

Kaperbriefe für Biopiraterie 2.0

Worauf zielen die Studien über Digitale Sequenz-Information (DSI) im Vorfeld der 15. Vertragsstaatenkonferenz der Biodiversitätskonvention?

Andreas Riekeberg





Herausgeben von:

Forschungs- und Dokumentationszentrum Chile-Lateinamerika e. V. – FDCL

Gneisenaustraße 2a, D-10961 Berlin, Germany

Fon: +49 30 693 40 29 | Fax: +49 30 692 65 90

E-Mail: info@fdcl.org | Internet: www.fdcl.org

Autor: Andreas Riekeberg

Lektorat: Jan Dunkhorst (FDCL)

Titelbild: Biologische Bodenkruste in Seedskafee | Foto: Tom Koerner/USFWS Mountain-Prairie

Layout: STUDIO114.de | Michael Chudoba

Druck: Druckzuck GmbH | Reichenberger Str. 124, 10999 Berlin

Gedruckt auf 100 % Altpapier aus CO₂ neutraler Produktion (Envirotop).

Gefördert von Engagement Global im Auftrag des BMZ und mit freundlicher Unterstützung der LEZ Berlin.

Für den Inhalt dieser Publikation ist allein das FDCL e. V. verantwortlich; die hier dargestellten Positionen geben weder den Standpunkt von Engagement Global gGmbH und dem Bundesministerium für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung oder der LEZ Berlin wieder.



Diese Broschüre ist lizenziert unter einer Creative Commons Namensnennung – Nicht-kommerziell – Weitergabe unter gleichen Bedingungen 4.0 International Lizenz (CC BY-NC-SA 4.0).



Inhalt

Einleitung: Warum „Kaperbriefe für Biopiraterie 2.0“?	4
1 Das Nagoya-Protokoll: kaum auf die Schienen gesetzt, schon auf dem Abstellgleis?	5
2 Konflikt um Vergütungsansprüche für Digitale Sequenz-Information	6
2.1 Der Prozess in der Periode 2017/2018	6
2.2 Die Vertragsstaaten-Konferenz 2018	7
2.3 Der Prozess in der Periode 2019/2020	7
3 Die Studien zur Vorbereitung der CBD-Tagungen im Jahr 2020	8
3.1 Studie über Konzept und Umfang von DSI	9
3.2 Studienteil DSI in öffentlichen und privaten Datenbanken	16
3.3 Studienteil Untersuchung zur Rückverfolgbarkeit von DSI	20
3.4 Studie zu inländischen Maßnahmen	25
4 Schlussfolgerungen zu den internationalen Diskursstrategien um Benefit-Sharing für digitale Information über genetische Ressourcen	27
Glossar	30
Literaturverzeichnis:	32
Bildnachweise	34

Einleitung: Warum „Kaperbriefe für Biopiraterie 2.0“?

Kaperbriefe bezeichnen Schriftstücke, mittels derer die Beutezüge von Piraten legalisiert werden, bei denen sie sich Werte angeeignet haben. So wie „Biopiraterie“ ein polemischer Begriff für die Aneignung genetischer Ressourcen des globalen Südens durch Konzerne des globalen Nordens geworden ist¹, setzen sich Schriftstücke, die derartige Aneignungen legalisieren, dem Verdacht aus, ein modernes Äquivalent zu den Kaperbriefen der Piratenzeit zu sein.

Bei den klassischen Form von Biopiraterie wurden genetische Ressourcen des Südens in materieller Form gesammelt und ihre traditionelle Verwendung analysiert, um neue Produkte in der Pflanzenzüchtung, der pharmazeutischen, kosmetischen oder der chemischen Industrie zu entwickeln und sich auf diese Produkte geistige Eigentumsrechte zu sichern.

Seit etwa 2015 werden die Möglichkeiten der synthetischen Biologie, digitale Informationen über genetische Ressourcen nutzen zu können, immer umfassender. Für die Produktentwicklung können vielfach Informationen aus Datenbanken über genetische Ressourcen verwendet werden. Immer leichter lassen sich passende Organismen für industrielle Zwecke mit gentechnischen Methoden konstruieren und diese dann patentieren. Das eröffnet neue Möglichkeiten für Biopiraterie, für die Aneignung des Informationsgehaltes genetischer Ressourcen des Südens durch Konzerne des Nordens. Die Bedeutung physisch vorliegender genetischer Ressourcen nimmt tendenziell ab².

In der Konvention über biologische Vielfalt (CBD) wurde jahrelang um ein verbindliches internationales Regime für ein Benefit-Sharing bezüglich genetischer Ressourcen verhandelt, schließlich wurde 2010 das sogenannte „Nagoya-Protokoll“ verabschiedet, es trat

2014 in Kraft. Dabei geht es darum, wie der Zugang zu Biodiversität geregelt wird und was alles der Vorteils-Aufteilung unterliegt. Doch die Frage, ob und wie weit dieses Protokolls auch für digitale Informationen über genetische Ressourcen (Digitale Sequenz-Information, DSI) gilt, wird wegen der ständig erweiterten Bedeutung der DSI immer wichtiger.

In der parallel zu dieser Arbeit veröffentlichten Studie „Biopiraterie 2.0?“ wird das grundsätzliche Problem im Zusammenhang mit synthetischer Biologie im Rahmen bioökonomischer Strategien dargestellt, insbesondere wird der Diskussionsprozess in der Konvention über biologische Vielfalt zu Benefit-Sharing bezüglich Digitaler Sequenzinformation bis Herbst 2019 analysiert. Seit Februar 2020 liegen nun Studien über DSI vor, die zur Vorbereitung zweier Konferenzen der CBD im Jahr 2020 dienen sollen. Für den 17.-22. August 2020 ist das 24. Treffen des wissenschaftlichen Beirates der CBD, „Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice (SBSTTA)“³ geplant und für Ende 2020 die 15. Konferenz der Mitgliedsstaaten in China⁴.

Die vorliegende Arbeit „Kaperbriefe für Biopiraterie 2.0“ untersucht zwei dieser vorbereitenden Studien daraufhin, ob sie der „Biopiraterie 2.0“ Vor Schub leisten, indem sie dazu beitragen, den Bereich unkontrollierter und ungehinderter Weitergabe und Verwendung digitaler Informationen über genetische Ressourcen zu befestigen und ausdehnen – oder ob sie helfen, digitale Biopiraterie einzudämmen und zurückzudrängen.

Zehn Schlussfolgerungen fassen die Kritik zu den Diskursstrategien und den darin angeführten Argumenten sowie zur Rolle der Fachwissenschaft zusammen.

1 Siehe dazu: „Grüne Beute: Biopiraterie und Widerstand“, hg. v. BUKO-Kampagne gegen Biopiraterie (Christiane Gerstetter, Jutta Sundermann, Gregor Kaiser, Andreas Riekeberg), Frankfurt 2005

2 Siehe Abschnitte 1.4 bis 1.6. meiner Studie „Biopiraterie 2.0? Digitale Sequenz-Information (DSI) und ihr Potential für neue Formen der Biopiraterie“.

3 Siehe <https://www.cbd.int/meetings/SBSTTA-24>.

4 Siehe <https://www.cbd.int/cop/>



Bodenkrusten in der Lieberoser Wüste | Foto: J.-H. Janßen

1 Das Nagoya-Protokoll: kaum auf die Schienen gesetzt, schon auf dem Abstellgleis?

In der Konvention über biologische Vielfalt wurde viele Jahre um verbindliche Regeln für den Zugang und die Vorteils-Aufteilung bezüglich genetischer Ressourcen gerungen. Im Jahr 2010 wurde dann das Nagoya-Protokoll verabschiedet, es trat 2014 in Kraft und wurde zunächst auf physisch vorliegendes Material angewendet. Von ökonomischer Bedeutung ist jedoch von Anfang an nicht das Material der Zellkerne mit den Chromosomen als Materie, vielmehr ging es von Anfang an in der CBD um die Informationen, die in den Genen auf diesen Chromosomen liegen. Welche Aminosäureketten werden durch die Ablesung der Nukleotid-Sequenzen des genetischen Materials erzeugt und welche Proteine entstehen daraus durch Faltung dieser Aminosäureketten? Die Chromosomen bzw. das genetische Material von Organismen ist ja nicht als stoffliches Material interessant und verwertbar, vielmehr kam und kommt es auf die Information an, die das genetische Material beinhaltet und liefert.

Daher wurde in der CBD beschlossen, einen Verhandlungsstrang um „Access and Benefit-sharing“ zu Digitaler Sequenzinformation (DSI) zu etablieren. Hier soll ausgehandelt werden, wie das Nagoya-Protokoll auf Informationen angewendet werden soll⁵, die elektronisch gespeichert und übermittelt werden können.

Eine eigens eingesetzte Expertengruppe (AHTEG) stellte im März 2018 zusammen, was alles zu DSI gerechnet werden könnte⁶, auf deutsch:

- „a) Nukleinsäure-Sequenzdaten und entsprechende Begleitdaten
- b) Informationen über den Aufbau der Sequenz, ihre Annotation und genetische Kartierung: Diese Informationen können ganze Genome beschreiben, einzelne Gene oder Fragmente, z. B. Barcodes, Organellen, Genome oder Einzel-Nukleotid-Polymorphismen
- c) Informationen zur Genexpression
- d) Daten zu Makromolekülen und zellulären Metaboliten⁷
- e) Informationen über ökologische Zusammenhänge sowie abiotische Umweltfaktoren⁸
- f) Funktion, wie z. B. Verhaltensdaten
- g) Struktur, einschließlich morphologischer Daten und dem Phänotyp
- h) Informationen zur Taxonomie⁹
- i) Modalitäten der Nutzung.“¹⁰

Diese „AHTEG-Liste“ wurde von der CBD-Vertragsstaatenkonferenz im Herbst 2018 allerdings nicht als Bestimmung des Bedeutungsumfangs von DSI akzeptiert. Seitdem wird hart darum gerungen.

5 Siehe Kapitel 2 der Studie „Biopiraterie 2.0?“

6 Siehe Dokument CBD/SBSTTA/22/, Seite 5,

Quelle: <https://www.cbd.int/doc/c/704c/70ac/010ad8a5e69380925c38b1a4/sbstta-22-02-en.pdf>

7 „Metaboliten sind die Produkte aus enzymkatalysierten Reaktionen, die natürlicherweise in den Zellen vorkommen“ und bestimmte weitere Kriterien erfüllen, siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/Metabolit> (abgerufen am 29.12.2019)

8 „Als abiotisch (griech. „nichtlebend“) werden alle Umweltfaktoren zusammengefasst, an denen Lebewesen nicht erkennbar beteiligt sind“, siehe https://de.wikipedia.org/wiki/Abiotische_Umweltfaktoren (abgerufen am 29.12.2019).

9 „Eine Taxonomie (...) ist ein einheitliches Verfahren oder Modell (Klassifikationsschema), mit dem Objekte nach bestimmten Kriterien klassifiziert, das heißt in Kategorien oder Klassen (auch Taxa genannt) eingeordnet werden“, siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/Taxonomie> (abgerufen am 29.12.2019).

10 Übersetzung nach „Digitale Sequenz-Information (DSI)“. NeFo-Faktenblatt zur Vorbereitung auf SBSTTA-22 im Juli 2018“, von Katrin Vohland, Rainer Schliep und Jonas Geschke, siehe http://www.biodiversity.de/sites/default/files/products/reports/nefo-faktenblatt_sbsta-22_dsi_2018-final.pdf



Kryptobiotische Bodenkruste im Natural Bridges National Monument in der Nähe von Sipapu | Foto: Nihonjoe (CC by-sa 3.0)

2 Konflikt um Vergütungsansprüche für Digitale Sequenz-Information

2.1 Der Prozess in der Periode 2017/2018

Zur Vorbereitung der CBD-Konferenzen hatten Anfang 2018 Sarah A. Laird und Rachel P. Wynberg die im Auftrag der CBD erstellte Studie *„Fact-Finding and Scoping Study on Digital Sequence Information on Genetic Resources“* vorgelegt. Ihre Schlussfolgerung lautete:

„Digitale Sequenzinformationen sind eine wichtige Ressource und ein wichtiges Instrument für den Erhalt und die nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt. Die Verwendung dieser Informationen kann auch Möglichkeiten für neue Formen des nicht monetären und monetären Vorteilsausgleichs schaffen. Gleichzeitig besteht die Gefahr, dass digitale Sequenzinformationen bestehende Ansätze zur Aufteilung des Nutzens nach vorheriger informierter Zustimmung (englisch: prior informed consent, PIC) und zu einvernehmlichen Bedingungen (englisch: mutually agreed terms, MAT) untergraben, indem der Zugriff auf die ursprüngliche genetische Ressource vermieden wird.“

Darüber hinaus gibt es eine Reihe von Herausforderungen bei der Realisierung vieler dieser oben genannten Vorteile, die teilweise mit den Schwierigkeiten bei der Überwachung und Identifizierung von Mitwirkenden, Benutzern und der Herkunft von Sequenzen zusammenhängen. Dazu zählen die Probleme der Wertbestimmung und die zunehmende Grauzone zwischen nichtkommerzieller und kommerzieller Forschung.“¹¹

Angesichts der Problemlage empfahlen Laird/Wynberg zur Weiterarbeit:

„Mögliche neue Ansätze zur Lösung dieser Herausforderungen könnten darin bestehen, die Herkunft digitaler Sequenzinformationen, die Einbeziehung von Metadaten in Sequenzen und eindeutige Kennungen für Forscher zu identifizieren. Tools wie Benutzerhinweise und -vereinbarungen bieten möglicherweise auch Modelle und Anleitungen für mögliche Ansätze zur Aufteilung des Nutzens.“¹² Sie führen Themen auf,

¹¹ Laird/Wynberg 2018, Seite 57, Absatz 251

¹² Laird/Wynberg 2018, ebd., Absatz 252

die weiter untersucht werden sollten, z.B. zur Wertermittlung des Potenzials von Sequenzinformationen, die Vorteils-Aufteilung im Zusammenhang mit digitalen Sequenzinformationen, einschließlich traditioneller und neuer Formen der Vorteils-Aufteilung auch in anderen Sektoren wie den Bereichen Musik, Film, Software, Ver-

lagswesen. Wie könnten Materialtransferabkommen und Benutzerbenachrichtigungen für ABS eingesetzt werden? Und wie wird eigentlich geistiges Eigentum für Sequenzinformationen und deren Anwendungen in verschiedenen Sektoren und unter verschiedenen Szenarien geltend gemacht?¹³

2.2 Die Vertragsstaaten-Konferenz 2018

Die Vertragsstaatenkonferenz folgte diesen Empfehlungen nur teilweise. Die Wertermittlung bezüglich DSI und die Verwertung von DSI etwa bei Patentanmeldungen ließ man nicht weiter untersuchen, wohl aber a) den Bedeutungsumfang von DSI, b) den Umgang mit DSI in Datenbanken, die Rückverfolgbarkeit von DSI und d) einheimische gesetzliche Maßnahmen einzelner Länder bezüglich DSI. Erkennbar ist, dass die erste der beauftragten Studien dem Interesse dient, den Umfang dessen, was unter DSI verstanden wird, einzuschränken – andernfalls hätte man bei der Auflistung der AHTEG¹⁴ bleiben können. Zwei weitere Studien zu Datenbanken und nationalen ABS-Maßnahmen entsprechen Themen, die auch Laird/Wynberg für untersuchenswert hielten.

Unberücksichtigt blieben aber die folgenden von Laird/Wynberg empfohlenen Themen:

- a) die Wertermittlung,
- b) die Auswirkung der Digitalisierung auf die Vorteils-Aufteilung, mit Vergleich zu anderen Feldern wie Musik und Film,
- c) eine Evaluation der Wirkung von existierenden Benutzerhinweisen und -vereinbarungen,
- d) eine eingehendere Überprüfung der Beziehung zwischen Erhalt, nachhaltiger Nutzung und DSI
- e) Geistiges Eigentum.

Deutlich wird, dass ausgerechnet diejenigen Fragen bislang nicht weiter untersucht werden, deren Klärung dem Interesse von Herkunftsländern genetischer Ressourcen an einer möglichst klar und monetär geregelten Vorteils-Aufteilung dienen könnten.

2.3 Der Prozess in der Periode 2019/2020

Zur Vorbereitung der beschlossenen Studien forderte das Sekretariat der CBD die Mitgliedsstaaten und andere CBD-Teilnehmer auf, ihre Sicht der Dinge zu den schließlich nur noch drei Themenbereichen (die Themen „Datenbanken“ und „Rückverfolgbarkeit“ wurden zusammengefasst) darzulegen. Dem kamen zu jedem Thema etwa zwölf Mitgliedsstaaten und zwölf andere Organisationen nach¹⁵.

Wenig überraschend plädierten die Staaten des globalen Nordens (vor allem OECD-Staaten) und diejenigen Forschungseinrichtungen, die zum Genom, Proteom, Transkriptom, Epigenom etc. forschen, für eine

möglichst enge Definition von Formen der DSI-Nutzung, die mit Verpflichtungen bezüglich ABS einhergehen würde. Außerdem sprechen sie sich für eine möglichst ungehinderte Nutzung von DSI durch Forschung und Entwicklung aus¹⁶.

Auf der anderen Seite treten die biodiversitätsreichen Staaten des Südens (z.B. Indien, Brasilien und afrikanische Staaten) für eine Erfassung möglichst aller Informationen über genetischer Ressourcen ein und für klare Verpflichtungen, die die Nutzer von DSI zum „Access and Benefit-Sharing“ eingehen sollen¹⁷.

13 Vgl. Laird/Wynberg 2018, Seite 58f, Absatz 253

14 Siehe Abschnitt 1.

15 Siehe <https://www.cbd.int/dsi-gr/2019-2020/studies/#>

16 Siehe Abschnitte 3.1. und 3.3. der Studie „Biopiraterie 2.0“

17 Siehe Abschnitt 3.2. der Studie „Biopiraterie 2.0“



Biologische Bodenkrusten in der Nähe der Butler Wash Ruins | Foto: Steven Baltakatei Sandoval

3 Die Studien zur Vorbereitung der CBD-Tagungen im Jahr 2020

Gemäß der Entscheidung Nr. 20 der COP 14 beauftragte das CBD-Sekretariat Studien zu vier Themen¹⁸, von der EU und Norwegen finanziert, zur Vorbereitung auf die CBD-Konferenzen im Jahr 2020. Alle Studien wurden im Wesentlichen von Naturwissenschaftler*innen, vielfach aus dem Bereich der Genomforschung, erarbeitet.

1. Eine Studie zu **Konzept und Umfang** der digitalen Sequenzinformationen (DSI) bezüglich genetischer Ressourcen (GR) und wie diese DSI derzeit verwendet wird, aufbauend auf der existierenden Studie zur Feststellung und Ermittlung des Umfangs (*fact-finding and scoping study*¹⁹). Der Entwurf wurde am 13.11.2019²⁰ von Wael Houssen, Rodrigo Sara und Marcel Jaspars vorgelegt, die Stellungnahmen dazu konnten bis 11.12.2019 eingereicht werden. Diese Studie wird in Abschnitt 3.1 analysiert.
2. Die beiden Themen **Rückverfolgbarkeit** von DSI²¹ und **Speicherung** in öffentlichen und privaten Da-

tenbanken²² wurden zusammengelegt und eine Studie als „*Combined study on DSI in public and private databases and DSI traceability*“ von Fabian Rohden, Sixing Huang, Gabriele Dröge und Amber Hartman Scholz unter Mitarbeit weiterer Wissenschaftler*innen veröffentlicht. Im Oktober 2019 wurde der Entwurf dazu vorgelegt²³, bis 22.11.2019 wurden 11 Stellungnahmen von CBD-Mitgliedern und 12 von Organisationen und Stakeholdern eingereicht. Der Übersichtlichkeit halber werden die beiden Studienteile in den Abschnitten 3.2 und 3.3 getrennt analysiert.

3. Eine Studie dazu, wie sich **inländische Maßnahmen** auf die Aufteilung des Nutzens aus der kommerziellen und nichtkommerziellen Nutzung von DSI-GR und auf die Nutzung von DSI-GR für Forschung und Entwicklung auswirken.²⁴ Diese Recherche-Studie wird in Abschnitt 3.4 nur kurz dargestellt, denn das Ergebnis dieser ist enttä-

18 Gemäß Entscheidung CBD/COP/DEC/14/20, Absatz 11, siehe <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-20-en.pdf>

19 Die ist die Studie von Laird/Wynberg (CBD/DSI/AHTEG/2018/1/3 <https://www.cbd.int/doc/c/079f/2dc5/2d20217d1cdacac-787524d8e/dsi-ahteg-2018-01-03-en.pdf>).

20 Ausweislich des Erstellungsdatum des PDF der Studie von Houssen, Sara, Jaspars: „*Digital Sequence Information on Genetic Resources: Concept, Scope and Current Use*“, unter https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/Study1_concept_scope.pdf

21 Studie über laufende Entwicklungen auf dem Gebiet der Rückverfolgbarkeit digitaler Informationen, einschließlich der Frage, wie die Rückverfolgbarkeit in Datenbanken geregelt wird und wie diese Diskussionen über DSI bezüglich genetischer Ressourcen beeinflussen könnten, siehe Entscheidung CBD/COP/DEC/14/20, Absatz 11 ©.

22 Studie über öffentliche und soweit möglich private Datenbanken von „DSI“ zu genetischen Ressourcen, einschließlich der Bedingungen, unter denen der Zugang gewährt oder kontrolliert wird etc., siehe Entscheidung CBD/COP/DEC/14/20, Absatz 11 (d).

23 Siehe Rohden, Huang, Dröge, Hartman Scholz: „*Combined study on DSI in public and private databases and DSI traceability*“, unter <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/Study-Traceability-databases.pdf>

24 Siehe Entscheidung CBD/COP/DEC/14/20, Absatz 11(c).

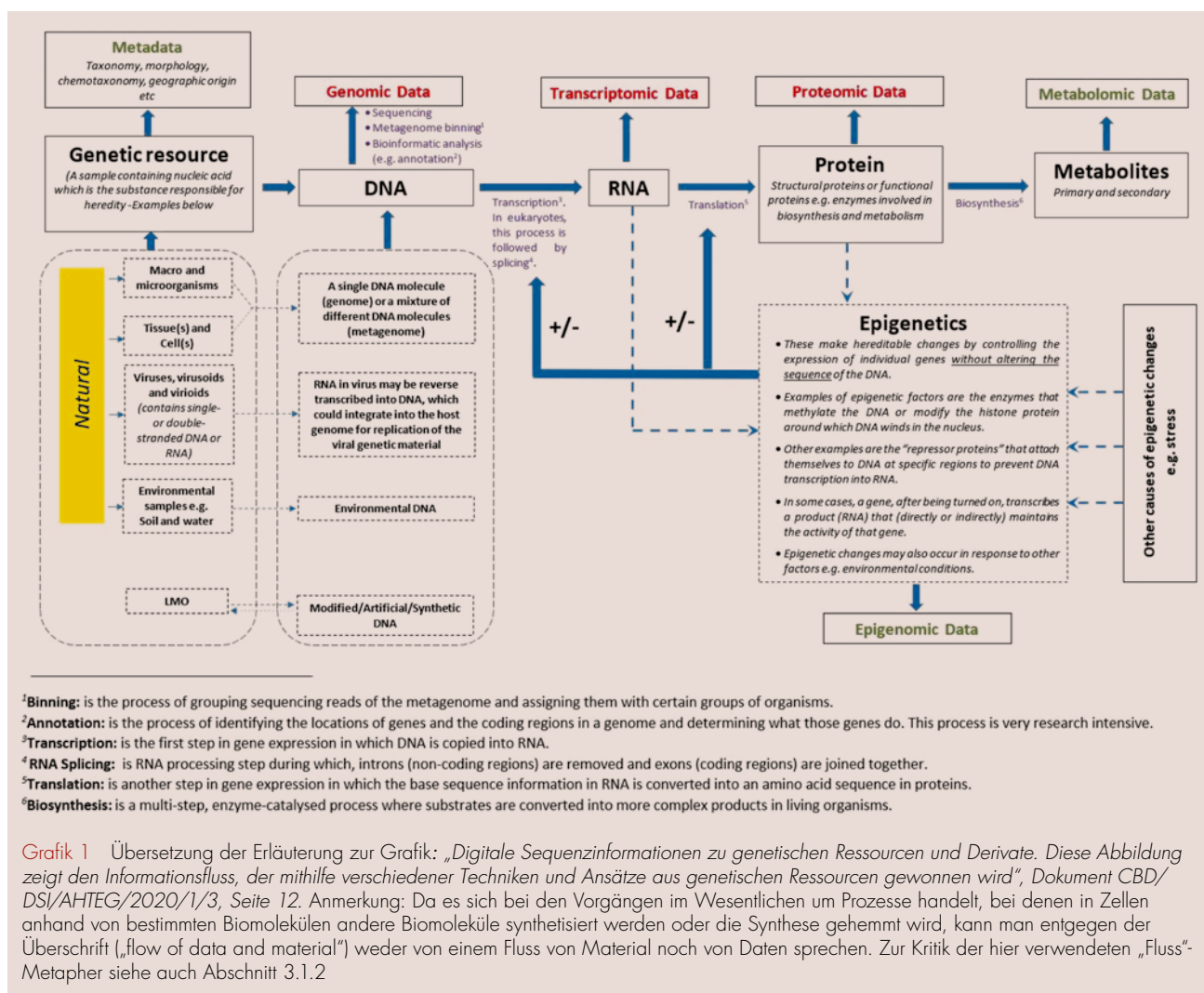
schend: „Die meisten Vertragsparteien des Übereinkommens und des Nagoya-Protokolls haben keine DSI-Maßnahmen. Einige Länder entscheiden sich absichtlich dafür, DSI bei Maßnahmen zur Aufteilung der Leistungen im Inland wegzulassen“²⁵

Als am deutlichsten akzentuierte Kritikerposition zu den ersten beiden Studien und Vertretung der Interessen indigener Völker und lokaler Gemeinschaften eignet sich die Kommentierung durch Edward Hammond für das Third World Network²⁶.

3.1 Studie über Konzept und Umfang von DSI

Diese Studie wurde Wael Houssen (Institute of Medical Sciences, University of Aberdeen²⁷), Rodrigo Sara (Anwalt für Geistige Eigentumsrechte und Wirtschaftsfragen²⁸) und Marcel Jaspars (Marine Biodiscovery Centre, Department of Chemistry, University of Aberdeen²⁹) vorgelegt.

Die Studie stellt nach der Einführung ins Thema im zweiten Abschnitt zunächst die verschiedenen Formen von Information vor, die unter DSI über Genetische Ressourcen gefasst werden können. Dabei gehen die Autoren vom Zentralkodex der Molekularbiologie³⁰ aus, das die unidirektionale Umsetzung des Informa-



25 Siehe Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/5, Seite 3, Absatz 16, Quelle: <https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af-50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf>

26 Siehe Anmerkung 56, im Folgenden geht es in Kapitel 4 um diese Publikation, wenn auf Edward Hammond verwiesen wird.

27 Vgl. Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/3, Seite 5

28 Siehe <https://www.rd-alliance.org/users/rodrigo-sara>

29 Vgl. Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/3, Seite 5

30 Dazu siehe auch https://de.wikipedia.org/wiki/Zentrales_Dogma_der_Molekularbiologie.

tionsgehaltes von (a) Nukleotid-Sequenzen einer genetischen Ressource (DNA, div. RNA), über (b) Transfer-RNA (tRNA), zum (c) Aufbau von Proteinen durch die Bildung von Aminosäureketten und deren Faltung und (d) Stoffwechselprodukten beschreibt, schließlich auch mit (e) den epigenetischen Effekten³¹. Diese epigenetischen Effekte können allerdings die Genexpression erblich beeinflussen.

Digitale Sequenz-Informationen umfassen demzufolge (a) genomische, (b) transkriptomische, (c) proteomische, (d) metabolomische und (e) epigenomische Informationen³². Die Studie schreibt jedoch die entscheidende Kraft der Aggregation von großen Datenmengen zu.

Damit verringere sie die mögliche Bedeutung einzelner DNA-Abschnitte, kritisierte Hammond für das TWN³³. Dies erscheine angesichts der Bedeutung, die die Bezeichnung und Beschreibung auch einzelner DNA-Abschnitte etwa bei der Erteilung von Patenten haben könne, keineswegs als gerechtfertigt.

Für den Zweck, ein gerechtes Benefit-Sharing zu etablieren, kommt es gerade auf den ökonomischen Vorteil an, den ein einzelner identifizierbarer DNA-Abschnitt bedeuten kann. Mag auch die Sammlung umfangreicher Datenmengen in Datenbanken große Bedeutung für die Ausrichtung der Forschung haben, so liegt der ökonomische Wert, der für die Bestimmung eines gerechten Benefit-Sharing wichtig ist, in der Identifizierung einzelner DNA-Abschnitte im Rahmen von Patentanmeldungen.

Fragwürdig ist sodann, wenn die Studie sich bei der Einschätzung des weltweit verfügbaren Wissen über die DNA von Eukaryoten³⁴ auf die 2.534 Einträge in der Datenbank des US-amerikanischen „National Center for Biotechnology Information“ (NCBI) bezieht (Seite 21), die nur 0,2% der bekannten Arten ausmacht. Auch bei der Frage nach den Strukturdaten von DNA, RNA und Proteinen fällt auf, dass die Studie sich nur auf eine, frei zugängliche Datenbank in den USA bezieht (www.rcsb.org) und andere öffentliche oder private Datenbanken nicht erwähnt.

Zum einen befindet sich diese Datenbank im CBD-Nichtmitgliedsstaat USA, zum anderen wird kei-

ne Aussage über andere öffentliche und private Datenbanken getroffen. Mögen Daten aus öffentlichen Datenbanken noch prinzipiell verfügbar sein, sind private Datenbanken das Eigentum von zumeist kommerziellen Anwendern von Biodiversität in Landwirtschaft, Ernährung, Gesundheit und anderen Feldern. Damit sind sie dem öffentlichen Zugriff so sehr entzogen, dass man nicht einmal weiß, welchen Umfang sie haben.

3.1.1 In welchen Wirtschaftsbereichen ist DSI wichtig?

Im dritten Abschnitt benennt die Studie verschiedene Sektoren, die entweder auf DSI direkt beruhen oder auf Techniken, die mittels DSI möglich gemacht werden: Taxonomie und Erhaltung, Landwirtschaft und Ernährungssicherheit, industrielle und synthetische Biologie, Gesundheitsanwendungen und Entwicklung von Pharmazeutika. Nicht betrachtet werden allerdings, so die Kritik des TWN, in Zellkulturen hergestellte Nahrungs- und Zusatzstoffe.

Während der Entwurf zur Studie noch das jeweilige Marktvolumen der Sektoren in US-Dollar bezifferte³⁵, wurden diese Angaben in der Endfassung der Studie entfernt. Damit entsprachen die Autoren einem Wunsch der International Chamber of Commerce (ICC), die dazu angemerkt hatte: „*The figures should be deleted unless validation is provided.*“³⁶ Auch Euroseeds (früher ESA), der europäische Lobbyverband der Saatgutindustrie, hatte darum gebeten, die Wirtschaftszahlen zu entfernen³⁷. Mit der Entfernung der Informationen zu den Marktvolumina wird eine Einschätzung der ökonomischen Bedeutung von DSI erheblich erschwert.

Ökonomisch bedeutend sind laut dem Entwurf zur Studie vor allem die Sektoren Landwirtschaft und Ernährung mit einem jährlichen Umsatz von 8.000 Mrd. USD, wobei die Investitionen in „*Agrifood tech startups*“ im Jahr 2017 bei 10 Mrd. USD lagen. Als Schlüsseltrends gelten die markergestützte Züchtung (die nicht am Erscheinungsbild, sondern am Genom der Pflanze an-

31 „Die Epigenetik ist das Fachgebiet der Biologie, das sich mit der Frage befasst, welche Faktoren die Aktivität eines Gens und damit die Entwicklung der Zelle zeitweilig festlegen. Sie untersucht die Änderungen der Genfunktion, die nicht auf Veränderungen der Sequenz der Desoxyribonukleinsäure, etwa durch Mutation oder Rekombination, beruhen und dennoch an Tochterzellen weitergegeben werden. Grundlage sind chemische Veränderungen am Chromatin, der Proteine, die an DNA binden, oder auch Methylierung der DNA selbst, die Abschnitte oder ganze Chromosomen in ihrer Aktivität beeinflussen können.“ Siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/Epigenetik> (zuletzt abgerufen am 30.12.2019)

32 Siehe <https://en.wikipedia.org/wiki/Omics> und <https://de.wikipedia.org/wiki/-omik>

33 Hammond: „the power of DSI is in the assembled data, not a single DNA sequence“ (zu Seite 5, Zeile 26), siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/2019/Study1/TWN.pdf>

34 Eukaryoten sind Lebewesen, deren Zellen (Eucyten) einen echten Kern und eine reiche Unterteilung der Zellen haben, im Unterschied zu Archaeen und Bakterien, die keinen Zellkern besitzen.

35 Siehe https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/Study1_concept_scope.pdf, S. 23-25.

36 Siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/2019/Study1/ICC.docx>

37 Siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/2019/Study1/Euroseeds.docx>

setzt³⁸), besonders um Krankheitsresistenzen zu finden, und ebenso die Entwicklung und Charakterisierung von gentechnisch konstruierten Organismen (GMO/LMO). Ein weiterer Trend ist die metagenomische Untersuchung des Bodens, um das Zusammenspiel mikrobiologischer Gemeinschaften besser verstehen zu können.

Bei industrieller Biotechnologie, die alternative Prozesse zur Herstellung industrieller Produkte unter Vermeidung hoher Temperaturen, hohen Drucks oder großer Abfallmengen anbietet, wächst der globale Markt jährlich um 9% und dürfte im Jahr 2026 etwa 580 Mrd. USD umfassen, davon werden etwa 40% den biogenen Energiestoffen zugeordnet. Industrielle Biotechnologie gilt

als sehr stark auf genetische Ressourcen angewiesen. In der synthetischen Biologie als neuem Forschungsbereich kommen Molekularbiologie, Biotechnologie, Biophysik und Gentechnik zusammen; der diesbezügliche globale Markt wurde für 2015 auf 5,25 Mrd. USD geschätzt.

Ein weiterer wirtschaftlich sehr bedeutender Bereich sind Pharmazeutika, mit einem globalen Umsatz von 1.200 Mrd. USD im Jahr 2018 und einer jährlichen Steigerungsrate von 4 bis 6%.^{39 40 41 42 43 44 45 46 47 48}

Edward Hammond verweist in diesem Zusammenhang für das TWN darauf, dass Monoklonale Antikörper (MAB) ein gegenwärtig stark wachsender Sektor der Forschung und Entwicklung von Pharmazeutika dar-

Aktueller Bezug: Corona-Pandemie 2020

Diese Studie wird fertiggestellt in der zweiten Aprilhälfte 2020, in Zeiten der globalen CoVid-19-Pandemie, ausgelöst durch SARS-CoV-2-Viren. Gegenwärtig sind laut WHO³⁹ 70 Arbeitsgruppen damit beschäftigt, einen Impfstoff zu entwickeln⁴⁰. Bei dieser globalen Pandemie ist es für alle Staaten der Welt von Bedeutung, welche Impfstoffe sich schließlich als wirksam und sicher herausstellen.

Ökonomisch bedeutsam ist darüber hinaus, für welche Impfstoffe und ggf. Therapeutika in welchen Ländern bzw. Ländergruppen Patente angemeldet und erteilt werden und wie das Verhältnis von Arzneimittelzulassung und Erteilung geistiger Eigentumsrechte jeweils sein wird.

Sollten Patente erteilt werden, wäre die Frage nach einem Benefit-Sharing zu erheben, wenn für ggf. patentierte Impfstoffe oder Therapeutika Proben von Personen, die mit SARS-CoV-2 infiziert oder dagegen immun sind, benutzt und deren genetische Ressourcen oder Informationen über diese genetischen Ressourcen für die Entwicklung der Stoffe verwendet wurden. Der Erfinder des ersten „wirksamen Impfstoff(es) gegen die durch Viren verursachte Kinderlähmung (Poliomyelitis)“⁴¹, Jonas Salk, hatte noch eine Patentierung des Impfstoffes mit den Worten „There is no patent. Could you patent the sun?“ abgelehnt.

Heftig umstritten ist gegenwärtig auch, woher das Virus SARS-CoV-2 stammt, das zuerst im Januar 2020 in China isoliert und identifiziert wurde. Einen interessanten Ansatz wählt eine chinesische Studie⁴². Sie setzt bei der Unterschiedlichkeit verschiedener SARS-CoV-2-Viren an, bestimmt Familienähnlichkeiten und untersucht, in welchen Staaten welche Familien von SARS-CoV-2-Viren

vorkommen. Bei anderen Spezies, etwa Pflanzensorten, deutet eine große Sortenvielfalt in einer Region⁴³ darauf hin, dass hier die Evolution der Art relativ lange geschehen ist, sei es durch natürliche Evolution oder durch züchterische Bearbeitung, und es sich daher möglicherweise um die Ursprungsregion handelt.

Schon vor Jahren forschten Wissenschaftler*innen aus den USA und China gemeinsam an SARS-ähnlichen Coronaviren, die Potential für das Auftauchen bei Menschen besitzen. So wurde im Jahr 2013 in „Nature“ eine Studie zur Isolierung und Charakterisierung eines SARS-ähnlichen Corona-Virus' von Fledermäusen veröffentlicht, die den menschlichen ACE2-Rezeptor nutzen: „Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor“⁴⁴. Im Jahr 2015 wurde ebenfalls in „Nature“ eine Studie über ein SARS-ähnliches Cluster von zirkulierenden Fledermaus-Coronaviren publiziert, das Potential für das Auftauchen bei Menschen zeigt, „A SARS-like cluster of circulating bat coronaviruses shows potential for human emergence“⁴⁵

Eine Plausibilitätsbetrachtung stellt Sonia Shah an, die eine vermehrte Übertragung tierischer Infektionskrankheiten auf Menschen aufgrund der Zerstörung von Lebensräumen dieser Tiere in Betracht zieht⁴⁶. Eine unmittelbare Übertragung von einer Fledermausart auf den Menschen kommt einer Studie des Journal of Proteome Research⁴⁷ zufolge nicht in Frage, sie schlugen Pangoline als Zwischenwirt vor. Doch wenn auch die rezeptorbindende Domäne des Pangolin-CoV mit jener des SARS-CoV-2 zu 99% übereinstimmt, gilt dies für das gesamte Genom nur zu 91%⁴⁸, ein zu weiter Abstand ein natürliches Mutationsgeschehen.

38 Siehe <https://www.pflanzenforschung.de/de/themen/lexikon/markergestuetzte-selektion-375>

39 Siehe https://www.who.int/blueprint/priority-diseases/key-action/Novel_Coronavirus_Landscape_nCoV_11April2020.PDF?ua=1

40 Siehe auch <https://de.wikipedia.org/wiki/Coronaviruseimpfstoff#SARS-CoV-2-Impfstoffe> (abgerufen am 15.04.2020)

41 Siehe https://de.wikipedia.org/wiki/Jonas_Salk

42 Yu, Wen-Bin; Guang-da Tang, Li Zhang und R. T. Corlett: „Decoding the evolution and transmissions of the novel pneumonia coronavirus (SARS-CoV-2) using the whole genomic data“, Quelle: https://www.researchgate.net/publication/339351990_Decoding_the_evolution_and_transmissions_of_the_novel_pneumonia_coronavirus_SARS-CoV-2_using_the_whole_genomic_data

43 Etwa in den sogenannten Wawilow-Zentren, vgl. https://en.wikipedia.org/wiki/Center_of_origin und https://en.wikipedia.org/wiki/Agricultural_biodiversity#Genetic_diversity (zuletzt abgerufen am 15.04.2020)

44 Vgl. Shah, Sonia: „Woher kommt das Coronavirus?“ Le Monde diplomatique vom 12.03.2020, deutsche Ausgabe <https://www.monde-diplomatique.de/Woher-kommt-das-Coronavirus/15668094>

45 <https://www.nature.com/articles/nm.3985>

46 <https://www.nature.com/articles/nm.3985>

47 Zahng, Chengxin et. al.: „Protein Structure and Sequence Reanalysis of 2019-nCoV Genome Refutes Snakes as Its Intermediate Host and the Unique Similarity between Its Spike Protein Insertions and HIV-1“ siehe <https://pubs.acs.org/doi/10.1021/acs.jproteome.0c00129>

48 Vgl. Cyranoski, David: „Neues Rätsel um den Ursprung des Virus“, Quelle: <https://www.spektrum.de/news/neues-raetsel-um-den-ursprung-des-virus/1709380>

stellen⁴⁹, und dass diese Produkte voll auf die DSI von Krankheitserregern angewiesen sind. Er fordert daher zum Entwurf der Studie, dass in diesem Abschnitt auch auf die Bedeutung von DSI für die Impfstoffentwicklung hingewiesen werden sollte (z. B. bei saisonalen und pandemischen Gripeschüben). Hier sei die physische Verwendung von „rekonstituiertem“ DSI durch reverse Genetik möglich sowie die „in silico“-Verwendung von DSI bei der Antigenauswahl und der Impfstoffentwicklung⁵⁰.

Ein Beispiel⁵¹: Im Rahmen seiner Ebola-Forschung hatte das Hamburger Bernhard-Nocht-Institut das C15-Virus aus der Probe einer Ebola-Überlebenden aus Guinea isoliert und sequenziert und die Sequenz-Information unter „open access“ in einer Datenbank eingestellt. Bei dem Transfer einer physischen Probe in andere Laboratorien wäre ein Material-Transfer-Abkommen (MTA) mit Verpflichtung zu ABS unter dem Nagoya-Protokoll zur Anwendung gekommen. Jedoch hatte das US-Unternehmen „Regeneron Pharmaceuticals“ die DSI von einer Datenbank heruntergeladen, Abschnitte des Virus synthetisiert und dies benutzt, um ein Medikament für das US-Militär zu entwickeln. Das Nocht-Institut und seine Partner hatten trotz des Bewusstseins für die Möglichkeit, dass C15-Ebola-DSI kommerziell verwertet werden könnte, kein „data access and use agreement“ für die DSI verwendet. So konnte auch Guinea als Souverän über die genetische Ressource nicht sein Recht geltend machen, um etwa im Gegenzug für die Nutzung der DSI von Regeneron die Erlaubnis zur Produktion von REGN-EB3 für den Einsatz in Westafrika zu erhalten.

Das dritte Kapitel abschließend stellen Houssen/Sara/Jaspars in einer tabellarischen Übersicht die Nutzung von DSI in verschiedenen Bereichen zusammen (Seite 29). Hammond kritisiert, dass es dabei verschiedene Auslassungen gebe, durch die die Bedeutung von DSI systematisch unterschätzt werde. Im Bereich Landwirtschaft und Ernährungssicherheit müsste beispielsweise nicht nur die Analyse und das Verständnis bestimmter Zusammenhänge berücksichtigt werden, sondern auch eine Verwendung von DSI in klassischen Züchtungsprogrammen und in der Entwicklung von gentechnisch veränderten Organismen (GVO).

3.1.2 Kann Information fließen? (Unzutreffende Konzeptualisierung 1)

Im vierten Abschnitt ordnen Houssen/Sara/Jaspars die verschiedenen Arten von DSI entlang einer Kette an, die von a) der Genetischen Ressource über b) DNA und c) RNA, weiter über d) Proteine hin zu e) Metaboliten, also Stoffwechselprodukten, reiche. Die Information zu letzteren bezeichnen sie wie die Information zu Proteinen und die Meta-Information zur genetischen Ressource selber als untergeordnete Information („Subsidiary Information“).

Betitelt wird der Zusammenhang mit „*Understanding the flow of data and information*“. Doch der Begriff des Informations- oder Datenflusses bezeichnet im Deutschen wie im Englischen eigentlich „den Weg und den Verlauf, den mündliche, schriftliche oder bildliche Daten nehmen, um von einer Quelle aus zu einem oder zu mehreren Empfängern zu gelangen.“⁵² Bei der Information zu einer genetischen Ressource geht es aber nicht um Daten oder Informationen, die einen bestimmten Weg von einer Quelle zu Empfängern nehmen, sondern es sind Informationen über verschiedene Bestandteile eines Organismus (u. a. DNA, RNA, Proteine und Stoffwechselprodukte), die miteinander in physikalischen, chemischen und biologischen Wechselwirkungen stehen. Schon von daher ist die Verwendung des Begriffes „Informationsfluss“ fragwürdig.

Weiterhin impliziert die Metapher des „Flusses“, dass sich das, was da fließt, entlang eines Gefälles von oben nach unten bewegt und die Zustände „oben“ zwar die Zustände „unten“ beeinflussen können, aber nicht umgekehrt. Wenn in den Bergen ein Staudamm gebaut wird, kann das Wasser im unteren Flusslauf reguliert werden und ganz zum Versiegen kommen, aber nicht umgekehrt. Dieses Verhältnis ist bei den biologischen, chemischen und physikalischen Prozessen in Zellen aber nicht so. Die verschiedenen Substanzen in Zellen sind füreinander Umwelt und können miteinander wechselwirken. Im Standard-Vorgang der Genexpression⁵³ ist es zwar so, dass die DNA über mRNA mittels tRNA die Aminosäure-Sequenz bestimmt und diese durch Faltung die Proteine bilden. Zum einen werden diese dann meist noch posttranslational modifi-

49 Siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/2019/Study1/TWN.pdf>

50 Siehe zur Stelle <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/2019/Study1/TWN.pdf>

51 Siehe die ausführliche Darstellung des Vorganges in der Studie „Biopiraterie 2.0?“

52 Siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/Informationsfluss>, zuletzt abgerufen am 9.4.2020.

53 Vgl. <https://de.wikipedia.org/wiki/Genexpression> (Abruf am 10.04.2020).

ziert⁵⁴, zum anderen aber ermöglichen bestimmte Proteine (RNA-Polymerase) überhaupt erst die Bildung von mRNA anhand der DNA; außerdem stehen DNA-bindende Proteine⁵⁵ in spezifischen Wechselwirkungen mit Promotoren, das sind bestimmte Nukleotid-Sequenzen auf der DNA, die „den Start der Transkription des Gens durch die RNA-Polymerase vermitteln“⁵⁶. Eine derartige systembiologische Betrachtungsweise lässt das Zentraldogma der Molekularbiologie⁵⁷ doch unterkomplex erscheinen.

3.1.3 Unangebrachtes räumliches Denken (Unzutreffende Konzeptualisierung 2)

Aus der unzulässigerweise als „Informationsfluss“ bezeichneten simplifizierten Standard-Reihenfolge von mikrobiologischen Substanzen, die dem Zentraldogma der Molekularbiologie entspricht, leitet die Studie in Verbindung mit der Diskussion verschiedener Begriffe vier Gruppen dieser Substanzen ab, die sie als „neue logische Gruppierung“ bezeichnen:

Gruppe 1 von DSI mit einem „engen Umfang“ besteht aus DNA und RNA, zusammengefasst bezeichnet als „Nukleotid-Sequenzdaten“, Gruppe 2 mit einem „mittleren Umfang“ umfasst auch Proteine (zusammen mit DNA und RNA als „Sequenz-Daten“ bezeichnet), Gruppe 3 mit einem ebenfalls „mittleren Umfang“ umfasst zusätzlich die Stoffwechselprodukte und Gruppe 4 mit einem „weiten / inklusiven Umfang“ noch zusätzlich die Meta-Informationen zur genetischen Ressource.

Hier wird eine Gruppierung vorgenommen, die eindimensional nach Nähe und Ferne der verschiedenen Arten von Informationen zur jeweiligen genetischen Ressource funktioniert. Doch es ist eben nicht „offensichtlich“, wie die Autoren behaupten, dass „bei jedem Schritt“ des angeblichen Flusses von DNA über RNA zu Proteinsequenzen und Stoffwechselprodukten „die Daten / Informationen, die sie liefern, zunehmend weiter von der ursprünglichen genetischen Ressource entfernt werden.“⁵⁸

Wir müssen in Frage stellen, ob das Konzept, eine Einordnung nach einer vorgestellten räumlichen Entfernung der Information zur jeweiligen genetischen Ressource vorzunehmen, überhaupt sachlich angemessen sein kann. Denn Informationen (hier: Digitale Sequenz-Infor-

mation) bezüglich eines Objektes (hier: bezüglich einer genetischen Ressource) beziehen sich nicht räumlich auf das jeweilige Objekt, sondern logisch.

Ob es bei der jeweiligen Information um Verhaltensdaten geht, um traditionelles Wissen, um die Anordnung von Nukleinsäuren in DNA oder RNA, um Proteine, die mit Hilfe von Erb- oder Transkriptionsinformationen aus dem Genom hergestellt werden, oder um die Struktur der Proteine und die Reihung ihrer Aminosäure-Sequenzen: all diese Information bezieht sich logisch auf die zugrunde liegende genetische Ressource.

Daher kann diese verschiedene Information nur nach der Art und Weise ihrer Beziehung zur genetischen Ressource unterschieden werden, nicht aber in einem ein- oder mehrdimensionalen räumlichen Schema angeordnet werden. Eine räumliche Lokalisierung von Objekten liegt zwar dem menschlichen Denken grundsätzlich nahe⁵⁹, doch die scheinbare Plausibilität führt in die Irre.

Eine bestimmte Art von Informationen über ein bestimmtes Objekt „genetische Ressource“ ist nicht näher oder ferner als eine andere Art von Information über das gleiche Objekt, sondern steht in einer anderen Beziehung zum Objekt. Um dies an einem Beispiel aus dem Alltag zu verdeutlichen: Die Augenfarbe eines Menschen ist als Information über diesen Menschen nicht näher oder ferner in Bezug auf ihn als seine Haarfarbe, Körpergröße oder Fingerabdruck.

Das in der Studie vertretene eindimensionale Konzept von Nähe und Ferne (bzw. eines engen oder weiten Umfanges dessen, was mit DSI gemeint ist) dient offensichtlich dem Ziel, bestimmte Formen von Informationen zu genetischen Ressourcen, die in der AHTEG-Liste von 2018 (s. o.) genannt worden waren, von möglichen Verpflichtungen zum Benefit-sharing und diesbezüglichen Regelungen auszunehmen, weil diese angeblich „zu weit entfernt“ von der genetischen Ressource seien.

Schon diese Intention stellt den Sinn aller folgenden Betrachtungen der Studie in Frage. Ziel der Verhandlungen in der CBD und im Nagoya-Protokoll sollte es doch sein, ein angemessenes Benefit-Sharing für Digitale Sequenzinformation zu erarbeiten – und nicht, bestimmte Informationen vom ABS auszuschließen.

In Abschnitt 4.3 ordnen Houssen/Sara/Jaspars dann die von Ihnen zunächst durch die unzutreffende Konzeptualisierung eines „Flusses von Information“ eindimensional aufgereihten verschiedenen Informationen

54 Vgl. https://de.wikipedia.org/wiki/Posttranslationale_Modifikation (Abruf am 10.04.2020).

55 Vgl. https://de.wikipedia.org/wiki/DNA-bindende_Proteine (Abruf am 10.04.2020).

56 Siehe [https://de.wikipedia.org/wiki/Promotor_\(Genetik\)](https://de.wikipedia.org/wiki/Promotor_(Genetik)) (Abruf am 18.04.2020)

57 Vgl. https://de.wikipedia.org/wiki/Zentrales_Dogma_der_Molekularbiologie

58 Houssen/Sara/Jaspars, Seite 31: „It is evident that at each step the data/information it yields becomes progressively further removed from the original genetic resource.“

59 Siehe Eibl 2009, S. 135-140.

zweidimensional in von Ihnen so genannte „logische Gruppierungen“, eine engere Gruppe, zwei mittlere Gruppen und eine weitere Gruppe. Außerdem diskutieren sie verschiedene alternative Begrifflichkeiten⁶⁰ und setzen diese in Beziehung zu den von ihnen geschaffenen Gruppen. Diskutiert werden dabei die Begriffe „in silico“, „Dematerialised Genetic Resources (DGR)“, „Genetic Information (GI)“, „Digital Sequence Data (DSD)“, „Genetic Resource Sequence Data (GRSD)“, „Genetic Sequences (GS)“, „Genetic Sequence Data/Information (GSD/GSI)“, „Nucleotide Sequence Data (NSD)“ und „Subsidiary Information (SI)“.

3.1.4 Sprachanalyse statt Sachanalyse

In Abschnitt 4.4 werden die drei Bestandteile des Begriffes „Digitale Sequenz-Information“ analysiert. Auch hier ist die Vorgehensweise vom Ansatz her problematisch. Sie geht von dem *ad hoc* genommenen Begriff der „Digitalen Sequenz-Information“ (DSI) aus, und nicht von der Sache, um die es geht. Ziel der Bemühungen in der CBD ist es doch, angemessene Regelungen bezüglich eines Benefit-Sharings aufzustellen, die den neuen Entwicklungen in Biochemie und Informationstechnologie entsprechen, die neue Formen der Wertschöpfung in Bezug auf genetische Ressourcen möglich machen.

Mit der ursprünglichen Wahl des Attributes „digital“ in der Begriffsbildung „Digitale Sequenz-Information“ der CBD war intendiert, damit die informationstechnische, elektronische Form der Speicherung und möglichen Übertragung von Sequenzinformation bezüglich genetischer Ressourcen zu bezeichnen. Gerade das Problem der leichten und fast kostenfreien Übertragbarkeit, Reproduzierbarkeit und Verwendbarkeit des Informationsgehaltes der biologischen Vielfalt und der darin enthaltenen genetischen Ressourcen soll durch die DSI-Verhandlungen in der CBD ja bearbeitet werden. Mit Hilfe digitaler Speicherung können dann natürlich auch nicht-diskrete⁶¹, sondern kontinuierliche Werte oder Strukturinformationen über genetische Ressourcen und ihre Biomoleküle erfasst und kommuniziert werden, etwa Informationen zu Proteinstrukturen und beschreibende Informationen zur traditionellen Verwendung von Pflanzenextrakten.

Zur Bestimmung des Begriffes „Sequenz“ wird die Definition des Oxford English Dictionary für den Bereich der Biochemie zitiert: „Die Reihenfolge der Nu-

kleotidbestandteile in einem Nukleinsäuremolekül oder der Aminosäuren in einem Polypeptid- oder Proteinmolekül.“ Houssen/Sara/Jaspars schlagen hierzu vor, die CBD-Mitgliedsstaaten sollten erwägen, eine bestimmte Mindestlänge von Sequenzen vorzuziehen, weil unterhalb von etwa 30 Nukleotiden die DNA-Sequenz nicht mehr einzigartig für eine bestimmte genetische Ressource oder eine Herkunft sei⁶². In Bezug auf Umwelt-DNA und metagenomische DNA stellen sie fest, dass diese sich kaum einzelnen definierten Organismen und damit einzelnen genetischen Ressourcen zuordnen lassen.

Hammond merkte für das TWN zur Frage der Mindestlänge wie zur Behandlung von Umwelt-DNA und metagenomischer DNA kritisch an, dass es für das Benefit-Sharing nicht auf die Einzigartigkeit ankomme, sondern auf die Herkunft. Eine Nicht-Einzigartigkeit entbinde nicht von der Verpflichtung zum Benefit-Sharing.

3.1.5 Besser der Spatz in der Hand als die Taube auf dem Dach?

Die Autoren rekapitulieren im Abschnitt 5.1⁶³ zunächst ihre vier konstruierten Gruppen und schlagen vor, diese Gruppen in künftigen Diskussionen anstelle der AHTEG-Liste zu verwenden. Dies ist aus verschiedenen Gründen problematisch. Die scheinbare Vereinfachung der Diskussion würde dazu führen, dass die Berücksichtigung der konkreten Verschiedenartigkeit der Informationen bezüglich genetischer Ressourcen verloren geht. Außerdem würde damit die von der Studie vorgenommene Einteilung in Sequenzdaten und Begleitinformation akzeptiert. Beides erhöht die Gefahr, dass bestimmte Informationen vom grundsätzlichen Anspruch auf Benefit-Sharing ausgenommen werden.

Diese Gefahr scheint akut zu sein, denn sie stellen eine Alternative auf: „Wenn die Rückverfolgbarkeit von DSI wichtig ist, erscheint ein enger Umfang des DSI-Themas angesichts der technischen Schwierigkeiten bei der Identifizierung oder Schlussfolgerung des Ursprungs wünschenswerter, während, wenn die Rückverfolgbarkeit nicht wichtig ist, möglicherweise ein breiterer Umfang des Themas berücksichtigt werden kann.“

Diejenigen Staaten und Organisationen, die auf ein faires Benefit-Sharing bedacht sind, für das die Rückverfolgbarkeit der DSI zur ihrer Quelle (der genetischen Ressource aus einem bestimmten Herkunftsland) wichtig ist, werden damit vor eine problematische Alternative gestellt: Entweder sie nehmen – für eine gute

⁶⁰ Houssen/Sara/Jaspars, S. 34-38.

⁶¹ Gemeint ist hier der technisch-wissenschaftliche Gebrauch von diskret, im Sinne von „aus einem gestuften Wertevorrat entnommen“, siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/Diskret>.

⁶² Houssen/Sara/Jaspars, Seite 40.

⁶³ Houssen/Sara/Jaspars, Seite 44.

Rückverfolgbarkeit und damit für die Hoffnung auf Durchsetzbarkeit von Benefit-Sharing – die Beschränkung des Umfangs dessen, was zu DSI gerechnet wird, in Kauf. Oder sie laufen Gefahr – bei einem weiten Umfang dessen, was als DSI akzeptiert wird – die Aussicht auf Durchsetzbarkeit von Benefit-Sharing stark zu reduzieren.

Auch im Abschnitt 5.2 „*Schwerpunkthemen zur Klärung des Konzepts von DSI*“⁶⁴ wird immer wieder nahegelegt, den Umfang von DSI zu reduzieren. Dazu gehört

- 1.) die „Klärung“ der Frage, ob Makromoleküle und Stoffwechselprodukte unter DSI fallen,
- 2.) die Unterscheidung zwischen Daten und Information und
- 3.) die Fragen, ab welcher Länge einer Sequenz diese als Sequenz zu betrachten ist, ob nicht-kodierende DNA-Abschnitte, epigenetischen erblichen Faktoren und modifizierte DNA, RNA und Proteine einbegriffen sein sollen.

Im letzten Abschnitt 5.3 „*Themengruppen und Life-Science-Sektoren*“ präsentieren Houssen/Sara/Jaspars eine Tabelle mit einer Übersicht, welche Bereiche der Life-Sciences-Industrien auf welche der vier umfangverschiedenen Gruppen von DSI besonders angewiesen sind. Sie versuchen damit aufzuzeigen, dass in allen Wirtschaftsbereichen grundsätzlich auf alle Gruppen von DSI zurückgegriffen wird. Die Funktion dieser Argumentation erscheint unklar, denn jenseits dieser grundsätzlichen Zuordnung gibt es keine Aussagen über die gegenwärtige und sich abzeichnende ökonomische Bedeutung der Nutzung von DSI oder gar zu erwartende Summen im Rahmen eines fairen Benefit-Sharings. Die grundsätzliche Aussage über die Angewiesenheit auf DSI erscheint damit nur als schwacher Trost für eine mögliche Einschränkung von DSI auf bestimmte Arten von Information über genetische Ressourcen, durch die ein Beschränkung des Benefit-Sharings vorgenommen werden könnte.

3.1.6 Zusammenfassung und Bewertung:

Die ganze Diskussion darüber, was unter DSI einbegriffen wird und was nicht, ist im Rahmen von Aus-

handlungsprozessen zu verstehen, mit denen ein Kompromiss erzielt werden soll zwischen den Ländern, die über eine große biologische Vielfalt und dementsprechend vielfältige genetische Ressourcen verfügen, und den Ländern, die Industrieunternehmen und Forschungseinrichtungen beherbergen, die diese genetischen Ressourcen und die auf sie bezogenen Informationen gewerblich, wissenschaftlich oder militärisch nutzen wollen.

Schon bei der Zusammenstellung der Basis für die Formulierung der grundlegenden Regeln wird an vielen Stellen versucht, die Anwendbarkeit von Benefit-Sharing in Frage zu stellen. Unternehmen und militärische wie zivile Forschungseinrichtungen sind offensichtlich nicht gewillt, ein angemessenes Benefit-Sharing für die Einbringung von genetischen Ressourcen und diesbezüglicher digitaler Information zu gewähren. Die Ableitung verschiedener möglicher Umfangsbereiche von DSI bezüglich der genetischen Ressource dient dem Ziel, einen umfassenden Anspruch auf Benefit-Sharing zu verhindern, ebenso die Forderung nach einer Mindestlänge von Sequenzen, ab der für DSI bestimmte ABS-Regeln gelten sollten.

Verwundern muss die Verwendung der Metapher des „Flusses“ in einem Bereich, in dem wesentliche Merkmale eines Fließens fehlen. „Informationsfluss“ bedeutet üblicherweise die Weiterleitung konstanter Information von einem (physikalisch gleichbleibenden) Sender zu einem oder mehreren (ebenfalls physikalisch gleichbleibenden) Empfänger, nicht aber die geregelte Erzeugung bestimmter Substanzen. In diesem Teil der Studie werden jedoch die biologischen, chemischen und physikalischen Prozesse der Bildung von mRNA mittels DNA, der Aminosäure-Sequenzen mittels mRNA und der Einfaltung dieser Aminosäure-Sequenz zu Proteinen als „Informationsfluss“ bezeichnet, wobei etwa die Rückwirkung von Proteinen auf die Bildung von mRNA ausgeblendet wird.

Die Metapher des „Flusses“ suggeriert fälschlicherweise eine prinzipielle Gleichförmigkeit der fließenden Substanz, hier der Information, was dazu verleiten könnte, sich mit dem Benefit-Sharing für DSI an einer Stelle des falsch verstandenen Flusses zufrieden zu geben, während in Wirklichkeit die digitalen Informationen über die verschiedenartigen Substanzen von ökonomischer Bedeutung sind und ein Benefit-Sharing bezüglich all dieser Informationen angemessen wäre.

64 Houssen/Sara/Jaspars, Seite 44f.



Nahaufnahme der kryptobiotischen Kruste am Broken Mountain, Katmai National Park, Alaska | Foto: Katmai National Park and Preserve

3.2 Studienteil DSI in öffentlichen und privaten Datenbanken⁶⁵

Verschiedene staatliche, gemeinnützige und private Institutionen haben Datenbanken eingerichtet, in denen verschiedene Formen von Digitaler Sequenz-Information über genetische Ressourcen gespeichert sind. Diese Datenbanken sind per Internet erreichbar oder über andere elektronische Datenverbindungen, etwa Datenleitungen von Forschungseinrichtungen untereinander. So sind Daten potentiell global verfügbar.

3.2.1 Beschränkung auf NSD und INSDC

Dieser Studienteil schränkt dessen Untersuchungsgegenstand von Vorneherein doppelt ein, nämlich auf Nukleotid-Sequenzdaten (NSD), und dann auch nur auf solche, die in den Datenbanken der „International Nucleotide Sequence Database Collaboration“ (INSDC) abgelegt sind. Deren Kern stellen die GenBank (USA), das European Nucleotide Archive (UK) und die DNA Data Bank of Japan dar, die ihre Einträge täglich abgleichen⁶⁶. Begründet wird diese doppelte Beschränkung mit der knappen Zeit von nur drei Monaten und der Vielzahl existierender Datenbanken (mehr als 1.600)⁶⁷.

Gegenüber den Nukleotid-Sequenzdaten werden alle übrigen Kategorien von DSI, die in der AHTEG-Lis-

te⁶⁸ benannt werden, als „untergeordnete Information“ (*subsidiary information, SI*) abgewertet. Damit bleiben insbesondere Daten über Aminosäure-Sequenzen, Proteine und Stoffwechselprodukte außerhalb der Betrachtung. Angesichts der ökonomischen Bedeutung gerade der enzymatischen Proteine für die Biotechnologie und dem Wert der zugrundeliegenden Patente, ist diese Einengung des Untersuchungsgegenstandes bezüglich des Zieles eines angemessenen Benefit-Sharing fragwürdig.

In Sachen „Skopus von DSI“ folgt diese Studie über DSI in Datenbanken damit den Positionierungen der USA⁶⁹, Kanadas⁷⁰ und des deutschen Forschungskonsortiums⁷¹, die im Vorfeld der Erarbeitung der Studie eine Beschränkung von DSI-Regulierung auf Genetische Sequenzdaten (GSD) bzw. Nukleotid-Sequenzdaten (NSD) fordern.

Diese Beschränkung mit der knappen Zeitvorgabe zu rechtfertigen erscheint nicht tragfähig: Einerseits soll nicht genug Zeit gewesen sein, sich auch mit DSI zu Proteinen, also etwa Proteinsequenzen und Proteinstrukturen, zu beschäftigen und mit Datenbanken außerhalb des INSDC-Systems – andererseits war dann doch genug Zeit eine Vielzahl eher unerheblich erscheinender Statistiken zu erstellen oder sich ausführlich Gedanken zu zusätzlichen technischen Möglichkeiten der Nach-

65 Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/4 „Combined Study on Digital Sequence Information in Public and Private Databases and Traceability“.

66 Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/4, Absatz 7.

67 Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/4, Absatz 8.

68 Siehe Abschnitt „1. Das Nagoya-Protokoll: kaum auf die Schienen gesetzt, schon auf dem Abstellgleis?“, auf Seite 6.

69 Die Stellungnahme „U.S. Views and Information Regarding Digital Sequence Information on Genetic Resources“ vom 31.05.2019 plädiert für GSD, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/US-DSI.pdf>

70 Der „Canadian input to notification 2019-012“ vom 29.05.2019 plädiert für genetic/genomic sequenz data, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/Canada-DSI.pdf>, Seite 3f.

71 Das deutsche Forschungskonsortium schlägt eine Ersetzung durch „Nucleotide Sequence Data“ vor, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/DNFS-VBIO-LVB-DSI.pdf>

verfolgbarkeit wie Blockchain⁷² oder Data Mining⁷³ zu machen.

Hammond beurteilt für das TWN die Einschränkung auf NSD als schädlich hinsichtlich der Brauchbarkeit der Analyse und darauf aufbauenden Schlussfolgerungen des Papiers⁷⁴. Der verwendete Begriff der *subsidiary information* impliziere außerdem eine Hierarchie, was sich in der Entwurfsfassung der Studie in der Vermutung widerspiegele, diese Information sei „normalerweise abgeleitet“ (*usually derived*) gewonnen worden in einer Forschung, die unabhängig von den NSD betrieben werden könne. Entschiedener Widerspruch sei hier anzumelden: Denn die Forschung bezüglich (traditioneller) medizinischer Anwendung von Pflanzenbestandteilen könne zur Sequenzierung dieser Pflanzenbestandteile führen, nicht andersherum. In diesem Fall wären die Nukleotid-Sequenzdaten subsidiär gegenüber dem Protein.

Der Untersuchungsgegenstand wird in der Studie aber noch weiter eingengt auf die INSDC-Datenbanken. Die Analyse der Infrastruktur (d.h. die spezifische Aufbereitung der Daten, der Zugang zu ihnen und Zugriff auf sie sowie die Möglichkeit der Rückverfolgbarkeit) beruht im Wesentlichen sogar nur auf derjenigen Infrastruktur, die es in der US GenBank gibt. Diese Beschränkung ist umso erstaunlicher, als die USA nicht einmal Mitglied der CBD sind, für die diese Studie angefertigt wird. Außerdem bezieht sich ein erheblicher Anteil der gespeicherten Daten im INSDC wie auch der Zugriffe auf GenBank darauf auf menschliche NSD, die seit den Bonn Guidelines von 2002⁷⁵ von der CBD grundsätzlich ausgenommen sind. Die Vermischung von menschlichen NSD und den eigentlich zu betrachtenden NSD anderer Organismen schade der Aussagekraft aller folgenden Analysen, kritisiert Hammond⁷⁶ denn auch.

Während die drei im INSDC-System verbundenen Datenbanken durch den täglichen Abgleich den gleichen Datenbestand haben, unterscheiden sich die jeweiligen Zugriffe auf die verfügbaren Daten zwischen ihnen nach Art und Herkunft. Interessant für eine breite Darstellung des Feldes der Datenbanken wäre aber vor allem eine Untersuchung zu Datenbanken, die anders

als die INSDC-Datenbanken ihren Schwerpunkt gerade nicht bei NSD haben.

In ihrer Sichtung der öffentlich zugänglichen Datenbanken kommen Rohden/Scholz auf ein Total von 1778 Datenbanken, von denen 808 auf NSD fokussiert sind, das entspricht 45%⁷⁷. Demnach bleiben 970 Datenbanken, mit 55% mehr als die Hälfte von ihnen, bei der Sichtung außen vor. Darunter sind auch alle Datenbanken, die sich mit Proteinen befassen. Rohden/Scholz reduzieren dann weiter auf 38 Datenbanken, die sich mit nicht-menschlichen NSD befassen und überhaupt einen Upload erlauben. Diese alle operieren innerhalb des INSDC-Systems. Nur eine davon, die Datenbank der Universität Göttingen, gebe Nutzungsbedingungen bekannt.

Weitere biologischen Datenbanken außerhalb des INSDC-Systems böten Nutzer*innen entweder freien Zugang und Nutzung oder Nutzer*innen müssten sich per E-Mail registrieren, in keinem Fall sei das aber mit einer Begrenzung der Nutzung verbunden.

Hammond kommentierte für das TWN den Entwurf der Datenbank-Studie folgendermaßen: „Dies ist eine unzureichende Übersicht und Berücksichtigung der Zugriffs- und Nutzungsrichtlinien anderer Datenbanken. Sogar ein flüchtiger Blick auf Datenbanken, die DSI hosten, zeigt eine viel breitere Palette von Ansätzen als die hier diskutierten.“

Und weiter schreibt er: „Es sollte beachtet werden, dass Datenbanken, die andere Zugriffs- und Nutzungsrichtlinien als die INSDC-Datenbanken verwenden, im Bereich der öffentlichen Gesundheit von besonderer Bedeutung sind. Dazu gehören Datenbanken, die für die Reaktion auf Krankheiten von großer Bedeutung sind und ständig mit neuen Sequenzen aktualisiert werden müssen, die sofort auf der Ebene einzelner Nukleotide analysiert werden. Zu diesen Datenbanken mit detaillierten Geschäftsbedingungen gehören Datenbanken, die von Wissenschaftlern auf ihrem Gebiet bevorzugt verwendet werden.“⁷⁸

Diese Kritik an den erheblichen Einschränkungen der Aussagekraft des Studienentwurfes wurde bei der Erstellung der endgültigen Fassung der Datenbank-Studie nicht berücksichtigt, sie gilt somit auch ihr. Nachvoll-

72 Blockchain ist „eine kontinuierlich erweiterbare Liste von Datensätzen, ‘Blöcke’ genannt, die mittels kryptographischer Verfahren miteinander verkettet sind. ... Entscheidend ist, dass spätere Transaktionen auf früheren Transaktionen aufbauen und diese als richtig bestätigen, indem sie die Kenntnis der früheren Transaktionen beweisen. Damit wird es unmöglich gemacht, Existenz oder Inhalt der früheren Transaktionen zu manipulieren oder zu tilgen, ohne gleichzeitig alle späteren Transaktionen ebenfalls zu zerstören“, siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/Blockchain>

73 Data Mining bezeichnet „im wissenschaftlichen Kontext (...) primär die Extraktion von Wissen, das ‚gültig (im statistischen Sinne), bisher unbekannt und potentiell nützlich‘ ist ‚zur Bestimmung bestimmter Regelmäßigkeiten, Gesetzmäßigkeiten und verborgener Zusammenhänge‘“, siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/Data-Mining>

74 So das TWN zum Entwurf der Studie (siehe Anmerkung 7), siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/2019/Study2-3/TWN.pdf>

75 Secretariat of the Convention on Biological Diversity: *Bonn Guidelines on Access to Genetic Resources and Fair and Equitable Sharing of the Benefits Arising out of their Utilization*. Montreal 2002, Quelle: <https://www.cbd.int/doc/publications/cbd-bonn-gdls-en.pdf>

76 TWN, S. 2, zu S. 11, Z. 32-25, in <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/2019/Study2-3/TWN.pdf>

77 Vgl. Text und Grafik auf Seite 19 der „Combined Study“, Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/4.

78 Vgl. TWN zu 16,20ff., ebd.

ziehbar wird die Beschränkung auf das INSDC-System, wenn man es als das implizite Ziel der Studie unterstellt, einem Anspruch auf Benefit-Sharing möglichst entgegenzutreten und einen auch nur geringfügigen Verzicht auf Gewinnmöglichkeiten nach Möglichkeit zu verhindern, indem der CBD nahegelegt wird, sich an den Zugangsregeln und Geschäftsbedingungen zu orientieren, die für das INSDC-System gelten und dies für Benefit-Sharing bezüglich DSI zum Vorbild zu nehmen.

3.2.2 Zur Veröffentlichungspraxis und der Frage des „Open Access“

Die Studie beschreibt die Veröffentlichungspraxis des INSDC gemäß den „Bermuda Principles“, die für den Bereich der Genomforschung eine Umkehr der bis dahin üblichen Praxis vorsehen, der zufolge Wissenschaftler*innen erst ihre Analysen und Studien und danach die zugrundeliegenden Daten veröffentlichen⁷⁹. Diese Reihenfolge soll die Nachprüfung der Analysen ermöglichen, aber verhindern, dass die aufwendig gewonnenen Daten von anderen Wissenschaftler*innen vorab für ihre eigene Analyse verwendet und damit für die Erzeuger*innen teilweise entwertet werden. Mit der Vereinbarung von Fort Lauderdale aus dem Jahr 2003 wurden die *Bermuda Principles* auf alle Genomprojekte ausgeweitet. Diese drei Prinzipien von Bermuda, die für das Human Genome Project vereinbart worden waren, lauten:

- » Automatische Freigabe von Sequenz-Zusammensetzungen, die größer als 1 kb sind (vorzugsweise innerhalb von 24 Stunden);
- » Sofortige Veröffentlichung der fertig kommentierten Sequenzen;
- » Ziel ist es, die gesamte Sequenz für Forschung und Entwicklung öffentlich frei zugänglich zu machen, um den Nutzen für die Gesellschaft zu maximieren.⁸⁰

Die unkritische Darstellung der Bermuda-Prinzipien durch Rohden/Scholz scheint zu implizieren, dass diese Vorgehensweise des INSDC von der CBD übernommen werden sollte. Damit würde sich ein internationales Vertragswerk von Staaten über biologische Vielfalt einer privaten Übereinkunft von Gen-Forscher*innen anpassen und nicht etwa umgekehrt. Dies zeigt die

Neigung der Autor*innen der Studie, den Status Quo erhalten zu wollen⁸¹.

Gleichzeitig wurde in den während der 1990er Jahre entwickelten best-practice-Kodizes für Wissenschaftler*innen betont, wie wichtig es sei, dass die forschende Gemeinschaft *Open Access* zu den Daten hätte, damit die Ergebnisse wiederholt und bestätigt werden könnten.

Doch weder hier noch im Folgenden werden verschiedene Konzepte von *Open Access* und ihre Anwendbarkeit auf DSI diskutiert. Hammond hatte für das TWN zum Studienentwurf angemerkt, dass es verschiedene Konzeptualisierungen von *Open Access* gebe und verschiedene Implementierungen dieser Konzeptualisierungen in die Praxis, die durchaus mit „User Agreements“ arbeiten und Geschäftsbedingungen und Sperren vorsehen. Von daher sollte, so seine Forderung, den Begriff *Open Access* nicht verwendet werden ohne eine detailliertere Darstellung⁸² des Bedeutungsspektrums dieses Begriffes.

Auf diese Kritik geht die vorgelegte Studie nur im ersten Punkt ein und bezieht sich nun auf die *Open Access*-Definition der UNESCO⁸³, die auf den freien Zugang und die ungehinderte Nutzung von Wissen abzielt. Bei der UNESCO allerdings ist die Verwendung von Daten für die auf wissenschaftlicher Forschung aufbauende gewinnorientierte industrielle oder militärische Produktion von Substanzen überhaupt nicht im Blick. Es geht ihr vielmehr um kulturelle Werke, die möglichst allen Menschen barrierefrei zugänglich gemacht werden sollten.

Für Wissenschaftler*innen im Bereich der Biotechnologie wäre es eigentlich sehr viel naheliegender gewesen, die für wissenschaftliches Publizieren gefundene Definition von *Open Access* heranzuziehen: „Ziel von *Open Access* ist es, wissenschaftliche Literatur und wissenschaftliche Materialien für alle Nutzerinnen und Nutzer frei zugänglich zu machen: kostenlos und möglichst frei von technischen und rechtlichen Barrieren.“⁸⁴ Die Rechtfertigung für *Open Access*-Publikation besteht darin, dass „wissenschaftliche Publikationen als Ergebnisse der von der Öffentlichkeit geförderten Forschung dieser Öffentlichkeit wiederum kostenfrei zur Verfügung gestellt werden sollen“.⁸⁵ Dann allerdings wäre klar gewesen, dass der *Open Access*-Ansatz im wissenschaftlichen Bereich ursprünglich für die bestmögliche Verbreitung wissenschaftlicher Erkenntnisse sorgen sollte und eine private kommerzielle Ausnutzung öffentlich

79 Siehe Absatz 11 des Executive Summary, S. 2 und Abschnitt 3.1, „Brief history“, Seite 16.

80 Ebd.

81 Vgl. TWN zu 13,1-2, ebd.

82 Vgl. TWN zu 13,20, ebd.

83 Siehe <https://en.unesco.org/open-access/what-open-access>

84 Siehe <https://open-access.net/informationen-zu-open-access/was-bedeutet-open-access>, zuletzt abgerufen am 2.3.2020.

85 Siehe https://de.wikipedia.org/wiki/Open_Access, zuletzt abgerufen am 2.3.2020.

nanzierter Forschung gerade vermieden werden sollte, wie sie bei der unternehmenseigenen Forschung und Entwicklung für Anwendungen im Mittelpunkt steht.

Das Ansinnen der Studie von Rohden/Scholz, *Open Access* im Sinne der UNESCO-Definition für DSI festzuschreiben, zielt aber nicht darauf ab, die private kommerzielle Ausnutzung öffentlich finanzierter Tätigkeit zu vermeiden. Im Gegenteil würde durch grundsätzlichen *Open Access* bezüglich DSI die private kommerzielle Aneignung interessanter Eigenschaften von genetischen Ressourcen – aufbauend auf ihre wissenschaftliche Erforschung – ermöglicht, ohne auf ein Benefit-Sharing mit den indigenen Völkern, den lokalen und traditionellen Gemeinschaften und den Nationalstaaten zu verpflichten, die gemäß CBD die nationale Souveränität über ihre genetischen Ressourcen haben. Mit einem *Open Access* für jegliche DSI würden die der Sequenzierung vorausgehenden, meist subsistenzorientierten Tätigkeiten wie die Bewahrung und Sammlung von Erfahrungen und Wissen über die Effekte der Organismen, deren genetischen Ressourcen gefragt sind, vom Wissenschaftssystem bzw. von privaten Unternehmen unentgeltlich ausgenutzt werden können.

3.2.3 Private Datenbanken

Über private Datenbanken lässt sich nicht viel sagen, da sie *per definitionem* nicht öffentlich sind und nicht nur die Inhalte, sondern auch deren Umfang und mitunter sogar ihre Existenz nicht bekannt sind. Rohden/Scholz geben an, einige Experten-Interviews dazu geführt zu haben. In den Schlussfolgerungen ihrer Ausführungen zu privaten Datenbanken⁸⁶ betont die Studie, dass Unternehmen öffentlich verfügbare NSD aus dem INSDC-System nutzen und sie in ihre hauseigenen Datenbanken integrieren. Schaut man auf die Größe der Biotechnologie-Industrie, dürfte es tausende privater NSD-Datenbanken von sehr verschiedener Größe und Nutzung geben. Einige private NSD werde möglicherweise veröffentlicht, speziell bei einer Zusammenarbeit mit öffentlichen Einrichtungen.

Eine Rückverfolgung zur ursprünglichen genetischen Ressource könne für diejenigen NSD grundsätzlich funktionieren, die vom Unternehmen selber erzeugt wurde, aber nicht für alle NSD, die man aus öffentlichen Datenbanken erhalten hat⁸⁷. Diese Anmerkung

hält Hammond für hoch spekulativ: Erfolgreiche Rückverfolgung von NSD in privaten Datenbanken setze die Kooperation des Eigentümers voraus⁸⁸. Eine Kritik, auf die die Endfassung der Studie ebenfalls nicht eingeht.

3.2.4 Zusammenfassung der Kritik am Studienteil über Datenbanken

Eingestandenermaßen beschränkt sich die Studie auf Datenbanken zu Nukleotid-Sequenzdaten (NSD). Damit engt sie von vornherein den eigentlich möglichen weiten Umfang von Digitaler Sequenz-Information (DSI) zu genetischen Ressourcen auf NSD ein und beschränkt damit ihre eigene Aussagekraft. Sie wird damit nicht der möglichen Unterschiedlichkeit von Datenbanken zu den verschiedenen Formen digitaler Information zu genetischen Ressourcen gerecht und auch nicht dem politischen Ziel der Konvention über biologische Vielfalt, ein gerechtes und faires Verfahren zum Benefit-Sharing bezüglich digitaler Information über genetische Ressourcen zu entwickeln.

Ein anderer Weg, mit der engen Frist zur Erstellung der Studie umzugehen wäre der gewesen, aus Datenbanken zu verschiedenen Formen von DSI gemäß der AHTEG-Liste jeweils exemplarisch eine Datenbank auszuwählen und ihren Umgang mit DSI und den Problemen von *Open Access*, von Zugang und Vorteilsaufteilung (ABS), von Herkunftsangabe und -nachweis (*Disclosure of Origin, DoC*), von *prior informed consent* (PIC) der Lieferanten der genetischen Ressourcen und *mutually agreed terms* (MAT) der Weitergabe von DSI zu behandeln.

Die Aussagekraft der Studie hätte es zudem steigern können, wenn außerdem Datenbanken ausgewählt worden wären, die diese Fragen in verschiedener Art und Weise behandeln, und dies in Verhältnis gesetzt worden wäre zu den möglichen Anwendungen dieser DSI in Forschung und Entwicklung (F+E) sowie der Generierung von finanziellen Gewinnen oder sonstigen Vorteilen aus dieser F+E. Insbesondere das Verhältnis zur Benutzung von Ergebnissen der Forschung mittels verschiedener Formen von DSI bei der Patentierung wäre von Interesse gewesen, weil hierbei Informationen über genetische Ressourcen, die aus der Hoheit souveräner Staaten stammen, in geistiges Eigentum von Patentinhabern übergehen können.

86 Vgl. Combined study, S. 36-40.

87 Siehe „Backtracking to the original GR by the company itself works in general for NSD generated in-house, but not for all NSD obtained from the public databases“, Combined Study Seite 40.

88 Vgl. TWN zum Entwurf der Studie, S. 29,29-32 und zu S. 30,21f, ebd.



Biologische Bodenkruste, Saguaro National Park (RMD), Arizona | Foto: SonoranDesert NPS

3.3 Studienteil Untersuchung zur Rückverfolgbarkeit von DSI

In dem Kapitel über „Rückverfolgbarkeit von NSD“ gibt die Studie in Abschnitt 4.1. zunächst einen Überblick über den sogenannten „Fluss“ von NSD durch die „wissenschaftliche Landschaft“ (siehe Grafik 2) und schildert vor allem die Position des INSDC-System zwischen der Analyse von DNA/RNA-Sequenzen von genetischen Ressourcen, öffentlicher Forschung, arbeitsbezogenen Datenbanken, biologischen Datenbanken und wissenschaftlichen Publikationen.

Bei der Übermittlung von NSD handelt es sich um gezielte Übertragungen, um das Speichern von Information, das Anbieten dieser Information und das Abrufen von zur Verfügung gestellter Information. Diese Übermittlung vollzieht sich weder selbsttätig noch in einer orographischen Struktur wie etwa einem Gelände-relief. Dafür die Metapher eines „Flusses“ zu verwenden, erscheint wiederum unangemessen, wenn auch aus anderen Gründen als die in Abschnitt 3.1.2 kritisierte Verwendung dieser Metapher, wo es um die Biosynthese verschiedener Arten von Biomolekülen ging,

Das Fließen ist ein natürlicher Vorgang, den flüssige Substanzen in einer orographischen Struktur von selbst vollziehen. Die Metapher des „Flusses“ suggeriert hier, wo es um die Übermittlung von NSD geht, ein quasi-natürliches freies Hin- und Herbewegen von Information, das durch Bedingungen nur behindert werden könnte.

Der Abruf und die Übertragung von Information sind jedoch keineswegs natürliche Prozesse, sondern Ergebnisse absichtsvollen, gezielten und zweckbestimmten menschlichen Handelns. Diese Absichten, Ziele und Zwecke der handelnden Subjekte, die nicht

nur in gemeinnütziger Forschung, sondern auch in gewinnorientierter oder militärischer Verwertung der Information bestehen können, verschwinden wie von Zauberhand, indem die Informationsübertragung als natürlicher Prozess des Fließens metaphorisiert wird.

Die in der Studie eingeführte Metapher eines „Flusses“ von Information „durch die wissenschaftliche Landschaft“ muss als ideologische Verbrämung des intentionalen Handelns von Akteuren und Akteursgruppen zurückgewiesen werden. Auch wenn es bei der Datenübertragung automatisierte Prozesse geben mag: Da fließt nichts von selber.

3.3.1 Die Funktion der Zugangsnummern (Accession Numbers)

Beim Hochladen der NSD in das INSDC-System werden Zugangsnummern (Accession Numbers, AN) vergeben. Diese AN dienen zwei Zwecken gleichzeitig: sie ermöglichen einerseits eine Kette der Rückverfolgbarkeit und demonstrieren andererseits den Herausgebern wissenschaftlicher Journale, dass ein für die Nutzer*innen freier und unbeschränkter Zugang zur NSD gewährt wurde, oft als „Open Access“ bezeichnet. Ohne Zugangsnummer wird ein*e Wissenschaftler*in keine auf NSD basierenden wissenschaftlichen Ergebnisse veröffentlichen können. Wissenschaftliche Publikation von Forschungen zu NSD beruht also darauf, dass die Forscher*innen für die zugrundeliegenden Daten einen Open Access gewähren. Im Umkehrschluss heißt das:

Wissenschaftliche Publikation im Bereich NSD ist ohne die Gewährung von Open Access zu den Daten faktisch nicht möglich. Das arbeitet einem Benefit-Sharing mit vorheriger informierter Zustimmung (*prior informed consent, PIC*) und einvernehmlich vereinbarten Bedingungen (*mutually agreed terms, MAT*) zwischen Bereitsteller*innen von genetischen Ressourcen und Vermarktern von daraus entwickelten Waren stark entgegen.

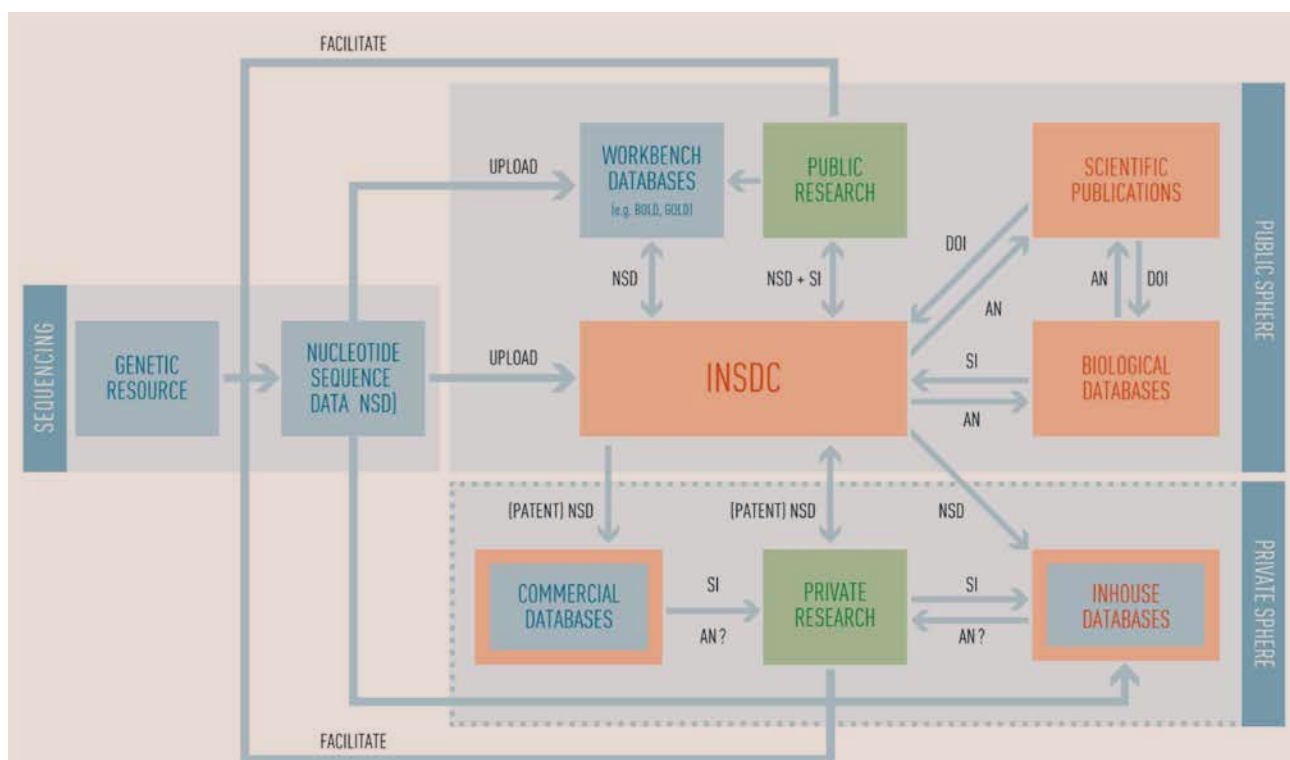
Die Zugangsnummern garantieren aber nun keineswegs die Rückverfolgbarkeit zur genetischen Ressource und ihrer Herkunft, sondern nur die Nachverfolgung im INSDC-System und die Verknüpfung mit anderen Forschungsergebnissen zu dieser NSD. Es gibt lediglich drei freiwillige Möglichkeiten, in Metadaten-Feldern Informationen abzulegen: „*bio_material*“, „*culture_collection*“ und „*specimen_voucher*“⁸⁹. Diese werden jedoch nur von einem geringen Anteil der NSD-Einträgen genutzt.

Für das Benefit-Sharing unter dem Nagoya-Protokoll wären Angaben zum PIC und/oder MAT relevant.

Über eine Dokumentation derartiger Vorgänge konnten die Autor*innen keine Hinweise im INSDC finden. Sie spekulieren über die Gründe dafür, doch das ist wenig stichhaltig. Relativ unaufwendig könnten PDF-Dokumente bezüglich PIC und MAT erstellt, ins Internet gestellt und in einer Datenbank verlinkt werden. Ebenso könnte ein verpflichtend auszufüllendes Metadatenfeld zu PIC/MAT in das Formblatt für Einreichungen zum INSDC integriert werden.

3.3.2 Die geografische Rückverfolgbarkeit

Im Abschnitt 4.2 wird die geografische Rückverfolgbarkeit betrachtet, d.h. um die Feststellung des Herkunftslandes von NSD. Die Angaben zur Länderherkunft der genetischen Ressourcen im INSDC sind freiwillig. Etwa mehr als 50% der Ländereinträge verweisen auf China, die USA, Kanada und Japan. Das mag – wie



Grafik 2 Übersetzung der Erläuterung zur Grafik: „Wie fließt NSD durch die Datenbanken, Benutzer und in die Forschung? Das INSDC ist die Kerninfrastruktur in der Bewegung von NSD. Orangefarbene Kästchen zeigen die Verwendung von Zugangsnummern (ANs) an, die vom INSDC generiert wurden. Blaue Kästchen zeigen entweder eine externe Analyse oder eine Analyse vor INSDC an. Grüne Kästchen stehen für Akteure / Sektoren, durch die Daten und Informationen fließen. Beachten Sie, dass sowohl öffentliche als auch private Forscher für die Erzeugung von NSD verantwortlich sind (Pfeile „erleichtern“). Kommerzielle Datenbanken, die NSD vom INSDC herunterladen, verwenden ANs. Wenn jedoch zusätzliche NSD oder SI hinzugefügt werden, ist dies nicht mit einem AN verbunden, daher das orange-blaue Farbschema. Doppelpfeile zeigen den bidirektionalen Datenfluss an und einköpfige Pfeile zeigen den unidirektionalen Datenfluss an. DOIs (hauptsächlich PubMed-IDs) werden vom Verlag für Veröffentlichungen bereitgestellt und sind mit NSD-Einträgen in öffentlichen Datenbanken verbunden.“ Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/4, Seite 41

89 Combined Study, Seite 43.

Rohden/Scholz vermuten – daran liegen, dass die Nutzerländer für ihre Forschungen eher heimische Proben von genetischen Ressourcen verwenden und dass die Vielfalt bei Mikroorganismen nicht den Vielfaltsmustern folgt, die die Diskussion in der CBD zwischen Anbieterländern und Nutzerländern bislang bestimmt haben; bisher hatte die Gruppe der gleichgesinnten Megadiversitätsländer (LMMC⁹⁰) in der CBD die Diskussionen um Benefit-Sharing und die Verabschiedung des Nagoya-Protokolls vorangetrieben.

Doch kann die festgestellte Verteilung der eingetragenen Herkunftsländer auch andere Gründe haben:

1. Es könnte sein, dass Herkunft von genetischen Ressourcen aus den Nutzerstaaten selber viel eher und ohne Bedenken in das INSDC-System eingetragen werden als Herkunft aus anderen Staaten, weil solche Herkunft Rückfragen an die Forscher*innen oder auch an die Forschungseinrichtungen nach PIC/MAT und Verpflichtungen zum Benefit-Sharing erzeugen könnten.
2. Ein weiterer Grund könnte darin liegen, dass das INSDC-System bezüglich der öffentlichen DSI-Datenbanken nicht repräsentativ ist, zusätzlich nicht für die Länderherkünfte derjenigen genetischen Ressourcen, an denen öffentliche Forschung betrieben wird.
3. Ferner könnte die Häufung dieser vier Staaten und die Unterrepräsentation anderer Staaten, vor allem der LMMC, darin ihre Ursache haben, dass ökonomisch lukrative Forschung an genetischen Ressourcen aus Megadiversitätsländern eher von privaten Unternehmen betrieben werden, die Ergebnisse eher in hauseigenen Datenbanken privat halten und überhaupt weder in das INSDC-System noch in andere öffentliche Datenbanken einspeisen werden.

Falsche Einträge zur Länderherkunft konnten Rohden/Scholz nicht feststellen⁹¹. Das ist jedoch nicht verwunderlich, da die Eintragung eben nicht verpflichtend ist und eine eventuellen Pflicht zum Benefit-Sharing bei der Benutzung einer genetischen Ressource relativ risikolos durch das Auslassen der Herkunftsangabe verschleiert werden kann.

Um zu testen, ob die Unterlassung von Herkunftsinformation auf „Vergesslichkeit“ oder auf „Verschleierung“ beruht, suchten die Autor*innen bei 282 zufälligen NSD-Einträgen im INSDC-System nach Herkunftsinformationen in begleitenden Publikationen. Zu 44% der Einträge waren solche Informationen zu

finden. Daraus leiten die Autor*innen die Hypothese ab, dass die Angaben nicht absichtlich, sondern aus Versehen weggelassen wurden⁹².

Hammond bringt für das TWN gegen diese von Rohden/Scholz auch schon im Entwurf der Studie formulierten Hypothesen vor, dass nach seiner persönlichen Erfahrung immer wieder Patente aufgetaucht sind, die den geografischen Ursprung eines beanspruchten Materials nicht identifizierten. Eine Täuschung könne nicht nur nicht ausgeschlossen werden, sondern scheine in der Tat wahrscheinlich zu sein. Wenn in der Studie in 56% der Fälle weder in den GenBank-Metadaten noch in den zugehörigen Publikationen ein Herkunftsland identifiziert werden könne, könne dies als potenzieller Hinweis auf eine Täuschung interpretiert werden. Da es eine vernünftige Grundlage für Meinungsverschiedenheiten über die Bedeutung des gemeldeten Ergebnisses gebe, solle dies in einer ausführlicheren Form auf neutrale Weise dargestellt werden und nicht nur als Grundlage für eine Hypothese, die angeblich geistesabwesende Einsender entlastet⁹³. Auf Hammonds Kritik und Verbesserungsvorschläge geht die Endfassung der Studie nicht ein.

Sehr deutlich zeigt sich der Effekt einer Verpflichtung zur Herkunftsangabe im Fall der Umweltproben („*environmental samples*“). Schon im Jahr 1998 wurde eine Herkunftsangabe möglich, 2011 wurde sie dann verpflichtend. Bis 2011 blieb der Anteil unter 5%, danach aber stieg er auf zuletzt 50% (im 1. Quartal 2019).

Eine verpflichtende Herkunftsangabe nicht nur bei INSDC-Einträgen, sondern gerade auch bei Patentanträgen könnte also eine enorme Wirkung dahingehend haben, dass Behörden und Öffentlichkeit zutreffend bezüglich der Herkunft von genetischen Ressourcen informiert sind und dadurch die Einhaltung von Verpflichtungen zu PIC und MAT besser oder überhaupt erst kontrollieren können.

3.3.3 Rückverfolgbarkeit von DSI bei Patentanmeldungen

Im INSDC-System stammen Rohden/Scholz zufolge 45 Millionen, und damit 20 Prozent aller NSD-Einträge in der GenBank von Patenten⁹⁴. Mitunter sind herkunftsbezogene Metadaten mit dabei; doch da das INSDC-System keine Herkunftsangabe verlangt, liegt es im Ermessen des Patentanmelders solche mitzutei-

90 Siehe z.B. https://www.environment.gov.za/likeminded_megadiversecountries_lmmc

91 Combined Study 2, Seite 53.

92 Vgl. Studie 2, ebd.

93 Vgl. TWN zur Studie 2, zur Stelle.

94 Siehe S. 54.

len. Das INSDC-System könnte hier derartige Informationen verlangen, unterlässt es aber bislang.

Die internationale Patentorganisation WIPO (World Intellectual Property Organization) koordiniert die Arbeit der nationalen Patentämter, bzw. des Europäischen Patentamtes, das für die meisten europäischen Staaten Patente erteilen kann. Auch WIPO verfolgt nicht die Anforderung, bei Patentanmeldungen verwendete genetische Ressourcen oder die DSI bezüglich dieser Ressourcen verpflichtend anzugeben. Immerhin veröffentlicht sie regelmäßig den aktuellen Stand der nationalen Erfordernisse in einer „Disclosure Requirements Table“⁹⁵. Keine „disclosure requirements“ sind dort beispielsweise verzeichnet für die Patentämter der USA, Japans und Australiens. Die Regeln der EU stellen Angaben zur Herkunft ins Ermessen des Anmelders; sie sind nur anzugeben, „wenn angemessen“ und „wenn bekannt“; damit sind Herkunftsangaben hier freiwillig. Klarere Verpflichtungen finden sich hingegen in den Patentgesetzen Chinas, Indiens, der Philippinen oder der Länder der Andengemeinschaft.

Ein eigenes Kapitel widmen Rohden/Scholz zusätzlichen technologischen Möglichkeiten für die Rückverfolgbarkeit⁹⁶. Hier stellt sich aber die Frage nach der Sinnhaftigkeit. Warum werden diese teils sehr energieaufwendigen Systeme (Blockchain) untersucht, wenn technologisch führende Staaten sich beharrlich weigern, auch nur die einfachste Form des Zusammenhangs zwischen Access- und Benefit-Sharing bezüglich genetischer Ressourcen und der diesbezüglichen DSI herzustellen, nämlich bei einer Patentanmeldung die Herkunftsangabe und Unterlagen über PIC und MAT verpflichtend zu machen? Während einfache Fragen nicht gestellt werden, bekommen die Leser*innen komplizierte Ausführungen über neuartige Techniken dargeboten.

3.3.4 Implikationen für künftige Diskussionen über DSI

Im letzten Abschnitt betonen Rohden/Scholz dann nochmals die Bedeutung des INSDC-Systems und die normative Kraft des Faktischen⁹⁷: „Das INSDC wird wahrscheinlich unabhängig von Entscheidungen innerhalb des CBD fortfahren. Wenn CBD-relevante NSD-Einreicher und Benutzer eines neuen Nicht-INSDC-Systems in eine alternative NSD-Datenbank außerhalb

des INSDC gezwungen würden, wären sie erheblich benachteiligt in Bezug auf wissenschaftliche Nutzung, wissenschaftliches Interesse, Funktionalität, Werkzeuge und der Fähigkeit zur Veröffentlichung, zur Zusammenarbeit und zum offenen Arbeiten. Darüber hinaus ist jedes neue System wahrscheinlich auch teuer.“⁹⁸

Außerdem relativieren sie die Bedeutung einzelner Informationen, indem sie die wesentliche Funktion dem Vergleich von NSD zuweisen: „Ohne Kontext und Vergleich mit anderen NSD sind einzelne Einträge oder kleine Mengen von NSD nur Buchstaben in einer Reihe – Millionen von A, C, G und T ohne Relevanz oder Orientierung“ und „NSD hat ohne Kontext und Vergleich wenig Wert. Die Wissensgenerierung durch NSD-Analyse erfolgt fast immer durch vergleichende, iterative Analyse, d.h. der Vergleich von Sequenzen in großen Mengen und die Anwendung von Erkenntnissen aus der wissenschaftlichen Forschung bauen kontinuierlich auf sich selbst auf.“⁹⁹ Diese Ausführungen können die Intention und die Wirkung haben, alle diejenigen Akteure zu entmutigen, die andere Regeln für den internationalen Austausch von DSI einführen wollen als diejenigen, die gegenwärtig im INSDC-System gelten.

Die Bezugsgröße von Rohden/Scholz ist allerdings der wissenschaftliche Sektor. Das wird deutlich, wenn sie schreiben: „Das wissenschaftliche Interesse an neu erzeugter NSD ergibt sich aus dem Vergleich mit der gesamten öffentlich bekannten NSD.“¹⁰⁰ Diese hierin offensichtlich werdende Selbstbezogenheit der mit DSI umgehenden Wissenschaft lässt die kommerzielle Verwertung der gewonnenen Erkenntnisse durch Unternehmen außer Acht. Hier kann – etwa bei Patentanmeldungen – sehr wohl ein einzelnes Basenpaar entscheidend für den gesuchten Effekt eines neuen Wirkstoffes und für die Patentierbarkeit und damit kommerzielle Ausnutzung sein.

Zwar erwähnt die Studie als einen Ausweg aus dem vorgebrachten Dilemma zwischen einer breiten Definition von DSI mit schwieriger Rückverfolgbarkeit und daraus folgenden hohen Verwaltungskosten, und einer engen Definition von DSI mit einfacherer Rückverfolgbarkeit bei möglicherweise ähnlich hohen Transaktionskosten wählen zu müssen: Die Etablierung eines multilateralen Systems mit einem generellen Bezahlmechanismus, abgekoppelt von der Benutzung spezifischer DSI, könnte eine Vereinfachung darstellen.

Leider geht die Studie jedoch nicht auf das kürzliche Scheitern der Verhandlungen im Verwaltungsrat

⁹⁵ Siehe https://www.wipo.int/export/sites/www/tk/en/documents/pdf/genetic_resources_disclosure.pdf

⁹⁶ „5. Additional technological options for traceability“, Seite 56-63.

⁹⁷ „6. Implications for future discussions on DSI“, Seite 63-67.

⁹⁸ Siehe S. 63.

⁹⁹ Ebd.

¹⁰⁰ Ebd.

des Internationalen Saatgutvertrages der FAO (Internationaler Vertrag über Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft, ITPGR) ein, bei dem es genau um die Erneuerung des dortigen Multilateralen Systems angesichts der Bedeutung von DSI für den Bereich der Pflanzenzüchtung ging¹⁰¹.

Auf die Bedeutung der dortigen Verhandlungen und auf das absehbare Scheitern hatten das African Centre for Biodiversity (ACB) und das TWN in zwei gemeinsamen Publikationen Ende des Jahres 2019 aufmerksam gemacht. Die Studie *„Crunch Time for the Seed Treaty“*¹⁰² fragte im Oktober 2019 im Untertitel *„Werden die Bemühungen, das kaputte Benefit-Sharing-System des Saatgut-Vertrages zu reparieren, den Erwartungen entsprechen?“* Und im November stellte die Studie *„Prudence versus Pressure at the Seed Treaty“*¹⁰³ im Untertitel die Frage *„Wird die entscheidende Notwendigkeit, Informationen über digitale Sequenzen zu berücksichtigen, die Bemühungen des Saatgut-Vertrags zur Reparatur seines Systems zum Benefit-Sharing zerstören?“*

Es erscheint wenig zielführend, im CBD-Prozess ein multilaterales System als Lösungsmöglichkeit für ein Benefit-Sharing zu DSI über genetische Ressourcen zu skizzieren, ohne die diesbezüglichen Schwierigkeiten in anderen Verhandlungsforen auch nur zu erwähnen.

3.3.5 Zusammenfassung der Kritik am Studienteil über Rückverfolgbarkeit

Dieser Studienteil beschränkt sich auf das INSDC-System und damit auf einen Teil der Datenbanken zu Nukleotid-Sequenzdaten (NSD). Damit engt auch dieser Teil von vornherein den eigentlich möglichen weiten Umfang von Digitaler Sequenz-Information (DSI) zu genetischen Ressourcen auf NSD ein und beschränkt

damit die Aussagekraft. Auch dieser Teil der Studie wird nicht der möglichen Unterschiedlichkeit von Datenbanken zu den verschiedenen Formen digitaler Information zu genetischen Ressourcen gerecht und dient nicht dem politischen Ziel, im Rahmen der Konvention über biologische Vielfalt ein gerechtes und faires Verfahren zum Benefit-Sharing bezüglich digitaler Information über genetische Ressourcen zu entwickeln.

Verwundern muss die Verwendung der Metapher des „Flusses“ in einem Bereich, in dem wesentliche Merkmale eines Fließens fehlen. Im dieser Teil der Studie wird als „Informationsfluss“ das Zurverfügungstellen, Senden und Abrufen von Sequenz-Daten zwischen verschiedenen Akteuren und deren Datenbanken bezeichnet. Dabei werden durch den naturalisierenden Begriff des selbsttätigen „Flusses“ die Absichten, Ziele und Zwecke derjenigen Akteure, die Informationen zur Verfügung stellen, senden, abrufen und verwenden, verdeckt.

Die Metapher des „Informationsflusses“ (*„Flow of Information“*) dient auch hier nicht der Veranschaulichung komplizierter Vorgänge, sondern eher der Ausblendung wichtiger Zusammenhänge und Fragestellungen.

Die starke Bezugnahme der Studie von Rohden/Scholz auf die gängige Praxis der Forschung und der Veröffentlichung von Forschungsergebnissen offenbart ein weiteres strukturelles Problem. Prinzipielle Interessenskonflikte bestehen ja nicht nur zwischen verschiedenen Forschungsgruppen die möglicherweise mit den *Bermuda Principles* und den Regeln von Fort Lauderdale bearbeitet werden sollten und beigelegt werden konnten. Diese Art von Konflikten mögen die Ersteller*innen der Studie im Blick gehabt haben, denn drei der vier führenden Autor*innen arbeiten für das Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH in Braunschweig¹⁰⁴.

Konflikte können jedoch nicht nur um das Prioritätsrecht zwischen konkurrierenden Forschungsgruppen

101 Siehe <https://enb.iisd.org/vol09/enb09740e.html>

102 Zu deutsch etwa: *„Es knirscht im Saatgutvertrag“* mit dem Untertitel: *„Will the effort to fix ITPGRFA's broken benefit sharing system measure up to expectations?“* siehe https://twm.my/title2/susagri/2019/sa774/Crunch_Time_for_the_Seed_Treaty_A_review_of_some_outstanding_issues_in_the_negotiation_Will_the_effort_to_fix_ITPGRFAs_broken_benefit_sharing_system_measure_up_to_expectations.pdf

103 Zu deutsch: *„Klugheit gegen Druck beim Saatgutvertrag“* mit dem Untertitel: *„Will the critical need to address digital sequence information break the Seed Treaty's effort to fix its benefit sharing system?“*, siehe https://twm.my/title2/susagri/2019/sa775/Prudence_versus_Pressure_at_the_Seed_Treaty.pdf

104 Siehe <https://leibniz-gemeinschaft.de/institute/leibniz-einrichtungen-alle-listen/leibniz-institut-dsmz-deutsche-sammlung-von-mikroorganismen-und-zellkulturen-gmbh.html>

An diese Stelle ist anzumerken, dass die Verquickung der Autor*innen der Studie mit Stakeholdern im CBD-Prozess durchaus problematisch erscheinen kann. Das Leibniz-Institut DSMZ, in dem drei der führenden Autor*innen der Studie beschäftigt sind, ist Mitglied im „Leibniz-Forschungsverbund ‚Biodiversität‘“ (vgl. die Liste der Mitglieder unter <https://leibniz-gemeinschaft.de/forschung/leibniz-forschungsverbuende/biodiversitaet.html>), das bei der CBD die gemeinsame Stellungnahme („Joint Submission“) *„Digital sequence information on genetic resources – concept and benefit-sharing“* eingereicht hat und darin vorschlägt, den Begriff DSI durch NSD zu ersetzen (Wörtlich heißt es in der Zusammenfassung: *„We suggest that a replacement term be used in discussions and negotiations–‘Nucleotide Sequence Data’ (NSD)“*, s. <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/DNFS-VBIO-LVB-DSI.pdf>). Diese angestrebte Ersetzung hat die vorgelegte Studie zu Datenbanken auf ihre Weise vorweggenommen. Zu den Unterzeichnenden der gemeinsamen Stellungnahme gehört außerdem das „Konsortium ‚Deutsche Naturwissenschaftliche Forschungssammlungen‘“, für deren ordentliches Mitglied „Botanischer Garten und Botanisches Museum Berlin (BGBM) der Freien Universität Berlin“ die vierte Hauptautorin der Studie tätig ist. Die Übereinstimmung in den Tendenzen zwischen dem Plädoyer der gemeinsamen Stellungnahme des Forschungsverbundes und der Tendenz der vorgelegten Studie ist frappierend.

bestehen, sondern es existieren innerhalb des Bereiches von wissenschaftlicher Forschung und Entwicklung weitere Interessens- und Zielkonflikte: Zwischen öffentlicher und privater, zwischen gemeinwohlorientierter und gewinnorientierter sowie zwischen ziviler und militärischer Forschung.

Grundlegende Interessenskonflikte, die in der CBD bearbeitet werden sollen, bestehen jedoch vor allem zwischen drei großen Gruppen. Erstens denjenigen, die Informationen über genetische Ressourcen zur Verfügung stellen (*provider*), was oftmals biodiversitätsreiche Staaten des globalen Südens, indigene Völker und traditionelle Gemeinschaften sind. Zweites gibt es die oben beschriebenen verschieden orientierten Forschungsgruppen. Und drittens die unterschiedlichen Nutzer der Forschungsergebnisse etwa in Unternehmen, in transnationalen Konzernen und in staatlichen Militärapparaten.

Die weitgehende Beschränkung der Studie auf die gängige Praxis in Forschung und Entwicklung blendet die berechtigten Interessen der *provider* aus und schaltet sie zu deren Nachteil tendenziell aus dem Diskurs aus. Ebenso lässt diese Fokussierung auf Forschung aber auch die Interessen der Abnehmer der

Forschungsergebnisse unsichtbar werden und entzieht sie damit tendenziell der Kritik. Dies ist jedoch eher zu ihrem Vorteil, wenn nämlich auf diese Weise die ökonomischen und militärischen Verwertungsinteressen nicht öffentlich diskutiert werden.

Um dem Ungleichgewicht des Einflusses von *providern* und Nutzern von Digitaler Sequenz-Information über Genetischer Ressourcen entgegenzuwirken, könnten zwei Verpflichtungen eingeführt werden. Beim Upload von DSI könnten Datenbanknutzer verpflichtet werden, eine klare belegbare Herkunftsangabe einzutragen und weitere daraus resultierende Unterlagen (PIC und MAT) vorzuhalten oder zur Verfügung zu stellen. Ebenso könnten Datenbanknutzer beim Download von DSI verpflichtet werden, bei der Veröffentlichung oder sonstigen Weitergabe ihrer Forschungsergebnisse die Bedingungen für die kommerzielle oder militärische Nutzung der Ergebnisse mit zu nennen.

Die Einengung des Fokus, die Verwendung unpassender Metaphern und die Betonung der normativen Kraft bestimmter faktisch herrschender Prinzipien, dies erscheint jedenfalls für eine gutachterliche Stellungnahme im CBD-Prozess zu DSI kaum angemessen zu sein.



Biologische Bodenkruste, Saguaro National Park (RMD), Arizona | Foto: SonoranDesert NPS

3.4 Studie zu inländischen Maßnahmen

Die Studie zu „inländischen Maßnahmen“, also von einzelstaatlichen Gesetzen oder Verordnungen zur Behandlung von DSI wurde von Margo Bagley, Elizabeth Karger, Manuel Ruiz Muller, Frederic Perron-Welch und Siva Thambisetty unter dem Titel *„Fact-finding Study on How Domestic Measures Address Benefit-sharing Arising from Commercial and Non-commercial Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources and Address the Use of Digital Sequence Information*

on Genetic Resources for Research and Development“ erstellt und am 29.01.2020 vom Sekretariat veröffentlicht.

Versteht man unter Biopiraterie die Aneignung und Ausbeutung genetischer Ressourcen des globalen Südens durch Konzerne im Norden, dann ist die Frage nach inländischen Maßnahmen zum Benefit-Sharing nicht unmittelbar von Bedeutung, da diese inländischen Maßnahmen derzeit vor allem in Ländern des Südens

etabliert sind und somit für die Tätigkeit von Institutionen und Unternehmen Relevanz haben, die dort beheimatet sind. Die Tabelle im Anhang A der Studie, betitelt mit „CBD/NP Jurisdictions with Domestic Measures on DSI and Benefit-sharing“ zeigt: Aus den OECD-Staaten ist einzig der „Biodiscovery act“ des australischen Bundesstaates Queensland angeführt, alle anderen dort aufgeführten Länder gehören zu den Staaten des globalen Südens. Aus der Gruppe der sechzehn „Like-Minded Megadiverse Countries (LMMC)“¹⁰⁵ sind dies die zehn Staaten Bolivien, Brasilien, China, Kolumbien, Costa Rica, Indien, Kenia, Malaysia, Peru und Südafrika, des weiteren Bhutan, Malawi, Mosambik, Namibia, Oman und Uganda.

Die Autor*innen stellen zur Ungleichverteilung der inländischen Gesetzgebung fest: *„Einige Länder, die den uneingeschränkten Zugang zu und die Nutzung von DSI für kommerzielle und nichtkommerzielle Forschung fördern möchten, entscheiden sich absichtlich dafür, keine nationalen Maßnahmen zu ergreifen, die den Zugang zu DSI regeln oder die Aufteilung der Vorteile aus dessen Nutzung erfordern. Das Fehlen von ABS-Verpflichtungen für DSI in diesen Ländern kann daher als absichtliche ‚Nichtmaßnahme‘ angesehen werden.“*¹⁰⁶

Später werden sie deutlicher: *„Die meisten Vertragsparteien des Übereinkommens und des Nagoya-Protokolls haben keine DSI-Maßnahmen. Einige Länder entscheiden sich absichtlich dafür, DSI bei Maßnahmen zur Aufteilung der Leistungen im Inland wegzulassen, weil sie nicht der Ansicht sind, dass dies in den Geltungsbereich des Übereinkommens und des Nagoya-Protokolls fällt, und / oder mangelnde Regulierung als Mittel zur Erleichterung des wissenschaftlichen Fortschritts durch offenen Zugang zu DSI ansehen. Solche Länder betrachten Open Access normalerweise als eine Form der nicht monetären Aufteilung der Vorteile.“*¹⁰⁷

Durch nationale Gesetze zum Benefit-Sharing verpflichtet werden müssten jedoch gerade die Konzerne des Nordens und andere dortige Patentinhaber bzw. Inhaber weiterer geistiger Eigentumsrechte, die sich auf genetische Ressourcen beziehen.

Würde alle DSI über genetische Ressourcen in Hinblick auf Access und Benefit-Sharing grundsätzlich wie physisch vorliegende genetische Ressourcen behandelt, weil es schließlich in dem einen wie dem anderen Fall um den Informationsgehalt dieser genetischen Ressourcen geht, dann könnte sich die Frage nach besonderen Regelungen für DSI über genetische Ressourcen ohnehin als hinfällig erweisen.

105 Wörtlich: „Gleichgesinnte Länder mit sehr hoher Biodiversität“, siehe https://www.environment.gov.za/likeminded_megadiversecountries_lmmc

106 Siehe Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/5, Seite 3, Absatz 10 (e), Quelle: <https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf>

107 Siehe Dokument CBD/DSI/AHTEG/2020/1/5, Seite 3, Absatz 16, Quelle: <https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf>



Trametes versicolor, Schmetterlings-Tramete | Foto: Joi Ito

4 Schlussfolgerungen zu den internationalen Diskursstrategien um Benefit-Sharing für digitale Information über genetische Ressourcen

Durch die immer weiter expandierenden Möglichkeiten der Synthetischen Biologie tritt die Verwendung physisch vorliegender genetischer Ressourcen zunehmend in den Hintergrund gegenüber der Nutzung Digitaler Sequenzinformation (DSI) über diese genetischen Ressourcen.

Die Souveränität der Nationalstaaten über die auf ihrem Territorium befindlichen genetischen Ressourcen droht untergraben zu werden, wenn die DSI zu diesen Ressourcen in öffentlichen oder privaten Datenbanken gespeichert ist und ohne Bedingungen – also ohne vorherige informierte Zustimmung der Herkunftsländer und -gemeinschaften (PIC), ohne einvernehmlich vereinbarte Bedingungen (MAT) und ohne Regeln für Zugang und Vorteilsaufteilung (ABS) – allen Nutzer*innen des Internet zur Verfügung steht.

Forschungsdaten bezüglich genetischer Ressourcen sind nicht einfach das Ergebnis nur der Arbeit von Forscher*innen, sondern diese genetischen Ressourcen und auch Informationen über sie sind oft Ergebnisse der jahrhundertelangen Arbeit und Teil des Lebens und der Subsistenz bäuerlicher, indigener oder traditioneller Gemeinschaften, vor allem in Ländern des globalen Südens. Die ohnehin nur schwachen Regelungen zu ABS bezüglich genetischer Ressourcen, die das Nagoya-Protokoll zugunsten der Länder festgelegt hat, die eine hohe und ökonomisch interessante Biodiversität

aufweisen, können über einen *Open Access* zu den DSI über diese genetischen Ressourcen leicht ausgehebelt werden.

1. Benefit-Sharing betrifft den Informationsgehalt der genetischen Ressourcen

Die Diskussion darüber, was mit Digitaler Sequenzinformation (DSI) eigentlich gemeint ist, lenkt davon ab, dass es immer um die Nutzung des Informationsinhaltes der genetischen Ressourcen geht. Alle neun DSI-Formen gemäß der AHTEG-Liste von 2018 könnten der Verpflichtung zum Benefit-Sharing unterstellt werden: Daten bezüglich der Nukleinsäure-Sequenzen wie Sequenz- und Strukturdaten von Proteinen und Metaboliten bis hin zu taxonomischen Daten und Informationen über die Modalitäten und Möglichkeiten der Nutzung.

2. Auch wissenschaftliche Nutzung ist Nutzung

Ein umfassendes Recht auf Benefit-Sharing bei der Nutzung von DSI zur Geltung zu bringen erfordert, einen solchen Begriff zur „Nutzung genetischer Ressourcen“

durchzusetzen, der auch die Nutzung bei der wissenschaftlichen Untersuchung und Erzeugung von Daten und Informationen über die genetischen Ressourcen umfasst.

3. Alle Datenbanken berücksichtigen

Für eine aussagekräftige Erhebung der Struktur und Zugangsweise zu Datenbanken müssten neben Datenbanken für Nukleinsäure-Sequenzdaten auch solche für Protein-Daten und Datenbanken für allen anderen in der AHTEG-Liste erfassten Bereiche zumindest stichprobenartig untersucht und verglichen werden. Eine Beschränkung auf die Betrachtung des INSDC-System ist nicht haltbar. Außerdem ist ein klares Bekenntnis dazu notwendig, dass es gegenwärtig keine belastbare Information zu privat gehaltener DSI gibt. Es müssten Wege gesucht werden, wie diese Wissenslücke geschlossen werden kann.

4. Verpflichtung von Datenbanknutzern auf Berücksichtigung der Herkunft

Alle Nutzer*innen von DSI aus Datenbanken, auch aus Datenbanken mit Open Access, könnten als Empfänger*innen von Information über genetische Ressourcen auf die Bedingungen eines Material-Transfer-Abkommens verpflichtet werden. Bei den Vorbereitungen zu einer kommerziellen oder militärischen Anwendung der DSI müsste die Verpflichtung eintreten, sich mit dem Herkunftsstaat in Verbindung zu setzen und ein Abkommen über Benefit-Sharing zu schließen und die vorherige informierte Zustimmung einzuholen, auch die Zustimmung etwaiger indigener Völker oder lokaler Gemeinschaften in diesen Staaten. Die Höhe des Benefit-Sharings könnte sich am Preis des Endproduktes orientieren.

5. Auf monetärem Benefit-Sharing bestehen

Der oftmals vorgebrachte Hinweis, dass der Open Access für DSI den Nutzer*innen in aller Welt und so auch in biodiversitätsreichen Staaten zugute komme, lenkt ab von monetärem Benefit-Sharing. Zudem kommt derartiger freier Zugang zu DSI nur den Wissenschaftler*innen oder den Unternehmen zugute, die damit etwas anfangen können. Große Teile der Bevölkerung bleiben bei dieser Art des Benefit-Sharing von den Vorteilen der Nutzung ihrer genetischen Ressourcen ausgeschlossen. Wenn denn Geld weltweit allgemeines

Tauschmittel ist, sollte es nicht den Herkunftsländern biologischer Vielfalt vorenthalten werden.

6. Klare Verpflichtungen für Patentanmelder einführen

Bei Patentanmeldungen sollte die Auskunft über die Herkunft gegebenenfalls verwendeter genetischer Ressourcen bzw. von deren Informationsgehalt verpflichtend gemacht werden, außerdem die Vorlage von PIC und MAT. Dass die OECD-Staaten dies verweigern, zeigt, dass sie die souveränen Rechte der biodiversitätsreichen Länder und ihrer Bevölkerungen über deren genetische Ressourcen und vor allem über deren Informationsgehalt gering achten.

7. Studien zu Interessensgebieten der biodiversitätsreichen Länder anfertigen

Im CBD-Prozess blieben von 2018 bis 2020 ausgerechnet diejenigen Fragen unerforscht, deren Beantwortung dem Interesse der Herkunftsländer genetischer Ressourcen an einer möglichst klar geregelten monetären Vorteils-Aufteilung dienen.

Folgende Themen müssten weiter verfolgt werden:

- a) die Ermittlung des Wertes von Digitaler Sequenzinformation (DSI),
- b) vorfindliche Verfahren der Vorteils-Aufteilung in anderen Bereichen (Musik, Film), darunter besonders im digitalen Raum, sowie Verfahren der Vorteils-Aufteilung bei geistigen Eigentum,
- c) verschiedene Instrumente zur Vorteils-Aufteilung im Zusammenhang mit DSI,
- d) Art und Weise, in der geistiges Eigentum für DSI (Patente, Züchterrechte o.ä.) geltend gemacht wird, welche Auswirkungen dies auf ABS hat und wie es überwacht werden kann.

8. Rolle der Fachwissenschaft im CBD-Prozess hinterfragen

Die Rolle von Fachwissenschaftler*innen der Biologie, Chemie, Medizin und verwandter Fächer als Ersteller*innen von Studien für den politischen Prozess in der CBD wäre zu problematisieren. Sie sind nicht in allen Fragen grundsätzlich neutrale Expert*innen ihres Fachgebietes. Verständlicherweise haben sie vielfach ein prinzipielles Interesse an möglichst wenig Restriktionen für die Forschung, auch wenn in ihrer aktuellen Position

keine direkten Interessenskonflikte bezüglich ihres Studiengegenstandes bestehen.

Das generelle Interesse von Fachwissenschaftler*innen an ungehinderter Forschung und Verwertung von DSI über genetische Ressourcen kann dem Interesse von biodiversitätsreichen Ländern und ihren indigenen Völkern und lokalen Gemeinschaften nach vorheriger informierter Zustimmung und nach einem gesetzlich und vertraglich geregelten Benefit-Sharing bei der Verwendung ihrer genetischen Ressourcen und ihres damit verbundenen traditionellen Wissens entgegen stehen. Dieser mögliche generelle Interessenskonflikt sollte thematisiert und bearbeitet werden.

9. Vorstellung von nichtkommerzieller Wissenschaft problematisieren

Die Unterscheidung von kommerzieller und nichtkommerzieller Wissenschaft ist zu problematisieren. Mitunter werden die Wissenschaftler*innen von den Universitäten, öffentlichen Forschungseinrichtungen oder von Drittmittelgebern darauf verpflichtet, kommerziell verwertbare Forschungsergebnisse als geistiges Eigentum rechtlich schützen zu lassen¹⁰⁸. Auch kommt es vor, dass Forschungs- und Entwicklungsarbeiten in Verbindung von öffentlichen Forschungseinrichtungen bzw. deren Wissenschaftlern und kleinen Unternehmen aus-

geführt werden, wobei letztere dann die kommerzielle Verwertung der Ergebnisse betreiben. Weiterhin ist unklar, wie mit militärischer Forschung in staatlichem Auftrag umgegangen werden soll. Dies ist bislang in den Diskussionen der CBD kaum berücksichtigt worden.

10. Forschung und Innovation problematisieren

Forschung, Entwicklung und Innovationen sind nicht *per se* gut. Die Ausdehnung von Forschungsaktivitäten dient nicht unbedingt dem Gemeinwohl. Neue Impfstoffe und Medikamente können Menschenleben retten; aber neue Produktionsverfahren etwa für Aromen, Duft- und Geschmacksstoffe, können die Lebensgrundlage der kleinbäuerlichen Bevölkerung zerstören, die die bislang zur Gewinnung der natürlichen Aromen nötigen Pflanzen anbauen.

Umfangreiche Innovationsoffensiven können sogar auf die »schöpferische Zerstörung« (Schumpeter) von Gesellschaften zielen, denn Innovationen haben immer auch das Potential, hergebrachte Lebenszusammenhänge zu zerstören und Menschen ins Elend zu stürzen. Wegen dieser möglicherweise gesellschaftlich verheerenden Folgen ist über die Förderung von Forschung, ist über Entwicklung und Innovationen in einem partizipativen und demokratischen Prozess zu entscheiden.

108 Der TransferAllianz e.V. beispielsweise „vereint Hochschulen, Universitäten, außeruniversitäre Forschungseinrichtungen, Patentverwertungsagenturen und weitere Transferdienstleister zu einem bundesweiten, wachsenden Netzwerk“, siehe <https://www.transferallianz.de>. Drei große deutsche Forschungsverbünde haben eine starke Ausrichtung auf Verwertung der Forschungsergebnisse, Helmholtz, Max Planck und Leibniz: „Auftrag der Helmholtz-Gemeinschaft ist es, durch die Verbindung von Forschung und Technologieentwicklung mit innovativen Anwendungs- und Vorsorgeperspektiven zur Gestaltung der Zukunft und des Wirtschaftsstandorts Deutschland beizutragen. Dazu gehört auch der permanente Austausch mit der Industrie in allen Phasen von Forschung und Wissensproduktion“, siehe <https://www.foerderinfo.bund.de/de/wissens-und-technologietransfer-1036.php> „Max-Planck-Innovation berät und unterstützt Wissenschaftler der Max-Planck-Gesellschaft bei der Bewertung von Erfindungen und der Anmeldung von Patenten. Wir vermarkten Patente und Technologien an die Industrie.“ (ebd.) Zu „Leibniz-Transfer“ heißt es: „Die Transferangebote ... reichen ... bis hin zu Technologien, Patenten und Infrastrukturangeboten.“ (ebd.) Speziell im Gebiet der Bioökonomie gehört etwa in der Neufassung der Förderrichtlinie Ideenwettbewerb „Neue Produkte für die Bioökonomie“ in der „Sondierungsphase“ zu den Kriterien für Ideenbewertung die „Glaubwürdigkeit der aufgezeigten Verwertungsperspektive“ und in der „Machbarkeitsphase“ dann „Konkurrenzsituation und Alleinstellungsmerkmal“, „Patentrecherche und Patentstrategie“ sowie „Verwertungsperspektive: Wer soll das Produkt herstellen, verkaufen bzw. kaufen?“

Glossar

ABS	Zugang und Vorteils-Aufteilung (englisch: Access and Benefit-Sharing, in amtlichen deutschen Übersetzungen wird Benefit-Sharing oft sprachlich unzutreffend mit: „Vorteilsausgleich“ wiedergegeben)
AHTEG	Ad-hoc-Expertengruppe für technische Fragen (Ad Hoc Technical Expert Group)
CBD	Übereinkommen über die biologische Vielfalt oder Biodiversitätskonvention (englisch: Convention on Biological Diversity) Internationales Umweltabkommen von 1992/93, mit 196 Mitgliedern, von den USA nicht ratifiziert ¹⁰⁹ , mit Sitz in Montreal
COP	Konferenz der Mitgliedsstaaten (Conference of the Parties)
CRISPR/Cas	Gruppierte kurze palindromische Wiederholungen mit regelmäßigen Abständen (englisch Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) und CRISPR-assoziiertem Protein (Cas). Eine molekularbiologische Methode, um DNA relativ gezielt zu schneiden und zu verändern. Dabei können auch Nukleotide in einem Gen können geändert werden.
DNA	Desoxyribonukleinsäure (Deoxyribonucleic acid) ist eine Nukleinsäure, die sich als Polynukleotid aus einer Kette von vielen Nukleotiden zusammensetzt. Das Biomolekül befindet sich in den Chromosomen der Zellen von Lebewesen und ist dort und bei vielen Viren Träger der Erbinformation, d.h. die physische Basis der Gene. DNA hat im Normalzustand die Form einer Doppelhelix. Sie besteht aus vier verschiedene Nukleotide; diese wiederum bestehen jeweils aus einem Phosphatrest, Desoxyribose (einem Zucker) und einer der Basen Adenin, Thymin, Guanin und Cytosin.
DSI (DSI-GR)	Digitale Sequenz-Information (zu genetischen Ressourcen): Begriff der internationalen politischen Diskussion. Er wird verwendet, weil im Rahmen der synthetischen Biologie zur Nutzung der Informationen, die sich zu genetischen Ressourcen erheben lassen, nicht mehr der Transfer der Ressource selber notwendig ist, sondern der digitale Transfer der über die Ressource erhobenen Informationen in vielen Fällen ausreichend ist, etwa um gentechnisch veränderte Organismen zu erzeugen.
GVO/GMO	Gentechnisch veränderten Organismen / genetically modified organism: Organismen, deren Erbanlagen mittels gentechnischer Methoden gezielt verändert wurden.
INSDC	Internationale Nukleotidsequenz-Datenbank-Zusammenarbeit (International Nucleotide Sequence Database Collaboration), entstanden 1992. Die INSDC stimmt die Inhalte des European Nucleotide Archives (ENA) des Europäischen Bioinformatik-Institutes (EBI), der GenBank der USA und der „DNA Data Bank of Japan“ (DDBJ) aufeinander ab und koordiniert ihre Pflege. Die Inhalte der drei großen Datenbanken werden täglich synchronisiert.
LMMC	Gleichgesinnten biodiversitätsreiche Länder (Like-Minded Megadiverse Countries)
MAB	Monoklonale Antikörper (englisch: Monoclonal-AntiBodies) sind immunologisch, d.h. in der körperlichen Abwehr von Krankheitserregern (wie Bakterien, Viren und Pilzen sowie anderen körperfremden Stoffen) aktive Proteine
MTA	Material-Transfer-Abkommen
NSD	Nukleotid-Sequenzdaten
NP	Nagoya-Protokoll (englisch Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from Their Utilization): ein internationales Umweltabkommen der Biodiversitätskonvention zur Umsetzung der Ziele der CBD, gegründet 2010 und in Kraft getreten 2014. Das NP gibt einen völkerrechtlichen Rahmen für den Zugang zu genetischen Ressourcen und für die faire und gerechte Aufteilung der Vorteile, die aus deren Nutzung entstehen.
OECD	Organisation für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (Organisation for Economic Co-operation and Development) mit 36 Mitgliedsstaaten in Nordamerika und Europa, dazu Israel, Südkorea und Japan mit Hauptsitz in Paris
PGRFA	Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (englisch: Plant Genetic Resources for Food and Agriculture), eine spezielle Teilmenge der GRFA.

¹⁰⁹ <https://www.cbd.int/information/parties.shtml>

PIC	Vorherige informierte Zustimmung (englisch: Prior Informed Consent)
MAT	Einvernehmlich vereinbarte Bedingungen (englisch: Mutually Agreed Terms)
Proteine	Eiweiße, bestehend aus Aminosäuren
RNA:	Ribonukleinsäure (englisch ribonucleic acid), die sich als Polynukleotid aus einer Kette von vielen Nukleotiden zusammensetzt. Bei bestimmten Virentypen ist RNA Träger der Erbinformation. Eine bedeutende Form der RNA ist die mRNA, Boten-RNA (englisch messenger RNA). Sie kopiert die Information, die auf der DNA liegt und trägt sie zum Ribosom, wo mit Hilfe dieser Information die Biosynthese von Proteinen stattfinden kann. Daneben gibt es mehr als zwölf weitere Klassen von nichtcodierenden Ribonukleinsäuren.
SBSTTA	Wissenschaftlicher Beirat der CBD (englisch: Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice)
TWN	Third World Network: Netzwerk um die Kooperation zwischen Entwicklungs- und Umweltgruppen im globalen Süden zu stärken. Gegründet 1994 in Penang (Malaysia) mit Sitz dort.

Literaturverzeichnis:

Monographien, Stellungnahmen und Aufsätze:

- BUKO-Kampagne gegen Biopiraterie (Christiane Gerstetter, Jutta Sundermann, Gregor Kaiser, Andreas Riekeberg): Grüne Beute. Biopiraterie und Widerstand, Frankfurt 2005.
- Crunch Time for the Seed Treaty. Will the effort to fix ITPGRFA's broken benefit sharing system measure up to expectations?, hg. v. African Centre for Biodiversity (ACB) und Third World Network (TWN) 2019, Quelle: https://twm.my/title2/susagri/2019/sa774/Crunch_Time_for_the_Seed_Treaty_A_review_of_some_outstanding_issues_in_the_negotiation_Will_the_effort_to_fix_ITPGRFAs_broken_benefit_sharing_system_measure_up_to_expectations.pdf
- Eibl, Karl: Kultur als Zwischenwelt. Eine evolutionsbiologische Perspektive, Berlin 2009.
- Hammond, Edward: Sequence Data and Benefit Sharing: DivSeek's Pitfalls Show Need for Appropriate Policy, Penang 2017, online: <https://www.twm.my/title2/series/bkr/pdf/bkr005.pdf>
- Prudence versus Pressure at the Seed Treaty. Will the critical need to address digital sequence information break the Seed Treaty's effort to fix its benefit sharing system?", hg. v. African Centre for Biodiversity (ACB) und Third World Network (TWN) 2019, Quelle: https://twm.my/title2/susagri/2019/sa775/Prudence_versus_Pressure_at_the_Seed_Treaty.pdf
- Riekeberg, Andreas: „Biopiraterie 2.0? Digitale Sequenz-Information (DSI) und ihr Potential für neue Formen der Biopiraterie“, hg. v. FDCL, Berlin 2019.
- Vohland, Katrin; Schliep, Rainer; Geschke, Jonas: NeFo-Faktenblatt zur Vorbereitung auf SBSTTA-22 im Juli 2018.
- Yu, Wen-Bin; Guang-da Tang, Li Zhang und R. T. Corlett: „Decoding the evolution and transmissions of the novel pneumonia coronavirus (SARS-CoV-2) using the whole genomic data“, Quelle: https://www.researchgate.net/publication/339351990_Decoding_the_evolution_and_transmissions_of_the_novel_pneumonia_coronavirus_SARS-CoV-2_using_the_whole_genomic_data

Dokumente internationaler Organisationen und ihrer Verhandlungsprozesse:

Konvention über die biologische Vielfalt / Convention on Biological Diversity (CBD)

- Secretariat of the Convention on Biological Diversity: Bonn Guidelines on Access to Genetic Resources and Fair and Equitable Sharing of the Benefits Arising out of their Utilization. Montreal 2002, Quelle: <https://www.cbd.int/doc/publications/cbd-bonn-guids-en.pdf>
- CBD/SBSTTA/22/ https://www.cbd.int/doc/c/704c/70ac/010ad8a5e69380925c38b1a4/sbstta-22-02-en.pdf
- CBD/SBSTTA/22/INF/4 (Empfehlung des CBD-Beirates zur wissenschaftlichen, technischen und technologischen Beratung, SBSTTA) <https://www.cbd.int/doc/c/f99e/e90a/71f19b77945c76423f1da805/dsi-ahteg-2018-01-04-en.pdf>
- CBD/DSI/AHTEG/2018/1/4 „Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources, englische Version online: <https://www.cbd.int/doc/c/4f53/a660/20273cadac313787b058a7b6/dsi-ahteg-2018-01-04-en.pdf>
- CBD/SBSTTA/22/INF/2 „Synthesis of views and information on the potential implications of the use of digital sequence information on genetic resources for the three objectives of the Convention and the objective of the Nagoya Protocol“, englisch online unter <https://www.cbd.int/doc/c/49c9/06a7/0127fe7b-c6f3bc5a8073a286/dsi-ahteg-2018-01-02-en.pdf>
- CBD/SBSTTA/22/INF/4 „Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources“, englische Version online: <https://www.cbd.int/doc/c/f99e/e90a/71f19b77945c76423f1da805/dsi-ahteg-2018-01-04-en.pdf>
- CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2 „Synthesis of views and information on the potential implications of the use of digital sequence information on genetic resources for the three objectives of the Convention and the objective of the Nagoya Protocol“, englische Version online: <https://www.cbd.int/doc/c/49c9/06a7/0127fe7b-c6f3bc5a8073a286/dsi-ahteg-2018-01-02-en.pdf>
- CBD/COP/DEC/14/20 (Entscheidung Nr. 20 der 14. Vertragsstaaten-Konferenz 2018), „Digital sequence information on genetic resources“ englische Version unter <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-20-en.pdf>

CBD/COP/DEC/14/34 (Entscheidung Nr. 34 der 14. Vertragsstaaten-Konferenz 2018), „Comprehensive and participatory process for the preparation of the post-2020 global biodiversity framework“ englische Version unter <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-34-en.pdf>

CBD/DSI/AHTEG/2020/1/3: „Digital sequence information on genetic resources: concept, scope and current use“, enthält die Studie von Houssen/Sara/Jaspars, englisch unter <https://www.cbd.int/doc/c/fe9/2f90/70f037ccc5da885dfb293e88/dsi-ahteg-2020-01-03-en.pdf>

CBD/DSI/AHTEG/2020/1/4: „Combined study on digital sequence information in public and private databases and traceability“, enthält die Studie

von Rohden/Huang/Dröge/Scholz, englisch unter <https://www.cbd.int/doc/c/1f8f/d793/57cb-114ca40cb6468f479584/dsi-ahteg-2020-01-04-en.pdf>

CBD/DSI/AHTEG/2020/1/5: „Fact-finding Study on How Domestic Measures Address Benefit-sharing Arising from Commercial and Non-commercial Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources and Address the Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources for Research and Development“, enthält die Studie von Bagley et.al., englisch unter <https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af-50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf>

Gutachterliche Stellungnahmen:

2018

Laird, Sarah A.; Rachel P, Wynberg: Fact-Finding and Scoping Study on Digital Sequence Information on Genetic Resources in the Context of the Convention on Biological Diversity and the Nagoya Protocol, 2018, auf Englisch online: <https://www.cbd.int/doc/c/e95a/4ddd/4baea2ec772be28edcd10358/dsi-ahteg-2018-01-03-en.pdf>

Concept, Scope and Current Use“, <https://www.cbd.int/doc/c/fe9/2f90/70f037ccc5da885dfb293e88/dsi-ahteg-2020-01-03-en.pdf>

Entwurf dazu: https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/Study1_concept_scope.pdf

Rohden, Fabian; Sixing Huang; Gabriele Dröge; Amber Hartman Scholz: „Combined study on DSI in public and private databases and DSI traceability“, <https://www.cbd.int/doc/c/1f8f/d793/57cb-114ca40cb6468f479584/dsi-ahteg-2020-01-04-en.pdf>

Entwurf dazu: <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/Study-Traceability-databases.pdf>

Stellungnahmen zu Digitaler Sequenz-Information zu genetischen Ressourcen im Rahmen der sitzungsübergreifende Periode 2019/2020

(Submissions of views and information on Digital Sequence Information on Genetic Resources – 2019-2020 inter-sessional period)

Verzeichnis unter <https://www.cbd.int/dsi-gr/2019-2020/submissions/>

2020

Bagley, Margo; Elizabeth Karger; Manuel Ruiz Muller; Frederic Perron-Welch; Siva Thambisetty: „Fact-finding Study on How Domestic Measures Address Benefit-sharing Arising from Commercial and Non-commercial Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources and Address the Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources for Research and Development“, <https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af-50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf>

Houssen, Wael; Rodrigo Sara; Marcel Jaspars: „Digital Sequence Information on Genetic Resources:

Weitere Akteure:

Deutsches Forschungskonsortium aus Deutsche Naturwissenschaftliche Forschungssammlungen (DNFS), Verband Biowissenschaften, Biologie und Biomedizin in Deutschland (VBIO e. V.) und Leibniz-Verbund Biodiversität (LVB): <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/DNFS-VBIO-LVB-DSI.pdf>

International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC): <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/INSDC-DSI.pdf>

Third World Network: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/TWN-DSI.pdf>

Third World Network, Stellungnahme zum Entwurf für Studie 1: <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/2019/Study1/TWN.pdf>

Third World Network, Stellungnahme zum Entwurf für Studie 2/3: <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/2019/Study2-3/TWN.pdf>

Relevante Entscheidungen und Dokumente zu Digitaler Sequenz-Information zu genetischen Ressourcen Verzeichnis unter <https://www.cbd.int/dsi-gr/decisions.shtml>

Bildnachweise

Begleitend zum Text zeigen wir Fotos von Biologischen Bodenkrusten (auch: „*kryptobiotische Krusten*“), die zu den eher unbekannten Ökosystemen gehören. Bei diesen Mikroökosystemen verbinden Bodenorganismen wie Cyanobakterien, Bodenalgae, Myzel mit ihren Aktivitäten und Produkten die anorganischen Bodenpartikel und stabilisieren sie dadurch. Diese lebenden Krusten überziehen die Bodenoberfläche als zusammenhängende Schicht auf der Bodenoberfläche und in den obersten Millimetern des Bodens. Sie lockern den Boden mechanisch durch absterbende Zellfäden und durch Bodentiere, die mit den Bodenkrusten assoziiert sind. Dadurch fördern sie die Versickerungsfähigkeit und stabilisieren außerdem die Böden gegenüber Erosion. Außerdem fangen sie vom Wind transportierten Staub ab. Solche Krusten gehören wohl zu den allerersten Ökosystemen auf dem Festland.

Jedoch sind Biologischen Bodenkrusten extrem anfällig für mechanischen Zerstörungen durch menschliche Aktivitäten wie Fußtritte, Geländefahrzeuge und Panzerketten¹¹⁰, aber auch den Eintrag invasiver Arten. Werden die Krusten zerstört, steigen insbesondere in Wüstengebieten der Oberflächenabfluss von Regenwasser und die Winderosion an.

Foto 1 (Umschlag): Biologische Bodenkruste in Seeds-kadee, an der Basis von „Wyoming Big Sagebrush“.

Unreife Bodenkrusten sind im Allgemeinen flach und haben die Farbe des Bodens, was es schwierig macht, sie von nacktem Boden zu unterscheiden. Im Gegensatz dazu sind reife Krusten aufgrund des Vorhandenseins von Flechten, Moosen und der hohen Dichte von Cyanobakterien und anderen Organismen normalerweise holprig und dunkel gefärbt.

Foto: Tom Koerner/USFWS

Quelle: Biological soil crust at base of Wyoming big sagebrush Seedskadee NWR

Urheber: USFWS Mountain-Prairie

Foto 2: Bodenkrusten in der Lieberoser Wüste.

Die Lieberoser Wüste in der Lieberoser Heide im Landkreis Dahme-Spreewald. Die rund 5 Quadratkilometer große Panzerwüste ist durch die militärische Nutzung auf dem ehemaligen sowjetischen Truppenübungsplatz Lieberose entstanden. Seit 1999 ist die Wüste Teil des Naturschutzgebietes

Lieberoser Endmoräne. An vielen Stellen der Wüste gibt es noch fast blanke Sandflächen.

Urheber: J.-H. Janßen

Foto 3: Kryptobiotische Bodenkruste im Natural Bridges National Monument in der Nähe von Sipapu
Urheber: Nihonjoe (CC-by-SA 3.0 Unported and GFDL)

Foto 4: Biologische Bodenkrusten in der Nähe der Butler Wash Ruins

Urheber: Steven Baltakatei Sandoval

Foto 5: Nahaufnahme der kryptobiotischen Kruste und der Schluchten auf der Südostseite von Broken Mountain, Katmai National Park and Preserve, Alaska
Urheber: Katmai National Park and Preserve
Quelle: Close up view of cryptobiotic crust and gullies on the southeast side of Broken Mountain_5_08172013

Fotos 6 und 7: Biologische Bodenkruste, Saguaro National Park (RMD), Arizona
Urheber: SonoranDesert NPS from Tucson, Arizona
Quelle Foto 6: DSCN0594
Quelle Foto 7: DSCN0597

Foto 8: *Trametes versicolor*, Schmetterlings-Tramete
Diese Pilzart, auch bekannt als Bunte Tramete oder Schmetterlingsporling (weitere lateinische Bezeichnungen: *Coriolus versicolor* oder *Polyporus versicolor*), ist eine häufige holzbewohnende Pilzart aus der Familie der Stielporlingsverwandten. Dieser Pilz, in China als Yun Zhi [] bekannt, wird in der traditionellen chinesischen Medizin verwendet¹¹¹. Er soll das Immunsystem stärken und krebshemmende Eigenschaften haben. Es wird angenommen, dass seine Polysaccharide die wirksamen Bestandteile sind.

Urheber: Joi Ito

Quelle: <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:TrametesversicolorJ11.jpg>

¹¹⁰ Vgl. https://en.wikipedia.org/wiki/Biological_soil_crust#Human_impacts_and_management

¹¹¹ Vgl. https://en.wikipedia.org/wiki/Trametes_versicolor und <https://de.wikipedia.org/wiki/Schmetterlings-Tramete>

Weitere Informationen und Publikationen des Forschungs- und Dokumentationszentrums Chile-Lateinamerika e. V.

im Internet unter: www.fdcl.org





Herausgeben von:

Forschungs- und Dokumentationszentrum Chile-Lateinamerika e. V. – FDCL

Gneisenaustraße 2a, D-10961 Berlin, Germany

Fon: +49 30 693 40 29 / Fax: +49 30 692 65 90

E-Mail: info@fdcl.org / Internet: www.fdcl.org

Kaperbriefe für Biopiraterie 2.0

Worauf zielen die Studien über Digitale Sequenz-Information (DSI) im Vorfeld der 15. Vertragsstaatenkonferenz der Biodiversitätskonvention?

Andreas Riekeberg | FDCL | Berlin, April 2020 | ISBN: 978-3-92302-91-1