbiologischen Resultaten zu erwarten gewesen wären.

Martin Meltz (USA) hielt zwei Vorträge, indem er zusätzlich zur Präsentation der eigenen Forschungsergebnisse, noch den Beitrag von **J. Roti Roti** übernahm, der leider an der Teilnahme verhindert war. Zunächst sprach er über Genomics und Proteomics bei Zellen, die mit starken Pulsen (bis zu 20 MV/m!) von etwa 10 ns Dauer behandelt wurden. Man bezeichnet diese auch als „ultrawideband“-Pulse, weisen sie doch durch ihre Flanken in der Fourier-Analyse ein Spektrum auf, das von 0 Hz bis in den GHz-Bereich reicht. Es handelt sich dabei um eine zur Zeit aktuelle Methode der Biotechnologie, eine Weiterentwicklung der „electric break down“-Technik, mit welcher nicht nur wie bisher ein kurzzeitiges Öffnen der Zellmembran, sondern auch Einflüsse auf Organellen der Zelle, wie z. B. Mitochondrien, Kern und andere membranumschlossene Bereiche, ausgeübt werden sollen (siehe auch Bericht BEMS 2005 im NL 03/2005). Die Analyse wurde mit modernster Technik ausgeführt (z. B. Affymetrix Human HGU 133A-Chips® zum gleichzeitigen Nachweis von 22.000 Genen!).

Wichtiger als die Resultate dieser Untersuchungen, welche vergleichsweise geringe Änderungen der molekular-biologischen Daten in Abhängigkeit von Pulszahl und Feldstärke erbrachten, war in Hinsicht auf das Thema des Workshops die generelle Evaluierung der Methode, auf die Meltz ausführlich einging. Er unterstrich, dass diese außerordentlich teure und aufwendige Technik mit höchster Vorsicht eingesetzt werden müsse, insbesondere hinsichtlich der Reproduzierbarkeit der damit gewonnenen Daten. Selbst bei gezielter Analyse einer begrenzten Anzahl von Variablen sei mit großen Streuungen in Abhängigkeit von der Präparation der Proben zu rechnen. In jedem Fall sei es erforderlich, die mit Hilfe der HTST gewonnenen Resultate durch unabhängige Methoden zu

überprüfen. Der Vorteil der Methode liege natürlich in ihrer Vielseitigkeit, die mitunter auch zu unerwarteten Einsichten führen könne. Andererseits seien Untersuchungen mit klarer Arbeitshypothese geeignet, die Anzahl der Analysendaten und damit die Kosten der Untersuchungen weitgehend zu reduzieren.

Das Thema des zweiten Vortrages, den Martin Meltz in Vertretung von Roti Roti hielt, beinhaltete bereits in der Überschrift eine Feststellung: „Die Anzahl der Änderungen von Gen-Expressionen nach chronischer Exposition mit CDMA oder FDMA Feldern überschreitet nicht den falsch-positiven Wert“. Meltz demonstrierte Experimente mit Zellkulturen (C3 H 10 T 1/2) im Frequenzbereich von 835,62 MHz und 847,74 MHz (24 Stunden, 5 W/kg), wobei mit Hilfe von Affymetrix GeneChips® Änderungen in der mRNA-Konzentration (12.488 Spots) untersucht wurden. Als Positiv-Kontrolle dienten Proben, die man 0,68 Gy einer Gamma-Strahlung ausgesetzt hatte. Im Gegensatz dazu zeigten die HF-exponierten Proben keine signifikanten Änderungen.

Christian Maercker (RZPD, Heidelberg) demonstrierte Experimente an Fibroblasten (ES-1), exponiert mit 50 Hz (1 mT, 15 bis 24 Stunden) und Endothelzellen (EA-hy926), die für eine Stunde einem Feld von 900 bzw. 1800 MHz ausgesetzt waren (2 W/kg). Erste Ergebnisse scheinen eine Erhöhung des Umsatzes von ribosomalen Proteinen zu zeigen. Dies ist jedoch in folgenden Untersuchungen noch zu verifizieren. Ein Großteil des Vortrages beinhaltete Pläne zukünftiger Untersuchungen.

Die folgenden Ausführungen von **Mark Weeks** (London) über den Einfluss von statischen und oszillierenden Magnetfeldern auf Hefen (*Schizosaccharomyces pombe*) zeigten keine deutlichen Resultate, erwiesen sich jedoch dann etwas verwirrend, als der Autor sich in der Diskussion nicht zwischen „Mikro-“ und „Millitesla“ entscheiden konnte. Auch waren die Licht- und Temperatur-Bedingungen in den Experimenten nicht ausreichend kontrolliert.


Auch die von **San Ming Wang** (USA) vorgetragenen Ergebnisse zu Veränderungen der Gen-Expression von HL-60 Zellen unter dem Einfluss von 2,45 GHz-Feldern (2 und 6 Stunden) mit Hilfe der SAGE-Technik

(„Serial Analysis of Gene Expression“) überzeugten wenig. Es wurde kritisiert, dass man nicht von „biologischen Effekten“ sprechen könne, wenn zwar die Expression von Apoptose-Genen beobachtet, nicht jedoch eine Apoptose selbst nachgewiesen wurde. Generell wäre bei den beschriebenen Änderungen irgendwelche Veränderungen des Zellverhaltens insgesamt zu erwarten gewesen, was man jedoch nicht beobachtete.

Der Vortragsteil des Workshops wurde abgeschlossen durch einen Vortrag von **Reeta Nylund**, einer Mitarbeiterin von Darius Leszczynski, über den Stand der Proteomic-Analyse endothelialer Zellen unter dem Einfluss der Felder des Mobilfunks. Die Darstellungen enthielten erste Resultate und im wesentlichen Vorstellungen über geplante Arbeiten, wobei ebenfalls auf die Notwendigkeit hingewiesen wurde, Erkenntnisse der Protein-Analyse durch zellphysiologische Untersuchungen zu verifizieren.

Nach dem umfangreichen Vortragsprogramm ging es dann an eine Zusammenfassung. Welche Schlussfolgerungen waren aus Vorträgen und Diskussionen zu ziehen? Um zunächst bestimmte Aspekte festzuhalten, bot sich eine Arbeit in kleinerem Kreise an. So teilte man stochastisch das Gremium in drei Gruppen auf, die sich am Abend des zweiten Tages zur Diskussion zusammenfanden. Ein von Darius Leszczynski vorbereiteter Fragenspiegel sollte der Orientierung und vor allem der nachfolgenden Zusammenfassung der Arbeit der drei Gruppen dienen. Diese erfolgte dann im Gremium am nächsten Morgen, wobei die am Vorabend von den Gruppen formulierten Thesen ausführlich diskutiert, modifiziert und ergänzt wurden. Das Endergebnis soll nach erneuter Verarbeitung (per e-mail) durch die Teilnehmer auf der Website der COST 281 publiziert werden.

Ohne diesem Enddokument vorgreifen zu wollen, seien einige Schwerpunkte genannt: Welchen Nutzen kann „omics“ liefern, um das offene Problem gesundheitlicher Einflüsse elektromagnetischer Felder der Umwelt zu klären? Natürlich sind die enormen Möglichkeiten dieser Technologie bei diesen Untersuchungen zu nutzen. Sie könnten helfen, Arbeitshypothesen zu formulieren, die dann in gezielten Experimenten



an Zellen und Tieren verifiziert werden müssten. Wichtig ist jedoch zuvor die Validierung der Befunde. Welche Differenzen sind einfach einer biologischen Variabilität zuzuschreiben, welche, tatsächlich auf Feld-einflüsse zurückzuführende Veränderungen könnten eine biologische Relevanz besitzen? Es scheint klar, dass Ergebnisse aus der HTST nicht unmittelbar zu einer Risikobewertung beitragen können. Dies müsste eine *in vivo*-Untersuchung klären. Eine solche könnte jedoch durch Erkenntnisse der HTST gelenkt und auf konkrete Effekte ausgerichtet werden.

Eine Entscheidung darüber, welche der verschiedenen HTS-Techniken für diese Forschungsrichtung am geeignetsten wäre, lässt sich nicht treffen. Jede von ihnen hat ihre eigenen Vorteile und andererseits auch Probleme. Was sollte bei diesen Untersuchungen besonders beachtet werden? – Im wesentlichen ist die biologische Relevanz der gefundenen Veränderungen zu überprüfen sowie die Verifizierung möglicher Veränderungen durch Einsatz unterschiedlicher Methoden zum Nachweis des gleichen Sachverhalts. Ein Problem bereitet noch die Standardisierung der Methoden. Es wäre gut, könnte man einen verbindlichen Test vorschreiben, dem sich jede neu eingeführte technische Frequenz bezüglich möglicher biologischer Konsequenzen unterziehen müsste. Dafür wäre allerdings die Vorstellung darüber erforderlich, welcher biophysikalische Mechanismus einer solchen Wirkung zugrunde läge. Doch dazu gibt es bisher keine Aussage (liegt dies an der Unfähigkeit der Biophysiker oder am Fehlen des Effekts?).

Zusammenfassend kann der Workshop als gelungen betrachtet werden, auch wenn abschließende Antworten auf die eingangs formulierten Fragen nicht gegeben werden konnten. Die Wissenschaft, insbesondere der Bereich der HTS-Techniken ist in schnellem Fortschritt begriffen. Dies darf an den Untersuchungen über mögliche gesundheitliche Effekte elektromagnetischer Felder nicht vorübergehen. Die Tagung hat dazu beigetragen, dies zu verdeutlichen, sie hat aber auch klar gemacht, dass man neue Techniken immer mit Blick auf mögliche Artefakte anzusetzen hat.

*Roland Glaser, Prof. em. experimentelle Biophysik,
Institut für Biologie/Humboldt-Universität zu Berlin*

