

Biopiraterie 2.0?

Digitale Sequenz-Information (DSI) und ihr Potential
für neue Formen der Biopiraterie

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), Stig Tanzmann (Brot für die Welt), Jutta Sundermann (aktion agrar)

Titelbild: Korallenvielfalt am Flynn-Riff; Tony Hudson (BY-SA 3.0)

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

Warum diese Studie?	4
Auftakt: Ein Fall von Biopiraterie 2.0	5
1 Der Streit um „Digitale Sequenz-Information (DSI)“ und der Kampf gegen Biopiraterie 2.0	7
1.1 Was ist Biopiraterie?	7
1.2 Worum geht es bei Digitaler Sequenz-Information (DSI)?	8
1.3 Möglicher Umfang von Digitaler Sequenz-Information (DSI)	9
1.4 Der Aufstieg der Synthetischen Biologie	9
1.5 Bedeutungszuwachs von DSI im Rahmen der Bioökonomie	11
1.6 Die Förderung von Bioökonomie und biotechnologischen Innovationen	12
1.7 Aktuelle internationale Verhandlungsforen	14
1.8 Verhandlungen zu pflanzengenetischen Ressourcen	16
2 Die Diskussion um DSI in der Konvention über die biologische Vielfalt (CBD)	19
2.1 Die 13. CBD-Vertragsstaatenkonferenz 2016 (COP 13)	19
2.2 Die 14. CBD-Vertragsstaatenkonferenz 2018 (COP 14) und der Folgeprozess	22
3 Aktuelle konträre Positionen in der Biodiversitätskonvention zu Anwendung von ABS auf DSI	23
3.1 USA, Kanada, die Schweiz, INSDC und das deutsche Forschungskonsortium	23
3.2 Die biodiversitätsreichen Staaten	24
3.3 Die EU und ihre Mitgliedsstaaten	27
4 Problematische Entwürfe für Studien zur Vorbereitung der CBD-Tagungen im Jahr 2020	29
4.1 Zum Entwurf der Studie über Konzept und Umfang von DSI	30
4.2 Zum Entwurf der Studie über DSI in öffentlichen und privaten Datenbanken und Rückverfolgbarkeit von DSI	30
4.3 Studie zu inländischen Maßnahmen	35
5 Schlussfolgerungen	37
10 Punkte zu den Verhandlungsstrategien und angeführten Argumenten	38
Glossar	41
Literaturverzeichnis	43



Marktszene in Kissidougou (Guinea), nahe der Grenze zu Sierra Leone und Liberia | Foto: Jonathan Müller (CC BY-SA 2.5)

Warum diese Studie?

Im Vorfeld der 15. Vertragsstaatenkonferenz der Konvention über biologische Vielfalt (CBD) im Oktober 2020 in Kunming (China) und der 24. Tagung des wissenschaftlichen Beirates der CBD (SBSTTA)¹ in Montreal (Kanada) vom 18. bis 23. Mai 2020 versteht sich der vorliegende Text als ein Beitrag, um die internationale Diskussion um „Digitale Sequenz-Information zu genetischen Ressourcen“ (DSI) dem deutschsprachigen Publikum außerhalb der damit befassten *scientific community* zugänglich zu machen.

Insbesondere sollen die Gruppen und Personen informiert und angesprochen werden, die sich privat oder in ihren Institutionen gegen Biopiraterie engagieren, also gegen die Ausbeutung der biologischen Vielfalt der Länder des globalen Südens und damit verbunden gegen die Ausbeutung des traditionellen Wissens indigener Völker und lokaler Gemeinschaften.

Eingangs wird ein eindrücklicher Fall von „Biopiraterie 2.0“ geschildert und im ersten Kapitel die Bedeutung von DSI im Rahmen der neuen Möglichkeiten synthetischer Biologie dargestellt. Des Weiteren werden hier der Bedeutungszuwachs von DSI im Kontext von Bioökonomiestrategien und biotechnologischen Innovationen behandelt sowie die internationalen Verhandlungsforen zu DSI skizziert, zu denen außer der CBD u. a. die Diskussion im Internationalen Saatgutvertrag und in der Kommission für pflanzengenetische Ressourcen (CGRFA) der Welternährungsorganisation FAO gehören. Ergänzt wird dieses Kapitel mit Hinter-

grundinformationen zur chemischen Basis der Entstehung von Zellen, zur Biologischen Vielfalt und zum Patentrecht.

Im zweiten Kapitel wird die Diskussion um DSI in der CBD dargelegt. Diese Diskussion ist dringend notwendig, denn Initiativen wie das „*Earth Biogenome Project*“² zielen darauf ab, innerhalb von zehn Jahre das gesamte Genom aller Arten von Lebewesen auf der Erde zu sequenzieren, d. h. Digitale Sequenz-Information zu erzeugen und zu speichern; dazu kommen eine Reihe spezialisierter Sequenzierungs-Projekte.

Das dritte Kapitel zeigt die konträren Positionen auf: auf der einen Seite die Staaten mit fortgeschrittener biochemischer Forschung und Industrie, auf der anderen Seite Staaten mit hoher biologischer Vielfalt.

Die aktuellen Konflikte um die Behandlung von DSI werden im vierten Kapitel anhand von Entwürfen zu Studien im DSI-Prozess für die sitzungsübergreifende Periode 2019/2020³ und ihrer Kommentierung deutlich. Leichter als in CBD-Konferenzen oder gar in Treffen spezieller CBD-Gremien wird hier öffentlich, mit welchen diskursiven Mitteln versucht wird, politische Prozesse zu beeinflussen. Abgeschlossen wird dieses Kapitel durch Hintergrundinformationen zur strategischen Bioprospektions-Initiative Diversity Seek.

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

¹ „Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice“, siehe <https://www.cbd.int/sbstta/>

² Siehe https://en.wikipedia.org/wiki/Earth_BioGenome_Project und <https://www.earthbiogenome.org/>

³ Siehe Informationen zur „Inter-sessional period 2019-2020“ zu „Digital Sequence Information on Genetic Resources“ unter <https://www.cbd.int/dsi-gr/2019-2020/>

Auftakt: Ein Fall von Biopiraterie 2.0

Im westafrikanischen Guinea bricht Anfang des Jahres 2014 eine Virus-Epidemie aus: Ebola. Neben vielen anderen erkranken drei Geschwister. Zwei Brüder sterben, eine Frau von 28 Jahren überlebt. Von ihr und weiteren 19 Personen werden im März 2014 klinische Proben an zwei Labore in Europa übersandt. Die Forscher machen sich an die Arbeit, schon nach einem Monat können sie den ersten epidemiologischen Bericht in einer Fachzeitschrift in den USA veröffentlichen. Eingangs schreiben sie: *„Diese Arbeit wurde als Teil der Reaktion des öffentlichen Gesundheitswesens auf den Ausbruch in Guinea durchgeführt; eine Einverständniserklärung wurde nicht eingeholt.“*⁴ Eineinhalb Monate später lädt eines der Institute die genetische Sequenz des Virus in eine Datenbank des internationalen Datenbanksystems für Nukleotid-Sequenzdaten (INSDC), es erhält die Zugangsnummer KJ660346.

Ein halbes Jahr später reicht ein US-amerikanisches Pharmaunternehmen eine vorläufige Patentanmeldung beim US Patentamt für einen therapeutisch wirksamen monoklonalen Antikörper (MAB⁵) gegen Ebola ein. Die MAB wurden erzeugt unter Verwendung synthetisierter Stücke des Genoms, für das die Firma die digitalen Sequenzinformation aus dem Datenbanksystem heruntergeladen hatte.

Forscher eines der beiden europäischen Labore schicken ein Fläschchen mit dem Virus aus Westafrika zur Aufnahme in eine Virensammlung der US-Regierung an die University of Texas, vermutlich die Virusprobe der überlebenden 28-jährigen Frau. Für solche Transfers von biologischem Material gibt es mittlerweile etliche Auflagen, unter anderem ist eine Vereinbarung zum Materialtransfer nötig. Dies soll Biopiraterie verhindern, also die Aneignung, Kommerzialisierung und Ausbeutung genetischer Ressourcen⁶ ohne eine faire und angemessene Aufteilung der Vorteile, die aus der gewerblichen Nutzung entstehen. Um solcher Bio-

piraterie entgegenzuwirken, war in der UN-Konvention über biologische Vielfalt (CBD) lange und zäh gerungen worden, bis 2010 das Nagoya-Protokoll beschlossen wurde und 2014 in Kraft trat.

Das Materialtransferabkommen, das den Transfer begleitet, enthält Bestimmungen, die sich korrekt auf die CBD und das Nagoya-Protokoll beziehen. Das abgebende Institut verlangt, dass Texas und jeder nachfolgende Empfänger des Virus, der es kommerziell nutzt und / oder damit geistiges Eigentum erzeugt, die Arbeit einstellt und einvernehmliche Bedingungen mit Guinea aushandelt, bevor er fortfährt.

Ein Dreivierteljahr später, Anfang September 2015, bekommt das US-Pharmaunternehmen 45,9 Mio. USD von der US-Regierung, um ein Medikament gegen Ebola zu entwickeln. Gut zwei Jahre später, am 26. September 2017 erteilt das US Patentamt das Patent mit der Nummer 9771414. Die Pharmafirma ist von dem Materialtransferabkommen nicht betroffen, da sie nicht die physisch vorliegende genetische Ressource verwendet, sondern die digitale Sequenzinformation.

Vier Tage nach der Patenterteilung erhält das Pharmaunternehmen einen Vertrag im Wert von 362,4 Mio. USD von der US-Regierung, um ein Medikament für das Medikamentendepot der USA für biologische Verteidigung zu entwickeln. Innerhalb der nächsten eindreiviertel Jahre werden davon 146,6 Mio. USD gezahlt.

Ein Jahr nach der ersten Patentanmeldung wird vom US Patentamt ein zweites Patent erteilt, mit der Nummer 10081670. Einige Monate zuvor publizierten die Autoren des Pharmaunternehmens einen Artikel über die Verwendung von synthetisiertem DSI aus dem Isolat bei der Herstellung ihres Medikamentes und schreiben dabei *„[...] eine komplementäre Desoxyribonukleinsäure (DNA)-Sequenz, die für EBOV GP (Makona-Stamm; GenBank Nr. KJ660346) kodiert, wurde synthetisiert*

4 Wörtlich heißt es: *„This work was performed as part of the public health response to contain the outbreak in Guinea; informed consent was not obtained“*, in: Sylvain Baize et. al.: Emergence of Zaire Ebola Virus Disease in Guinea, siehe <https://www.nejm.org/doi/10.1056/NEJMoa1404505> Einverständniserklärung kann die Einverständniserklärung der Patientin bedeuten oder der Republik von Guinea. Nichts von beidem scheint hier vorgelegen zu haben.

5 Zur Erklärung der MABs: *„Monoklonale Antikörper sind im Gegensatz zu herkömmlichen Seren hochspezifisch und nur gegen eine einzige antigene Determinante des verwendeten Erregers gerichtet. (...) Der Einsatz menschlicher monoklonaler Antikörper in der Therapie von akuten Infektionskrankheiten, für die noch keine wirksamen Antibiotika oder Chemotherapeutika existieren (z. B. Malaria), könnte die Pharmakologie revolutionieren. (...) Eine praktisch-medizinische Anwendung von monoklonalen Antikörpern liegt in ihrer potenziellen Bedeutung als hochspezifische Therapeutika, die als ‚magic bullets‘ zielgenau und nebenwirkungsarm ihre Arbeit verrichten“*, aus: <https://www.lernhelfer.de/schuelerlexikon/biologie-abitur/artikel/monoklonale-antikoeper> (abgerufen am 29.12.2019)

6 Schon der ökonomische Begriff der „Ressource“ ist problematisch, da er eine bestimmte Sichtweise auf die Welt impliziert. *„Biodiversität wird [durch diesen Begriff] neu definiert als Ressourcen, die Nutzen für die Menschen haben. Es geht also nicht um romantischen Naturschutz, sondern um Erhalt, Mobilisierung und Nutzung von Ressourcen. In der klassischen ökonomischen Definition sind Ressourcen ‚Mittel, die in die Produktion von Gütern und Dienstleistungen eingehen‘. Die CBD stellt diesen angenommenen Aspekt von Biodiversität, Nutzen für den Menschen zu erzeugen, ganz in den Vordergrund“*, fasst Fatheuer in *„Umkämpfte Natur. Die Biodiversität und ihre Konvention“* zusammen, siehe https://www.fdcl.org/wp-content/uploads/2016/11/FDCL_Umk%C3%A4mpfte-Natur_web.pdf

und unter Verwendung von Standardmethoden in Expressionsvektoren kloniert [...]“⁷

In Kenia wurde das Therapeutikum bei einem kleineren Ausbruch von Ebola 2018 erfolgreich getestet⁸. Die kommerzielle Produktion bleibt jedoch auf das US-Biodefence-Programm beschränkt. Im Januar 2019 hält das Pharmaunternehmen in den USA, in Nigeria und in Südafrika Patente auf ihr Medikament, das aus der Probe einer Frau aus Westafrika entwickelt wurde. In Indien wurde Patentschutz beantragt, auch in weiteren 100 Staaten sollen Patente auf das Medikament beantragt sein.

Das Beispiel ist nicht erfunden. Die beiden europäischen Institute sind das Institut Pasteur in Lyon und das Bernhard-Nocht-Institut in Hamburg. Das US-Pharmaunternehmen ist Regeneron Pharmaceuticals. Edward Hammond vom Third World Network (TWN)⁹ hat den Fall recherchiert und ihn im Mai 2019 als *TWN Briefing Paper Nr. 99* unter dem Titel „Ebola: Company avoids benefit-sharing obligation by using sequences“¹⁰ veröffentlicht.

Die Gelder der US-Regierung für die Entwicklung und Produktion des Medikamentes bedeuten einen

nicht unbedeutenden finanziellen Vorteil für Regeneron Pharmaceuticals und seine Aktionäre. Von einer Aufteilung des Vorteils (Benefit-Sharing) des Unternehmens mit dem Staat Guinea ist nichts bekannt, weder in finanzieller Form noch durch Zurverfügungstellung von Medikamenten. Regeneron ist dazu auch nicht verpflichtet, denn das Material-Transfer-Abkommen¹¹ bezieht sich nur auf die physische Probe, nicht auf die DSI. Eine Dosis des Therapeutikums dürfte nach Schätzung Hammonds 10.000 Euro kosten, unerschwinglich für die einfache Bevölkerung in Westafrika.

In diesem Fall wurde der Open Access zu Digitaler Sequenzinformation zur profitablen Entwicklung eines therapeutischen Medikamentes gegen Ebola genutzt, ohne mit dem Herkunftsland Guinea über die Nutzungsrechte an der zugrundeliegenden genetischen Ressource und über eine gerechte Aufteilung der daraus erwachsenen Vorteile verhandeln zu müssen.

Es liegt nahe, hier von einer neuen Form von Biopiraterie zu sprechen, denn die mittlerweile existierenden rechtlichen Regelungen für physisches Material wurden durch die Nutzung der digitalen Sequenzinformation umgangen: Biopiraterie 2.0.

III. Convention on Biological Diversity:

1. The MATERIAL is considered a genetic resource within the meaning of the Convention on Biological Diversity (CBD). Therefore, PROVIDER and RECIPIENT wish to comply with the terms of the CBD, in particular its regulations on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits as laid out in the Nagoya Protocol. TGK Initial
2. The country of origin of the MATERIAL is Guinea. This Agreement attempts to comply with Article 15 of the CBD, which recognizes the sovereign rights of States over their natural resources. The CBD requires users of genetic resources to share benefits accruing from their use with the country of origin. In the case of subsequent exploitation, suitable and adequate sharing of income must be negotiated by the RECIPIENT with the country concerned. TGK Initial
3. Therefore, in the event of discovery of a potential commercial use for a product or process, or generation of Intellectual Property, which derives from or covers the MATERIAL or MODIFICATIONS, the RECIPIENT shall notify the PROVIDER and the Country of Origin of said discovery. The activity related to said potential use or Intellectual Property shall be suspended. In respect of the circumstances, a new contract containing the relevant legal provisions shall be executed between the RECIPIENT, the PROVIDER, and the Country of Origin. TGK Initial

Ausschnitt aus dem Material-Transfer-Abkommen des Nocht-Institutes Hamburg mit der Universität von Texas vom 12.02.2015. | Quelle: Bernhard-Nocht-Institut

7 Wörtlich: „Codon-optimized complementary deoxyribonucleic acid (DNA) sequence encoding for EBOV GP (Makona strain; GenBank no. KJ660346) was synthesized and cloned into expression vectors using standard methods“, siehe: Kristen E. Pascal et al. 2018. „Development of Clinical-Stage Human Monoclonal Antibodies That Treat Advanced Ebola Virus Disease in Nonhuman Primates.“ The Journal of Infectious Diseases 2018:218 (Suppl 5). <https://doi.org/10.1093/infdis/jiy285>

8 Siehe Mitteilung bei https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/E/Ebola/Infos_zu_Ebola_im_Kongo_Mangina_08-2018.html

9 Das TWN wurde 1994 auf einer Konferenz in Penang (Malaysia) gegründet, um die Kooperation zwischen Entwicklungs- und Umweltgruppen im globalen Süden zu stärken und hat neben dem Sekretariat in Penang Büros in Kuala Lumpur und Genf sowie Regionalsekretariate in Accra und Montevideo.

10 Siehe https://www.twm.my/title2/briefing_papers/No99.pdf

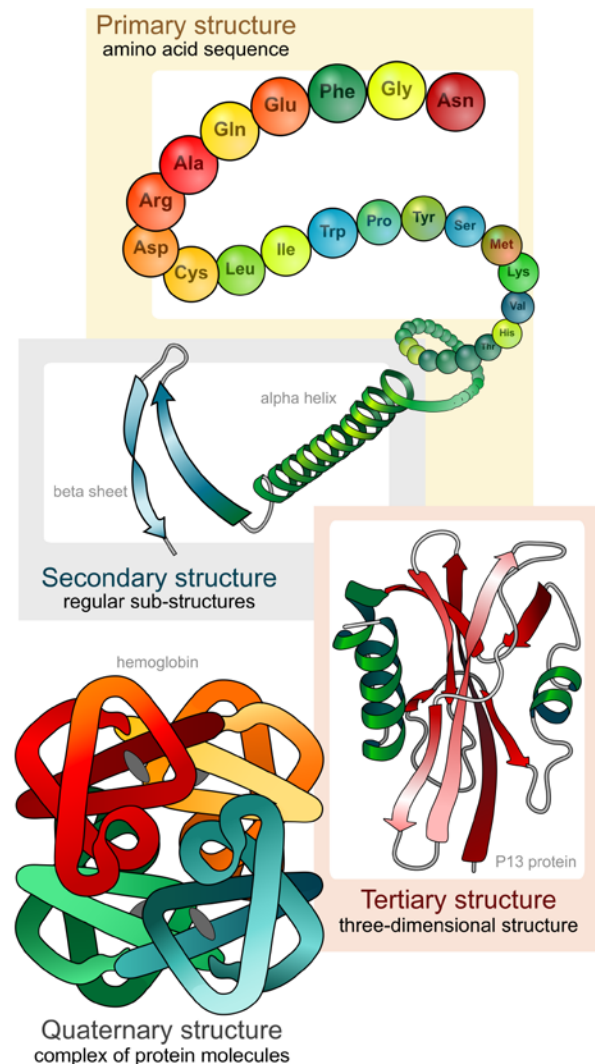
1 Der Streit um „Digitale Sequenz-Information (DSI)“ und der Kampf gegen Biopiraterie 2.0

1.1 Was ist Biopiraterie?

Als Biopiraterie wurde in den 2000er Jahren die Aneignung genetischer Ressourcen der Biodiversität, vor allen der sehr biodiversitätsreichen Staaten Asiens, Afrikas und Lateinamerikas, durch transnationale Konzerne mit Sitz in OECD-Staaten mittels geistiger Eigentumsrechte bezeichnet, kritisiert und skandalisiert. Bekanntgewordene Beispiele waren Patente auf Extrakte des indischen Neem-Baumes oder der Hoodia-Pflanze aus dem südlichen Afrika oder auf besonders ölhaltigen Mais.¹²

Diese und andere Fälle von Biopiraterie beruhten auf dem physischen Transfer von Pflanzenmaterial, dessen Verwendung bei der Entwicklung von Medikamenten, Nahrungs- oder Nahrungsergänzungsmitteln und Kosmetika, für die dann geistige Eigentumsrechte bei Patentbehörden in den USA, in Europa, Australien, Japan oder in anderen Staaten angemeldet wurden.

Bei Patentanmeldungen musste damals noch nicht nachgewiesen werden, dass genetische Ressourcen und traditionelles Wissen um die Verwendung von Pflanzen legal erworben wurden. Die gleichgesinnten biodiversitätsreichen Länder setzten sich seit der Gründung ihrer Gruppe der „Like-Minded Megadiverse Countries“ (LMMC) dafür ein, Ursprungszertifikate für genetische Ressourcen zu entwickeln und für die Einreichung von Patentanträgen verpflichtend zu machen. Seither gibt es Auflagen, u. a. nach vorheriger informierter Zustimmung (prior informed consent, PIC) etwa indigener Völker oder lokaler Gemeinschaften. Es gilt auch eine Verpflichtung zu gerechter Aufteilung der sich aus der Nutzung ergebenden Vorteile, im Folgenden wird auch oft der kurze und prägnante englische Begriff „Benefit-Sharing“ verwendet¹³.



Die vier wesentlichen Strukturen der Proteine
Grafik: LadyofHats (public domain)

11 Siehe <http://www.pricklyresearch.com/webdump/Ebola2014/NochtUTMBMTA.pdf>

12 Siehe dazu: „Grüne Beute: Biopiraterie und Widerstand“, hg. v. BUKO-Kampagne gegen Biopiraterie (Christiane Gerstetter, Jutta Sundermann, Gregor Kaiser, Andreas Riekeberg), Frankfurt 2005, oder auch: Michael Frein/Hartmut Meyer: „Die Biopiraten: Milliarden-Geschäfte der Pharmaindustrie mit dem Bauplan der Natur“, Berlin 2008.

13 „Benefit-Sharing“ impliziert die Aufteilung der (oft monetären) Vorteile aus der Nutzung genetischer Ressourcen, während die übliche deutsche Übersetzung „Vorteilsausgleich“ eher eine kompensatorische Funktion anzeigt, von der Nutzer oft meinen, sie könne in nicht-monetären Leistungen bestehen, die nicht ihren Gewinn schmälern.

1.2 Worum geht es bei Digitaler Sequenz-Information (DSI)?

In den letzten 20 Jahren machten die Genomanalyse, die Synthese von DNA und die Proteinanalyse enorme Fortschritte. Immer mehr Folgen von Nukleinsäuren in der DNA und Aminosäuren in Proteinen werden erfasst. Sie füllen große Datenspeicher – und eröffnen ein neues Konfliktfeld in Sachen Biopiraterie.

Es gibt eine Vielzahl von Projekten, die auf die digitale Erfassung und Analyse des Genoms einzelner Arten von Tieren, Pilzen, Pflanzen oder Bakterien und ihres Stoffwechsels zielen. Ein Einblick in gegenwärtig laufende Projekte zum Genom von Pflanzen und Tieren gibt das Tagungsprogramm der jährlichen „*Plant & Animal Genome Conference (PAG)*“¹⁴, die als größte derartige Konferenz gilt, weil sie „3.000 führende Genetik-Wissenschaftler und Forscher aus der Pflanzen- und Tierforschung zusammenbringt und mehr als 130 Ausstellungen, 150 Workshops und 1100 Poster sowie mehr als 1.800 Zusammenfassungen von Forschungsarbeiten (abstracts) bietet“¹⁵.

Schließlich begann im Jahr 2018 ein umfassendes Projekt bezüglich aller Lebewesen, die aus Zellen mit einem Zellkern bestehen, das „*Earth BioGenome Project*“¹⁶. Innerhalb von zehn Jahren soll das Genom aller eukaryotischen Lebewesen sequenziert, katalogisiert und charakterisiert werden.¹⁷

Die Erfassung und elektronische Speicherung aller möglichen Informationen bezüglich genetischer Ressourcen und der Pflanzen, Tiere und anderen Lebewesen, zu denen diese Ressourcen gehören, bezüglich der Sequenzinformationen ihrer DNA, RNA und Proteine, sowie bezüglich des Wissens um die Wirkung der

Bestandteile dieser Lebewesen und der Produkte aus ihnen, vollzieht sich immer schneller.

Angesichts dieser Entwicklungen wurde für die politische Diskussion in den UN-Organisationen UNEP und FAO der Begriff „Digitale Sequenz-Information“, abgekürzt DSI, geprägt. Diese Diskussionen finden hauptsächlich in den Verhandlungen der CBD mit dem Nagoya-Protokoll und in der Kommission über genetische Ressourcen für Nahrung und Landwirtschaft (CGRFA) der Welternährungsorganisation FAO bzw. dem Internationalen Saatgutvertrag (ITPGR-FA) statt.

DSI bezieht sich vor allem auf die etwa in der Mitte dieses Jahrzehnts auch der politischen Ebene deutlich gewordenen Möglichkeiten, durch neue gentechnische und biotechnische Methoden (Genome Editing und Synthetische Biologie) neue Eigenschaften von Organismen zu erzeugen. Anstatt physisch vorliegender genetischer Ressourcen ist es nun auch möglich, lediglich die Informationen über Nukleotid-Sequenzen in DNA und RNA für die Veränderung von Erbgut zu nutzen.

Dabei gibt es keine allgemein anerkannte Definition von „DSI“¹⁸. Schon bei der Einrichtung der Arbeitsgebiete zu DSI in der CBD¹⁹ im Jahr 2016 und in der CGRFA wurde festgestellt, dass in diesem Gebiet eine Vielzahl von Begriffen verwendet werden, darunter „genetische Sequenz-Daten“, „genetische Information“, „entmaterialisierte genetische Ressourcen“, „in silico“²⁰ Verwertung“²¹. Auf der 13. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 13) wurde der Arbeitsprozess zu DSI auch deswegen angestoßen, weil das Konzept von DSI einschließlich der relevanten Terminologie geklärt werden sollte.

- 14 Das Programm der 28. Konferenz im Januar 2020 findet sich hier: https://plan.core-apps.com/pag_2020/events und reicht von Workshops zu Aquakultur, Brassica und Cannabis über Honigbienen, Soja und Süßkartoffel bis zu Yam, Zuckerrohr und Zwenken. Außerdem werden methodische Workshops gehalten zu Themen wie „Analyse der Gen-Expression“ (https://plan.core-apps.com/pag_2020/event/680f532f0a26f8c2f8d1736dbb044c88), „Neue Züchtungstechnologien: Aussichten und regulatorische Hürden“ (https://plan.core-apps.com/pag_2020/event/680f532f0a26f8c2f8d1736dbb020c45) oder „Proteomics“ (https://plan.core-apps.com/pag_2020/event/680f532f0a26f8c2f8d1736dbb07ac04) und Workshops zum Umgang mit großen Datenmengen wie „Big Data: Manage your data before your data kills you“ (https://plan.core-apps.com/pag_2020/event/680f532f0a26f8c2f8d1736dbb07882d), „Interoperabilität und Verbund über bioinformatische Plattformen und Ressourcen hinweg“ (https://plan.core-apps.com/pag_2020/event/680f532f0a26f8c2f8d1736dbb03460e) oder „Galaxy: Eine offene Plattform für Datenanalyse und Integration“ (https://plan.core-apps.com/pag_2020/event/680f532f0a26f8c2f8d1736dbb037b2d).
- 15 Siehe <https://www.plantphenomics.org.au/event/international-plant-animal-genome-xxv-conference-san-diego-usa-2/>
- 16 Siehe https://en.wikipedia.org/wiki/Earth_BioGenome_Project, abgerufen am 29.12.2019 und <https://www.europeanscientist.com/de/unkategorisiert/earth-biogenome-will-dna/>
- 17 So die Selbstaussage auf <https://www.earthbiogenome.org/> Getragen wird das Earth BioGenome Project von der US-amerikanischen Smithsonian Institution, dem „größten Museumskomplexes der Welt“ (<https://www.nzz.ch/articleF1VVP-1.134966>), das zu 70% aus dem Haushalt der USA finanziert wird (ebd.), und der chinesischen BGI, deren Ziel „die schnelle Überführung von Erkenntnissen der Grundlagenforschung zur praktischen Anwendung“ ([https://de.wikipedia.org/wiki/BGI_\(Genom\)](https://de.wikipedia.org/wiki/BGI_(Genom))) ist.
- 18 Siehe Dokument CGRFA-17/19/4, Absatz 7.: „There is no universally agreed definition for ‚DSI‘. This is reflected in relevant decisions taken under the CBD and its Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from their Utilization (Nagoya Protocol) and the decision of the Commission to establish a new work stream on ‚DSI‘. There is recognition that ‚there are a multiplicity of terms that have been used in this area (including, inter alia, ‚genetic sequence data‘, ‚genetic sequence information‘, ‚genetic information‘, ‚dematerialized genetic resources‘, ‚in silico utilization‘ and that further consideration is needed regarding the appropriate term or terms to be used‘.“
- 19 Durch die Entscheidung CBD/COP/DEC/XIII/16, <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-13/cop-13-dec-16-en.pdf>
- 20 Mit dem Begriff „in silico“ (angelehnt lateinisch für „in Silizium“) werden Vorgänge bezeichnet, die im Computer ablaufen, eine Anspielung darauf, dass die meisten Computer-Chips auf der Basis von Silizium hergestellt werden.
- 21 Entschliebung IT/GB-7/17/Res13 „Multi-Year Programme of Work of the Governing Body of the International Treaty“ (<http://www.fao.org/3/a-mv176e.pdf>)

1.3 Möglicher Umfang von Digitaler Sequenz-Information (DSI)

Eine in der nachfolgenden politischen Diskussion oft verwendete Zusammenstellung dessen, was alles mit DSI gemeint sein kann, wurde auf der Tagung der Ad-hoc-Arbeitsgruppe technischer Experten (Ad Hoc Technical Expert Group [AHTEG] on Digital Sequence Information on Genetic Resources) im Februar 2018 formuliert²², in ihrer deutschen Fassung:

- 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 Metaboliten²³
- e) Informationen über ökologische Zusammenhänge sowie abiotische Umweltfaktoren²⁴
- f) Funktion, wie z.B. Verhaltensdaten

- g) Struktur, einschließlich morphologischer Daten und dem Phänotyp
- h) Informationen zur Taxonomie²⁵
- i) Modalitäten der Nutzung.²⁶

Auch im Rahmen der Kommission für genetische Ressourcen für Nahrung und Landwirtschaft (CGRFA) der Welternährungsorganisation (FAO) wurde festgestellt, dass der Begriff DSI eine große Bedeutungsbreite hat.²⁷ DSI bezüglich genetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (GRFA) umfasst vielfältige Formen von Informationen, die in Datenbanken weltweit gesammelt und strukturiert werden. Ein großer Teil der DSI ist Information über die Zusammensetzung von DNA oder RNA, normalerweise als Abfolge (Sequenz) von Nukleotiden. Mitunter ist DSI ausreichend, um eine Eigenschaft zu erzeugen ohne Zugang zu biologischem genetischen Material zu haben. DSI, die nicht DNA oder RNA ist, zum Beispiel über Aminosäuresequenzen enzymatisch wirksamer Proteine oder über Metaboliten ist oft wesentlich, um bestimmte gesuchte Eigenschaften zu identifizieren oder zu synthetisieren.²⁸

1.4 Der Aufstieg der Synthetischen Biologie

Die synthetische Biologie ist nicht ein „*einheitliches Forschungsfeld, sondern ein Konglomerat verschiedener Gebiete*“, deren Gemeinsamkeit „*vor allem in der Betonung des Ziels der Lebensherstellung zur disziplinären Abgrenzung gegenüber ihren Herkunftsgebieten*“²⁹ besteht.

In der synthetisierenden Biologie wurden immer mehr Möglichkeiten entwickelt, aus vorliegenden digitalen Sequenzinformationen die Abschnitte von DNA oder RNA zu ändern oder neu zusammenzusetzen. Damit wurde aus Informationen über Organismen eine

Ressource zur Änderung oder Herstellung von Organismen oder von Stoffen, die in Organismen wirksam sind. Denn es wurde möglich, neue Organismen zu erzeugen, für die Patentschutz beantragt und erteilt werden kann, wenn diese „Erfindung“ gewerblich verwendbar ist.

Seit den ersten Verfahren, die man zu synthetischer Biologie³⁰ rechnen kann, ist in den letzten 50 Jahren ein erheblicher Zuwachs an Möglichkeiten zu verzeichnen. Am Anfang stand die Erzeugung erster gentechnisch manipulierter Organismen. Dazu gehörte das

22 Siehe Dokument CBD/SBSTTA/22/INF/4

(<https://www.cbd.int/doc/c/f99e/e90a/71f19b77945c76423f1da805/dsi-ahteg-2018-01-04-en.pdf>)

23 „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)

24 „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)

25 „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)

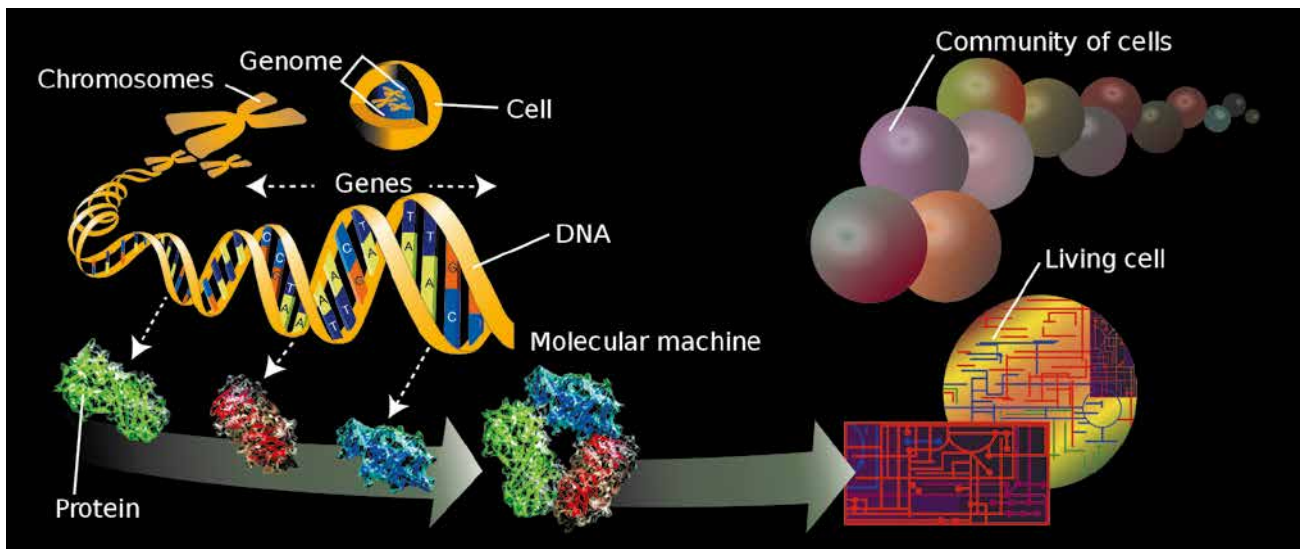
26 Übersetzung nach „Digitale Sequenz-Information (DSI). NeFo-Faktenblatt zur Vorbereitung auf SBSTTA-22 im Juli 2018“, von Katrin Vohland, Rainer Schliep und Jonas Geschke, siehe http://www.biodiversity.de/sites/default/files/products/reports/nefo-faktenblatt_sbstta-22_dsi_2018-final.pdf

27 Siehe Dokument CGRFA-17/19/4, Absätze 8f.

28 Siehe Dokument CGRFA-17/19/4, Absatz 10.

29 Schummer, Joachim: „Das Gotteshandwerk. Die künstliche Herstellung von Leben im Labor“, S. 96. Schummer kommt in seiner Skizze der Begriffsverwendung zu dem Schluss, dass der „Synthetische Biologie“ ein Etikett sei, das wegen „überproportional hohen öffentlichen Forschungsgeldern zahlreiche weitere Forschungsfelder“ angezogen habe, unter anderem „die Synthese neuer Enzyme, Zelltechnik, Gewebetechnik (mit oder ohne Stammzellen), Forschung an selbstreparierenden Materialien“ (ebd., S. 111).

30 Zu den Unterschieden eines chemischen, mathematischen oder technischen Synthesebegriffes und der Abgrenzung synthetischer Biologie zur Systembiologie siehe Köchy, Kristian: „Synthesen – Zu Konzept und Grenzen der Synthetischen Biologie“, in: Voigt, Friedemann (Hg.): „Grenzüberschreitungen – Synthetische Biologie im Dialog“, Freiburg/München 2015, S. 91–108.



Schematische Darstellung des Flusses von Information beim Aufbau von Organismen | Grafik: William Crochot (CC BY-SA 4.0)

Hintergrund 1: Die chemische Basis der Entstehung von Zellen

Alle Organismen bestehen aus Molekülen und haben eine bestimmte Form. Zwar ist die Ursache der Formgebung (Morphogenese) ungeklärt; aber die chemische Produktion der meist komplexen Moleküle, aus denen die Zellen von Organismen bestehen, ist relativ gut aufgeklärt.

Rupert Sheldrake beschreibt in einer Sprache, die für biochemische Laien verständlich ist, auf welche Weise die DNS als chemische Basis der Vererbung wirken kann: „Einerseits dient sie als Matrize für ihre eigene Replikation; dies wird ermöglicht durch die charakteristische Paarung der Basen in zwei komplementäre Stränge. Andererseits dient sie als Matrize für die Sequenz von Aminosäuren in Proteinen, was aber nicht auf direktem Wege geschieht; einer der beiden DNS-Stränge wird zunächst ‚abgelesen‘, wodurch eine einsträngige ‚Boten-RNS‘ entsteht, deren Basensequenz im Verlauf der Proteinsynthese in Dreiergruppen ‚abgelesen‘ wird.

Verschiedene Basentriplets codieren verschiedene Aminosäuren. Auf diese Weise wird der genetische Code in eine Sequenz von Aminosäuren übersetzt, die sich in der vorgegebenen Reihenfolge zu charakteristischen Polypeptidketten zusammenschließen und zu Proteinen auffalten. Die Proteine schließlich verleihen einer Zelle ihre charakteristischen Eigenschaften: Ihr Stoffwechsel und ihre Fähigkeiten zu chemischen Synthesen hängen von Enzymen ab, einige ihrer Strukturelemente von Strukturproteinen und ihre Oberflächeneigenschaften, die als Erkennungszeichen für andere Zellen fungieren, von besonderen Proteinen an ihrer Oberfläche.“³¹

Chakrabarty-Bakterium (*Pseudomonas putida*), anhand dessen in den USA ein Rechtsstreit geführt wurde über die grundsätzliche Möglichkeit, lebende Organismen zu patentieren. Der US Supreme Court entschied im Juni 1980 für die Patentierbarkeit, das Patent wurde 1981 erteilt. Seither sind lebende gentechnisch modifizierte Organismen in den USA grundsätzlich patentierbar.

Seit 1982 wird gentechnisch produziertes Humaninsulin in großem Maßstab hergestellt, in den 1990er Jahren wurden erste gentechnisch manipulierte Pflanzen zugelassen. Es folgte die vollständige Sequenzierung erster Genome, dann des kompletten menschlichen Genoms im Jahr 2001 durch das Humangenomprojekt³² der Human Genome Organisation und durch die Celera Corporation, gegründet von Craig Venter³³. Im Jahr 2007 konstruierte das J. Craig Venter Institute zum ersten Mal ein vollständig synthetisches Bakterien-Genom der Art *Mycoplasma genitalium*³⁴. 2010 wurde dann ein verändertes Genom der Bakterienart *Mycoplasma mycoides* synthetisiert und in eine Zelle der Bakterienart *Mycoplasma capricolum* überführt wurde. Diese Erzeugung eines „lebensfähigen Hybridbakteriums“³⁵ wurde vom J. Craig Venter Institute zur Erzeugung der ersten synthetischen Zelle verklärt.³⁶

Ab 2012 wurde neben verschiedenen anderen Techniken zur Veränderung des Erbgutes die Technik CRISPR/Cas³⁷ dokumentiert und weiterentwickelt. Sie besteht – grob gesprochen – darin, mit Enzymen das

31 Sheldrake: „Das schöpferische Universum“, Neuauflage 2008, S. 64.

32 Siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/Humangenomprojekt>

33 Siehe https://de.wikipedia.org/wiki/Craig_Venter

34 Siehe <https://www.heise.de/newsticker/meldung/Venter-Institut-baut-Bakteriengenom-zusammen-183185.html>

35 Schummer, „Gotteshandwerk...“, S. 118

36 Siehe <https://www.jcvi.org/research/first-self-replicating-synthetic-bacterial-cell>

37 Siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/CRISPR/Cas-Methode> Diese Methode gilt als besonders präzise, aber eine neue Untersuchung zeigt, dass es viel mehr unbeabsichtigte Veränderungen der DNA um die Stelle einer CRISPR-Reparatur herum geben kann als bisher angenommen wurde siehe <https://news.christianacare.org/2019/12/new-tool-for-rapid-analysis-of-crispr-reveals-frequent-unintended-dna-changes/>

Genom an vordefinierten Stellen zu schneiden, den Reparaturprozess zu manipulieren und neue Eigenschaften einzubauen.

Die Synthetische Biologie bietet neue Produkte und neue Produktionsverfahren, vor allem unter Ausnutzung der global vorhandenen Biodiversität. Existierende Organismen bieten dabei gegenüber möglicherweise völlig neu zu konstruierenden Organismen den Vorteil, schon ein gewissermaßen physisches Zulassungsverfahren durchlaufen zu haben: sie haben Überlebensfähigkeit im Rahmen der natürlichen Evolution des Lebens gezeigt sowie bestimmte Wirkungen auf andere Arten in ihrem jeweiligen Ökosystem.

Folgende Umsatzvolumina schätzten Geiber/Moreno et.al. in ihrer Studie von 2011/2012 für

2016:³⁸ Der Wert des gesamten Marktes des pharmazeutischen Sektors betrage 640 Mrd. USD, davon 20–25% abgeleitet von genetischen Ressourcen; bei Biotechnologie sei das Gesamtvolumen 70 Mrd. USD allein bei öffentlichen Gesellschaften, dabei seien viele Produkte abgeleitet von genetischen Ressourcen, insbesondere Enzyme und Mikroorganismen. Der Gesamtwert des Marktes an landwirtschaftlichen Saaten, der völlig auf genetischen Ressourcen beruht, wurde auf 70 Mrd. USD geschätzt. Auch im Markt an Körperpflegeprodukten im Umfang von 12 Mrd. USD, an Kräuterzusätzen im Umfang von 22 Mrd. USD und an Nahrungsmittelprodukten im Umfang von 31 Mrd. USD seien einige Produkte von genetischen Ressourcen abgeleitet.

1.5 Bedeutungszuwachs von DSI im Rahmen der Bioökonomie

Ein wichtiges Beispiel für synthetische Biologie, bei der verschiedene Formen von DSI bezüglich genetischer Ressourcen verwendet werden, sind neu konstruierte Organismen, die neuartige Enzyme produzieren, welche chemische Reaktionen katalysieren und aufwendigere Produktionsverfahren überflüssig machen. Hier sucht man beispielsweise zunächst nach Organismen mit gewünschten Eigenschaften (verschiedene Arten von DSI³⁹), erforscht die dafür relevanten Proteinsequenzen (eine andere Art von DSI⁴⁰), sucht die diese erzeugenden Nukleotid-Sequenzen (weitere Arten von DSI)⁴¹ und baut diese in geeignete produktive Bakterien ein, mit denen sich dann in industriellem Maßstab bspw. enzymatisch wirksame Proteine herstellen lassen.

Große Player bei der Entwicklung solcher enzymatisch wirksamen Proteine sind etwas Novozymes und Danisco⁴², ihr Geschäftsmodell beinhaltet die Patentierung der konstruierten Enzyme. Bei der einfachen Suche im Register des US Patentamtes⁴³ ergaben sich für die Suche nach „Novozymes“ 3.692 Einträge, nach „Danisco“ 1.940 Einträge und nach „Amyris“ 323 Einträge. Im Register des Europäischen Patentamtes⁴⁴ fanden sich für den Suchbegriff „Novozymes“ 2.606 Ein-

träge, für „Danisco“ 1.204 Einträge und für „Amyris“ 119 Einträge. Industrielle Biotechnologie und synthetische Biologie spielen eine wichtige Rolle im „Bioökonomie“-Sektor der kapitalistischen Wirtschaft.

Eine weiteres wichtiges Problemfeld ist die Ersetzung von natürlichen Produkten, deren Ausgangsstoffe von indigenen, bäuerlichen oder traditionellen Gemeinschaften hergestellt werden, durch Produkte der synthetischen Biologie. Die etc-Group hat im Jahr 2016 Fallstudien darüber veröffentlicht, wie weit die Ersetzung der natürlichen Stoffe durch Ersatzprodukte der synthetischen Biologie vorangeschritten ist bei Adlerholz-Öl (*Agarwood Oil*), bei Ambergris und Muskatellersalbei-Öl, bei Artemisinin, bei Ginseng, bei Patschuli-Öl, bei Rosenöl, bei Safran, bei Sandelholz, bei Shea, Kakaobutter und anderen Kakaobutter-Äquivalenten, bei Squalan, bei Stevia, bei Vanille und bei Vetiver.⁴⁵ Ihr Resümee: Der Ersatz von Naturstoffen durch unnatürliche, mittels synthetischer Biologie hergestellter, berge erhebliche Umweltgefahren und Bedenken hinsichtlich der Auswirkungen auf den Lebensunterhalt und die Kultur von Kleinbauern sowie auf die Volkswirtschaften der betroffenen Länder.⁴⁶

38 Geiber, Moreno et al.: „An Explanatory Guide to the Nagoya Protocol on Access and Benefit-sharing“, IUCN EPLP 83, 2012, Seite 4f.

39 Nach AHTEG-Liste (siehe Abschnitt „1.3. Möglicher Umfang von Digitaler Sequenz-Information (DSI)“, auf Seite 11) könnte das die DSI-Art d) (zelluläre Metaboliten) oder DSI-Form e) (Umweltfaktoren wie Hitze-, Kälte-, Säure- oder Salztoleranz) sein.

40 Proteinsequenz-Informationen zählen zu DSI-Art d) nach AHTEG-Liste, s.o.

41 Nukleotid-Informationen zählen zu DSI-Art a) bis c) AHTEG-Liste, s.o.

42 Siehe dazu das 2. Kapitel „Mehr mit weniger“ in Christiane Grefe: „Global Gardening“, München 2016, S. 41ff.

43 Suche über patft.uspto.gov/netahtml/PTO/search-bool.html, zuletzt durchgeführt am 29.12.2019.

44 Suche über <https://register.epo.org/smartSearch?lng=de>, zuletzt durchgeführt am 29.12.2019.

45 Siehe die Veröffentlichung „Synthetic Biology, Biodiversity and Farmers. Case studies exploring the impact of syntheticbiology on natural products, livelihoods and sustainable use of biodiversity“, hg. v. etc-Group 2016,

Quelle: http://www.etcgroup.org/sites/www.etcgroup.org/files/files/etc_synbiocasestudies_2016.pdf

46 Ebd., S. 7.

1.6 Die Förderung von Bioökonomie und biotechnologischen Innovationen

Der deutsche Bioökonomierat versteht unter „Bioökonomie“ die *„Erzeugung und Nutzung biologischer Ressourcen (auch Wissen), um Produkte, Verfahren und Dienstleistungen in allen wirtschaftlichen Sektoren im Rahmen eines zukunftsfähigen Wirtschaftssystems bereitzustellen.“*⁴⁷ Eine vehemente Kritik der Bioökonomie wurde von Theo Gottwald und Anita Krätzer vorgelegt.⁴⁸ Sie betrachten Nutzenversprechen und Realität der Bioökonomie, Akzeptanzbeschaffungsstrategien und wirtschaftliche, wissenschaftliche und politische Alternativen zu ihr. Auch Josephine Koch kommt im Vorfeld des zweiten Bioökonomie-Weltgipfels⁴⁹ 2018 zum Resümee: *„Die Bioökonomie tastet die Strukturen unseres neoliberalen Wirtschaftssystems nicht an, könnte dessen Mechanismen jedoch verstärken und birgt unter dem grünen Deckmantel technologischer Innovationen neue Risiken in sich.“*⁵⁰

Die steigende Bedeutung der industriellen Biotechnologie in Deutschland lässt sich u. a. an der Zahl der Unternehmen erkennen: *„131 große Unternehmen nutzen oder erforschen nach Angabe der Branche biotechnologische Verfahren, und 579 kleinere Firmen sind ganz darauf fokussiert; viele mit Blick auf die Medizinindustrie.“*⁵¹ Eine Analyse von Daten von Eurostat, des statistischen Amtes der EU von 2016 (durchgeführt im Auftrag des Bio-based Industries Consortium [BIC⁵²]) zeigt, dass die biobasierten Industrien der EU einen Umsatz von rund 700 Mrd. Euro erzeugen und 3,6 Mio. Menschen beschäftigen⁵³

Die Konflikte um Bioökonomie spiegeln sich auch in den Reaktionen zum Referentenentwurf der Bundesregierung vom 2. Juni 2019 für eine „Nationale Bioökonomiestrategie“. ⁵⁴ Der Branchenverband der Biotechnologieindustrie in Deutschland, BIO Deutschland, hat diesen begrüßt⁵⁵ und fordert, dass *„alle Anwendungsbereiche der Biotechnologie uneingeschränkt genutzt und miteinander verzahnt werden können“*⁵⁶ müssen.

Dagegen moniert das Aktionsforum Bioökonomie von NGOs, dass *„die einseitige Ausrichtung der Forschung auf die Entwicklung marktgängiger Produkte [...] eine Verfestigung gegenwärtiger, nicht-nachhaltiger Konsummuster und -niveaus“*⁵⁷ impliziert.

Neue Produkte und neue Produktionsverfahren zu finden, ist wesentlich für Kapitalanleger und für die Zukunftsfähigkeit kapitalistischer Industrieunternehmen. Im Interesse ihrer Eigentümer müssen die Unternehmen darauf bedacht sein, die Verwertung des eingesetzten Kapitals möglichst rentabel zu gestalten. Hierzu dient sowohl die Entwicklung neuer Produkte, die als Waren angeboten werden können, Nachfrage generieren und Absatzmöglichkeiten bieten. Ebenso wichtig ist auch die Entwicklung neuer Produktionsverfahren, mittels derer sich bekannte Produkte auf kostengünstigere Weise produzieren lassen. Beides erhöht die Aussicht auf Gewinn durch den Absatz der Produkte, dessen Realisierung das bestimmende Ziel des Wirtschaftens unter kapitalistischen Verhältnissen ist. Patente sichern sowohl im zivilen als auch im militärischen Bereich ihren Inhabern die exklusiven Verwertungsrechte an neuen Produkten oder Produktionsverfahren.^{58 59}

Die Entwicklung neuer Produkte ist ebenfalls wichtig für die Militärtechnik, hier steigern neue Produkte die Aussicht auf Überlegenheit gegenüber konkurrierenden Unternehmen oder Staaten sowohl bei Angriffen als auch bei der Abwehr gegnerischer Angriffe. Dies ist zu beachten, wenn von nichtkommerzieller Forschung gesprochen wird: darunter kann auch militärische Forschung in staatlichem Auftrag verstanden werden. Hierzu gehört das eingangs dargestellte Beispiel, in dem die US-Firma Regeneron Pharmaceuticals das Anti-Ebola-Mittel REGN-EB3 über den Zugang zu DSI unter Vermeidung von Benefit-Sharing Verpflichtungen entwickelte und für die Biowaffen-Forschung der USA

47 Siehe <https://bioekonomierat.de/bioökonomie.html>, siehe auch das „Eckpunktepapier des Bioökonomierates: Auf dem Weg zur biobasierten Wirtschaft“ vom 30.04.2013, Quelle: https://bioekonomierat.de/fileadmin/Publikationen/empfehlungen/BOER_Eckpunktepapier_2013.pdf

48 Gottwald, Theo; Krätzer, Anita: *„Irrweg Bioökonomie“*, Berlin 2014.

49 Für den „Global Bioeconomy Summit“ (GBS2018) siehe <https://bioekonomierat.de/aktuelles/internationale-bioökonomie-experten-bereiten-zweiten-weltgipfel-der-bioökonomie-vor/> und <https://gbs2018.com/home/>

50 Siehe Vorwort in *„Mit Bioökonomie die Welt retten? Neue Geschäftsmodelle und alte Strukturen“* Rundbrief 1/2018 des Forum Umwelt und Entwicklung, S. 1.

51 Greife 2016, S. 50.

52 Siehe <http://nova-institute.eu/press/?id=131>

53 Der gesamte zur Bioökonomie gerechnete Sektor der EU-28, einschließlich des Primärsektors sowie des Nahrungsmittel- und Getränkesektors hatte einen Umsatz von 2.300 Mrd. Euro und 18,6 Mio. Beschäftigte. Ein Großteil der Beschäftigten geht auf die primäre Biomasseproduktion zurück (55% der Arbeitsplätze), die aber verhältnismäßig wenig Umsatz generiert, nur 20%. Wenn Zahlen über den Sektor „Bioökonomie“ verbreitet werden, ist es wichtig zu berücksichtigen, welche Sektoren darunter verstanden werden. Die vollständige Studie unter: https://biconsortium.eu/sites/biconsortium.eu/files/documents/European%20Bioeconomy%20in%20Figures%202008%20-%202016_0.pdf

54 Siehe https://www.raiffeisen.de/sites/default/files/2019-07/2019-07-02_Nationale%20Bio%C3%B6konomiestrategie.pdf

55 Siehe Statement auf <https://www.biodeutschland.org/de/positionspapiere/stellungnahme-der-bio-deutschland-zum-referentenentwurf-fuer-eine-nationale-bioekonomiestrategie.html>

56 Siehe *„Stellungnahme der BIO Deutschland zum Referentenentwurf für eine Nationale Bioökonomiestrategie“* vom 19.07.2019, Seite 7.

57 Siehe <https://www.forumue.de/stellungnahme-zum-entwurf-einer-nationalen-bioekonomiestrategie/>

Hintergrund 2: Patentrecht zur Förderung der Industrie – seit 1995 universalisiert

Wichtige Instrumente, um aus Investitionen in die Entwicklung neuer Produkte und neuer Produktionsverfahren für eine bestimmte Zeit Extragewinne ziehen zu können, sind Patente und andere geistige Eigentumsrechte, denn die Inhaber dieser Rechte haben das alleinige Verfügungsrecht über die Zulassung zur gewerblichen Herstellung der Produkte bzw. zur gewerblichen Nutzung der Produktionsverfahren.

Patente sind Exklusivrechte für Patentinhaber, die normalerweise staatliche Behörden für den Bereich ihrer staatlichen Zuständigkeit erteilen können. Ein Patentanmelder muss die Neuheit und die erfinderische Höhe seiner Innovation darstellen und die Herstellungsschritte, so dass sie von anderen Personen prinzipiell nachvollziehbar sind.

Die Etablierung eines Patentrechtes war lange eine nationalstaatliche Angelegenheit, bis mit dem TRIPS⁵⁸-Abkommen der Welthandelsorganisation (WTO) von 1995 alle Mitgliedsstaaten sich dazu verpflichten mussten, in ihrem Gesetzgebungsbereich ein Patentrecht einzuführen. Damit war das Patentrecht globalisiert, gleichwohl müssen Patente für bestimmte Länder oder Ländergruppen immer noch bei den dafür zuständigen Behörden angemeldet werden – ein Weltpatentamt gibt es nicht. Wohl aber haben viele europäische Staaten, darunter die meisten Staaten der EG/EU, in den 1970er Jahren ein Europäisches Patentübereinkommen (EPÜ) geschlossen, mittlerweile mit 38 Mitgliedsstaaten. Das EPÜ gibt Patentanmeldern die Möglichkeit, beim Europäischen Patentamt für mehrere oder alle Länder Patente zu beantragen und von dort erteilt zu bekommen.

Die zweite Neuerung im Gefolge des TRIPS-Abkommens der WTO war die Ausweitung des Schutzes geistiger Eigentumsrechte auf biologische Organismen. Dies bedeutete eine erhebliche Attraktivitätssteigerung, im Rahmen biologischer Ingenieur Tätigkeit neue biologische Produkte und Produktionsverfahren zu entwickeln.

Der Art. 27 (3) des Abkommens über handelsbezogene Rechte an geistigem Eigentum (TRIPS) von 1995 verlangt nicht nur von allen

Mitgliedsstaaten der WTO die Einrichtung von Patentsystemen, sondern auch eine Ausweitung des Umfangs der patentierbaren Erfindungen.

Von der Patentierung ausgenommen werden dürfen zwar grundsätzlich Pflanzen und Tiere, allerdings nicht Mikroorganismen. Ausgenommen werden dürfen weiterhin essentiell biologische Prozesse zur Erzeugung von Pflanzen und Tieren, außer nicht-biologische und mikrobiologische Prozesse. Das bedeutet: Mikroorganismen und nichtbiologische sowie mikrobiologische Prozesse müssen den Bestimmungen von Art. 27(3) TRIPS zufolge in Mitgliedsstaaten patentierbar sein. Außerdem verlangt Art. 27(3) TRIPS die Einrichtung von Rechtsschutzsystemen für neue Pflanzenzüchtungen, entweder per Patent oder durch ein System eigener Art (*sui generis*) oder eine Kombination von beidem. Das weltweit vorherrschende System für den Rechtsschutz auf Neuzüchtungen von Pflanzensorten ist eine Gesetzgebung nach den Bestimmungen der UPOV (Internationaler Verband zum Schutz von Pflanzenzüchtungen; franz.: Union internationale pour la protection des obtentions végétales), die ihren Sitz in Genf bei der Weltorganisation für geistiges Eigentum (englisch: „World Intellectual Property Organization“, WIPO) hat. Für die Entwicklung neuer und damit patentierbarer Produkte auf biologischer Basis ist der Zugang zu genetischen Ressourcen wichtig. Inzwischen erfordert eine Patentanmeldung in der Regel wenigstens die formelle Offenlegung der verwendeten Stoffe und Prozesse. Unter anderem um diesen Zugang geht es in der Konvention über biologische Vielfalt.

Der Branchenverband der Biotechnologieindustrie in Deutschland, BIO Deutschland, behauptet „für die Forschung mit lebenden Organismen als Ausgangsbasis einer Bioökonomie ist ein effektiver Schutz geistigen Eigentums grundlegend“ und fordert in Bezug auf eine deutsche Nationale Bioökonomiestrategie, es „sollte auch ein klares Bekenntnis zur Bedeutung des Patentschutzes in die Bioökonomiestrategie aufgenommen werden.“⁵⁹

produziert. Im „TWN Briefing paper“ Nr. 99 von Mai 2019⁶⁰ stellte Edward Hammond dies dar.

In Deutschland beispielsweise unterhält das Verteidigungsministerium zehn Ressortforschungseinrichtungen⁶¹, von denen einige Interesse an DSI haben könnten: das „Institut für Mikrobiologie“ und das „Institut für Pharmakologie und Toxikologie“ der Bundeswehr in München sowie das „Wehrwissenschaftliche Institut für Schutztechnologien – ABC-Schutz“ in Munster. Das deutsche Verteidigungsministerium erteilte von 2010 bis 2013 mehr als 700 öffentliche Forschungsaufträge (in allen Sparten der Militärforschung) mit einem Volumen von über 390 Millionen Euro. Außeruniversitäre Forschungseinrichtungen erhielten 588 Aufträge im

Wert von über 360 Millionen Euro, ein Großteil der Aufträge gingen an die Institute der Fraunhofer-Gesellschaft.⁶²

Die deutsche Bundesregierung betreibt systematisch die Erhöhung des Anteils für Forschung und Entwicklung am Bruttoinlandsprodukt. „Die bisherige Forschungs- und Innovationsleitlinie trug dazu bei, dass Deutschland als eines der wenigen EU-Länder das 3-Prozent-Ziel der Strategie Europa 2020 vorzeitig nahezu erreichen konnte. Um Deutschland als Forschungs- und Innovationsstandort weiter voranzubringen, will die Bundesregierung bis 2025 die Ausgaben in Forschung und Entwicklung auf 3,5 Prozent des Bruttoinlandsproduktes steigern.“⁶³

58 Übereinkommen über handelsbezogene Aspekte der Rechte des geistigen Eigentums, englisch „Agreement on Trade-Related Aspects of Intellectual Property Rights“, kurz TRIPS, online: https://www.wto.org/english/docs_e/legal_e/27-trips.pdf

59 Siehe „Stellungnahme der BIO Deutschland zum Referentenentwurf für eine Nationale Bioökonomiestrategie“ vom 19.07.2019, Seite 4.

60 Siehe https://www.twn.my/title2/briefing_papers/No99.pdf

61 Siehe <https://de.wikipedia.org/wiki/Verteidigungsforschung>

62 Siehe <https://www.ndr.de/nachrichten/info/Militaerforschung,ruestungsforschung100.html>

63 So im Artikel „Bioökonomie in der Hightech-Strategie 2025“, <https://biooekonomie.de/nachrichten/biooekonomie-derhightech-strategie-2025>.

Dem dient die deutsche regierungsamtliche Hightech-Strategie⁶⁴, die eine „offene Innovations- und Wagniskultur“ propagiert. Um diese „Wagniskultur“ zu fördern, will man „die Engpässe und Hindernisse auf dem Weg von der Idee in den Markt ermitteln und klar benennen“⁶⁵ – und verliert in diesem Zusammenhang zum Vorsorgeprinzip bei neuen Techniken und Technologien kein Wort.

Doch wäre das gerade in Wagnis-Situationen angemessen, denn „das Vorsorgeprinzip kommt in Situationen zur Anwendung, in denen ein schwerwiegender Schaden eintreten, die Wahrscheinlichkeit des Schadenseintritts aber noch nicht angegeben werden kann“⁶⁶ wie die schweizerische Ethikkommission jüngst festhielt. Auch wenn das Hauptaugenmerk auf der Schadensvorsorge liege, bedeute das „nicht, dass der mögliche Nutzen keine Rolle spielt. Im Gegenteil: aus Sicht der relevanten ethischen Theorien ist klar, dass auch Nutzenpotenziale erforscht und, soweit in einer Vorsorgesituation zulässig, Daten zur Wahrscheinlichkeit ihrer Realisierung erhoben werden sollten. Insofern sind Überlegungen zum Innovationspotenzial und den entsprechenden Chancen ein fester Bestandteil einer Vorsorgesituation.“⁶⁷ Die Ethikkommission reagiert auf die aktuelle Diskussion mit der Klarstellung: „Die Kritik, das Vorsorgeprinzip sei innovationsfeindlich oder in-

novationshemmend, ist daher unbegründet. Es braucht keine Ergänzung durch ein „Innovationsprinzip““⁶⁸ Das Vorsorgeprinzip sei an sich schon „ein Prinzip zum Umgang mit Situationen der Unsicherheit, in denen aufgrund mangelnden Risikowissens“⁶⁹ eine Risikobeurteilung noch nicht möglich sei.

Festzuhalten sei, „dass es zwischen Vorsorge und der Entwicklung neuer Technologien keine unauflösbaren Widersprüche gibt.“⁷⁰ Gleichzeitig betont die Kommission, „dass die Zulassung dieser Technologien und der entsprechenden Produkte aus ethischer Sicht an ein relativ anforderungsreiches Verfahren gebunden ist, das auch dann nicht zur Disposition steht, wenn es länger dauern sollte, bis sie auf den Markt kommen. Dieser Aspekt ist auch in Zeiten eines beschleunigten Technologiefortschritts zu berücksichtigen – selbst wenn dieser Fortschritt nötig erscheint, um die anstehenden globalen Herausforderungen meistern zu können.“⁷¹

Auch diese letzte Feststellung ist wichtig, denn immer wieder wird die Forderung nach umgehender Anwendungserlaubnis für neue Technologien damit gerechtfertigt, dass gerade durch sie Bedrohungen menschlichen Lebens abgewendet werden könnten und daher die Anwendung dieser Technologien keinen Aufschub dulde.

1.7 Aktuelle internationale Verhandlungsforen

Das umfassendste Forum für die Diskussion zu Access und Benefit-Sharing (ABS) ist die Konvention über biologische Vielfalt (CBD) von 1993 mit ihrem 2014 in Kraft getretenen Nagoya-Protokoll über Zugang und Vorteils-Aufteilung.⁷²

Der für die Frage des Umgangs mit digitaler Information über genetische Ressourcen relevante Verhandlungsstrang in der CBD ist der Prozess zu Digitaler Sequenz-Information. Er wurde auf der 13. Vertragsstaatenkonferenz in Cancún (Mexiko) 2016 begonnen und über die 14. Vertragsstaatenkonferenz in Sharm El Sheikh (Ägypten) 2018 fortgeführt. Gegenwärtig läuft der Prozess auf die 24. Sitzung des wissenschaftlichen

Beirates der CBD (SBSTTA) im Mai 2020 und auf die 15. Vertragsstaatenkonferenz (COP 15) im Oktober 2020 in Peking zu.

Zu Fragen der synthetischen Biologie beschloss schon die 12. Vertragsstaatenkonferenz der CBD 2014 in Pyeongchang (Südkorea) auf Initiative von zivilgesellschaftlichen Organisationen, die schädlichen und potentiell gefährlichen Folgen („Risiken“) der Synthetischen Biologie auf Ernährungssicherheit, Gesundheit und biologische Vielfalt zu untersuchen.⁷³ Seither gibt es dazu einen eigenen Verhandlungsstrang in der CBD. Diesem fortlaufenden Prozess gilt die Mahnung von Unmüßig/Fatheuer/Fuhr: „Um diesen von der Zi-

64 Siehe <https://www.hightech-strategie.de/de/hightech-strategie-2025-1726.html>

65 Vgl. „Forschung und Innovation für die Menschen. Die Hightech-Strategie 2025“, https://www.bmbf.de/upload_filestore/pub/Forschung_und_Innovation_fuer_die_Menschen.pdf Seite 46

66 Benötigt das Vorsorgeprinzip eine Ergänzung? Ethische Überlegungen zum „Innovationsprinzip“. EKAH-Bericht, November 2019, Seite 1, online: https://www.ekah.admin.ch/inhalte/ekah-dateien/dokumentation/publikationen/EKAH-Bericht__Innovationsprinzip__November_2019_DE.pdf

67 Ebd.

68 Ebd.

69 Ebd.

70 Ebd.

71 Ebd.

72 Wörtlich: „Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from their Utilization to the Convention on Biological Diversity“, siehe <https://www.cbd.int/abs/>

73 Entscheidung CBD/COP/DEC/XII/24 <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-12/cop-12-dec-24-en.pdf>

vilgesellschaft initiierten Prozess nicht zur Farce verkommen zu lassen, kommt auf die Kritikerinnen und Kritiker der Synthetischen Biologie in den kommenden Jahren ein gutes Stück Arbeit zu. Dabei haben sie mächtige Gegner gegen sich stehen, die alles geben werden, um ihre Macht zu verteidigen.“⁷⁴

Ist die CBD auch das umfassendste Verhandlungsforum, so lässt sie doch ausdrücklich anderen internationalen Verhandlungsforen Platz für ihre spezifischen Anliegen.

Dies sind im Bereich von Landwirtschaft und Ernährung insbesondere der Internationale Saatgutvertrag (ITPGR-FA) unter der Regie der FAO und die Kommission über pflanzengenetische Ressourcen (CGRFA) der FAO. Die CGRFA nimmt zum einen für sich in Anspruch, die erste internationale Organisation mit einer Regulierung von Materialtransfer und Benefit-Sharing zu sein. Zum anderen will sie auch zuständig sein für die Regulierung jedweder genetischer Ressourcen, weil und insofern es ihre mögliche Verwendung in Ernährung und Landwirtschaft betrifft. Im Dokument *“Digital Sequence Information’ on Genetic Resources for Food and Agriculture and its relevance for food security”* (CGRFA-17/19/4) heißt es in Absatz 19, der Wert einer genetischen Ressource sei nicht auf ihre Biologie beschränkt. Der Umfang und die Geschwindigkeit der Informationserfassung über Organismen könnten unabhängig von dem Organismus, der ursprünglich das genetische Material bereitgestellt hat, zu künftigen Verwendungen und Einnahmen führen.⁷⁵ Die Diskussion in der CGRFA kann in dieser Studie leider nicht ausführlich dargestellt werden. Dies muss einer eigenen Ausarbeitung vorbehalten bleiben. Der Stand der Verhandlungen im Saatgutvertrag wird im folgenden Abschnitt behandelt.

Im medizinischen Bereich ist das PIP Framework⁷⁶ der Weltgesundheitsorganisation (WHO) ein wichtiges Instrument für Benefit-Sharing. Es bietet einen Rahmen für die Vorsorge gegenüber pandemischen Grippeerkrankungen zum Austausch von Influenzaviren (Grippeviren) und für den Zugang zu Impfstoffen und anderen Vorteilen. Das Rahmenwerk wurde eingerichtet, um eine größere Gerechtigkeit und Solidarität zwischen den Nationen einzuführen, wenn die nächste Pandemie ausbricht⁷⁷. Das PIP-Rahmenwerk verfolge zwei Ziele gleichberechtigt: die gemeinsame Nutzung von Influenzaviren, die eine Pandemie auslösen können,

und den Zugang zu Kapazitätsentwicklung und zu Produkten wie etwa Impfstoffen.

Der Austausch von Influenza-Viren erfolge über das „Global Influenza Surveillance and Response System“ (GISRS), ein Netzwerk von mehr als 150 öffentlichen Gesundheitslaboren auf der ganzen Welt. GISRS diene nicht nur als Plattform für die gemeinsame Nutzung von Viren, sondern teile auch die von diesen Viren abgeleiteten genetischen Sequenzdaten, entwickle und teile Reagenzien und führe Risikobewertungen durch. Im Gegenzug für den Erhalt von Influenzaviren mit Pandemiepotenzial und damit verbundenen Daten von GISRS tragen die Hersteller auf zweierlei Weise zur Pandemievorsorge bei: Sie zahlen einen jährlichen Partnerschaftsbeitrag in Höhe von 28 Mio. USD an die WHO und sie verpflichten sich im Rahmen von rechtsverbindlichen Verträgen, der WHO Impfstoffe, Virostatika, diagnostische Kits oder andere Produkte zum Zeitpunkt der nächsten Pandemie zur Verfügung zu stellen. Ein Beispiel für funktionierendes Benefit-Sharing.

Gegenüber den umfangreichen und kontroversen Diskussionen in den internationalen Organisationen nimmt sich eine private Initiative wie die „Earth Bank of Codes (EBC)“ des Unternehmers Juan Carlos Castilla-Rubio, lanciert auf dem World Economic Forum (WEF) 2018, eher bescheiden aus⁷⁸. Macht man sich klar, wie umfassend einerseits in den verschiedenen internationalen Foren zu Digitaler Sequenz-Information verhandelt wird und wie schnell andererseits die systematische elektronische Erfassung und Veröffentlichung dieser Informationen vorangeht und welche vielfältigen Möglichkeiten für Entwicklung neuer Produkte und Produktionsverfahren sie bietet, wird nicht ersichtlich, wie diese Kooperation mit dem WEF und dem Earth BioGenome Project „die biologischen und biomimetischen Vermögenswerte der Natur für Wissenschaftler und Innovatoren auf der ganzen Welt sichtbar und zugänglich“ machen will. Gleichzeitig soll angeblich „die Biopiraterie bekämpft und eine gerechte Aufteilung der sich möglicherweise ergebenden wirtschaftlichen Vorteile sichergestellt werden, im Einklang mit dem Nagoya-Protokoll des Übereinkommen über die biologische Vielfalt“⁷⁹. Eher scheint das EBC-Projekt dem Earth BioGenome Project ein Feigenblatt anheften zu sollen, um den Verdacht der systematischen Biopiraterie zu zerstreuen.

74 Unmüßig, Barbara; Fatheuer, Thomas; Fuhr, Lili: „Kritik der Grünen Ökonomie“, S. 126.

75 Vgl. Dokument CGRFA-17/19/4 <http://www.fao.org/3/my588en/my588en.pdf>, S. 5

76 „Pandemic influenza preparedness Framework for the sharing of influenza viruses and access to vaccines and other benefits“, s. https://www.who.int/influenza/resources/PIP_framework/en/

77 Siehe für diesen und den folgenden Absatz: <https://www.who.int/features/qa/pandemic-influenza-preparedness/en/>

78 Siehe z. B. <https://gardencollage.com/change/sustainability/earth-bank-codes-aims-protect-nature-using-genetics/>

79 Siehe <https://www.earthbankofcodes.org/>: „The Earth Bank of Codes (EBC) aims to make nature’s biological and biomimetic assets visible and accessible to scientists and innovators around the world, while tackling bio-piracy and ensuring fair and equitable sharing of the commercial benefits that may ensue, in alignment with the Convention of Biodiversity’s Nagoya Protocol.“

1.8 Verhandlungen zu pflanzengenetischen Ressourcen

Nach der Verabschiedung des „International Undertaking“ zu pflanzengenetischen Ressourcen im Jahr 1983 begann 1994 der Prozess seiner Revision und mündete in der Annahme des Internationalen Saatgutvertrages (ITPGR-FA) durch die FAO-Konferenz im Jahr 2001⁸⁰. Es war das erste gesetzlich verpflichtende und operationalisierte Instrument für ABS, noch vor den Bonn Guidelines⁸¹ und dem Nagoya-Protokoll der CBD. Das Nagoya-Protokoll seinerseits lässt Raum für andere Regularien in Bezug auf ABS, sofern sie nicht den Zielen der CBD zuwiderlaufen⁸². Ein solches spezialisiertes internationales Instrument für ABS ist der Saatgutvertrag mit seinem Multilateralen System (MLS), das für 64 Arten von Ackerfrüchten (*crops*) und Futtermitteln (*forages*) gilt.

Im Februar 2019 fand die 17. ordentliche Sitzung der CGRFA (Kommission) statt. Ganz oben auf der Tagesordnung dieser Sitzung standen – nach der Rolle der genetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft – zwei Fragen: erstens der Zugang zu diesen genetischen Ressourcen und die Aufteilung der Vorteile, die aus ihnen erwachsen und zweitens die „Digitale Sequenz-Information“ bezüglich dieser genetischer Ressourcen.

Die CGRFA ersuchte die FAO förmlich, die „*Elemente zur Erleichterung der inländischen Implementierung von Zugang und Vorteilsausgleich für verschiedene Teilssektoren*“ von genetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft unter den Mitgliedern, den regionalen Büros und Länderbüros der FAO und den nationalen Anlaufstellen u. a. der CBD und des Saatgutvertrages zu verbreiten⁸³. Außerdem ersuchte sie die FAO, weiterhin Ländern dabei zu helfen, gesetzliche, verwaltungsmäßige und politische Maßnahmen für ABS bezüglich GRFA zu entwickeln⁸⁴.

Außerdem lud der Verwaltungsrat die Vertragsparteien, andere Regierungen, relevante Interessengruppen und Personen mit einschlägigem Fachwissen ein, Informationen zu liefern, unter anderem zu den in diesem

Bereich verwendeten Begriffen, zu den Akteuren, die mit DSI über pflanzengenetische Ressourcen (PGRFA) befasst sind, zu Art und Umfang der Verwendung von „digitalen Sequenzinformationen“ auf pflanzengenetische Ressourcen. Dazu gehören die Charakterisierung, die Züchtung und genetische Veränderung, die Erhaltung und die Identifizierung von PGRFA. Außerdem bat der Verwaltungsrat um Informationen über die Relevanz von DSI zu PGRFA für die Ernährungssicherheit und Ernährung, um auf der achten Generalversammlung die möglichen Auswirkungen der Verwendung von DSI zu PGRFA auf die Ziele des Saatgutvertrages, einschließlich Austausch ABS prüfen zu können⁸⁵.

Es bedurfte einer zweiten Aufforderung des Generalsekretärs des Internationalen Saatgutvertrages, Kent Nnadozie, und einer Fristverlängerung vom 31.3.2019 auf den 17.5.2019, dass neunzehn Vertragsstaaten und zehn andere Interessensgruppen ihre Stellungnahmen einreichen⁸⁶.

Begriff und Bedeutungsbreite sind sehr kontrovers. Das Third World Network empfahl, mit einer Festlegung im Internationalen Saatgutvertrag auf die Entscheidungen der CBD zu warten⁸⁷; an der Behandlung des Themas DSI drohe der ganze Saatgutvertrag zu scheitern. Ausgangspunkt für eine Diskussion innerhalb des Saatgutvertrages könne der Entwurf⁸⁸ für eine „fact-finding“ Studie zu DSI über genetische Ressourcen für Nahrung und Landwirtschaft sein⁸⁹, siehe unten.

Bei der 8. Tagung des Verwaltungsrates des Internationalen Saatgutvertrages im November 2019 gab es keine Einigung über eine Verbesserung des Multilateralen Systems für Zugang und gerechte Vorteils-Aufteilung (ABS) bei pflanzengenetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft, die insbesondere den Umgang mit DSI regeln sollte⁹⁰. Die Sitzungsleitung machte einen Vorschlag zur Prüfung der möglichen Auswirkungen der Verwendung digitaler Sequenzinformationen / genetischer Sequenzdaten auf die Ziele des Vertrags⁹¹.

80 CGRFA-17/19/Report: „Seventeenth Regular Session of the Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Rome, 18–22 February 2019“, Seite 31. Englische Version online: <http://www.fao.org/3/mz618en/mz618en.pdf>

81 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>

82 CGRFA-17/19/Report, Anhang B, Seite 32.

83 CGRFA-17/19/Report, Seite 3, Absatz 16.

84 CGRFA-17/19/Report, Seite 3, Absatz 18.

85 Entschließung IT/GB-7/17/Res13 „Multi-Year Programme of Work of the Governing Body of the International Treaty“, englische Version online: <http://www.fao.org/3/a-mv176e.pdf>, Absatz 4

86 Diese „Submissions on digital sequence information (DSI)“ sind online zugänglich unter <http://www.fao.org/plant-treaty/overview/mypow/dsi/en/>

87 Stellungnahme des TVVN, S. 1, siehe <http://www.fao.org/3/ca4685en/ca4685en.pdf>

88 „Draft Exploratory Fact-Finding Scoping Study on “Digital Sequence Information” on Genetic Resources for Food and Agriculture“, <http://www.fao.org/fi/static-media/MeetingDocuments/AqGenRes/ITWG/2018/Inf10e.pdf>

89 Stellungnahme des TVVN, S. 2, siehe <http://www.fao.org/3/ca4685en/ca4685en.pdf>

90 Siehe <https://genres.de/internationales/internationaler-saatgutvertrag/>

91 Siehe Earth Negotiations Bulletin, Vol. 9 No. 740 vom 19.11.2019, S. 4, rechte Spalte, Zeile 19f, online: <https://enb.iisd.org/download/pdf/enb09740e.pdf>

Hintergrund 3: Biologische Vielfalt: ihre Bewahrung, ihre Nutzung und die Vorteils-Aufteilung – das Nagoya Protokoll

Die internationale Konvention über biologische Vielfalt (Convention on Biological Diversity, CBD) wurde 1992 als eine Reaktion auf den erheblichen Verlust an Biodiversität vereinbart und von den meisten Staaten ratifiziert. Als einziger großer Staat haben die USA den Vertrag nicht ratifiziert. Diese Konvention zielt auf den Schutz der biologischen Vielfalt, die Sicherstellung des Zuganges zu ihr (access) und die Aufteilung des sich aus ihrer Nutzung ergebenden Vorteils (Benefit-Sharing).

Viele Jahre wurde auf den zweijährlichen Konferenzen der Mitgliedsstaaten über die Ausgestaltung verbindlicher Regeln für Access and Benefit Sharing (ABS) verhandelt, bis das Nagoya Protokoll (NP) für ABS⁹² im Jahr 2010 unterzeichnet wurde und 2014 in Kraft trat. Eine ausführliche politische Analyse des Nagoya-Protokolls in deutscher Sprache bietet die Broschüre „Wer kriegt was? Das Nagoya-Protokoll gegen Biopiraterie“ von 2012 von Michael Frein und Hartmut Meyer⁹³.

Die Analyse des Evangelischen Entwicklungsdienstes⁹⁴ (EED) über das Nagoya-Protokoll kommt jedoch zu bitteren Ergebnissen: „Das Nagoya-Protokoll erhält keinen greifbaren Fortschritt für die Vorteilsaufteilung bei der Nutzung genetischer Ressourcen für die Zeit ab dem Inkrafttreten der CBD, dem 20. Dezember 1993. Die Fälle von Biopiraterie, die seither und bis zum Inkrafttreten des Nagoya-Protokolls beklagt werden, könnten damit faktisch unangetastet bleiben.“ (26) Es war den Kritikern der Biopiraterie zudem nicht gelungen, verpflichtende Ursprungszertifikate für sämtliche Patentanmeldungen, die genetische Ressourcen betreffen, festzulegen. Frein/Meyer: „Meinten die Industrieländer es also mit dem Kampf gegen Biopiraterie ernst, so läge in einer Umgestaltung internationaler und nationaler Patentgesetze die Möglichkeit, dafür den Beweis zu erbringen. Das Protokoll hindert keinen Vertragsstaat daran, einen entsprechenden Checkpoint beim Patentamt einzurichten. Das wollten die Entwicklungsländer in Nagoya als bindende Verpflichtung festschreiben. Die Industrieländer haben dies abgelehnt, es wäre ein starkes politisches Signal, dieser elementaren Forderung der Entwicklungsländer nun im Kontext der Umsetzung nachzukommen.“⁹⁵

Die Industrieländer unterlassen gezielt im Interesse der in ihnen ansässigen Konzerne eine derartige Ausgestaltung ihres Patentrechtes. Grundsätzlich besteht das Ziel der Patenterteilung in der Gewerbeförderung, eine konsequente Durchsetzung des Benefit-Sharings könnte die Gewinne schmälern und den Effekt der Gewerbeförderung mindern. Doch auch die Entwicklungsländer profitieren nicht automatisch von den Regelungen des Nagoya-Protokolls, dies braucht vor allem eine einheimische Gesetzgebung.

Frein/Meyer geben wichtige Empfehlungen zur Stärkung der Position der biodiversitätsreichen Staaten: „Den Entwicklungslän-

dern ist zunächst einmal dringend anzufempfehlen, eine nationale Gesetzgebung auszuarbeiten und zu implementieren. Dort sollte auch verankert sein, dass sie Nutzern aus Ländern, die nicht über ausreichende Mechanismen und Instrumente zur Bekämpfung von Biopiraterie verfügen, den Zugang zur Nutzung ihrer genetischen Ressourcen und des damit verbundenen traditionellen Wissens verweigern können. Dies würde Umsetzungslücken in Nutzerländern offenbaren.“⁹⁶

Die Autoren zeigen auch auf, wo die biodiversitätsreichen Staaten einen Hebel hätten: „Hinzu kommt, dass die Entwicklungsländer gut beraten wären, ihre nationale Gesetzgebung auch dahingehend auszugestalten, dass sie den physischen Zugang zu genetischen Ressourcen und genetischem Material regelt. Nichts im Nagoya-Protokoll hält sie davon ab, dies zu tun, die CBD gibt ihnen sogar ausdrücklich das Recht hierzu. Dies würde die biodiversitätsreichen Länder in die Position versetzen, potentiellen Nutzern nicht nur den Zugang zur Nutzung im Sinne von Forschung und Entwicklung, sondern auch den Prozess des Habhaftwerdens der genetischen Ressourcen durch nationale Gesetzgebung zu regulieren.“

Sie sehen für die biodiversitätsreichen Staaten ohne eigene gesetzliche Regulierung keine Chance, eine Vorteils-Aufteilung zu erreichen: „Insgesamt ist die Einführung einer klar reglementierenden nationalen Gesetzgebung aus Sicht der bereitstellenden Ursprungsländer vor allem auch wegen der Compliance-Vorschriften des Protokolls unabdingbar. Denn die Regeln zur Erfüllung der Verpflichtungen des Protokolls sehen vor, dass die Anforderungen der nationalen Gesetzgebung des jeweils anderen Vertragsstaates erfüllt sein müssen. Daraus folgt: wo nichts ist, ist auch nichts zu erfüllen. Für Staaten ohne eine nationale Gesetzgebung zu Zugang und gerechtem Vorteilsausgleich ist das Nagoya-Protokoll im Grunde wertlos.“⁹⁷

Durch die neuen Methoden der Synthetischen Biologie kann nun zunehmend der Transfer von Material entfallen oder dieser Fortfall zumindest vorgetäuscht werden. Zur Erzeugung neuer Produkte auf der Basis von gentechnisch veränderten oder erzeugten Organismen, deren Bestandteile oder deren Stoffwechselprodukte (besonders Enzyme) ist nicht mehr in allen Fällen zwingend erforderlich, physisch vorliegende genetische Ressourcen zu verwenden. Bei Anwendung der synthetischen Methoden mag es ausreichen, die Nukleotid-Sequenzen des Genoms des Organismus oder der interessierenden Teile davon zu kennen, um diese Organismen zu erstellen oder in gewünschter Weise so zu ändern, sodass sie die gesuchten Bestandteile aufweisen oder ihr Stoffwechsel die gesuchten Produkte verfügbar macht.

92 Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from Their Utilization

93 Frein, Michael und Meyer, Hartmut: „Wer kriegt was? Das Nagoya-Protokoll gegen Biopiraterie – eine politische Analyse“, hg. v. Evangelischen Entwicklungsdienst, Bonn 2012, online: http://www.brot-fuer-die-welt.de/fileadmin/mediapool/2_Downloads/Kirche_und_Gemeinde/Gottesdienstentwurfe/EED_Nagoya_Protokoll_2012_deu.pdf

94 2012 schlossen sich die vorher selbstständigen Einrichtungen „Brot für die Welt“ und „Evangelischer Entwicklungsdienst (EED)“ mit dem Diakonischen Werk in Deutschland unter einem organisatorischen Dach, dem „Evangelischen Werk für Entwicklung und Diakonie“ zusammen, seither hat der EED keinen eigenen Auftritt mehr.

95 Frein/Meyer 2012, S. 27

96 Frein/Meyer 2012, S. 27

97 Frein/Meyer 2012, S. 28

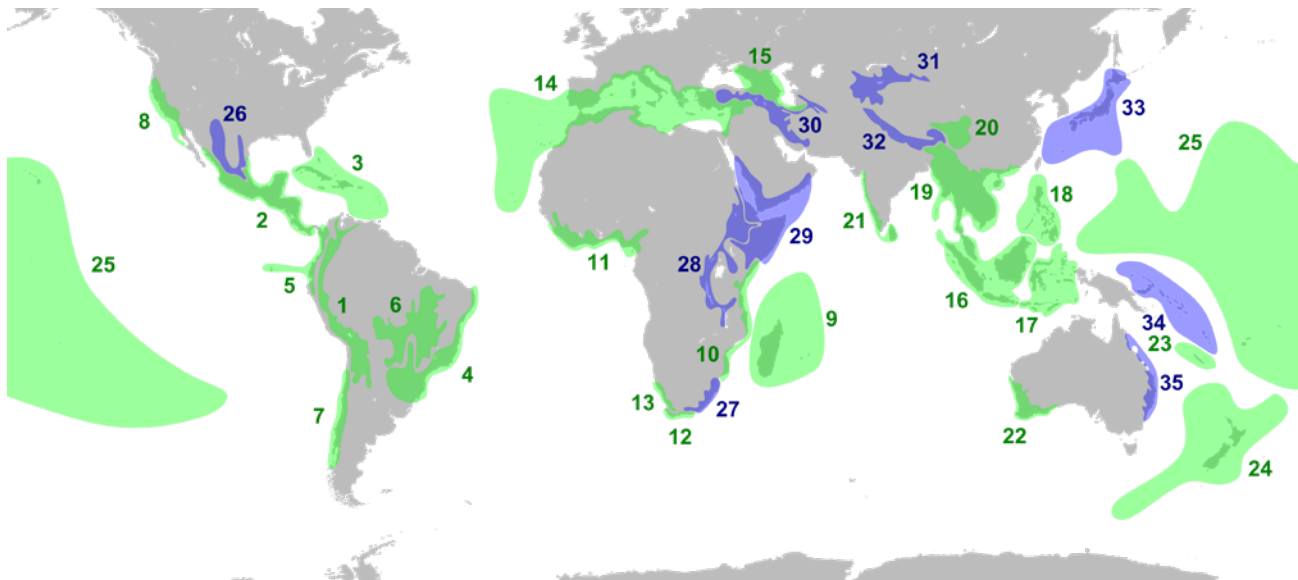
Die Entwicklungsländer lehnten den Vorschlag ab, weil er im Hinblick auf eine faire und gerechte Aufteilung des Nutzens nicht ausgewogen sei und die genetischen Sequenzdaten nicht angemessen berücksichtigt werden. Sie stellten auch fest, dass der Vorschlag zu spät in der Sitzung eingereicht wurde, und machten auf die begrenzte Zeit aufmerksam, die für die Überprüfung verbleibt. Viele unterstützten die weitere Arbeit innerhalb der Arbeitsgruppe zur Verbesserung des Multilateralen Systems. Indien und andere Länder stellten fest, dass eine Lösung nur dann erreichbar sein werden, wenn die Auswirkungen der Digitalisierung genetischer Ressourcen auf die Ziele des Vertrags angesprochen werden⁹⁸.

Als finanzielle Zielgröße war ein Umfang des Benefit-Sharing Fonds des Saatgutvertrages von 50 Mio

USD anvisiert worden. Jede Vereinbarung zur Überarbeitung der Standard Material-Transfer-Vereinbarung (SMTA) müsse ein hartes finanzielles Ziel mindestens in dieser Höhe enthalten, das eine konkrete Messung des Erfolgs (und Misserfolgs) ermögliche, formulierten das African Centre for Biodiversity (ACB) und das Third World Network⁹⁹. Eine solche Zahl erfordere, dass viele der weltweit größten Saatgutunternehmen sich am neuen System beteiligen, damit es funktioniere. Dies wäre eine sinnvolle und angemessene Voraussetzung, da ein System ohne Beteiligung großer Saatgutunternehmen keine Implementierung wert sei. Eine Erweiterung des Multilateralen Systems sollte demzufolge erst dann zulässig sein, wenn der Wert von 50 Millionen US-Dollar verlässlich realisierbar sei.

⁹⁸ Ebd. Zeile 22ff

⁹⁹ Siehe „Crunch Time for the Seed Treaty“, hg. v. African Centre for Biodiversity (ACB) und Third World Network, Johannesburg/Penang 2019, online: https://www.acbio.org.za/sites/default/files/documents/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, S. 11.



Hotspots der Biodiversität | Grafik: Ninjatacoshell (CC BY-SA 3.0)

2 Die Diskussion um DSI in der Konvention über die biologische Vielfalt (CBD)

2.1 Die 13. CBD-Vertragsstaatenkonferenz 2016 (COP 13)

Im Jahr 2016 verabschiedeten die 13. Vertragsstaaten-Konferenz (COP 13) der CBD und die COP 2 des Nagoya-Protokolls in Cancún Beschlüsse zu DSI, in denen sie die Notwendigkeit feststellten, einen koordinierten und nicht doppelnden Ansatz in dieser Angelegenheit im Rahmen der CBD und des Nagoya-Protokolls (NP) zu verfolgen. Maßgeblich sind die Entscheidungen CBD COP XIII/16 bzw. NP-2/14. Die Vertragsstaaten beschlossen, auf ihren bevorstehenden Sitzungen mögliche Auswirkungen der Verwendung digitaler Sequenzinformationen auf genetische Ressourcen für die drei Ziele der CBD (Erhaltung genetischer Ressourcen, Zugang zu ihnen und Aufteilung des Vorteils aus ihrer Nutzung) bzw. für das Ziel des Nagoya-Protokolls zu prüfen¹⁰⁰.

Die Vertragsparteien einigten sich auch auf einen Prozess zur Erleichterung der Prüfung dieser Angele-

genheit¹⁰¹, einschließlich Konsultationen mit Regierungen, indigenen Völkern und lokalen Gemeinschaften sowie einschlägigen Organisationen und Interessengruppen¹⁰². Ferner wollten sie den Umfang und die Bedingungen der Nutzung von DSI im Kontext der CBD und des Nagoya-Protokolls bewerten und eine technische Expertengruppe (AHTEG) einsetzen. Diese sollten unter anderem den technischen Umfang sowie die rechtlichen und wissenschaftlichen Auswirkungen der bestehenden Terminologie im Zusammenhang mit DSI berücksichtigen.¹⁰³

Es wurde ein Synthese-Bericht über die verschiedenen Ansichten zu potentiellen Implikationen des Gebrauchs von DSI für die drei Ziele der CBD und das Ziel des Nagoya-Protokolls¹⁰⁴ für diese beiden Konferenzen erstellt und am 9. Januar 2018 vorgelegt, für

¹⁰⁰ Siehe Dokument CGRFA-17/19/4, Absatz 28, <http://www.fao.org/3/my588en/my588en.pdf8>

¹⁰¹ Siehe Dokument CGRFA-17/19/4, Absatz 29, <http://www.fao.org/3/my588en/my588en.pdf9>

¹⁰² Siehe Dokument CBD/SBSTTA/22/INF/2 „Synthesis of views ...“, Absatz 2, online: <https://www.cbd.int/doc/c/49c9/06a7/0127fe7b-c6f3bc5a8073a286/dsi-ahteg-2018-01-02-en.pdf> und Dokument CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2/Add.1 „Case studies ...“, online <https://www.cbd.int/doc/c/7a1d/3057/f5fa0ecb0734a54aadd82c01/dsi-ahteg-2018-01-02-add1-en.pdf>,

¹⁰³ Siehe Dokument CBD/SBSTTA/22/INF/4 „Report on the AHTEG on DSI on GR“, Absatz 2e), online <https://www.cbd.int/doc/c/f99e/e90a/71f19b77945c76423f1da805/dsi-ahteg-2018-01-04-en.pdf>

¹⁰⁴ Siehe Dokument CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2 „Synthesis of views and information“, online <https://www.cbd.int/doc/c/06dc/df41/cbbe0ff3d861dc4e45953973/dsi-ahteg-2018-01-02-en.pdf>

¹⁰⁵ Laird/Wynberg 2018, siehe <https://www.cbd.int/doc/c/e95a/4d4d/4baea2ec772be28edcd10358/dsi-ahteg-2018-01-03-en.pdf>

die Konferenz der AHTEG-Gruppe im Februar 2018 in Kanada und die Konferenz des wissenschaftlichen Beirates der CBD im Juli 2018 ebendort.

Auch eine Studie zur Faktenermittlung und zum Geltungsbereich von DSI wurde für die beiden Konferenzen beauftragt. Sarah A. Laird and Rachel P. Wynberg legten die „*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*“ am 10. Januar 2018 vor¹⁰⁵. Ihre Schlussfolgerung lautet: „*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.*“¹⁰⁶

Laird/Wynberg empfehlen: „*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.*“¹⁰⁷ Sodann stellen sie fest, dass es eine Aufgabe der ABS-Politik sei, „*sich über die tiefgreifenden Entwicklungen zu informieren, die die Forschung heute prägen*“ und nennt in diesem Zusammenhang Sequenzierungsplattformen und tragbare Geräte, die es Forschern ermöglichen, physische Proben zu sequenzieren und sie ins Internet oder in Datenbanken hochzuladen.¹⁰⁸

Schließlich führen Laird/Wynberg eine Reihe von Themen auf, die verstanden werden müssten, um digitale Sequenzinformationen im Kontext des Übereinkommens über die biologische Vielfalt und des Nagoya-Pro-

tokolls zu untersuchen. Weitere Untersuchungen halten sie für acht Themen für nötig:

1. **„Wertermittlung:** Der wirtschaftliche Wert und das Potenzial von Sequenzinformationen, einschließlich aktueller und möglicher späterer Werte, wie sich der Wert manifestiert, und der Anteil von Sequenzinformationen aus Ländern mit hoher biologischer Vielfalt, einschließlich der in internationalen Datenbanken gefundenen.
2. **Datenbanken:** Die Geschichte öffentlicher und privater Datenbanken und Register, der Umfang, in dem der Zugriff erleichtert oder kontrolliert wird, die Richtlinien, Anbieter und Benutzer von Sequenzdaten sowie die Überwachung der Datennutzung.
3. **Vorteils-Aufteilung:** Vorteils-Aufteilung im Zusammenhang mit digitalen Sequenzinformationen, einschließlich traditioneller und neuer Formen der Vorteils-Aufteilung, und Aufbau von Kapazitäten in weniger entwickelten Ländern zur Teilnahme an der Forschung unter Verwendung ihrer Sequenzinformationen zu genetischen Ressourcen. Wie hat sich die Digitalisierung von Informationen in anderen Sektoren auf die Vorteils-Aufteilung ausgewirkt, einschließlich möglicher Lehren aus den Bereichen Musik, Film, Software, Verlagswesen und anderen Branchen.
4. **Benutzerhinweise und -vereinbarungen:** Eine eingehendere Überprüfung von MTAs¹⁰⁹, Benutzerbenachrichtigungen, Vereinbarungen und anderen Instrumenten zur Vorteils-Aufteilung im Zusammenhang mit Sequenzdaten.
5. **Nationale ABS-Maßnahmen und Sequenzinformationen:** Eine Überprüfung der Bemühungen zur Berücksichtigung digitaler Sequenzinformationen in den bisherigen Prozessen und Maßnahmen der nationalen ABS-Politik.
6. **Auf dem Laufenden bleiben:** Laufende Forschung zu den dramatischen und raschen Veränderungen in Wissenschaft und Technologie, auf denen ABS basiert. Ein Mechanismus zur Einspeisung von Informationen über diese Entwicklungen in politische Prozesse könnte ebenfalls erwogen werden.
7. **Erhaltung der biologischen Vielfalt und nachhaltige Nutzung:** Eine eingehendere Überprüfung der Beziehung zwischen Erhalt der biologischen Vielfalt, nachhaltiger Nutzung und digitalen Sequenzinformationen.
8. **Geistiges Eigentum:** Möglichkeiten, wie geistiges Eigentum für Sequenzinformationen und deren Anwendungen in verschiedenen Sektoren und unter

¹⁰⁶ Laird/Wynberg 2018, Seite 57, Absatz 251.

¹⁰⁷ Laird/Wynberg 2018, ebd., Absatz 252.

¹⁰⁸ Laird/Wynberg 2018, ebd., Absatz 253.

¹⁰⁹ MAT: Materialtransferabkommen, siehe https://en.wikipedia.org/wiki/Material_transfer_agreement

verschiedenen Szenarien geltend gemacht wird, zusammen mit Auswirkungen auf ABS, einschließlich Überwachung.“¹¹⁰

Es wurden im Konsultationsprozess aber auch Positionen formuliert, die eine Einbeziehung von DSI in das Access und Benefit-Sharing grundsätzlich ablehnen, etwa von VBIO aus Deutschland¹¹¹. Zur Untermauerung derartiger Positionen hatte T. M. Spranger im September 2017 ein Gutachten vorgelegt¹¹², das die Anwendbarkeit von CBD und NP auf DSI grundsätzlich bestreitet¹¹³. Eine ausführliche Auseinandersetzung damit kann hier nicht geführt werden. Nur soviel: Die Behauptung, eine Erbinheit sei „nur dann gegeben, wenn es sich um wie auch immer geartetes Material handelt, dass eine Vererbung auf einen nachfolgenden Organismus ermöglicht“¹¹⁴ ist nicht so evident wie es auf den ersten Blick scheinen mag.

Eine Erbinheit kann als gedankliches Konstrukt aufgefasst werden, das einen physischen Träger haben kann, aber nicht muss. Die CBD definiert in Art. 2 „Genetisches Material“ bedeutet jedes Material pflanzlichen, tierischen, mikrobiellen oder sonstigen Ursprungs, das funktionelle Vererbungseinheiten enthält.“¹¹⁵ Ein Material, das pflanzlichen, tierischen oder sonstigen Ursprungs ist, muss nicht ein physischer Teil von Pflanzen, Tieren o.a. sein, sondern kann eben sehr wohl als DSI über diese Pflanzen, Tiere o.a. verstanden werden, zumal gerade diese Information sehr wertvoll sein kann und die CBD weiter definiert: „Genetische Ressourcen“ bezeichnet genetisches Material von tatsächlichem oder potenziellem Wert.“¹¹⁶

Eine Analogie aus dem Erbrecht möge das verdeutlichen: Vermögen, das vererbt wird, muss nicht in der Form von Münzen und Scheinen vorliegen, sondern kann auch in Form von Information über Einlagen bei einer Bank vom Erblasser auf den Erbnehmer

vererbt werden. Im Gegenteil: gerade der Begriff des Erbnehmers bezieht sich auch auf immaterielle Vermögenswerte wie auf physisch vorliegende Gegenstände, wohingegen unter einem Vermächtnisnehmer jemand verstanden wird, der Gegenstände erhält.¹¹⁷

Schon das Gutachten des Fridtjof Nansen Institutes für die CBD aus dem Jahr 2010¹¹⁸ (CBD/WG-ABS/9/INF/1) kam zu dem Schluss, „dass der Wert der funktionellen Vererbungseinheiten in (mindestens) zwei Dimensionen erfasst werden kann: Die genetische Struktur an sich kann genutzt werden; oder die in der Nukleotidsequenz des genetischen Materials eingekapselte Information kann gelesen und digitalisiert und leicht erfasst werden. ... Die Flexibilität der Definition von „genetischen Ressourcen“ in der CBD berücksichtigt diese beiden Dimensionen.“¹¹⁹ Eine Auseinandersetzung mit diesem Gutachten führt Spranger nicht. Die Schlussfolgerung von Spranger, es stelle „die Nutzung digitaler Sequenzdaten keine Nutzung genetischer Ressourcen im Sinne von Art. 2 lit. c) des Nagoya-Protokolls dar“¹²⁰, ist deutlich in Frage zu stellen.

Auch Sprangers Schlussbemerkung ist aufschlussreich. Er schreibt: „Eine hilfswise Analyse der hypothetischen Folgen, die sich im Falle einer Erstreckung der CBD / des Nagoya-Protokolls auf digitale Sequenzdaten zeigen würden, verdeutlicht, dass insoweit namentlich kaum beherrschbare Vollzugsprobleme, eine regelungswidrige Forschungsbeschränkung, sowie unabsehbare Weiterungen der Problematik auf zahlreiche andere Lebensbereiche zu befürchten wären.“ Dass er mit den unbestimmten negativen Attributen „kaum beherrschbar“ und „unabsehbar“ diffuse Befürchtungen evoziert – ähnlich wie dann 2019 die Stellungnahme des deutschen Forschungskonsortiums¹²¹ – und nicht die entstehenden Probleme lösungsorientiert bearbeitet, zeigt den Leser*innen, dass er sich seiner Rechtsmeinung nicht sicher ist.

110 Laird/Wynberg 2018, Seite 58f, Absatz 253.

111 Unter dem Betreff „Inclusion of digital sequence information under the scope of the Nagoya Protocol“ schreibt VBIO mit Datum vom 8.9.2017: „DSI should not fall within the scope of the Nagoya Protocol at all.“ (Seite 6). VBIO sieht für den Fall der Einbeziehung von DSI „rechtliche und regulatorische Unsicherheiten“ aufkommen, befürchtet eine Behinderung der Biodiversitätsforschung und negative Auswirkungen auf den Erhalt der biologischen Vielfalt und sogar die Beeinträchtigung einer gerechten Vorteils-Aufteilung. VBIO argumentiert auch (s. Anschreiben Seite 1), dass durch die Einbeziehung von DSI besondere Erwägungen des Nagoya-Protokolls nach Artikel 8 infrage gestellt sind. Dazu gehören insbesondere vereinfachte Zugangsmaßnahmen für nichtkommerzielle Forschungszwecke und der rasche Zugang zu Biodiversität bei Bedrohungslagen für menschliche Gesundheit. Online: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/VBIO-DSI.pdf>

112 Spranger, Tade Matthias, Gutachterliche Stellungnahme zur Anwendbarkeit des Übereinkommens über biologische Vielfalt und des Nagoya-Protokolls auf digitale Sequenzdaten, vorgelegt im Auftrag des BMBF, Berlin 2017, online: https://www.bmbf.de/files/Gutachten_DSI_Prof_Spranger_DE_BF.PDF

113 Ebd. S. 65f.

114 Ebd. S. 20.

115 Im englischen Text: „Genetic material“ means any material of plant, animal, microbial or other origin containing functional units of heredity.“

116 Im englischen Text: „Genetic resources“ means genetic material of actual or potential value.“

117 Dazu siehe etwa den Abschnitt „Unterschied zwischen Erbnehmer und Vermächtnisnehmer“ auf <https://www.mymoria.de/de/erbe/erbrechtregelungen-fuer-die-verteilung-des-nachlasses>

118 Schei, Peter Johan; Walløe Tvedt, Morten: „Genetic Resources“ in the CBD: the Wording, the Past, the Present and the Future“. Online: <https://www.cbd.int/doc/meetings/abs/abswg-09/information/abswg-09-inf-01-en.pdf>.

119 Siehe ebd., S. 18.

120 Spranger 2017, S. 66.

121 Vgl. Abschnitt 3.1.

DSI kann mit den Methoden synthetischer Biologie mittlerweile relativ leicht in funktionale Erbinheiten

überführt werden, deren aktueller oder potentieller Wert erheblich sein kann.

2.2 Die 14. CBD-Vertragsstaatenkonferenz 2018 (COP 14) und der Folgeprozess

Bei der 14. Vertragsstaaten-Konferenz Ende 2018 konnten sich die Vertragsparteien nicht einigen. Sie stellten fest, dass *„unterschiedliche Auffassungen der Vertragsparteien in Bezug auf die Aufteilung des Nutzens aus der Nutzung digitaler Sequenzinformationen über genetische Ressourcen“ bestehen, um darauf hinzuwirken, diese Abweichung durch einen „wissenschafts- und politikbasierten Prozess“ zu beseitigen*¹²² mit dem Ziel, *„die Erfüllung des dritten Ziels der CBD und von Artikel 15 Absatz 7 unbeschadet der Umstände, auf die sich dieser Artikel bezieht, zu stärken.“*¹²³ Der Prozess umfasst die Konsultation der Mitgliedsstaaten und anderer Stakeholder, die Einrichtung einer erweiterten technischen Ad-hoc-Expertengruppe und die Vorbereitung von vier von Experten geprüften Studien¹²⁴.

Erstellt werden sollten:

1. eine Studie zu **Konzept und Umfang** der digitalen Sequenzinformationen (DSI) bezüglich genetischer Ressourcen und wie diese DSI derzeit verwendet wird, aufbauend auf der existierenden Studie zur Feststellung und Ermittlung des Umfangs (*fact-finding and scoping study*);
2. eine 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;

3. eine Studie über **öffentliche und soweit möglich private Datenbanken von „DSI“** zu genetischen Ressourcen. Dazu gehören die Bedingungen, unter denen der Zugang gewährt oder kontrolliert wird, der biologischen Umfang und die Größe der Datenbanken, ferner die Anzahl der Zugriffe und ihre Herkunft. Außerdem sollte dabei untersucht werden, welche Richtlinien für die Anbieter und Nutzer des „DSI“ gelten und wie die Eigentümer privater Datenbanken zu ermutigen wären, erforderliche Informationen bereitzustellen.
4. 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.

Von den Punkten, die die *„Fact-Finding and Scoping Study“* zu DSI von Laird/Wynberg als offene Punkte genannt hatte, blieben dabei unberücksichtigt:

- 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 und
- e) Geistiges Eigentum.

Bewertung:

Erkennbar ist, dass die erste der beauftragten Studien dem Interesse dient, den Umfang dessen, was unter DSI verstanden wird, einzuschränken – sonst hätte man bei der Auflistung der AHTEG¹²⁵ bleiben können. Zwei weitere Studien zu Datenbanken und nationalen ABS-Maßnahmen entsprechen Themen, die auch Laird/Wynberg für untersuchenswert hielten.

Hingegen wurden keine Studien zur Wertermittlung von Sequenzinformationen, zu Verfahren der

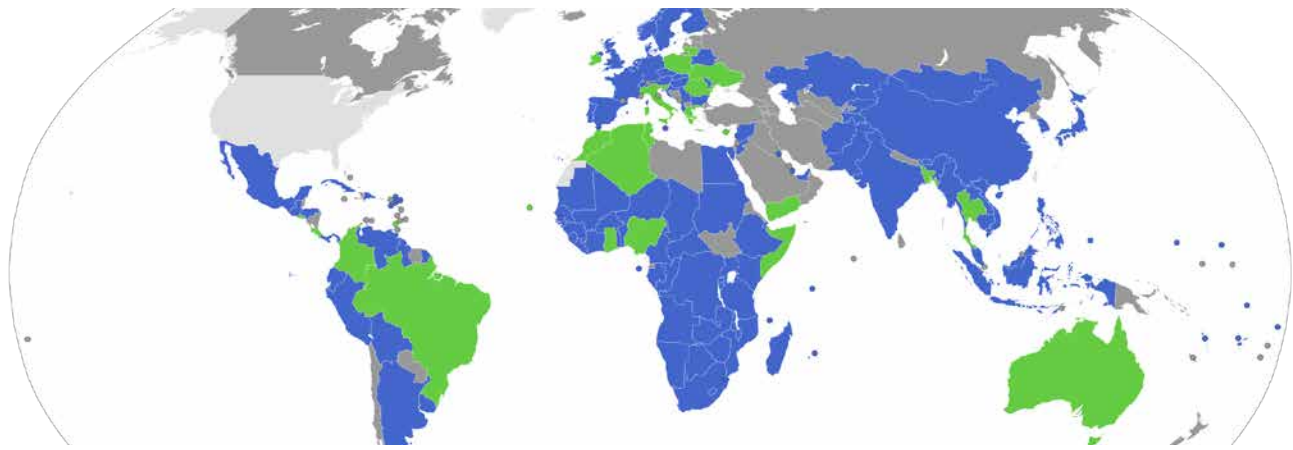
Vorteils-Aufteilung an sich und besonders im digitalen Raum sowie zu geistigen Eigentum beauftragt. Die Beschränkung mag der Ressourcenknappheit geschuldet sein. Es ist jedoch bemerkenswert, dass ausgerechnet diejenigen Themen zunächst nicht untersucht werden, die dem Interesse von Herkunftsländern genetischer Ressourcen an einer möglichst klar und monetär geregelten Vorteils-Aufteilung dienen.

¹²² Siehe Entscheidung CBD/COP/DEC14/20, Absatz 8, siehe <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-20-en.pdf>

¹²³ Ebd.; Absatz 6.

¹²⁴ CBD/COP/DEC14/20, Absatz 11.

¹²⁵ Siehe Abschnitt „1.3. Möglicher Umfang von Digitaler Sequenz-Information (DSI)“, auf Seite 9.



Die Staaten der Welt und ihre Beteiligung an der Konvention über biologische Vielfalt und deren Nagoya-Protokoll über Access and Benefit-sharing (Stand 2018), Blau: Mitglied der CBD und Ratifikation des Cartagena-Protokolls zu gentechnisch veränderten Organismen (GVO), Grün: Mitglied der CBD und Unterzeichnung des Cartagena-Protokolls, Dunkelgrau: Mitglied der CBD, Hellgrau: nicht Mitglied der CBD, aktueller Stand siehe <https://absch.cbd.int/> | Grafik: L.tak – eigenes Werk (CC BY-SA 4.0)

3 Aktuelle konträre Positionen in der Biodiversitätskonvention zu Anwendung von ABS auf DSI

Die Stellungnahmen der Mitgliedsstaaten und Stakeholder zum Konzept von Digitaler Sequenzinformation und zu Fragen des Benefit-Sharing kann man in drei Gruppen einteilen.

3.1 USA, Kanada, die Schweiz, INSDC und das deutsche Forschungskonsortium

Die erste Gruppe von Stellungnahmen versucht, den Umfang dessen, was mit DSI gemeint ist, sehr eng zu fassen und im Grunde zu negieren, dass DSI überhaupt unter die Regelungen der CBD fällt. Als Instrument dafür wird vor allem die Definition von „genetic resources“ in Artikel 2 der CBD als „genetic material of actual or potential value“ und „genetic material“ als „any material of plant, animal, microbial or other origin containing functional units of heredity“ herangezogen. Die Stellungnahme der Schweiz führt an, dass die Begriffe „genetic resources“ und „genetic material“ „klar auf greifbare Materie verweisen“¹²⁶. Ähnlich argumentiert

Australien, wenn es heißt: „Keine dieser Definitionen stimmt mit der nicht-physikalischen und elektronischen Natur digitaler Sequenzinformationen überein.“¹²⁷

Kanada moniert die Unklarheit des Begriffes DSI und argumentiert ausführlich, um schließlich auf den Begriff der „Genetischen Sequenz-Daten“ (GSD) oder „Genomischen Sequenz-Daten“¹²⁸ umzuschwenken. Die USA als Nichtmitgliedsstaat beginnen ihre Stellungnahme mit der Definition von DSI als GSD.¹²⁹ Der weitgehende Verzicht auf Regulierung wird weiter mit den Erfordernissen der wissenschaftlichen Praxis begründet¹³⁰ und als Vorteil, der ohnehin allen zugutekomme,

¹²⁶ „Clearly refer to tangible matter“, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/Switzerland-DSI.pdf> S. 2.

¹²⁷ „Neither of these definitions align with the non-physical and electronic nature of digital sequence information“, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/Australia-DSI.pdf>

¹²⁸ „Canada thus prefers the terms ‚genetic sequence data‘ or ‚genomic sequence data‘, both of which, from a science operations viewpoint, better describe what ‚is‘ the sequence“, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/Canada-DSI.pdf>

¹²⁹ „The United States defines digital sequence information (DSI) on genetic resources to refer to the genetic sequence data (GSD) that describe the order of nucleotides in DNA or RNA in genetic material.“, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/US-DSI.pdf>

¹³⁰ „The United States considers that GSD are essential for scientific research“, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/US-DSI.pdf>

wird die Open Access-Publikation von Nukleotid-Sequenzdaten benannt.¹³¹

Die „International Nucleotide Sequence Database Collaboration“ (INSDC) bekennt sich ebenfalls zu „Open Access“ zu den Nukleotid-Sequenzdaten und hält dieses für eine Schlüsselkomponente für jedes erfolgreiche System von ABS.¹³²

In diesem Sinn hat auch ein deutsches Forschungskonsortium aus DNFS (Deutsche Naturwissenschaftliche Forschungssammlungen), Verband Biowissenschaften, Biologie und Biomedizin in Deutschland (VBIO e.V.) und Leibniz-Verbund Biodiversität (LVB) Stellung genommen¹³³. Darin heißt es gegenüber dem Begriff „Digital Sequence Information“ ablehnend: *„DSI ist mehrdeutig, wird zunehmend als Akronym aus politischen Diskussionen verwendet, ohne dass ein klares Konzept für dessen Inhalt vorliegt. Wir empfehlen, in Diskussionen und Verhandlungen einen Ersatzbegriff zu verwenden: ‚Nukleotidsequenzdaten‘ (NSD)“*. Damit nimmt das deutsche Konsortium klar Stellung auf Seiten der USA und Kanadas. Zur Begründung heißt es: *„Dies ist die Reihenfolge, in der Nukleotide (Adenin, Thymin oder Uracil, Guanin und Cytosin) in einem DNA- oder RNA-Strang vorkommen. Die Definition schließt ‚Informationen‘ aus, die durch Analyse der Daten entwickelt werden und unter die Rechte des Forschers am geistigen Eigentum fallen können. Um die Beschränkung auf ein einziges Speichermedium zu vermeiden, wird auch ‚Digital‘ ausgeschlossen.“*

Zum Benefit-Sharing verweisen sie auf den Open-Access zu den NSD-Datenbanken des INSDC-Systems sowie auf ihre Aktivitäten zum Capacity-Building: *„Wir sind uns bewusst, dass einige Länder nicht über ausreichende Kapazitäten verfügen, um die NSD in vollem Umfang nutzen zu können. Wir betreiben regelmäßigen Kapazitätsaufbau durch Schulung und gemeinsame Forschung und sehen dies als kontinuierliche Aktivität an.“*

3.2 Die biodiversitätsreichen Staaten

Die zweite Gruppe von Stellungnahmen beharrt auf einem großen Umfang dessen, was alles unter DSI zu verstehen ist, und verlangt eine Regulierung dieser DSI und eine Aufteilung der Vorteile aus ihrer Nutzung

Frappierend sind die Auslassungen: Das Konsortium geht weder auf den auch wirtschaftlich wichtigen Bereich der Proteine und Aminosäure-Sequenzdaten sowie der Stoffwechselprodukte von genetischen Ressourcen ein, noch thematisiert es die Verwendung von Forschungsergebnissen für die Anmeldung von Patenten zur gewerblichen Nutzung, noch die existierenden Modelle eines geregelten monetären Benefit-Sharings wie in Brasilien (s.u.).

Stattdessen warnt das Konsortium vor Beschränkungen für die Verwendung von NSD, da diese der Biodiversitätsforschung schaden werde, ohne dies näher auszuführen. Schließlich sehen sie offenbar durch eine Anwendung des Nagoya-Protokolls auch auf DSI den Untergang der Welt sich beschleunigen, in Fettdruck heißt es: *„Der Verlust der biologischen Vielfalt ist alarmierend und weitere Einschränkungen beim Erkennen und Verstehen der biologischen Vielfalt werden massive Nachteile für das Wohlergehen der Menschheit und des gesamten Lebens auf der Erde mit sich bringen.“*

Ergebnis:

Die Stellungnahmen aus OECD-Staaten zeigen deutlich den Unwillen, überhaupt den Zugang zu DSI und das diesbezügliche Benefit-Sharing unter das ABS-Regime der CBD und des Nagoya-Protokolls zu stellen. Sie engen den Umfang der Bedeutung des Begriffes „DSI“ auf die Nukleinsäure-Sequenzdaten (NSD) ein, und sehen als ausreichendes Benefit-Sharing die Open Access-Publikation von NSD. Gegebenenfalls zählen sie noch den Aufbau von Forschungskapazitäten in nicht-OECD-Staaten zum Benefit-Sharing.

unter der CBD bzw. dem Nagoya-Protokoll. Sie verweisen teils auf eigene nationale Gesetzgebung, die DSI zu genetischen Ressourcen genauso regelt wie physisch vorliegende genetischen Ressourcen.

131 „We believe that the scientific norm of rapidly sharing information, including GSD, fosters international collaboration and is itself a form of benefit-sharing that creates other non-monetary benefits, such as voluntary capacity-building, education, and training“, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/US-DSI.pdf>

132 „The INSDC partners believe that open access data are a key component of any successful Access and Benefit Sharing system. Without open access and data integration, the value (and ultimate benefit) from the data will be significantly reduced. Regulation of GSD would increase barriers to innovation and discovery which would affect attaining the goals of CBD as well as impacting food safety and health worldwide.“ Siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/INSDC-DSI.pdf>

133 Siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/DNFS-VBIO-LVB-DSI.pdf>

3.2.1 Indien

Indien formuliert, dass „die digitale Sequenzinformation (DSI) über genetische Ressourcen (GRs) jegliche Information umfassen kann, die aus diesen Nukleotid- oder Aminosäuresequenzen, ihrer biochemischen Zusammensetzung, Genpositionen, genetischen Karten, Chromosomenkarten, Lokalisierungsdetails, funktionellen Expressionsdetails, Genomsequenzen und deren Ableitungen und angewandte Aspekte beim Decodieren der Sequenzinformationen stammt.“¹³⁴

Der Unterschied zwischen dem Informationsinhalt einer genetischen Ressource und dem Informationsinhalt der DSI zu dieser genetischen Ressourcen liege nur im digitalen Format der DSI, was diesen Informationsinhalt leicht zugänglich und weltweit verfügbar mache.

Die CBD definiere genetische Ressourcen als „genetisches Material von tatsächlichem oder potenziellem Wert“ und genetisches Material als „jegliches Material pflanzlichen, tierischen, mikrobiellen oder sonstigen Ursprungs, das funktionelle Vererbungseinheiten enthält“. Daraus gehe hervor, dass sowohl die CBD als auch das Nagoya-Protokoll sowohl die materiellen als auch die immateriellen Elemente des genetischen Materials anerkennen.

Indien bezieht sich auf die Definition der Nutzung genetischer Ressourcen im Nagoya-Protokoll, wo es in Artikel 2 heißt, dies bedeute „das Durchführen von Forschungs- und Entwicklungstätigkeiten an der genetischen und/oder biochemischen Zusammensetzung genetischer Ressourcen, einschließlich der Anwendung von Biotechnologie im Sinne des Artikels 2 des Übereinkommens“¹³⁵. Demzufolge sei die Nutzung genetischer Ressourcen nicht auf Forschung und Entwicklung in Bezug auf die materiellen genetischen Ressourcen beschränkt, sondern erstrecke sich auch auf Tätigkeiten im Zusammenhang mit der genetischen und biochemischen Zusammensetzung solcher Ressourcen. Genetische sowie biochemische Zusammensetzung sei nichts anderes als die Gensequenz, ob digital oder greifbar.

Der Zugriff auf digitale Sequenzinformationen sei gleichbedeutend mit dem Zugriff auf die genetische Ressource selbst, und ihre Verwendung würde in den

Anwendungsbereich des CBD / Nagoya-Protokolls fallen. Während für nichtkommerzielle Forschung vereinfachte Verfahren in Betracht gezogen werden könnten, würde die kommerzielle Nutzung eine Aufteilung des Nutzens gemäß den Bestimmungen der CBD bzw. des Nagoya-Protokolls auslösen.

3.2.2 Brasilien

Brasilien verweist in seiner Stellungnahme¹³⁶ auf seine große Biodiversität, auf die Bedeutung ihrer Nutzung und auf die frühe und umfangreiche Gesetzgebung dazu sowie die Implementierung der CBD-Regeln.

Unter Bezug auf das Oxford Dictionary stellen sie fest, dass das Wort „material“ in der Definition von genetischen Ressourcen definiert werden kann als „information or ideas for use in creating a book or other work“. Material dürfe nicht mit Materie verwechselt werden. Die Einschränkung der Bedeutung des Wortes „materiell“ auf „Materie“ gefährde die Verpflichtung zur Aufteilung der Vorteile, die Souveränität der Vertragsparteien über ihre genetischen Ressourcen, das Übereinkommen über die biologische Vielfalt und den Internationalen Saatgutvertrag (ITPGR-FA).¹³⁷

Der Kern des Begriffes DSI sei weder „digital“ noch „Sequenz“, sondern „Information“, weil es um die genetische Information gehe, die über digitale Medien oder andere Medien in sequenzierter Form oder in einer anderen Form übertragen wird. Daher sollten internationale Foren, die DSI oder andere Terminologien diskutieren, wie „genetische Sequenzdaten“, „demonstrierbare genetische Ressourcen“ konvergieren und als geeignete Terminologie übernehmen: „genetische Informationen zu genetischen Ressourcen“¹³⁸. Die Verpflichtung zur Vorteilsaufteilung gemäß Nagoya-Protokoll solle beim Hersteller des Endprodukts liegen.¹³⁹

Zur Darstellung der Bedeutung von ABS in Brasilien präsentiert die Stellungnahme Zahlen des brasilianischen „Nationalen Systems für die Verwaltung des genetischen Erbes und des damit verbundene traditionellen Wissens (SisGen)“¹⁴⁰, das seit November 2017 in Kraft ist.

134 „Digital sequence information (DSI) on genetic resources (GRs) may include any information derived out of these nucleotide or amino acid sequences, their biochemical composition, gene locations, genetic maps, chromosome maps, localization details, functional expression details, genome sequences and their annotations, and applied aspects in decoding the sequence information.“, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/India-DSI.pdf>

135 Übersetzung bei Frein/Meyer, https://www.brot-fuer-die-welt.de/fileadmin/mediapool/2_Downloads/Kirche_und_Gemeinde/Gottesdienstentwurf/EED_Nagoya_Protokoll_2012_deu.pdf

136 Siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/Brazil-DSI.pdf>

137 Vgl. Stellungnahme Brasiliens, S. 2.

138 Vgl. Stellungnahme Brasiliens, S. 3.

139 Vgl. Stellungnahme Brasiliens, S. 4.

140 Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado, <https://sisgen.gov.br/>

Bereits eineinhalb Jahre nach dem Beginn von SisGen hatten sich 800 juristische Personen, davon 60% Unternehmen, und 25.000 natürliche Personen registriert und Informationen zu ihren Aktivitäten im Bereich Forschung und Entwicklung hinterlegt. Im Mai 2019 waren nahezu 47.000 Zugriffe in SisGen registriert, davon 16% (3.747) mit erklärter gewerblicher Absicht. Von den fast 47.000 Zugriffen erklärten 449 einen Zugriff auf genetische Information „in sicilo“, also DSI, davon 64 mit erklärter gewerblicher Absicht.

Bis zum 28. Mai 2019 waren bereits 1.500 Endprodukte in SisGen gemeldet worden.¹⁴¹ Verglichen mit dem vorherigen ABS-System, das 15 Jahre in Kraft war, hat das gegenwärtige Modell 200 Mal mehr Aktivitäten registriert und über 75 Mal mehr Verträge zu Benefit-Sharing.

Die Stellungnahme Brasiliens führt schließlich in 15 Punkten auf, welche Maßnahmen implementiert wurden, um ein ABS-Regime zu etablieren, u. a. mit einem festen Satz von 1% Benefit-Sharing vom Umsatzerlös des Endproduktes.

Bezüglich der in internationalen Verhandlungen oft als Schrecken an die Wand gemalten bürokratischen Last, die ein ABS-Regime vor allem für die Forschung mit sich bringen würde, wird deutlich festgehalten: *„Es gibt verschiedene Alternativen zur Regulierung des Zugangs zu genetischen Informationen, einschließlich für Ernährung und Landwirtschaft, die keine übermäßigen bürokratischen Sisyphus-Aufgaben verursachen. Vor allem sollten die Länder den Schwerpunkt von der Regulierung von Prozessen / Verfahren auf die Regulierung von Ergebnissen verlagern. Diese Verlagerung entlastet den bürokratischen Aufwand für Forschung und Entwicklung und konzentriert sich auf das Ende der Kette, die wirtschaftliche Nutzung von Produkten und Vermehrungsgut.“*¹⁴²

3.2.3 Afrikanische Staaten

Die Gruppe afrikanischen Staaten hält ebenfalls einen weiten Begriff von genetischer Information für wichtig, aber warnt davor, den Fokus zu sehr auf die Terminologie zu setzen. Sie benennen deutlich, dass das implizite Ziel einer Fokussierung auf terminologische Fragen darin bestehe, den Anwendungsbereich des Nagoya-Protokolls einzugrenzen und bestimmte Themenbereiche davon auszunehmen.¹⁴³

Der Schwerpunkt sollte auf der Nutzung und nicht auf der Terminologie liegen, gleichwohl falle jede In-

formation, die aus der Nutzung der genetischen Ressourcen entstehe, in den Bereich der CBD und des Nagoya-Protokolls und unterliege dem Benefit-Sharing.

Eine Unterscheidung verschiedener Formen von DSI könne wohl vorgenommen werden, sei aber vor allem hilfreich, wenn es um differenzierte Sätze von Benefit-Sharing für verschiedene Klassen der Nutzung von DSI gehe.

Zwar erkennt die Gruppe afrikanischer Staaten die Förderung der Forschung und des Gemeinwohls durch den Open Access zu DSI an, stellt aber deutlich fest, dass dies kein ausreichendes Benefit-Sharing ist. Sie beharrt auf einer Aufteilung des monetären Nutzens im Rahmen der CBD und des Nagoya-Protokolls. *„Genauso wie die Öffentlichkeit von vielen patentierten Technologien profitiert, haben die Patentinhaber dennoch Anspruch auf monetäre Vorteile. Ebenso sollten die Anbieter genetischer Ressourcen und des aus ihrer Nutzung resultierenden DSI weiterhin Anspruch haben auf monetäre und spezifische nicht monetäre Vorteile der DSI-Nutzung.“* Die afrikanische Gruppe sieht die Entwicklung eines Ansatzes zur Aufteilung des Nutzens aus DSI als sinnvoll an, der sich auf kommerzialisierte Produkte bezieht und die akademische Forschung nicht behindert.

Anders als das deutsche Forschungskonsortium hält die Gruppe der afrikanischen Staaten nicht eine Regulierung von DSI, sondern den gegenwärtig unregulierten Zustand für sehr problematisch, sie formulieren abschließend:

1. *„Während die Technologie weiter voranschreitet, generieren funktionelle Genomstudien weiterhin außergewöhnliche Mengen an Informationen aus genetischen Ressourcen für wissenschaftliche Untersuchungen und für kommerzielle Anwendungen der Biotechnologie, ohne den Gemeinschaften zu nützen, von denen die genetischen Ressourcen bezogen wurden.“*
2. *Sequenzdaten und deren Nebenprodukte wurden den Nutzern leicht zugänglich gemacht, aber die Vorteile wurden den Anbietern nicht leicht zugänglich gemacht.*
3. *Der Verlust der biologischen Vielfalt geht weiter.“*

Ergebnis:

Die analysierten Stellungnahmen biodiversitätsreicher Länder beziehen sich auf den Informationsinhalt, sie sehen keinen grundsätzlichen Unterschied zwischen

¹⁴¹ Vgl. Seite 5f. der Stellungnahme Brasiliens.

¹⁴² Stellungnahme Brasiliens, Seite 9.

¹⁴³ Siehe die Stellungnahme der Verhandlungsgruppe Afrikas, <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/AfricanGroup-DSI.pdf> Seite 2.

dem Informationsinhalt der genetischen Ressource und dem Informationsinhalt der DSI zu genetischen Ressourcen.

Sie verlangen ein faires Benefit-Sharing, dass sich vor allem am Preis der marktfähigen Produkte orientieren sollte und zeigen Wege auf, wie ohne besonders großen bürokratischen Aufwand eine Regulierung von Access und Benefit-Sharing in die Wirklichkeit umgesetzt werden kann.

Weiterhin ist zu berücksichtigen, dass in biodiversitätsreichen Ländern oft indigene Völker und lokale Ge-

meinschaften diejenigen sind, die das Wissen um die biologische Vielfalt und um ihre Nutzbarkeit entwickelt, gesammelt und bewahrt haben und es zugänglich machen können. Das Nagoya-Protokoll bezieht sich in seine Präambel auf den Artikel 8 (j) der Biodiversitätskonvention¹⁴⁴ und respektiert in sieben Absätzen die Wichtigkeit traditionellen Wissens, seine Verbindung mit indigenen Völkern und lokalen Gemeinschaften und deren Rechte und Lebensumstände, die nicht angetastet werden sollen. Das hätte auch ein ABS-Regime bezüglich DSI zu genetischen Ressourcen zu respektieren.

3.3 Die EU und ihre Mitgliedsstaaten

Die EU und ihre Mitgliedsstaaten plädieren in ihrer Stellungnahme für einen wissenschaftsbasierten Umgang mit DSI¹⁴⁵ und für eine Klärung der Terminologie, wollen dieser aber nicht durch eigene Positionierung vorgreifen.

Sie betonen die positiven Aspekte des freien Zugangs zu DSI für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt, für den Schutz der Gesundheit von Menschen, Tieren und Pflanzen und unterstreichen die Wichtigkeit von DSI in Forschung und Innovation. Öffentlich finanzierte Datenbanken mit Open Access zu DSI führt die Stellungnahme als Form des nicht-monetären Benefit-Sharing an und als einen Beitrag zum „*fair and equitable sharing of benefits*.“ Weiterhin hebt sie auf ihre Beiträge zum „*capacity building*“ ab.

Auf die Entwicklung und Produktion kommerzieller Produkte mithilfe von DSI über genetische Ressourcen und auf die Benutzung von DSI bei Patentanmeldungen geht die Stellungnahme der EU nicht ein.

Ergebnis:

Die EU und ihre Mitgliedsstaaten scheinen sich darauf zu verlassen, dass sich ihre Interessen bezüglich des Gegenstandsbereiches von DSI bei der Erstellung der wissenschaftlichen Studien durchsetzen werden. Das hebt sie von den beiden anderen Gruppen ab.

Interessant ist jedoch, dass die EU die Entwicklung kommerzieller Produkte ausblendet und die möglichen Konflikte, die durch datenbasierte Forschung und Entwicklung zu erwarten sind ebenso ausblendet wie die nicht-kommerzielle Militärforschung mittels DSI und die Patentierungsfrage. Damit steht die EU auf der Seite der ersten Gruppe, die den Gegenstandsbereich von DSI möglichst eng halten und Verpflichtungen zum Benefit-Sharing gemäß dem Nagoya-Protokoll weitgehend vermeiden wollen.

144 „Recalling the relevance of Article 8(j) of the Convention as it relates to traditional knowledge associated with genetic resources ...“, in Nagoya-Protocol, S. 3f siehe <https://www.cbd.int/abs/doc/protocol/nagoya-protocol-en.pdf>

145 „The EU and its Member States emphasize the importance of adopting a science-based approach when exploring a possible common understanding of the scope, definition and concept of DSI.“, siehe <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/EU-MS-DSI.pdf>

Hintergrund 4: Konvention über biologische Vielfalt / Biodiversitätskonvention

Ziele der Konvention:

1. die Erhaltung der biologischen Vielfalt,
2. die nachhaltige Nutzung ihrer Bestandteile und
3. die gerechte und ausgewogene Aufteilung der Vorteile, die sich aus der Nutzung genetischer Ressourcen ergeben

Ereignis	Ort und Datum
Unterzeichnung der Konvention bei einer Konferenz des Umweltprogramms der Vereinten Nationen (UNEP)	Rio de Janeiro Juni 1992
Inkrafttreten	Ende Dezember 1993
1. bis 5. Vertragsstaatenkonferenz (COP 1 bis COP 5)	1994 bis 2000
Cartagena-Protokoll zum Umgang mit gentechnisch veränderten Organismen (GVO): Internationales Protokoll über die biologische Sicherheit innerhalb der Biodiversitätskonvention. Es ermöglicht Maßnahmen, um die genetischen Ressourcen eines Landes vor Gefahren zu schützen, die mit der Freisetzung gentechnisch veränderter Organismen verbunden sein können. Das Protokoll regelt völkerrechtlich verbindlich bezüglich GVO (unter der Bezeichnung „LMO“, für „Living Modified Organisms“): 1. den grenzüberschreitenden Transport, 2. die Handhabung und 3. den Umgang mit ihnen.	Verhandelt 1999/2000 Inkrafttreten 2003
6. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 6) Beschluss über die freiwilligen Bonner Richtlinien zu ABS „Bonn Guidelines on Access to Genetic Resources and Fair and Equitable Sharing of the Benefits Arising out of their Utilization“	Den Haag (Niederlande) April 2002
7. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 7) / 1. Mitgliedsstaatenkonferenz des Cartagena-Protokolls (MOP 1)	Kuala Lumpur (Malaysia) Februar 2004
8. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 8) / 3. Mitgliedertreffen des Cartagena-Protokolls (MOP 3)	Curitiba (Brasilien) März 2006
9. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 9) / 4. Mitgliedertreffen des Cartagena-Protokolls (MOP 4)	Bonn (Deutschland) Mai 2008
10. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 10) / 5. Mitgliedertreffen des Cartagena-Protokolls (MOP 5)	Nagoya (Japan) Oktober 2010
Nagoya-Protokoll zu ABS (<i>Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from Their Utilization</i>) Völkerrechtlich verbindlicher Vertrag über den Zugang zu genetischen Ressourcen und gerechte Aufteilung der Vorteile, die aus ihrer Nutzung entstehen.	Beschlossen 29.10.2010 Inkrafttreten 12.10.2014
Ergänzung zum Cartagena-Protokoll bezüglich Verantwortlichkeit und Wiedergutmachung von Schäden durch GMO The Nagoya – Kuala Lumpur Supplementary Protocol on Liability and Regress	Beschlossen 15.10.2010 Inkrafttreten 5.3.2018
11. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 11) / 6. Mitgliedertreffen des Cartagena-Protokolls (MOP 6) besonderes Thema: Schutz der Hochsee	Hyderabad 2012
12. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 12) / 7. Mitgliedertreffen des Cartagena-Protokolls (MOP 7) Beginn der Diskussion zu Synthetischer Biologie Entscheidung XII/24: „New and emerging issues: synthetic biology“, Dokument Code: „UNEP/CBD/COP/DEC/XII/24“	Pyeongchang (Südkorea) Oktober 2014
13. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 13) / 8. Mitgliedertreffen des Cartagena-Protokolls (MOP 8) Beginn der Diskussion zu Digitaler Sequenzinformation über genetische Ressourcen (DSI-GR), Entscheidung XIII/16: „Digital sequence information on genetic resources“, Dokument Code: „CBD/COP/DEC/XIII/16“	Cancún (Mexiko) Dezember 2016
14. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 14) / 9. Mitgliedertreffen des Cartagena-Protokolls (MOP 9) „Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources“ (DSI-AHTEG-2020-01)	Sharm El Sheik (Ägypten) November 2018 Montreal 17.-20.03.2020
SBSTTA 24 – 24. Treffen des „Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice“	Montreal 18.-23.05.2020
15. Vertragsstaatenkonferenz der CBD (COP 15) / 10. Mitgliedertreffen des Cartagena-Protokolls (MOP 10)	Peking (China) Oktober 2020



Waldfrüchte der Insel Barro Colorado im Panama-Kanal | Foto: Photos courtesy of Christian Ziegler (CC BY 2.5)

4 Problematische Entwürfe für Studien zur Vorbereitung der CBD-Tagungen im Jahr 2020

Gemäß der Entscheidung Nr. 20 der COP 14 forderten die CBD-Vertragsstaaten das Sekretariat auf, zu vier Themen Studien zu beauftragen.¹⁴⁶ Die beschlossenen vier Studien wurden von der EU und Norwegen finanziert. Sie dienen der Vorbereitung auf die Sitzung des wissenschaftlichen Beirates der CBD (SBSTTA) im Mai 2020 in Kanada und der CBD-Vertragsstaatenkonferenz im Oktober 2020 in China. Erstellt werden sollten vier Studien, wobei Studie 2 und 3 zusammengelegt wurden:

1. Der Entwurf für die 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*)¹⁴⁷ wurde am 13.11.2019¹⁴⁸ von Wael Houssen, Rodrigo Sara und Marcel Jaspars vorgelegt, die Stellung-

nahmen dazu konnten bis 11.12.2019 eingereicht werden.

2. Die Studien zur **Rückverfolgbarkeit** von DSI¹⁴⁹ und zur **Speicherung** in öffentlichen und privaten Datenbanken¹⁵⁰ wurden zusammengelegt und ein Entwurf für diese 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 im Oktober 2019 vorgelegt¹⁵¹. Bis 22.11.2019 wurden 11 Stellungnahmen von CBD-Mitgliedern und 12 von Organisationen und Stakeholdern eingereicht.
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.¹⁵²

¹⁴⁶ Gemäß Entscheidung CBD/COP/DEC/14/20, Absatz 11, siehe <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-20-en.pdf>

¹⁴⁷ Studie von Laird/Wynberg (CBD/DSI/AHTEG/2018/1/3)

<https://www.cbd.int/doc/c/079f/2dc5/2d20217d1cdacac787524d8e/dsi-ahteg-2018-01-03-en.pdf>).

¹⁴⁸ 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

¹⁴⁹ 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 (c)

¹⁵⁰ 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. (vgl. S. 29), siehe Entscheidung CBD/COP/DEC/14/20, Absatz 11 (d).

¹⁵¹ 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>

¹⁵² Siehe Entscheidung CBD/COP/DEC/14/20, Absatz 11 (c).

Die Ergebnisse der erweiterten technischen Ad-hoc-Expertengruppe sollte von einer unbefristeten Arbeitsgruppe geprüft werden, die von der COP eingesetzt wurde, um die Vorbereitung des globalen Rahmens für die biologische Vielfalt nach 2020 zu unterstützen.¹⁵³ Diese Arbeitsgruppe soll Empfehlungen an die COP 15 richten, wie DSI im Zusammenhang mit genetischen Ressourcen im Kontext des globalen Rahmens für die biologische Vielfalt nach 2020 behandelt werden können.¹⁵⁴ Diese Arbeitsgruppe wurde auch gebeten, die Ergebnisse ihrer Beratungen der DSI zur Prüfung vorzulegen durch NP-4.¹⁵⁵

Die Konflikte und verschiedene Positionen zur Behandlung von DSI werden anhand dieser Entwürfe und ihrer Kommentierung öffentlich deutlich – deutlicher als das für die Öffentlichkeit in CBD-Konferenzen oder gar in Treffen des SBSTTA oder einer AHTEG werden kann.

Daher lohnt es sich, diese Entwürfe im Einzelnen darzustellen und Kritikpunkte von Kommentator*innen zu beachten.

Die Entwürfe wurden von Wissenschaftler*innen, vielfach aus dem Bereich der Genomforschung, erarbeitet. Ihre Neutralität bezüglich des Themas Benefit-Sharing und Biopiraterie ist daher fraglich.

Als prominenteste Gegenposition und Vertretung der Interessen indigener Völker und lokaler Gemeinschaften eignet sich die Kommentierung der Studienentwürfe durch das Third World Network. Unter Bezugnahme darauf findet sich eine detaillierte Analyse der o.g. ersten beiden Studienentwürfe im Text „Kritik an der Vorbereitung des Themas Digitale Sequenz-Information auf den CBD-Konferenzen im Jahr 2020“, in Kürze online verfügbar unter <https://www.fdccl.org>.

4.1 Zum Entwurf der Studie über Konzept und Umfang von DSI

Der Entwurf für diese Studie von Houssen/Sara/Jaspars will, aufbauend auf der Laird/Wynberg-Studie, die Vorlage liefern für eine wissenschaftsbasierte peer-reviewed Studie zu Konzept und Umfang von Digitaler Sequenz-Information über Genetische Ressourcen.

Die ganze Diskussion darüber, was unter DSI einbezogen wird und was nicht, ist im Rahmen von Aushandlungsprozessen 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.

Unternehmen und militärische wie zivile Forschungseinrichtungen scheinen nicht gewillt zu sein, von sich aus ein umfangreiches Benefit-Sharing zu gewähren. Schon bei der wissenschaftlichen Zusammenstellung der Basis für die Formulierung der grundlegenden Regeln wird an vielen Stellen versucht, die Anwendbarkeit von Benefit-Sharing in Frage zu stellen.

Die Ableitung verschiedener möglicher Umfangsbereiche von DSI bezüglich der genetischen Ressource aus dem Fluss von Information aus DNA und RNA über Proteine und Stoffwechselprodukte dient dem Ziel, einen Anspruch auf Benefit-Sharing und einen auch nur geringfügigen Verzicht auf Gewinnmöglichkeiten zu verhindern. Diesem Ziel dient auch die Forderung nach einer Mindestlänge von Sequenzen.

4.2 Zum Entwurf der Studie über DSI in öffentlichen und privaten Datenbanken und Rückverfolgbarkeit von DSI

4.2.1 Studienteil Datenbank-Untersuchung

Der Entwurf für diesen Studienteil schränkt dessen Untersuchungsgegenstand ein auf Nukleotid-Sequenzdaten (NSD), die in den Datenbanken der „International Nucleotide Sequence Database Collaboration“ (INS-

DC) 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 abgleichen. Diese Beschränkung sei angesichts der knappen Zeit von nur drei Monaten und der Vielzahl von Datenbanken (mehr als 1.600) notwendig

¹⁵³ siehe CBD/COP/DEC/14/34, <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-34-en.pdf>

¹⁵⁴ CBD/COP/DEC/14/20, Absatz 12.

¹⁵⁵ Entscheidung NP-3/12, Absatz 3, siehe <https://www.cbd.int/doc/decisions/np-mop-03/np-mop-03-dec-12-en.pdf>

gewesen, wird zur Rechtfertigung des Vorgehens angeführt.

Alle übrigen Kategorien von DSI außer NSD, die in der AHTEG-Liste¹⁵⁶ benannt werden, werden als „untergeordnete Information“ (*subsidiary information*, SI) klassifiziert. Damit bleiben insbesondere die Proteine und Aminosäure-Sequenzen 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 sachlich nicht verständlich. Verständlich wird es allerdings, wenn man das Ziel annimmt, einen Anspruch auf Benefit-Sharing und einen auch nur geringfügigen Verzicht auf Gewinnmöglichkeiten zu verhindern, wie im Fazit zum vorherigen Abschnitt formuliert.

4.2.2 Studienteil Untersuchung zur Rückverfolgbarkeit

In Kapitel 4, „Rückverfolgbarkeit von NSD“ gibt die Studie zunächst einen Überblick über den NSD-Fluss durch die „wissenschaftliche Landschaft“ (Abschnitt 4.1.) 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.

Beim Hochladen der DSI in das INSDC-System werden Zugangsnummern (Accession Numbers, AN) vergeben. Diese AN dienen zwei Zwecken gleichzeitig: sie ermöglichen eine Kette der Rückverfolgbarkeit und demonstrieren den Herausgebern wissenschaftlicher Journale, dass ein für die Nutzer freier und unbeschränkter Zugang zur NSD gewährt wurde, oft als „Open Access“ bezeichnet¹⁵⁷. Ohne Zugangsnummer wird ein Wissenschaftler keine NSD-basierten wissenschaftlichen Ergebnisse veröffentlichen können. Wissenschaftliche Publikation von Forschungen zu NSD beruht also darauf, dass die Forscher*innen für die zugrundeliegende 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 PIC (*prior informed consent*) und MAT (*mutually agreed terms*) zwischen Bereitsteller*innen von genetischen Ressourcen und Vermarktern einer daraus entwickelten Ware 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* and *specimen_voucher*“¹⁵⁸, die nur von einem geringen Anteil der NSD-Einträge genutzt werden.

Für das ABS unter dem Nagoya-Protokoll wären Angaben zum PIC und/oder zu einvernehmlich vereinbarte Bedingungen (MAT) relevant. Über eine Dokumentation derartiger Vorgänge konnten die Autoren keine Hinweise im INSDC finden. Ihre Spekulationen über die Gründe dafür sind wenig stichhaltig, selbstverständlich könnten PDF-Dokumente über PIC/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 eingefügt werden.

Schon in der Struktur der Studie ist angelegt, dass sie sich auf Datenbanken zu Nukleotid-Sequenzdaten (NSD) konzentriert. Damit nimmt diese Studie das Ergebnis der Studie zum Umfang von DSI quasi vorweg, schränkt den möglichen weiten Umfang von DSI zu genetischen Ressourcen auf NSD ein und beschränkt damit ihre eigene Aussagekraft auf NSD. Sie wird damit nicht der möglichen Unterschiedlichkeit von Datenbanken zu den verschiedenen Formen digitaler Information zu genetischen Ressourcen gerecht.

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 weiter 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

¹⁵⁶ Siehe Abschnitt „1.3. Möglicher Umfang von Digitaler Sequenz-Information (DSI)“, auf Seite 9.

¹⁵⁷ Studie 2, Seite 33, ebd.

¹⁵⁸ Studie 2, Seite 34.

wäre von Interesse gewesen, weil hierbei Informationen über genetische Ressourcen, die aus der Hoheit souveräner Staaten stammen, in geistiges Eigentum von Patentinhabern übergehen können.

Der starke Bezug der Studie auf die gängige Praxis der Forschung und der Veröffentlichung der Forschungsergebnisse offenbart ein weiteres strukturelles Problem. Prinzipielle Interessenskonflikte bestehen ja nicht nur zwischen verschiedenen Forschungsgruppen, die möglicherweise mit den Bermuda Principles¹⁵⁹ aus dem Jahr 1996 und den Regeln von Fort Lauderdale aus dem Jahr 2003 bearbeitet werden sollten und beigelegt werden konnten. Diese Art von Konflikten mögen die Ersteller*innen der Studie im Blick gehabt haben, denn drei von den vier führenden Autor*innen arbeiten im Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH in Braunschweig¹⁶⁰.

Strukturell problematisch muss in diesem Zusammenhang vor allem erscheinen, dass dieses Leibniz-Institut Mitglied im „Leibniz-Forschungsverbund ‚Biodiversität‘“¹⁶¹ ist, der 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 ersetzen¹⁶², was der Entwurf für die Studie zu Datenbanken gewissermaßen vorwegnimmt. Zu den Unterzeichnenden der gemeinsamen Stellungnahme gehört ebenfalls 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.

Nicht nur können Konflikte etwa um das Prioritätsrecht zwischen konkurrierenden Forschungsgruppen bestehen, auch gibt es Interessens- und Zielkonflikte zwischen öffentlicher und privater, zwischen gemeinwohlorientierter und gewinnorientierter, zwischen ziviler und militärischer Forschung. Das alles mögen Konflikte innerhalb des Bereiches von wissenschaftlicher Forschung und Entwicklung sein.

Grundlegende Interessenskonflikte bestehen 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.

Der Bezug 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 Verwertungsinteressen nicht öffentlich diskutiert werden. Nichtkommerzielle Forschung und Wissenschaft sollten sich selber die Frage stellen, ob sie sich mit ihrem Interesse an einem unbeschränkten *Open Access* zu DSI nicht von den kommerziellen, profitorientierten Unternehmen instrumentalisieren lassen.

Um dem Ungleichgewicht des Einflusses von *providern* und Nutzern von DSI über GR entgegenzuwirken, könnten Datenbanknutzer a) verpflichtet werden, beim Upload von DSI eine klare belegbare Herkunftsangabe einzutragen und weitere daraus resultierende Unterlagen (PIC und MAT) vorzuhalten oder zur Verfügung zu stellen. Ebenso könnten Datenbanknutzer b) 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. Zu derartigen Schlussfolgerungen konnte die Studie mit ihrem Fokus auf die *Open Access*-Datenbanken innerhalb des INSDC-Systems nicht gelangen.

159 Die so genannten „Bermuda Principles“ sehen für den Bereich der Genomforschung eine Umkehr der sonstigen Praxis vor, nach der Wissenschaftler*innen erst die Analysen und Studien und dann die zugrundeliegenden Daten veröffentlichen. Mit der Vereinbarung von Fort Lauderdale 2003 wurden diese Prinzipien auf alle Genomprojekte ausgeweitet. Die drei Prinzipien von Bermuda, die für das Human Genome Project vereinbart worden waren, lauteten:

- 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. Siehe https://en.wikipedia.org/wiki/Bermuda_Principles

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

161 Vgl. die Liste der Mitglieder unter <https://leibniz-gemeinschaft.de/forschung/leibniz-forschungsverbunde/biodiversitaet.html>

162 Wörtlich heißt es in der Zusammenfassung: „We suggest that a replacement term be used in discussions and negotiations–‘Nucleotide Sequence Data’ (NSD)“, siehe: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/DNFS-VBIO-LVB-DSI.pdf>

4.3 Studie zu inländischen Maßnahmen

Der Entwurf für diese Studie zu „inländischen Maßnahmen“ wurde am 25.10.2019 von Margo Bagley, Elizabeth Karger, Manuel Ruiz Muller u. a. 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“ vorgelegt, dazu wurden bis

zum Einreichungsschluss am 29.11.2019 sieben Stellungnahmen von CBD-Mitgliedsstaaten und sieben von Organisationen und Stakeholdern eingereicht.

Wenn man Biopiraterie als Aneignung und Ausbeutung genetischer Ressourcen des globalen Südens durch Konzerne im Norden versteht, ist die Frage von inländischen Maßnahmen zum Benefit-Sharing nicht unmittelbar von Bedeutung, die derzeit vor allem in Ländern des Südens etabliert sind. Dies zeigt die Ta-

Hintergrund 5: Diversity Seek – eine strategische Initiative für Biopiraterie 2.0?

Zu Beginn dieser Studie wurde ein einzelner Fall geschildert, wie der Open Access zu Digitaler Sequenz-Information zur profitablen Entwicklung eines therapeutischen Medikamentes genutzt wurde, ohne mit dem Herkunftsland über die Nutzungsrechte an der zugrunde liegenden genetischen Ressource und über eine gerechte Aufteilung der daraus erwachsenen Vorteile verhandeln zu müssen. Es gibt nicht nur einzelne Fälle etwa der Entwicklung von Medikamenten anhand der Informationen über interessante genetische Ressourcen, sondern auch Bioprospektions-Projekte, bei denen Informationen über genetische Ressourcen in großem Maßstab gesammelt und ausgewertet werden. Ein bekanntes derartiges Bioprospektionsprojekt wurde von verschiedenen US-Institutionen 1991 begonnen als International Cooperative Biodiversity Group (ICBG)¹⁶³. In den Anfangsjahren war es darauf ausgerichtet, physisch vorliegender genetischer Ressourcen in verschiedenen Regionen der Erde zu sammeln, die eine hohe natürliche Biodiversität haben und über die traditionelles Wissen dazu oft von der indigenen Bevölkerung gegeben wurde.

Die systematische Auswertung und Verfügbarmachung von Informationen über pflanzengenetische Ressourcen ist das Ziel der Initiative

„DivSeek“ (abgekürzt für „Diversity Seek“, deutsch: „Suche nach Vielfalt“)¹⁶⁴. Die DivSeek-Initiative wurde im Jahr 2015 vom „Crop Trust“, früher „Global Crop Diversity Trust“ und vom gerade in Kraft getretenen Internationalen Saatgutvertrag (ITPGR-FA) ins Leben gerufen, nachdem die „DivSeek-Charta“¹⁶⁵ beschlossen worden war.

In der aktualisierten Version dieser Charta heißt es zum Hintergrund: der Klimawandel und die wachsende Weltbevölkerung würden die entscheidenden Herausforderungen darstellen, und die natürliche Variation von genetischen Ressourcen sei der Rohstoff für die notwendige Verbesserung der Kulturpflanzen. Bahnbrechende Technologien und fortschrittliche Datenverarbeitungs- und Analysefunktionen ermöglichen jetzt einen umfassenderen Zugriff auf genetische Ressourcen, indem vorhandene, aber verteilte Kapazitäten von Genbanken, Züchtern, Forschern, Landwirten und anderen Interessenträgern genutzt würden, um auf globale Forschungsprioritäten zu reagieren.¹⁶⁶ Es geht um den Austausch von Informationen zwischen Genbanken, Züchtungsunternehmen, Forschungseinrichtungen und Bauern und Bäuerinnen bzw. bäuerlichen, indigenen und traditionellen Gemeinschaften, dient also der Bioprospektion bezüglich pflanzengenetischer Ressourcen.

Forschungsprioritäten sollen bedient werden, dafür sollen die Ressourcen von allen möglichen Verwahrern biologischer Vielfalt in Anspruch genommen werden und als Medium soll die Verarbeitung und Analyse von Daten genutzt werden.

Hier muss natürlich der Verdacht aufkommen, dass die Datenerhebung und der Datenaustausch zwischen den Verwahrern der Vielfalt auf der einen Seite und der Pflanzengenomforschung und -entwicklung auf der anderen Seite einen Weg eröffnen soll, um die Regelungen für Zugang und Vorteilsaufteilung (ABS) beiseite zu lassen. Die Regeln sind im Internationalen Saatgutvertrag beschrieben (für pflanzengenetische Ressourcen der Nutzpflanzenarten) und in der CBD (für die nicht kultivierten Verwandten der Nutzpflanzen sowie für Pflanzenarten, die nicht dem Saatgutvertrag unterliegen). Hier besteht die Gefahr von Biopiraterie, die Aneignung pflanzengenetischer Ressourcen des globalen Südens durch Konzerne aus den Industriestaaten.



Gerste (*Hordeum vulgare* L.) in der Genbank des IPK Gatersleben (D), Mitglied von DivSeek | Foto: Von Dag Endresen – IPK Gatersleben cold storage (CC BY 2.0)

¹⁶³ Vgl. „Grüne Beute. Biopiraterie und Widerstand“, S. 16–20.

¹⁶⁴ „DivSeek will work with members and other researchers and organizations to develop and share methodologies, open-source software tools, and best practices to facilitate the generation, integration, and sharing of data and information related to plant genetic resources (PGR). By creating a community of practice and making it possible to track and share information about PGR, DivSeek aims to empower gene bank managers, breeders, researchers and farmers to better characterize, disseminate and utilize plant genetic variation for accelerated crop improvement, strategic research, and sustainable production of food and agricultural products around the world.“
<http://www.divseek.org/mission-and-goalsv1> abgerufen am 20.12.2019.

¹⁶⁵ Siehe DivSeek-Charta, Quelle: <http://www.divseek.org/s/DIVSEEK-Charterv2.pdf>

¹⁶⁶ Abschnitt „Background“ der Charta, s.o.

Wegen dieses Verdachtes, dass durch DivSeek neue Formen von Biopiraterie ermöglicht werden, begann das Third World Network im Jahr 2016 ein Untersuchungsprojekt zu dieser Initiative. Im April 2016 wurde öffentlich, dass DivSeek sich einerseits weigern wollte, eine Aufforderung des ITPGR-FA¹⁶⁷ nachzukommen, zu berichten, wie Sequenzier-Technologien, Datenbanken und die elektronische Verteilung der Genome von Hunderttausenden von Nutzpflanzensorten das ABS für genetische Ressourcen beeinflussen.¹⁶⁸ DivSeek argumentierte dabei, dies sei zu politisch¹⁶⁹ (und – so darf man wohl ergänzen – nicht forschungsbezogen). Gleichzeitig wurde aber der Saatgutkonzern Syngenta als Partner umworben und man versuchte eine eigene politische Initiative zu beginnen.

Die stille Aushandlung der Bedingungen für den Beitritt von Syngenta zum DivSeek-Projekt schien die Zustimmung von DivSeek zu den Anforderungen Syngentas an die Patentierbarkeit von Pflanzengenomen, -sequenzen und -merkmalen zu beinhalten, analysiert Edward Hammond¹⁷⁰. Ein Grund, warum die Industriestaaten die Fragen nach ABS für Digitale Sequenzinformation so ungern angingen, so Hammond später, bestehe darin, „dass ihre Saatgutbranche über ‚Open Access‘-Datenbanken verfügt, in denen Genomdaten von Kulturpflanzen veröffentlicht werden und auf die ohne Einschränkungen (und ohne Verpflichtungen) zugegriffen werden kann – und die dennoch patentierbar sind.“¹⁷¹ Im Zuge der Entwicklung der synthetischen Biologie würden Genomdaten, die ohne ABS zur Verfügung gestellt werden, zu Rohstoffen für Unternehmenspatente. Dadurch werde ein System geschaffen, das für Kleinbauern, indigene Völker und Entwicklungsländer von Natur aus unfair sei. Für nördliche Länder, die die Interessen der Industrie verfolgten, sei Untätigkeit daher von Vorteil.

Dabei war die Initiative DivSeek bestrebt, Beziehungen zu Massen-Sequenzierungsprojekten wie etwa G2P-SOL¹⁷² zu formalisieren. G2P-SOL hatte geplant, 50.000 Akzessionen von Nachtschattengewächsen (*Solanaceae*) zu sequenzieren. Diese Pflanzen stammen hauptsächlich aus Entwicklungsländern, insbesondere aus Lateinamerika, wie Tomaten, Kartoffeln, Tabak, Paprika und deren wild lebende Verwandte, manche sind auch afrikanischen Ursprungs (z. B. Kaffee) oder stammen aus Asien, z. B. Auberginen. G2P-SOL hat Unterstützung der EU im Rahmen des Projektes „Horizon 2020“ erhalten. Der Produktionswert der vier wichtigsten Nachtschattengewächskulturen – Kartoffel, Tomate, Pfeffer und Aubergine – betrage 66% des europäischen Produktionswerts für gartenbauliche Kulturpflanzen, so die Selbstdarstellung von G2P-SOL.¹⁷³ Das G2P-SOL-Projekt reagiere auf zwei große Herausforderungen, so die Selbstbeschreibung: „Erstens müssen die Informationen der Pflanzensammlungen und zugängliche in den verschiedenen Genbanken harmonisiert und strategisch wichtige Merkmale und Sorten jeder Kultur identifiziert werden. Zweitens sollten die Nutzergemeinschaften der Genbanken in der Lage sein, leicht auf die genetische Vielfalt von Kartoffeln, Tomaten, Paprika und Auberginen zuzugreifen, um sie für ihre tägliche Arbeit zu nutzen. Langfristig würden sie zu einer nachhaltigeren

Form der Landwirtschaft beitragen, die an veränderte Umweltbedingungen und das Auftreten neuer Schädlinge angepasst werden kann.“ Als externe Kooperationspartner werden verschiedene Saatgutunternehmen genannt, darunter die französische Saatgutkonzern Limagrain¹⁷⁴. Zu Patentierung und Züchterrechten werden von G2P-SOL keine Aussagen gemacht, aber es wird u. a. auf ein Webinar zum Thema „Pflanzensorten im EU-Schutzsystem“ hingewiesen.¹⁷⁵

Schon 2016 kam es zum Eklat um DivSeek. Gemäß Informationsfreiheitsgesetzen Kanadas und der USA waren die E-Mails veröffentlicht worden, die enthüllten: einer der DivSeek-Gründer, ein Genetiker an der Universität von British Columbia (Kanada), hatte den Gentechnik-Saatgutkonzernen DuPont und Syngenta Zugang zu unveröffentlichten Forschungsergebnissen, Gensequenzen und Patentrechten für Gensequenzen angeboten, die von seinem mit DivSeek verbundenen Projekt identifiziert worden waren. Die angebotenen Gene bieten potenziell wertvolle Eigenschaften für Züchter, die daran arbeiten, die Kulturpflanzen an ein sich änderndes Klima anzupassen, z. B. Trockenresistenz und Hitzetoleranz. Als Gegenleistung für den privilegierten Zugang zu Sequenzen und Patentierungsmöglichkeiten in Bezug auf Sonnenblumen und Soja wollte er, dass die Konzerne 400.000 US-Dollar für sein Forschungsprojekt zur Verfügung stellen¹⁷⁶. Außerdem hatte dieser Forscher eine Finanzierung bekommen für die Entwicklung von Richtlinien für den Zugang zu genetischen Sequenzdaten in der Landwirtschaft, die den Saatgutvertrag und die Biodiversitätskonvention beeinflussen sollten.

Wörtlich schrieben der Forscher und ein Kollege in anderem Zusammenhang: „Während der rechtliche Schutz natürlicher Allelvarianten, wie sie im Rahmen des Projekts identifiziert wurden, schwach ist, wird ein starker Patentschutz möglich, wenn solche Varianten mithilfe von Gen-Editing modifiziert werden, um die Wirksamkeit der Merkmale zu verbessern.“¹⁷⁷

Das sogenannte „governance committee“ von DivSeek bekam eine Finanzierung von Genome Canada zur Entwicklung einer politischen Strategie. Dieses Projekt hatte die Aufgabenstellung: „Identifizieren Sie Bereiche, in denen die rechtlichen Rahmenbedingungen nicht eindeutig sind, und Bereiche, in denen die Möglichkeit besteht, die Rahmenbedingungen auf vorteilhafte Weise zu interpretieren.“

Im Mai 2017 wurden 3.000 Seiten Schriftwechsel zu DivSeek zwischen der University of British Columbia (UBC) in Vancouver, Kanada, der University of Georgia, Texas und Minnesota sowie dem US-Landwirtschaftsministerium freigegeben. Dadurch wurde klar: Die Mitarbeiter der UBC hatten versucht, die öffentliche Rechenschaftspflicht zu umgehen, unter anderem indem sie private E-Mail-Server einsetzten. Das Resümee Hammonds ist bitter: „In erster Linie geht aus den Aufzeichnungen hervor, dass DivSeek ein Projekt ist, das darauf abzielt, Gesetze und Grundsätze zum Zugang und zur Aufteilung von Vorteilen (ABS) in Bezug auf die Verwendung von Gensequenzdaten von Landwirtsorten („Landrassen“)

167 Dokument IT/GB-6/15/Res 3, besonders Absatz 5 und 6, siehe <http://www.fao.org/3/a-bl140e.pdf>

168 Edward Hammond, „Sequence Data and Benefit Sharing: DivSeek’s Pitfalls Show Need for Appropriate Policy“, Penang 2017, Seite 9, Quelle: <https://www.twn.my/title2/series/bkr/pdf/bkr005.pdf>

169 Ebd., S. 4.

170 Ebd.

171 Ebd., S. 18

172 Siehe <http://www.g2p-sol.eu/Background.html>

173 Siehe <http://www.g2p-sol.eu/Background.html>

174 Siehe <http://www.g2p-sol.eu/External%2Dcooperating%2Dinstitutions.html>

175 Siehe <http://www.g2p-sol.eu/Plant%2DVarieties%2Din%2Dthe%2DEU%2DProtection%2DSystem%2DWebinars%2Don%2D14%2D15%2DNovember%2D2019.html>

176 Edward Hammond, „Sequence Data and Benefit Sharing“, S. 22.

177 Edward Hammond, „Sequence Data and Benefit Sharing“, S. 23.

und anderer Artenvielfalt von Nutzpflanzen, die genetisch sequenziert werden sollen, zu vermeiden.

Mit der Finanzierung von Genome Canada hat sich UBC zum Ziel gesetzt, die Beziehungen zwischen DivSeek und der Saatgutindustrie zu pflegen, um potenzielle Schwachstellen im Internationalen Saatgutvertrag (ITPGR-FA) und in der UN-Biodiversitätskonvention (CBD) in Bezug auf genetische Sequenzdaten von Kulturpflanzen und verwandten nichtkultivierten Kulturpflanzen zu identifizieren und auszunutzen.“¹⁷⁸

Mit der Veröffentlichung der freigegebenen Dokumente kam DivSeek in Schwierigkeiten und begann sich zu reorganisieren.

Der Internationale Saatgutvertrag reagierte auf die im März 2016 angekündigte Umstrukturierung von DivSeek, die eine Auflösung der Verbindungseinheit (Joint Facilitation Uni, JFU) beinhaltete.¹⁷⁹

Nach der vollzogenen Auflösung der JFU im Juli 2016 erklärte das Sekretariat des Saatgutvertrages den Rückzug als voller Partner und den Wunsch, künftig als Beobachter teilzunehmen.

Das Internationale Planungskomitee für Ernährungssouveränität¹⁸⁰ urteilt zum Verhältnis von DivSeek zu den „farmers rights“: „Die DivSeek-Initiative berücksichtigt nicht alle Rechte der Landwirte, sondern bedroht sie gefährlich. Ziel ist es, den Zugang zu sämtlichen genetischen Informationen des Saatguts, die in den nationalen Genbanken gesammelt wurden, zu öffnen und eine riesige internationale Datenbank zu erstellen. Diese Informationen werden in erster Linie von Landwirten für die nationalen Genbanken unter der Voraussetzung gesammelt, dass sie gemeinfrei bleiben. In dieser Situation ist es wirklich besorgniserregend, dass viele industrielle Saatgutunternehmen an der DivSeek-Initiative mitarbeiten. Diese industriellen Saatgutproduzenten, zielen auf den Zugang zu genetischen Informationen von Saatgut, das sich noch in den Händen der Bauern befindet. Landwirte und ihre Rechte fehlen daher in der DivSeek-Initiative völlig, obwohl die Rechte der Landwirte eine der wichtigsten Säulen des Internationalen Saatgutvertrags sind.“¹⁸¹

Im Dezember 2016 verlieh die „Coalition against Biopiracy“ der Initiative DivSeek auf der COP 13 der CBD in Cancún einen „Captain Hook Award“ für Biopiraterie, und zwar in der Kategorie „Digitale Biopiraterie“¹⁸²

Captain Hook Awards 2016 FOR BIOPIRACY

Biopiracy refers to the monopolization (through intellectual property, or more recently, digital sequencing & genome editing) of genetic resources (or traditional knowledge or culture) taken from people or farming communities who have developed & nurtured those resources.

Digital Biopiracy Award:
DivSeek
For facilitating wide-spread biopiracy by providing access to digital sequences of the world's crop biodiversity.

Worst Government Behaviour Award:
Canada
For attempting to delete any reference to digital sequences in the text at COP 13, and putting 10 million dollars into digitizing its biological collections without considering digital biopiracy implications.

Runner-up: Honduras
For defending free and unregulated access to digital genetic sequences data with a shameless disregard for benefit-sharing.

Two Faces Award:
Blairo Maggi
Maggi's ministry has adopted measures in Brazil that limit the Brazilian commitments in the CBD; instead of ratifying Nagoya Protocol they support the creation of the Legal Framework of Biodiversity which legalizes biopiracy in Brazil.

Greediest Biopirates Award:
(a tie) Coca Cola & Clarins
Coca Cola for massively profiting from Stevia in their beverages without compensating the holders of the traditional knowledge of the sweetness of Stevia, the Guarani groups living across Paraguay and Brazilian borders.
Clarins for guaranteeing African medicinal knowledge of the baobab tree, selling its product for US \$7000/kg and paying \$2/kg to African farmers for dried leaves (and then for calling it 'Fair Trade').

The Coalition Against Biopiracy is an informal group of civil society and peoples' organizations that first came together at the 1993 Conference of the Parties to the Convention on Biological Diversity in Jakarta.

The 2016 Cog Awards for

Most Creative Legal Defense:
The Mayan Council in Bacalar, Quintana Roo,
„including The Agroecology School 'Edrice', The Benqueri 'Kahi Hahri', The Sudo Collective Mach Kanan; and several ejidos.
For halting thousands of hectares of transgenic soy in their region through an innovative legal strategy: refusing to be 'consulted'.

Best Peoples' Defense:
People's Permanent Tribunal (Mexico Chapter)
For their ruling in favour of a total prohibition on transgenic maize in Mexico, and declaring it a crime against humanity.

NB: Cog were ships designed to repel pirate attacks.

www.synbiowatch.org/captain-hook-awards-2016

Urkunde zur Verleihung der Captain Hook Awards 2016

Quelle: <http://www.synbiowatch.org/Captain-Hook-Awards-2016/>

belle im Anhang A des Studienentwurfs, „CBD/NP Jurisdictions with Domestic Measures on DSI' and Benefit-sharing“. 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)“¹⁸³ sind die zehn Staaten Bolivien, Brasilien, China, Kolumbien, Costa Rica, Indien, Kenia, Malaysia, Peru und Südafrika. Außer diesen sind aufgeführt die Staaten Bhutan, Malawi, Mosambik, Namibia, Oman und Uganda.

So wie das Nagoya-Protokoll den Mitgliedsstaaten Gelegenheit bietet, den Zugang zu genetischen Ressourcen, die ihrer Souveränität unterliegen, und zu traditionellem Wissen bezüglich dieser Ressourcen zu regulieren, so könnten sie den Zugang zu den genetischen Informationen über genetische Ressourcen regulieren und diejenigen ausländischen Nutzer von DSI auszuschließen, die nicht durch ihre heimischen Gesetzgebung zu einer gerechten Vorteils-Aufteilung verpflichtet sind. Hierzu könnten jedoch vermutlich nicht die Compliance-Vorschriften des Nagoya-Protokolls genutzt werden, da diese sich auf genetische Res-

¹⁷⁸ Ebd., S. 31.

¹⁷⁹ Siehe „Synthesis Report on the DivSeek Initiative“ für die siebte Sitzung des Verwaltungsrates des Saatgutvertrages, Dokument IT/GB-7/17/15, Absatz 9ff. Quelle: <http://www.fao.org/3/a-mt955e.pdf>

¹⁸⁰ Das „International Planning Committee for Food Sovereignty“ ist nach seiner Selbstbeschreibung eine „autonome und selbstorganisierte globale Plattform kleiner Lebensmittelproduzenten und ländlicher Arbeitnehmerverbände sowie sozialer Bewegungen auf der Graswurzelebene, auf Gemeinschaften basierend, um die Agenda der Ernährungssouveränität auf globaler und regionaler Ebene voranzutreiben“, siehe <https://www.foodsovereignty.org/>

¹⁸¹ Siehe <https://www.foodsovereignty.org/divseek-initiative-loses-support-international-treaty-plant-genetic-resources-food-agriculture/>

¹⁸² Siehe <http://www.synbiowatch.org/Captain-Hook-Awards-2016/>

¹⁸³ Wörtlich: „Gleichgesinnte Länder mit sehr hoher Biodiversität“, siehe https://www.environment.gov.za/likeminded_megadiversecountries_lmmc

sourcen beziehen, (NP, Art. 15) oder auf traditionelles Wissen (NP Art. 16). Möglicherweise bietet aber die Definition von Nutzung in Art. 2 des Nagoya-Protokolls eine Basis für die Regulierung der Erhebung von DSI. Die Erhebung von DSI kann zur Forschungstätigkeit gerechnet werden, die als eine Form der „*Nutzung der genetischen Ressourcen*“ definiert ist.¹⁸⁴

Durch nationale Gesetze zum Benefit-Sharing verpflichtet werden müssten jedoch vor allem die Konzerne des Nordens und anderen dortige Patentinhaber bzw. Inhaber weiterer geistiger Eigentumsrechte, die sich auf genetische Ressourcen beziehen, wie z. B. der Rechtsschutz auf Pflanzensorten.

Würde alle DSI über genetische Ressourcen in Hinblick auf ABS grundsätzlich wie physisch vorliegende genetische Ressourcen behandelt, weil es 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.

An dieser Stelle ist daher nicht weiter auf den Entwurf der Studie von Bagley et. al. einzugehen.

¹⁸⁴ Auch die EU definiert „*Nutzung von genetischen Ressourcen*“ als „das Durchführen von Forschungs- und Entwicklungstätigkeiten an der genetischen und/oder biochemischen Zusammensetzung genetischer Ressourcen, einschließlich durch die Anwendung von Biotechnologie“, siehe Verordnung (EU) Nr. 511/2014 des Europäischen Parlaments und des Rates, Amtsblatt der EU vom 20.5.2014, Seite 64.



Korallen vor Papua-Neuguinea | Foto: Brocken Inaglor (CC BY-SA 3.0)

5 Schlussfolgerungen

Die Nutzung genetischer Ressourcen hat große und weiter wachsende ökonomische Bedeutung im Rahmen der Bioökonomie, also derjenigen wirtschaftlichen Aktivitäten, die sich in der gegenwärtigen kapitalistischen Wirtschaft aus neuen Produkten und Verfahren der Biotechnologie ergeben.

Durch die neuen und immer weiter expandierenden Möglichkeiten der Synthetischen Biologie tritt die Verwendung physisch vorliegender genetischer Ressourcen tendenziell in den Hintergrund gegenüber der Nutzung digitaler Sequenzinformationen (DSI) über diese genetischen Ressourcen. Der digital-elektronische Zugriff auf den Informationsgehalt genetischer Ressourcen, der als DSI in Datenbanken abgelegt ist, ist vielfach einfacher als der Zugriff auf die genetischen Ressourcen selber. Und DSI kann mit den Methoden synthetischer Biologie mittlerweile leicht in funktionale Erbinheiten überführt werden, deren aktueller oder potentieller Wert erheblich sein kann.

In den internationalen Verhandlungsforen der Konvention über biologische Vielfalt (CBD) stehen im Jahr 2020 wichtige Konferenzen an, in denen es um die Einordnung von DSI und den Umgang mit ihr geht.

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 eingetragen ist und ohne Bedingungen – also ohne vorherige informierte Zustimmung der Herkunftsländer und -gemeinschaften (PIC), ohne gemeinsame vereinbarte Bedingungen (MAT) und ohne Regeln für Zugang und Vorteilsaufteilung (ABS) – allen Nutzern des Internet zur Verfügung steht. Was als „Open Access“ bei wissenschaftlicher Literatur und Forschungsdaten aus anderen Forschungsbereichen erstrebenswert sein mag, um Wissen zu teilen und Wissensproduktion zu vereinfachen¹⁸⁵, kann hier die ursprünglichen Herkunftsgebiete und ihre Bewohner*innen schnell benachteiligen.

Forschungsdaten bezüglich genetischer Ressourcen sind eben nicht 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

¹⁸⁵ Das ZB-Med Publikationsportal Lebenswissenschaften „Publisso“ definiert Open Access als „kosten- und barrierefreie (technische wie rechtliche) elektronische Zugänglichkeit von wissenschaftlichen Publikationen und Forschungsdaten“, siehe <https://www.publisso.de/open-access-beraten/faqs/open-access/>.

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.

Gleichzeitig könnten diese Länder von Innovationen nicht nur nicht profitieren, sondern auch geschädigt werden. Beispielsweise dann, wenn es der chemischen Industrie gelingen sollte, kostbare Duft- und Aromastof-

fe, deren Ausgangssubstanzen in einkommensschaffender Arbeit hergestellt werden, durch künstliche Organismen in industriellen Maßstab produzieren zu lassen.

Zur Beurteilung der Verhandlungsvorbereitung und -führung der Staaten und Staatengruppen sollte klar sein, welche Strategien eine strikte Anwendung der Regeln des Nagoya-Protokolls auf digitale vorliegende Informationen über genetische Ressourcen fördern und welche Strategien eine Anwendung dieser Regeln schaden.

10 Punkte zu den Verhandlungsstrategien und angeführten Argumenten

Wer sich mit den Verhandlungen der CBD und des Nagoya-Protokoll zu Fragen des Benefit-Sharing bei Digitaler Sequenz-Information befasst und im Interesse der biodiversitätsreichen Länder und ihrer Bevölkerungen sowie im Interesse der Gerechtigkeit in internationalen Beziehungen Stellungnahmen abgeben oder darüber berichten will, möge die folgenden Punkte berücksichtigen. Die ersten sechs Forderungen betreffen die politischen Verhandlungen in der CBD, die weiteren Forderungen betreffen die Rolle der Wissenschaft in diesen Verhandlungen.

1. Benefit-Sharing betrifft den Informationsgehalt der genetischen Ressourcen

Die Diskussion darüber, was mit Digitaler Sequenz-Information (DSI) eigentlich gemeint ist, lenkt ab davon, dass es immer um die Nutzung des Informationsinhaltes der genetischen Ressourcen geht. Alle neun Punkte der AHTEG-Liste (siehe Abschnitt 1) könnten der Verpflichtung zum Benefit-Sharing unterstellt werden: von Daten bezüglich der Nukleinsäure-Sequenzen angefangen über Sequenz- und Strukturdaten von Proteinen und Metaboliten bis hin zu taxonomischen Daten und den Modalitäten der Nutzung.

2. Auch wissenschaftliche Nutzung ist Nutzung

Einen solchen Begriff von „Nutzung genetischer Ressourcen“ durchzusetzen, der auch die Nutzung im Rahmen der wissenschaftlichen Untersuchung und Erzeugung von Daten und Informationen über die genetischen Ressourcen (DSI) umfasst: das würde das Recht auf Benefit-Sharing bei der Nutzung von DSI zur Geltung bringen.

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 untersucht und verglichen werden. Die Wichtigkeit des INSDC-Sys-

tems sei unbestritten, aber eine Beschränkung auf die Betrachtung dieses einen Systems ist wissenschaftlich nicht haltbar. Außerdem ist ein klares Bekenntnis dazu notwendig, dass es gegenwärtig keine belastbare Information zum privat gehaltenen DSI gibt. Es müssten Wege gesucht werden, wie diese Wissenslücke geschlossen werden kann.

4. Verpflichtung von Datenbanknutzern auf Berücksichtigung der Herkunft

Alle Nutzer von DSI aus Datenbanken, auch aus solchen mit Open Access, könnten als Abnehmer von Informationen über genetischer Ressourcen auf die Bedingungen eines Material-Transfer-Abkommens verpflichtet werden, mittels Datenzugriffs- und Nutzungsvereinbarungen. Bei den Vorbereitungen zu einer kommerziellen oder militärischen Anwendung der DSI muss die Verpflichtung eintreten, sich mit dem Herkunftsstaat in Verbindung zu setzen und ein Abkommen über Benefit-Sharing zu schließen und die vorherige informierte Zustimmung, auch etwaiger involvierter indigener Völker oder lokaler Gemeinschaften in diesen Staaten einzuholen. Die Höhe des monetären Benefit-Sharings kann sich unkompliziert am Preis des Endproduktes orientieren.

Auch wenn in Datenbanken beim ersten Zugang von DSI bezüglich einer bestimmten genetischen Ressource noch keine Herkunftsinformation abgelegt wurde, kann diese doch nachträglich identifiziert und in der jeweiligen Datenbank ergänzt werden. So lassen sich vielfach auch rückwirkend Herkunftsländer von DSI über genetische Ressourcen ermitteln, deren Souveränität über genetische Ressourcen berücksichtigen und Vereinbarungen über die Nutzung und die Vorteils-Aufteilung zu einvernehmlich vereinbarten Bedingungen schließen.

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 Wis-

senschaftler*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 Geld schon das allgemeine Tauschmittel ist, sollte es nicht den Herkunftsländern biologischer Vielfalt vorenthalten werden.

6. Klare Verpflichtungen für Patentanmelder einführen

Zu fordern bleibt weiterhin eine verpflichtende Auskunft bei Patentanmeldungen über die Herkunft gegebenenfalls verwendeter genetischer Ressourcen, deren Informationsgehalt für Patentanmeldungen verwendet wird, und die Vorlage von PIC und MAT. Die Weigerung der OECD-Staaten, vor der Gewährung geistiger Eigentumsrechte auf Innovationen im Zusammenhang mit genetischen Ressourcen oder mit den DSI zu genetischen Ressourcen die Herkunftsangaben, PIC und MAT verpflichtend zu machen, zeigt am deutlichsten, dass diese die souveränen Rechte der biodiversitätsreichen Länder und ihrer Bevölkerungen über deren genetische Ressourcen und vor allem deren Informationsgehalt negieren.

7. Studien zu Interessensgebieten der biodiversitätsreichen Länder anfertigen

Es ist bemerkenswert, dass im CBD-Prozess von 2018 bis 2020 ausgerechnet diejenigen Themen zunächst unerforscht blieben, die dem Interesse der Herkunftsländer genetischer Ressourcen an einer möglichst klar geregelten monetären Vorteils-Aufteilung dienen. Themen, deren genauere Aufklärung im Interesse der biodiversitätsreichen Länder ist, müssten weiter verfolgt werden:

- a) die Ermittlung des Wertes von 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 möglicherweise 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

Auch 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 lassen¹⁸⁶. 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 Aufblähung von Forschung und Ent-

186 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?“

wicklung dient nicht unbedingt dem Gemeinwohl. Gesellschaftliche Ressourcen, die in Forschung und Entwicklung geleitet werden, stehen nicht mehr für die Produktion von Gütern und Dienstleistungen anderer Art zur Verfügung¹⁸⁷. Z.B. kann ein forschender Biochemiker als Biologie- oder Chemielehrer in Schulen fehlen, ein forschender Mediziner als Arzt im Krankenhaus oder in einer ländlichen Arztpraxis. Umfangreiche Innovationsoffensiven können sogar auf die „*schöpferische Zerstörung*“ (Schumpeter) von Gesellschaften zielen, wie Detlev Hartmann kürzlich für die erste Hälfte des 20. Jahrhunderts eindrucksvoll dargelegt hat.¹⁸⁸

Innovationen haben immer auch das Potential, Lebenszusammenhänge zu zerstören und Menschen ins

Elend zu stürzen. Sie nutzen oft denjenigen Gruppen und Unternehmen, die sich ohnehin in einer bevorzugten gesellschaftlichen Position befinden und die diese Innovationen zu ihren Gunsten einführen können. Wegen dieser gesellschaftlich möglicherweise verheerenden Folgen ist über die Förderung von Forschung, Entwicklung und Innovationen in einem partizipativen und demokratischen Prozess zu entscheiden.

Sowohl in der Erhebung von Informationen über genetische Ressourcen als auch in der Nutzung dieser Informationen in Verfahren synthetischer Biologie sind die Rechte indigener Völker und traditioneller Gemeinschaften zu wahren. Ihre Interessen sind besonders bei Innovationen zu berücksichtigen, weil sie davon in besonderer Weise negativ betroffen sein können.

187 „Die Zunahme von Forschung und Entwicklung zu dem Zweck, den Wissensbestand zu vergrößern, ist für die Allgemeinheit sehr wünschenswert; das gilt auch für die erhöhte Produktion von Kapitalgütern. Beide können im Laufe der Zeit einen gesteigerten Verbrauch erlauben. Dennoch sind alle drei – mehr Forschung, mehr Anlagegüter, mehr Konsum – Alternativen in dem Sinne, daß, selbst wenn auf allen Gebieten bei allgemein steigender Produktivität ein Zuwachs möglich ist, eine größere Zunahme auf einem eine geringere Zunahme auf dem anderen Gebiet bedeutet. Ein Zuwachs bei der Schaffung von Wissen bedeutet stets weniger Kapitalgüter und/oder weniger Verbrauch als sonst verfügbar wäre. Wählt die Allgemeinheit eine Steigerung der Forschungs- und Lehrtätigkeit, so entscheidet sie sich damit, wenn auch in der Regel unbewußt, für weniger Produktionsanlagen oder geringeren Konsum in den nächsten Jahren, oder für beides, als sonst verfügbar wäre.“ Fritz Machlup: *Die wirtschaftlichen Grundlagen des Patentrechts*, Studie für das Subcommittee on Patents, Trademarks and Copyrights des amerikanischen Senats erstellt, 1961 in der Zeitschrift »Gewerblicher Rechtsschutz und Urheberrecht« auch in deutscher Sprache veröffentlicht. Quelle: <https://www.sffo.de/sffo/machlup1.htm>

188 Siehe Detlef Hartmann: *Innovative Barbarei gegen soziale Revolution*, Berlin 2019.

Glossar

ABS	Zugang und Vorteils-Aufteilung (englisch: Access and Benefit-Sharing, in amtlichen deutschen Übersetzungen wird Benefit-Sharing oft sprachlich unzutreffend mit: „Vorteilsausgleich“ wieder gegeben)
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 189, mit Sitz in Montreal
CGRFA	Kommission für pflanzengenetische Ressourcen der FAO
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 auf 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.
DivSeek	Diversity Seek, dt.: „Suche nach Vielfalt“, Initiative auf Grundlage der DivSeek-Charta zum Datenaustausch zwischen den Mitgliedern, mehr als 60 Genbanken und Forschungseinrichtungen zu pflanzengenetischen Ressourcen, gegründet vom Global Crop Diversity Trust, heute: Crop Trust.
EPA	Europäisches Patentamt (European Patent Office) mit Hauptsitz in München, erteilt europäische Patente gemäß dem EPÜ
EPO	Europäische Patentorganisation, eine zwischenstaatliche Organisation mit Sitz in München, gegründet durch das Europäische Patentübereinkommen (EPÜ)
EPÜ	Europäische Patentübereinkommen, in Kraft getreten 1977. Sonderverband gemäß der Pariser Verbandsübereinkunft zum Schutz des gewerblichen Eigentums mit 38 Verbandsländern in Europa, Kleinasien und im Mittelmeer. Darunter befinden sich die 28 (ab 2020 voraussichtlich nur noch 27) Mitgliedstaaten der EU sowie 10 bzw. 11 weitere Staaten
FAO	Welternährungsorganisation / Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen (englisch: Food and Agriculture Organization of the United Nations), gegründet 1945 mit Sitz in Rom
GRFA	Genetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (englisch: Genetic Resources for Food and Agriculture)
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

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

	USA und der „DNA Data Bank of Japan“ (DDBJ) aufeinander ab und koordiniert ihre Pflege. Die Inhalte der drei großen Datenbanken werden täglich synchronisiert.
ITPGR-FA	Internationaler Vertrag über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft der FAO, kurz: Saatgutvertrag der FAO (englisch: International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture), in Kraft getreten 2004 mit derzeit 146 Mitgliedern.
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.
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)
USPTO	Patentamt der USA (United States Patent and Trademark Office). Es vergibt Patente für Erfindungen vergibt und ist in den USA für die Erteilung von Markenrechten und weiteren geistigen Eigentumsrechten zuständig.
TRIPS	Übereinkommen über handelsbezogene Aspekte der Rechte des geistigen Eigentums (englisch: Agreement on Trade-Related Aspects of Intellectual Property Rights)
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.
WIPO	Weltorganisation für geistiges Eigentum (World Intellectual Property Organization), gegründet 1967 mit Sitz in Genf
WTO	Welthandelsorganisation (englisch: World Trade Organization) gegründet 1994, mit mit 164 Mitgliedsstaaten und Sitz in Genf, Dachorganisation u. a. des TRIPS-Übereinkommens

Literaturverzeichnis

Monographien:

- BUKO-Kampagne gegen Biopiraterie (Christiane Gerstetter, Jutta Sundermann, Gregor Kaiser, Andreas Riekeberg): „Grüne Beute. Biopiraterie und Widerstand“, Frankfurt 2005.
- Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF): „Forschung und Innovation für die Menschen. Die Hightech-Strategie 2025“, Berlin 2018.
- „Crunch Time for the Seed Treaty: A review of some outstanding issues in the negotiation. 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, Johannesburg/Penang 2019, online: https://www.acbio.org.za/sites/default/files/documents/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
- Fatheuer, Thomas: „Umkämpfte Natur. Die Biodiversität und ihre Konvention“, Berlin 2016, online: https://www.fdcl.org/wp-content/uploads/2016/11/FDCL_Umk%C3%A4mpfte-Natur_web.pdf
- Frein, Michael; Meyer, Hartmut: „Die Biopiraten: Milliardengeschäfte der Pharmaindustrie mit dem Bauplan der Natur“, Berlin 2008.
- Frein, Michael; Meyer, Hartmut: „Wer kriegt was? Das Nagoya-Protokoll gegen Biopiraterie – eine politische Analyse“, hg. v. Evangelischen Entwicklungsdienst, Bonn 2012, online: http://www.brot-fuer-die-welt.de/fileadmin/mediapool/2_Downloads/Kirche_und_Gemeinde/Gottesdienstentwurfe/EED_Nagoya_Protokoll_2012_deu.pdf
- Gottwald, Franz-Theo; Krätzer, Anita: „Irrweg Bioökonomie: Kritik an einem totalitären Ansatz“, Berlin 2014.
- Grefe, Christiane: „Global Gardening. Bioökonomie neuer Raubbau oder Wirtschaftsform der Zukunft?“, München 2016.
- Hammond, Edward: „Sequence Data and Benefit Sharing: DivSeek's Pitfalls Show Need for Appropriate Policy“, Penang 2017, online: <https://www.twn.my/title2/series/bkr/pdf/bkr005.pdf>
- Hartmann, Detlef: „Innovative Barbarei gegen soziale Revolution – Kapitalismus und Massengewalt im 20. Jahrhundert“ (Krisen – Kämpfe – Kriege, Band 2), Berlin 2019.
- Machlup, Fritz: Die wirtschaftlichen Grundlagen des Patentrechts, Studie für das Subcommittee on Patents, Trademarks and Copyrights des amerikanischen Senats erstellt, dt. in der Zeitschrift „Gewerblicher Rechtsschutz und Urheberrecht“ 1961.
- Sheldrake, Rupert: „Das schöpferische Universum“, Neuausgabe 2008.
- Schummer, Joachim: „Das Gotteshandwerk. Die künstliche Herstellung von Leben im Labor“, Berlin 2011.
- „Synthetic Biology, Biodiversity and Farmers. Case studies exploring the impact of synthetic biology on natural products, livelihoods and sustainable use of biodiversity“, hg. v. etc-Group 2016, online: http://www.etcgroup.org/sites/www.etcgroup.org/files/files/etc_synbiocasestudies_2016.pdf
- Unmüßig, Barbara; Fatheuer, Thomas; Fuhr, Lili: „Kritik der Grünen Ökonomie“, München 2015.
- Zimmer, Dietmar: Jenseits der Gene. Proteine – Schlüssel zum Verständnis des Lebens. Stuttgart 2005.

Aufsätze und Artikel:

- Baize, Sylvain et. al.: „Emergence of Zaire Ebola Virus Disease in Guinea“, online: <https://www.nejm.org/doi/10.1056/NEJMoa1404505>
- Hammond, Edward: „Ebola: Company avoids benefit-sharing obligation by using sequences“, TWN Briefing Paper Nr. 99, online: https://www.twn.my/title2/briefing_papers/No99.pdf
- Köchy, Kristian: „Synthesen – Zu Konzept und Grenzen der Synthetischen Biologie“, in: Voigt, Friedemann (Hg.): „Grenzüberschreitungen – Synthetische Biologie im Dialog“, Freiburg/München 2015, S. 91–108.
- „Mit Bioökonomie die Welt retten? Neue Geschäftsmodelle und alte Strukturen“ Rundbrief 1/2018 des Forum Umwelt und Entwicklung, online: <https://www.forumue.de/rundbrief-i2018-mit-biooekonomie-die-welt-retten-neue-geschaeftsmodelle-und-alte-strukturen/>
- N.N.: „New tool for rapid analysis of CRISPR reveals frequent, unintended DNA changes Innovation

could accelerate gene editing work by revealing potential harm“, 10.12.2019, online: <https://news.christianacare.org/2019/12/new-tool-for-rapid-analysis-of-crispr-reveals-frequent-unintended-dna-changes/>

Pascal, Kristen E. et al.: „Development of Clinical-Stage Human Monoclonal Antibodies That Treat Advanced Ebola Virus Disease in Nonhuman Primates.“ The Journal of Infectious Diseases 2018:218 (Suppl. 5). <https://doi.org/10.1093/infdis/jiy285>

Geiber, Moreno et al.: „An Explanatory Guide to the Nagoya Protocol on Access and Benefit-sharing“, IUCN EPLP 83, 2012.

Piotrowski, Stephan; Carus Michael; Carrez, Dirk: „European Bioeconomy in Figures 2008 –2016“, hg.v. nova-Institute for Ecology and Innovation, Hürth 2019, online: https://biconsortium.eu/sites/biconsortium.eu/files/documents/Europe%20Bioeconomy%20in%20Figures%202008%20-%202016_0.pdf

Spranger, Tade Matthias, Gutachterliche Stellungnahme zur Anwendbarkeit des Übereinkommens über biologische Vielfalt und des Nagoya-Protokolls auf digitale Sequenzdaten, vorgelegt im Auftrag des Bundesministeriums für Bildung und Forschung, Berlin 2017, online: https://www.bmbf.de/files/Gutachten_DSI_Prof_Spranger_DE_BF.PDF

Vohland, Katrin; Schliep, Rainer; Geschke, Jonas: „NeFo-Faktenblatt zur Vorbereitung auf SBSTTA-22 im Juli 2018“, online: http://www.biodiversity.de/sites/default/files/products/reports/nefo-faktenblatt_sbstta-22_dsi_2018-final.pdf

Bioökonomie.de (eine Initiative des Bundesministeriums für Bildung und Forschung, BMBF): Bioökonomie in der Hightech-Strategie 2025, 07.09.2018, online: <https://biooekonomie.de/nachrichten/biooekonomie-der-hightech-strategie-2025>

Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und Bundesministerium für Ernährung

und Landwirtschaft (BMEL): „Nationale Bioökonomiestrategie, Referentenentwurf“, 02.07.2019, online: https://www.raiffeisen.de/sites/default/files/2019-07/2019-07-02_Nationale%20Bio%C3%B6konomiestrategie.pdf

BIO Deutschland (Branchenverband der Biotechnologieindustrie in Deutschland): „Stellungnahme zum Referentenentwurf für eine Nationale Bioökonomiestrategie“, 19.07.2019, online: https://www.biodeutschland.org/de/positionspapiere/stellungnahme-der-bio-deutschland-zum-referentenentwurf-fuer-eine-nationale-biooekonomiestrategie.html?file=files/content/medien/positionspapiere/2019/BIO_Deutschland_Stellungnahme_Biooekonomiestrategie.pdf

Zivilgesellschaftliches Aktionsforum Bioökonomie: „Stellungnahme zum Entwurf einer Nationalen Bioökonomiestrategie“, 19.07.2019, online: <https://www.forumue.de/wp-content/uploads/2019/07/Stellungnahme-Bio%C3%B6konomie.pdf>

Bundesregierung – Hightech-Strategie: „Hightech-Strategie 2025. Vom Erfinderland zur Innovationsnation: Fortschrittsgeschichte mit Zukunftsperspektive“, online: <https://www.hightech-strategie.de/de/hightech-strategie-2025-1726.html>

DivSeek-Charta, online: <http://www.divseek.org/s/DIVSEEK-CharterV2.pdf>

Eidgenössische Ethikkommission für die Biotechnologie im Ausserhumanbereich EKAH: „Benötigt das Vorsorgeprinzip eine Ergänzung? Ethische Überlegungen zum „Innovationsprinzip“, 2019, online: https://www.ekah.admin.ch/inhalte/ekah-dateien/dokumentation/publikationen/EKAH-Bericht__Innovationsprinzip__November_2019_DE.pdf

Publisso (=ZB-Med Publikationsportal Lebenswissenschaften): „Open Access: Was ist damit gemeint?“, online: <https://www.publisso.de/open-access-beraten/faqs/open-access/>

Dokumente internationaler Organisationen und ihrer Verhandlungsprozesse:

FAO-Kommission für genetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft /
Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture (CGRFA)

Dokument CGRFA-17/19/4: „„Digital sequence information“ on genetic resources for food and agriculture and its relevance for food security“, englische Version online: <http://www.fao.org/3/my588en/my588en.pdf>

CGRFA-17/19/Report: „Seventeenth Regular Session of the Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Rome, 18–22 February 2019“, englische Version online: <http://www.fao.org/3/mz618en/mz618en.pdf>

Jack A. Heinemann, Dorian S. Coray and David S. Thaler: „Exploratory Fact-Finding Scoping Study on „Digital Sequence Information“ on Genetic Resources for Food and Agriculture“, <http://www.fao.org/3/a-mv176e.pdf>

Internationaler Saatgutvertrag unter Schirmherrschaft der FAO

Entschließung IT/GB-6/15/Res 3, „The Vision and the Programme of Work on the Global Information System“, englische Version online: <http://www.fao.org/3/a-bl140e.pdf>

Entschließung IT/GB-7/17/Res13 „Multi-Year Programme of Work of the Governing Body of the International Treaty“, englische Version online: <http://www.fao.org/3/a-mv176e.pdf>

Dokument IT/GB-7/17/15, „Synthesis Report on the DivSeek Initiative“, englische Version online: <http://www.fao.org/3/a-mt955e.pdf>

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-gdls-en.pdf>

Secretariat of the Convention on Biological Diversity: „Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from their Utilization to the Convention on Biological Diversity.“ Montreal 2011, Quelle: <https://www.cbd.int/abs/doc/protocol/nagoya-protocol-en.pdf>

Dokument CBD/WG-ABS/9/INF/1: Schei, Peter Johan; Walløe Tvedt, Morten (2010): „Genetic Resources‘ in the CBD: the Wording, the Past, the Present and the Future“ Gutachten des Fridtjof Nansen Institutes (FNI) Oslo für das 9. Treffen der Ad Hoc Open-ended Working Group on Access and Benefit-sharing im März 2010, online: <https://www.cbd.int/doc/meetings/abs/abswg-09/information/abswg-09-inf-01-en.pdf>

Dokument CBD/COP/DEC/XII/24 (Entscheidung Nr. 24. der 12. Vertragsstaaten-Konferenz 2014: „New and emerging issues: synthetic biology“, englische Version online: <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-12/cop-12-dec-24-en.pdf>

Dokument CBD/COP/DEC/XIII/16 (Entscheidung Nr. 16 der 13. Vertragsstaaten-Konferenz 2016): „Digital sequence information on genetic resources“, englische Version online: <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-13/cop-13-dec-16-en.pdf>

Dokument CBD/SBSTTA/22/INF/4 (Empfehlung des CBD-Beirates zur wissenschaftlichen, technischen und technologischen Beratung, SBSTTA)

<https://www.cbd.int/doc/c/f99e/e90a/71f19b-77945c76423f1da805/dsi-ahteg-2018-01-04-en.pdf>

Dokument 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>

Dokument 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/49c9/06a7/0127fe7bc6f3bc5a8073a286/dsi-ahteg-2018-01-02-en.pdf>

Dokument CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2/Add.1 (Anhang zu CBD/SBSTTA/22/INF/2) „Case studies and examples of the use of digital sequence information in relation to the objectives of the Convention and the Nagoya Protocol“, <https://www.cbd.int/doc/c/7a1d/3057/f5fa0ecb0734a54aad82c01/dsi-ahteg-2018-01-02-add1-en.pdf>

Dokument 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>

Dokument 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/49c9/06a7/0127fe7bc6f3bc5a8073a286/dsi-ahteg-2018-01-02-en.pdf>

Dokument Laird, Sarah A.; Wynberg, Rachel P.: „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>

Dokument 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>

Dokument 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.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-34-en.pdf](https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-34-en.pdf)

- Houssen, Wael; Sara, Rodrigo; Jaspars, Marcel: „Digital Sequence Information on Genetic Resources: Concept, Scope and Current Use“, https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/Study1_concept_scope.pdf
- Rohden, Fabian; Huang, Sixing; Dröge, Gabriele; Scholz, Amber Hartman: „Combined study on DSI in public and private databases and DSI traceability“ <https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/Study-Traceability-databases.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>

Stellungnahmen zu Digitaler Sequenz-Information zu genetischen Ressourcen in der sitzungsübergreifende Periode 2017/2018

- Verzeichnis unter <https://www.cbd.int/dsi-gr/2017-2018/#submissions>
- Verband Biowissenschaften, Biologie und Biomedizin in Deutschland (VBIO e. V.): „Inclusion of digital sequence information under the scope of the Nagoya Protocol“ vom 8.9.2017: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/VBIO-DSI.pdf>
- (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/>

Staaten:

- Afrikanischen Union für die Afrikanische Gruppe: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/AfricanGroup-DSI.pdf>
- Australien: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/Australia-DSI.pdf>
- Brasilien: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/Brazil-DSI.pdf>

- Europäische Union und ihre Mitgliedstaaten: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/EU-MS-DSI.pdf>
- Indien: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/India-DSI.pdf>
- Kanada: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/Canada-DSI.pdf>
- Schweizerische Eidgenossenschaft: Submission by Switzerland on digital sequence information on genetic resources, <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/Switzerland-DSI.pdf>
- USA: <https://www.cbd.int/abs/DSI-views/2019/US-DSI.pdf>

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>
- Relevante Entscheidungen und Dokumente zu Digitaler Sequenz-Information zu genetischen Ressourcen (Relevant decisions and documents on digital sequence information on genetic resources)
- Verzeichnis unter <https://www.cbd.int/dsi-gr/decisions.shtml>

Europäische Union

- Verordnung (EU) Nr. 511/2014 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 16. April 2014 über Maßnahmen für die Nutzer zur Einhaltung der Vorschriften des Protokolls von Nagoya über den Zugang zu genetischen Ressourcen und die ausgewogene und gerechte Aufteilung der sich aus ihrer Nutzung ergebenden Vorteile in der Union, in: Amtsblatt der EU vom 20.5.2014, S. 59–71
online: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/DE/TXT/PDF/?uri=OJ:L:2014:150:FULL&from=DE>

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.fdc1.org

Biopiraterie 2.0?

Digitale Sequenz-Informationen (DSI) und ihr Potential für neue Formen der Biopiraterie

Andreas Riekeberg | FDCL | Berlin, Dezember 2019

ISBN: 978-3-923020-90-4