Leopoldina
Nationale Akademie
der Wissenschaften

Ad-hoc-Stellungnahme | 2021

Den offenen Zugang zu Digitalen Sequenzinformationen erhalten

Multilateraler Vorteilsausgleich und offene Wissenschaft

www.leopoldina.org

Impressum

Herausgeber:
Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina e. V.
– Nationale Akademie der Wissenschaften –
Jägerberg 1, 06108 Halle (Saale)

Redaktion:
Dr. Henning Steinicke, Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina
Dr. Stefanie Westermann, Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina

Satz und Layout:
unicommunication.de, Berlin

ISBN: 978-3-8047-4219-2

Bibliographische Information der Deutschen Nationalbibliothek:
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet unter http://dnb.d-nb.de abrufbar.

Zitiervorschlag:
Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina (2021): Den offenen Zugang zu Digitalen Sequenzinformationen erhalten – Multilateraler Vorteilsausgleich und offene Wissenschaft. Halle (Saale)

Inhalt

Zusammenfassung und Empfehlungen 4

1. Einleitung 6

2. Die Biodiversitätskonvention und die Rolle offener Wissenschaft 8

3. Die Rolle global vernetzter DSI-Datenbanken 11

4. Zum Hintergrund: Die Bedeutung Digitaler Sequenzinformation 14

4.1. Bedeutung Digitaler Sequenzinformation für Biodiversitätsforschung und -schutz 14
4.2. Bedeutung Digitaler Sequenzinformation für die Wirkstoffforschung 15

5. Regelungsmodelle für die Nutzung Digitaler Sequenzinformation 17

5.1. Allgemeine Nutzungsgebühren 18
5.2. Selektive Nutzungsgebühren 19
5.3. Gebühren für Forschungsprojekte und Arbeitsmaterialien 20
5.4. Einführung regulatorischer Barrieren 21
5.5. Zielkonflikte vor dem Hintergrund von Biodiversitätskonvention und Agenda 2030 22

6. Schlussfolgerungen 23

Mitglieder der Arbeitsgruppe und weitere beteiligte Personen 25

Referenzen 26

Zusammenfassung und Empfehlungen

Die Generierung von Wissen mithilfe öffentlich finanzierter Grundlagenforschung stellt eine tragende Säule moderner Gesellschaften dar. Dieses Wissen, dessen Anwendbarkeit nicht immer gleich ersichtlich ist und dessen Ergebnisse nicht unmittelbar monetarisierbar sind, ist gleichwohl Grundlage eines beträchtlichen Teils unseres Wohlstandes. Eine wichtige Voraussetzung für die Wissensgenerierung insbesondere in den lebenswissenschaftlichen Fächern ist der möglichst offene Zugang zu forschungsrelevanten Daten und Informationen (Open Science mit Open Access und Open Data). Für die Mehrzahl der lebenswissenschaftlichen Disziplinen bildet der offene Zugang zu molekularen Informationen, insbesondere zu den weltweit verfügbaren Digitalen Sequenzinformationen (DSI) bzw. Nukleotidsequenzdaten (NSD)[1], eine essenzielle Voraussetzung ihrer Arbeit. Denn Wissen entsteht oft erst durch die Analyse und den Vergleich einer großen Zahl von Sequenzinformationen. Häufig lassen sich erst so neue Arten von Lebewesen erkennen und Veränderungen in Ökosystemen nachvollziehen.

Wie das Open-Science-Prinzip finden der Schutz und die nachhaltige Nutzung der Biodiversität weltweit große Zustimmung – und sind wichtige Ziele des *Übereinkommens über die biologische Vielfalt (Biodiversitätskonvention, Convention on Biological Diversity*, CBD) und des inzwischen von den meisten Ländern der Erde ratifizierten *Nagoya-Protokolls*. Eine der drei Säulen der *Biodiversitätskonvention* ist der Ausgleich von Vorteilen aus der Biodiversitätsnutzung. Diesem Vorteilsausgleich gibt das für die unterzeichnenden Staaten völkerrechtlich bindende *Nagoya-Protokoll* den Rahmen. Im Zuge der Weiterentwicklung des *Nagoya-Protokolls* hin zu einem effektiven monetären Vorteilsausgleich wird derzeit überlegt, den offenen Zugang zu Digitalen Sequenzinformationen (DSI) in Frage zu stellen. Dies steht im Widerspruch zu dem oben skizzierten internationalen Konsens. Ein offener Zugang zu DSI muss nicht zuletzt im Interesse des Schutzes der Biodiversität erhalten bleiben, da Barrieren nicht nur das UN-Ziel Open Science, sondern durch ungewollte Steuerungseffekte besonders auch die Biodiversitätsforschung behindern würden.

Die Leopoldina bekennt sich ausdrücklich zu einem gerechten Vorteilsausgleich zwischen allen Beteiligten – der offene Zugang zu Digitalen Sequenzinformationen stellt eine wichtige nichtmonetäre Form eines solchen Ausgleichs dar. Auch ist der von den Vertragsstaaten der *Biodiversitätskonvention* diskutierte globale Fonds zur Erhaltung der Biodiversität uneingeschränkt zu begrüßen. Wenn Unternehmen Erträge aus der Nutzung der Biodiversität generieren, sollten anteilig hieraus Mittel in diesen Fonds fließen. Zu vermeiden ist aber, diesen Fonds durch eine wie auch immer geartete Gebühr für Digitale Sequenzinformationen zu speisen. Vielmehr sollten die Vertragsstaaten – insbesondere die Staaten des globalen Nordens – angesichts der Relevanz der

1 In der vorliegenden Stellungnahme wird der Begriff „Digitale Sequenzinformation“ bzw. die Abkürzung „DSI“ verwendet, da es sich hierbei um den im Kontext der *Biodiversitätskonvention* etablierten Begriff handelt. Informationen zur wissenschaftlich korrekten Verwendung der Begriffe siehe: https://www.vbio.de/fileadmin/user_upload/wissenschaft/pdf/190601_DNFS-VBIO-Leibniz_LVB_DSI_Submission_of_views.pdf

multilateralen Schutzbemühungen auch ihre Verantwortung für den Biodiversitätsschutz in der Form anerkennen, dass sie öffentliche Mittel für den Fonds zur Verfügung stellen.

Heute fehlen für fast die Hälfte der Digitalen Sequenzinformationen Angaben zum Ursprungsort. Zentral für die Weiterentwicklung des *Nagoya-Protokolls* ist es daher, in Sequenzdatenbanken Mechanismen zu implementieren, die es ermöglichen, spätere Änderungen des Verwendungszwecks von Sequenzen nachzuverfolgen und tatsächliche – beispielsweise durch Patentierung und Vermarktung generierte – monetäre Vorteile zuverlässiger als heute Ländern zuzuordnen und auf diese Weise einen Ausgleich zu erleichtern. Die epidemiologisch bedeutsame *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* (GISAID) ist ein Beispiel dafür, wie neben dem Ursprungsort auch beteiligte Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler dokumentiert werden können. Allerdings ist dieser Ansatz nicht breiter anwendbar, da er bisher keine freie Übertragung der Datensätze in offene Datenbanken gestattet – eine Voraussetzung für die Datenanalyse in anderem Kontext. Gleichwohl sollte zukünftig gewährleistet werden, dass monetäre Wertschöpfung bei der Nutzung offener Datenbanken nachverfolgt werden kann. Lösungen hierfür müssen innerhalb der wissenschaftlichen Gemeinschaft entwickelt werden.

Die Leopoldina empfiehlt, bei den Verhandlungen zur Weiterentwicklung des *Nagoya-Protokolls* die folgenden Grundpositionen zu berücksichtigen:

1. Das Open-Science-Prinzip sollte Leitmotiv für die Weiterentwicklung der internationalen Forschungsinfrastruktur sein.
2. Es besteht ein Zielkonflikt zwischen Open Science und einem Vorteilsausgleich durch Regulierung des Zugangs zu Digitalen Sequenzinformationen.
3. Der offene Zugang der Forschung zu Digitalen Sequenzinformationen sollte sichergestellt werden und als Element des nichtmonetären globalen Vorteilsausgleichs größere Anerkennung finden.
4. Die wissenschaftliche Gemeinschaft sollte nach Lösungen suchen, in den DSI-Datenbanken Mechanismen zu implementieren, die es erlauben, Ursprungsort und Beteiligte besser zu identifizieren.

Der internationale Vorteilsausgleich muss in einer Weise vollzogen werden, die weder den Biodiversitätsschutz noch eine offene Wissenschaft bedroht, um nicht die Erreichung der Ziele einer globalen nachhaltigen Entwicklung, wie sie die Vereinten Nationen 2015 im Rahmen der *Agenda 2030* formuliert haben, infrage zu stellen.

1. Einleitung

Im Jahr 1992 wurde das *Übereinkommen über die biologische Vielfalt* (*Biodiversitätskonvention, Convention on Biological Diversity*, CBD) getroffen. Die Biodiversitätskonvention formulierte drei Hauptziele: 1) den Schutz der Biodiversität, 2) die nachhaltige Nutzung der Biodiversität und 3) die gerechte Verteilung der Vorteile aus der Biodiversitätsnutzung (siehe hierzu Kapitel 2). Im Jahr 2010 wurde das *Nagoya-Protokoll* verabschiedet, ein völkerrechtlich verbindlicher Rahmen für den Vorteilsausgleich. Dieser Rahmen gilt sowohl für die nichtkommerzielle wie die kommerzielle Nutzung von genetischen Ressourcen, schließt also auch die Grundlagenforschung ein. Ein wichtiges Ziel ist es zu verhindern, dass genetische Ressourcen ohne Genehmigung des Herkunftsstaats bzw. ohne Ausgleich erzielter Vorteile genutzt werden. Wenngleich die Regularien einen Schritt in die richtige Richtung darstellen, haben sie den erhofften gerechten Vorteilsausgleich bisher selten ermöglicht. Gleichzeitig führen die von Staat zu Staat unterschiedliche Ausgestaltung der Regularien, unklare behördliche Zuständigkeiten und komplexe Aushandlungsprozesse oft zu einer Behinderung der akademischen Grundlagenforschung.

Die aktuellen Regelungsansätze des *Nagoya-Protokolls* für einen effektiven Vorteilsausgleich stoßen an Grenzen. Zum einen hat sich die ursprüngliche Hoffnung, dass aus einer einzelnen oder wenigen genetischen Ressourcen eine unmittelbare monetäre Wertschöpfung entsteht, als weitgehend unrealistisch erwiesen; eine solche Wertschöpfung ist auf wenige Spezialfälle beschränkt geblieben. Zum anderen stehen die nationalstaatlichen Implementierungen des *Nagoya-Protokolls* oftmals konzeptionell im Widerspruch mit der globalen Vernetzung und zunehmenden Digitalisierung der lebenswissenschaftlichen Forschung. Digitale Sequenzinformationen – kurz: DSI – haben sich inzwischen als Standardwerkzeug der lebenswissenschaftlichen Grundlagenforschung etabliert. Hierbei handelt es sich um die digital erfasste Information der Abfolge von Nukleotiden auf der DNA eines bestimmten Organismus. Diese Daten werden in weltweit vernetzten offenen Datenbanken gespeichert. Dies ermöglicht, dass genetische Informationen überall auf der Welt erforscht werden können. Genetische Ressourcen müssen also oftmals keine Ländergrenzen mehr überqueren, um erforscht werden zu können. Hinzu kommt, dass die USA als wichtiger Forschungs- und Wirtschaftsstandort die *Biodiversitätskonvention* nicht ratifiziert haben und daher auch dem *Nagoya-Protokoll* nicht unterliegen. Zwar kann ein Vertragsstaat als Voraussetzung für den Zugang zu seinen genetischen Ressourcen auch US-amerikanische Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler verpflichten, die Regelungen des *Nagoya-Protokolls* einzuhalten, es existiert jedoch keine derartige Verpflichtung für Forschung auf amerikanischem Boden.

Die Vertragsstaaten sowohl der CBD als auch des vertragsrechtlich eigenständigen *Nagoya-Protokolls* suchen intensiv nach Lösungen, den Vorteilsausgleich effektiver als bisher zu implementieren. In den Fokus ist nun die Digitale Sequenzinformation gerückt.[2] In den aktuellen Verhandlungen werden u.a. Lösungen diskutiert, die den bisherigen, weltweit offenen Zugang zu diesen Daten infrage stellen. Die Etablierung neuer finanzieller, juristischer oder technischer Barrieren würde einen gewaltigen Rückschritt für die global vernetzte Wissenschaft darstellen und somit nicht nur die Lebenswissenschaften in allen Staaten der Erde beeinträchtigen, sondern auch den Prinzipien offener Wissenschaft zuwiderlaufen. Solche Barrieren würden den Biodiversitätsschutz gefährden und so auch die Erreichung der Ziele der globalen nachhaltigen Entwicklung der *Agenda 2030* infrage stellen.

2 AHTEG (2020a).

2. Die Biodiversitätskonvention und die Rolle offener Wissenschaft

Als im Jahr 1992 in Rio de Janeiro das *Übereinkommen über die biologische Vielfalt (Biodiversitätskonvention, Convention on Biological Diversity*, CBD) erzielt wurde, war die zentrale Motivation, den weltweiten Verlust der Biodiversität zu stoppen. Die *Biodiversitätskonvention* war ein Meilenstein und ging über die bis dahin üblichen Ansätze zum Schutz der Biodiversität hinaus; sie formulierte drei gleichwertig nebeneinanderstehende Hauptziele: 1) den Schutz der Biodiversität, 2) die nachhaltige Nutzung der Biodiversität und 3) die gerechte Verteilung der Vorteile aus der Biodiversitätsnutzung.[3]

Im Rahmen der CBD wurde die Bewahrung der Biodiversität so erstmals als Anliegen der gesamten Menschheit formuliert. Zudem wurden die nachhaltige Nutzung der Biodiversität als Schutzstrategie sowie die Rechte und Leistungen lokaler Gemeinschaften und indigener Völker anerkannt, die von und mit der Biodiversität leben und diese durch Jagd-, Zucht- und Bewirtschaftungspraktiken z.T. über Jahrtausende hinweg geformt haben. Nur die gleichberechtigte Formulierung dieser drei Ziele ermöglichte die Unterstützung einer großen Anzahl von Staaten für den Biodiversitätsschutz und sicherte zugleich den Zugang zu genetischen Ressourcen. Der gerechte Vorteilsausgleich spielt dabei eine wesentliche Rolle: Wenn die Vorteile aus der Nutzung dieser Ressourcen gerecht zwischen den Staaten verteilt werden, ergibt sich auch eine zusätzliche Motivation zum Schutz dieser Vielfalt, die über die lokale Nutzung und Inwertsetzung sowie den Selbstwert der Biodiversität hinausgeht.

Im Jahr 2010 wurde mit dem *Nagoya-Protokoll* ein für die Vertragsstaaten verbindlicher Rahmen für den Vorteilsausgleich verabschiedet.[4] Dieser gilt sowohl für die nichtkommerzielle Grundlagenforschung als auch für die Bioprospektion, also die Suche nach und die kommerzielle Nutzung von genetischen Ressourcen. Zudem soll das *Nagoya-Protokoll* Biopiraterie verhindern, also die vom Herkunftsstaat nicht genehmigte Nutzung seiner genetischen Ressourcen bzw. eine Nutzung ohne Vorteilsausgleich.[5] Der Zugang zu genetischen Ressourcen ist in den meisten Staaten der Erde dem *Nagoya-Protokoll* folgend inzwischen auf bilateraler Basis reguliert.

3 UN (1992).

4 Das *Nagoya-Protokoll* ist ein eigenständiges Zusatzabkommen zur *Biodiversitätskonvention*. CBD (2011).

5 Prominente Beispiele hierfür finden sich insbesondere bei landwirtschaftlich relevanten Pflanzen wie Basmatireis und Aubergine: Jamil (1998); Abdelgawad (2012). Gerade landwirtschaftlich relevante Pflanzen sind jedoch Objekte eines eigenen internationalen Abkommens, des *International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture* (ITPGRFA).

Über die drei genannten Ziele hinaus formuliert die *Biodiversitätskonvention* weitere wichtige Anliegen, insbesondere die Förderung offener, kooperativer Wissenschaft und international gleichberechtigter technologischer und wissenschaftlicher Strukturen.[6] Das *Nagoya-Protokoll* sieht in der Weitergabe von Technologien und in der wissenschaftlichen Zusammenarbeit außerdem einen wichtigen Beitrag zu einer nachhaltigen Entwicklung.[7] Zudem sind wissenschaftliche Erkenntnisse ein wesentlicher Baustein für die Erreichung der Ziele der *Biodiversitätskonvention*. So wurden in den regelmäßig stattfindenden Vertragsstaatenkonferenzen (*Conventions of Parties*, COP) für die unterschiedlichsten Aspekte jedes Mal relevante Wissenslücken identifiziert und der jeweilige Forschungsbedarf konkretisiert.[8]

Innerhalb der globalen Wissenschaftsgemeinschaft gibt es zwischen einzelnen Ländern große Ressourcenunterschiede – nicht zuletzt begründet im unterschiedlichen Umfang der Mittel, die ein Staat der öffentlich finanzierten Forschung zur Verfügung stellen kann. Allerdings hat sich die Wissenschaft in den vergangenen Jahrzehnten deutlich weiterentwickelt. Insbesondere in Projekten, in denen die biologische Vielfalt der artenreichen Länder beforscht wird, basiert die Forschung heute auch dank der CBD und des *Nagoya-Protokolls* größtenteils auf gleichberechtigten Kooperationen zwischen den Forschungsgruppen der jeweilig beteiligten Staaten. Gleichzeitig haben moderne Kommunikation, die Globalisierung der Methoden und die sogenannte Open-Science-Bewegung zu einem weltweit gerechteren Zugang zu Forschungsdaten und -informationen geführt. Finanzielle, technische und rechtliche Barrieren für den Zugang wurden und werden abgebaut. Gleichwohl besteht noch immer Ungleichheit, deren weitere Reduzierung sich neben der wissenschaftlichen Gemeinschaft auch die Vereinten Nationen zum Ziel gesetzt haben.[9]

6 UN (1992). Die CBD formuliert als übergeordnete Ziele die grundsätzliche Förderung von Wissenschaft (Art. 12 Research and Training, Art. 18 Technical & Scientific Cooperation) und vor allem den freien und ungehinderten Zugang zu Daten und Information (Art. 17 Exchange of Information: „The Contracting Parties shall facilitate the exchange of information, from all publicly available sources, relevant to the conservation and sustainable use of biological diversity […]“). Auch in den 2010 formulierten Biodiversitätsschutzzielen (Aichi-Ziel 19) wird die Rolle des Wissenstransfers hervorgehoben.

7 CBD (2011): „The Parties to this Protocol, […] Recognizing the important contribution to sustainable development made by technology transfer and cooperation to build research and innovation capacities for adding value to genetic resources in developing countries, in accordance with Articles 16 and 19 of the Convention […]“.

8 Siehe hierzu Ergebnisse einer Auswertung des Instituts für Biodiversität – Netzwerk e. V. im Auftrag des Bundesamtes für Naturschutz: https://biodiv.de/biodiversitaet-infos/forschungsbedarf-der-cbd.html

9 UNESCO et al. (2020).

Offene Wissenschaft – Open Science

Offene Wissenschaft bzw. Open Science beschreibt ein international immer größere Bedeutung gewinnendes Konzept, das darauf abzielt, die Generierung von Wissen transparent und das gewonnene Wissen offen zugänglich zu machen – für die Forschung, aber auch für die Gesellschaft. Ausgangspunkt des Konzepts ist die Überzeugung, dass schneller und umfassender wissenschaftlicher Fortschritt auf Teilen und Weiterentwicklung des vorhandenen Wissens in kollaborativen Netzwerken beruht. Zentral sind der offene Zugang zu wissenschaftlichen Publikationen, Forschungsdaten, wissenschaftlicher Software, Methoden und Lehrinhalten (Open Access, Open Data, Open Source, Open Methodology, Open Educational Resources) sowie die offene Qualitätssicherung wissenschaftlicher Arbeit (Open Peer Review). Offen bedeutet, dass möglichst keine oder wenige finanzielle, technische und rechtliche Barrieren für den Zugang, die Wiederverwendung und die Weiterentwicklung vorhanden sind. Forschungsdaten, -prozesse und -ergebnisse können demnach auch wiederverwendet, weiterverbreitet und vervielfältigt werden. Offene Wissenschaft ermöglicht potenziell jedem, wissenschaftliche Erkenntnisse nachzuvollziehen. Hierdurch wird der Wissenstransfer in Wirtschaft und Gesellschaft erleichtert (Open to Society). Im Zusammenhang mit DSI-Datenbanken ist offener Zugang bei praktischer Barrierefreiheit gewährleistet, also bei Freiheit von Kosten und von Einschränkungen für die Weitergabe der Daten.

Die Vereinten Nationen erkennen das Prinzip der offenen Wissenschaft als ein wirksames Instrument an, mit dem Ungerechtigkeiten und Ungleichheiten abgebaut werden können.[10] Zudem ist offene Wissenschaft für die Erreichung der Ziele für nachhaltige Entwicklung, die im Rahmen der *Agenda 2030* der Vereinten Nationen formuliert worden sind, ein wichtiger Eckpfeiler.[11]

10 Amann et al. (2019); UNESCO (2020).

11 UNESCO (2017); UNESCO (2020).

3. Die Rolle global vernetzter DSI-Datenbanken

Die wissenschaftliche Gemeinschaft ist heute global vernetzt, und der wissenschaftliche Fortschritt ist in großem Maße von dieser Vernetzung abhängig. Forschende aller Wissenschaftsdisziplinen sind darauf angewiesen, sich vorhandenes Wissen schnell aneignen zu können und eigene Erkenntnisse der wissenschaftlichen Gemeinschaft möglichst zügig und ohne Einschränkungen zur Verfügung zu stellen. Ein offener Zugang zu Wissen spielt also eine zentrale Rolle in diesem Prozess. Dies gilt insbesondere für die lebenswissenschaftliche Forschung: Für die Mehrzahl der lebenswissenschaftlichen Disziplinen bildet der Zugang zu molekularen Informationen, insbesondere zu den weltweit verfügbaren Digitalen Sequenzinformationen (DSI) bzw. Nukleotidsequenzdaten (NSD), eine essenzielle Voraussetzung ihrer Arbeit. Wissen entsteht im lebenswissenschaftlichen Zusammenhang oft erst durch die Analyse und den Vergleich einer großen Zahl von Sequenzinformationen.

Digitale Sequenzinformation (DSI)

Die Erbinformation aller Lebewesen (Desoxyribonukleinsäure, DNS, engl.: DNA) besteht aus einzelnen Grundbausteinen, den sogenannten Nukleotiden, die eine der vier Basen A, C, G oder T enthalten können. Sie kodieren die Eigenschaften des jeweiligen Organismus. Zur Entschlüsselung dieser Erbinformation wird die DNA sequenziert, also die Abfolge der Nukleotide in der DNA bestimmt. Die Sequenzierung der Erbinformation erfolgt schrittweise: Jeweils kleinere Abfolgen von Nukleotiden werden nach und nach entschlüsselt und schließlich zu einer Gesamtsequenz (Genom) zusammengesetzt. Eine solche Komplettsequenzierung auch größerer Genome kann heute mithilfe von Hochdurchsatzverfahren vergleichsweise günstig und schnell erfolgen.

Die analysierten Sequenzen müssen spätestens zur Publikation der mit ihrer Hilfe gewonnenen wissenschaftlichen Erkenntnisse in die einschlägigen Datenbanken übertragen und zur Verfügung gestellt worden sein, da die Manuskripte von Fachzeitschriften andernfalls nicht akzeptiert werden. Datenbanken öffentlicher Träger garantieren dabei die dauerhafte Verfügbarkeit und damit auch die Überprüfbarkeit von Forschungsergebnissen. Die weltweit zentrale Struktur zur Speicherung von Sequenzinformationen stellt ein Konsortium namens *International Nucleotide Sequence Database Collaboration* (INSDC) dar, bestehend aus den drei größten Datenbanken (der US-amerikanischen GenBank, der europäischen ENA und der japanischen DDBJ). Analysen aller 743 aktuell bekannten Nukleotiddatenbanken haben ergeben, dass 95 Prozent ihre Daten direkt über die INSDC austauschen, die übrigen Datenbanken in der INSDC direkt registrierte Sequenzen verwenden und damit ebenfalls von dieser zentralen Struktur abhängig sind. Die benötigten Mittel für den weltweit offenen Service der INSDC belaufen sich derzeit jährlich auf ca. 50 – 60 Millionen US-Dollar und werden ausschließlich von den USA (GenBank), Japan (DDBJ) und den Mitgliedstaaten des *Europäischen Laboratoriums für Molekularbiologie* (EMBL ENA) finanziert. Der Sequenzbestand umfasst aktuell mehr als 1,5 Milliarden Sequenzen. Der Bestand an Sequenzen wird pro Jahr von 10 bis 15 Millionen Nutzerinnen und Nutzern genutzt.[12] Für die Registrierung von Sequenzen in einer Datenbank ist auch die Hinterlegung sogenannter Metadaten, z.B. die Angabe der Datenherkunft erforderlich.

12 Die Zahl der Nutzerinnen und Nutzer wurde anhand eindeutig identifizierbarer IP-Adressen abgeschätzt. Siehe Scholz et al. (2020); AHTEG (2020b).

DNA kann heute relativ schnell und kostengünstig sequenziert werden. Die ermittelte Sequenz wird anschließend in eine oder mehrere der verfügbaren Datenbanken eingegeben und so der wissenschaftlichen Gemeinschaft weltweit zur Verfügung gestellt (siehe Box: „Digitale Sequenzinformation"). Die allermeisten Datenbanken sind offen gestaltet und barrierearm. Sie gewähren kostenfreien und anonymen Zugang und erlauben auch die Weitergabe der vorhandenen Sequenzinformationen an andere Datenbanken. Nur wenige Datenbanken, beispielsweise die *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* (GISAID), haben regulative Barrieren und verlangen eine Registrierung der Nutzerin oder des Nutzers und sind aus diesem Grund auch nicht direkt mit den offenen Datenbanken vernetzbar (siehe Box: „Global Initiative on Sharing All Influenza Data"). Für die INSDC und die vielen verknüpften Datenbanken ist diese Vernetzung jedoch essenziell. Sie sichert durch die Spiegelung großer Teile oder des kompletten Datensatzes die Daten gegen Verlust und ermöglicht schnelleren Zugriff auf die Datensätze. Zudem ermöglicht die Vernetzung die bioinformatische Erforschung innovativer Ansätze der Datenverwaltung und -analyse. Finanzielle Zugangsbarrieren existieren nicht, da die für den Betrieb und die Kuratierung der INSDC-Datenbanken und der dazugehörenden Infrastruktur benötigten Mittel von den jeweiligen Ländern aus öffentlichen Geldern getragen werden (siehe Box: „Digitale Sequenzinformation").

Heute existieren in den Datenbanken Daten aus jedem Land der Welt.[13] Der Wert dieser Daten entsteht aus ihrer offenen Verfügbarkeit für die wissenschaftliche Gemeinschaft und liegt zunächst in der Möglichkeit der Vergleichbarkeit mit weiteren Sequenzinformationen begründet.

Untersuchungen zeigen, dass die Muster der Datenlieferung und des Datenabrufs der Vermutung widersprechen, dass die genetischen Ressourcen vorwiegend aus biodiversitätsreichen Staaten stammen würden, Nutzerinnen und Nutzer hingegen in der Mehrzahl aus Industrieländern kämen. Vielmehr stammen über 50 Prozent der Sequenzinformationen mit bekannter Herkunft aus den USA, China, Japan und Kanada, während umgekehrt etwas mehr als 50 Prozent der Nutzerinnen und Nutzer nicht aus diesen, bzw. nicht jenen Ländern stammen, die die Datenbanken finanzieren.[14]

13 Scholz et al. (2020).
14 Scholz et al. (2020).

Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)

Im Zuge der Pandemiebedrohung durch den Vogelgrippe-Virusstamm Influenza-A-H5N1 im Jahr 2005 sah sich die Forschung mit der Situation konfrontiert, dass der öffentliche Zugang zu den jüngst analysierten genetischen Sequenzen dieses Virusstamms begrenzt war. Der Grund war, dass Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus den Herkunftsländern der Vogelgrippe-Fälle aktuelle Informationen nur zögerlich über die offenen Public-Domain-Archive wie ENA, DDBJ und GenBank zur Verfügung stellten, da bei solchen Sequenzdatenbanken die Nutzung der Daten anonym erfolgt und nicht oder nur mit großem Aufwand nachverfolgt werden konnte. Ein effektiver Rechts- und Interessensschutz für die Datenübermittlerinnen und -übermittler ließ sich mit der vorhandenen Infrastruktur nach Ansicht der Forscherinnen und Forscher also kaum sicherstellen. Somit fehlten hinreichende Anreize für eine Zurverfügungstellung der betreffenden Daten. Angesichts der weltweiten Ausbreitung der Vogelgrippe brauchte es zur Überwindung der Probleme daher dringend einen neuen Ansatz. Als Reaktion wurde im Jahr 2008 die *Global Initiative on Sharing All Influenza Data*, kurz GISAID[15] ins Leben gerufen.

GISAID stellt wie die anderen Public-Domain-Archive den kostenlosen Zugang zu seinen Daten sicher. Im Unterschied zu anderen Sequenzdatenbanken steht die Datenbank aber nur Nutzerinnen und Nutzern offen, die sich eindeutig identifizieren und sich bereit erklären, den GISAID-Sharing-Mechanismus einzuhalten. Dieser sichert den Datenlieferantinnen und -lieferanten das Eigentumsrecht an den von ihnen eingestellten Sequenzen zu und verpflichtet Nutzerinnen und Nutzer der Daten zur Nennung jener Labors, die die Proben zur Verfügung gestellt und die Sequenz- und Metadaten generiert haben. Forscherinnen und Forscher sind zudem verpflichtet, in wissenschaftlichen Publikationen neben den Labors auch sämtliche Forschungsgruppen in ihrer Danksagung zu erwähnen, die an der Verfügbarmachung von Daten beteiligt waren, und größte Anstrengungen zu unternehmen, diese an der wissenschaftlichen Erschließung der Sequenzdaten zu beteiligen. Ferner müssen sich alle Nutzerinnen und Nutzer der Datenbank einverstanden erklären, dass der Zugang zu den in GISAID zur Verfügung gestellten Daten keinerlei Einschränkung unterworfen ist, um die Zusammenarbeit zwischen Forschenden auf Grundlage eines innerhalb von GISAID offenen Datenaustauschs und der Achtung der Rechte und Interessen aller Beteiligten zu fördern. So soll eine faire wissenschaftliche Nutzung der aus den Daten abgeleiteten Ergebnisse gewährleistet werden. Ein monetärer Ausgleich für die wirtschaftliche Verwertung der Sequenzdaten ist im GISAID Datasharing Agreement nicht vorgesehen.[16] Gleichwohl ist ein solcher Vorteilsausgleich zumindest möglich, da neben der geografischen Herkunft der jeweiligen genetischen Ressource auch alle Beteiligten identifizierbar sind.

Nachteil des Konzeptes ist, dass die Einschränkungen der Nutzungsrichtlinien eine direkte Verknüpfung mit offenen Datenbanken verhindern. Eine weiterreichende Datenintegration und –analyse in anderen Kontexten ist so nicht möglich. Dies verhindert eine generelle Anwendbarkeit des GISAID-Konzeptes auf biodiversitätsrelevante Daten, welche deutlich heterogener sind, als die in GISAID gespeicherten Datensätze.

Auf Basis von Sequenzen, die in GISAID bereitgestellt werden, selektiert die *Weltgesundheitsorganisation (World Health Organization*, WHO) seit mehreren Jahren halbjährlich die Virenstämme für die Entwicklung von Impfstoffen gegen Influenza. Auch die Forschung zum Coronavirus SARS-CoV-2 kann auf die GISAID-Datenbank zugreifen, die die international führende Sammlung von Sequenzen dieses Virustyps vorhält.

15 https://www.gisaid.org

16 https://www.gisaid.org/registration/terms-of-use/

4. Zum Hintergrund: Die Bedeutung Digitaler Sequenzinformation

Die Datenanalyse gewinnt in den Lebenswissenschaften immer mehr an Bedeutung, die Bioinformatik ist mittlerweile ein essenzieller Teil dieser Disziplinen. Die Hochdurchsatzverfahren, die sogenannten Omics, haben hierzu wesentlich beigetragen. Sie ermöglichen die vollständige Erfassung einer bestimmten Information, beispielsweise des Genoms eines Lebewesens (Genomics) oder die Gesamtheit aller Proteine, die in einem Zelltyp oder einem kompletten Organismus zu einem bestimmten Zeitpunkt gebildet werden (Proteomics). Die Entwicklung dieser Verfahren hat in kurzer Zeit zur Produktion einer Fülle von Primärdaten geführt, mit weiter stark steigender Tendenz. Die so gewonnenen Datenmengen müssen bioinformatisch verarbeitet werden, damit die Erschließung der enthaltenen Informationen überhaupt möglich ist. Der Erkenntnisgewinn in den Lebenswissenschaften ist heute in großem Maße von der Auswertung digitaler Datensätze durch Vergleich mit anderen Datensätzen abhängig.

Vor diesem Hintergrund sind Sequenzdatenbanken in den vergangenen Jahrzehnten zu einem zentralen Element in den Lebenswissenschaften geworden: Die Sequenzinformation eines Organismus ist zunächst nur eine Information ohne nennenswerten wissenschaftlichen oder wirtschaftlichen Wert. Erst die funktionelle Einordnung und der Vergleich mit anderen Sequenzinformationen generiert einen wissenschaftlichen Wert für die Grundlagenforschung. Aus diesem Grund hinterlegen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler die von ihnen ermittelten Sequenzen und entsprechende Metadaten möglichst zeitnah in einer Sequenzdatenbank.[17]

4.1. Bedeutung Digitaler Sequenzinformation für Biodiversitätsforschung und -schutz

Der effektive Schutz der biologischen Vielfalt benötigt Kenntnisse darüber, welche Arten überhaupt vorhanden sind. Die Taxonomie, also die Identifizierung, Beschreibung und Klassifizierung von Lebewesen, ist hierfür eine wesentliche Voraussetzung,[18] die ihrerseits heute zunehmend auf die Analyse genetischer Daten in Form Digitaler Sequenzinformationen angewiesen ist. Sequenzen eines bestimmten Organismus können mithilfe von DSI-Datenbanken so mit Sequenzen Tausender anderer Arten verglichen werden, um festzustellen, ob möglicherweise eine bislang unbekannte Art vorliegt.

Neben der Identifizierung und Beschreibung von Arten ist auch die evolutionsbiologische Einordnung insbesondere der Verwandtschaft der Arten eine wichtige Voraussetzung für das Verständnis der Biodiversität und der Funktionsmechanismen in Ökosystemen. Auch dies setzt den Zugang zu DSI-Datenbanken voraus.

---

17 Jüngsten Erhebungen zufolge vergleichen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler bei einer Datenbankabfrage im Durchschnitt 44 Sequenzen unterschiedlichster Herkunft miteinander. Scholz et al. (2020).

18 Siehe hierzu im Detail Leopoldina (2014).

Zur Biodiversitätsforschung zählt auch die ökologische Grundlagenforschung. Mithilfe digitaler Informationen können beispielsweise Prozesse auf zellulärer oder molekularer Ebene untersucht werden, die ihrerseits Funktionen in und das Funktionieren von Ökosystemen widerspiegeln. Mithilfe moderner Hochdurchsatzverfahren lässt sich darüber hinaus die Gesamtheit sämtlicher Genome eines bestimmten Ökosystems (Metagenomics) erfassen, wodurch sich zeitnah Hinweise auf die in diesem Ökosystem (z.B. Böden, Gewässer) vorhandene Biodiversität gewinnen lassen. Auch solche Daten erhalten ihren wissenschaftlichen Wert erst durch ihre Vergleichbarkeit.

Sequenzinformationen können in DNA-Barcodes übersetzt werden. Diese ermöglichen eine schnelle Bestimmung der in einem bestimmten Ökosystem vorhandenen bekannten Arten, was wiederum Voraussetzung für ein Monitoring und für das Erkennen und die Erforschung von Veränderungen in Ökosystemen ist. Auch die Naturschutzforschung, die sich mit der Entwicklung und Erprobung effektiver Schutzkonzepte befasst, greift auf Digitale Sequenzinformationen zurück und identifiziert auf diese Weise unter anderem Fragmentierungseffekte in Ökosystemen oder ermittelt effektive Schutzgebietsgrößen.

Allen Bereichen der Biodiversitätsforschung gemein ist, dass der Wert der Informationen erst aus der Möglichkeit der Vergleichbarkeit dieser Daten mit anderen Daten entsteht.

4.2. Bedeutung Digitaler Sequenzinformation für die Wirkstoffforschung

Im Kontext der *Biodiversitätskonvention* und des *Nagoya-Protokolls* spielt die Erforschung von Natur- und Wirkstoffen eine besondere Rolle, da sie großes Potenzial für eine Wertschöpfung aus genetischen Ressourcen birgt. Für die Erforschung von Natur- und Wirkstoffen sind insbesondere Pflanzen, Pilze und Mikroorganismen relevant (aber auch einige Tiere wie die Kegelschnecken und Schildläuse). Die Wirkstoffforschung konzentriert sich dabei nicht nur auf medizinisch relevante Stoffe,[19] sondern auch auf Aroma-, Geschmacks- oder im Pflanzenschutz verwendbare Stoffe.[20]

Die Bedeutung von DSI-Datenbanken für die Wirkstoffforschung lässt sich gut am Beispiel der Mikroorganismen verdeutlichen: Diese besitzen die Fähigkeit, eine Vielzahl von niedermolekularen organischen Verbindungen zu produzieren. Diese als Naturstoffe oder auch Sekundärmetaboliten bezeichneten Verbindungen bilden die Grundlage vieler wichtiger Medikamente wie Antibiotika oder Antitumortherapeutika. Die Gene für die Synthesen dieser Verbindungen sind in sogenannten Clustern im Genom

19 Artemisinin und Curcumin sind Beispiele für medizinisch relevante Wirkstoffe. Artemisinin wird aus dem Einjährigen Beifuß gewonnen, der in China, Vietnam und einigen ostafrikanischen Ländern angebaut wird. Curcumin ist ein Wirkstoff der Kurkumapflanze und war bereits Gegenstand eines Patentkonflikts in den 1990er-Jahren.

20 Weitere Beispiele nennen Houssen et al. (2020).

angeordnet. Die Sequenzierung Tausender Genome von Mikroorganismen führte zu der Erkenntnis, dass viele von diesen Mikroorganismen zwischen 20 und über 100 Gencluster für die Biosynthese verschiedener Sekundärmetaboliten in ihrem Genom kodieren können. Sie besitzen damit das Potenzial, zahlreiche, teilweise noch unbekannte Substanzen zu bilden.

Wenn die Mikroorganismen allerdings in Reinkultur im Labor kultiviert werden, produzieren sie oft nur einen Bruchteil der möglichen Verbindungen; die Gencluster bleiben inaktiv und führen damit auch nicht zur Bildung von Sekundärmetaboliten. In vielen Fällen ist die Anwesenheit anderer Organismen (ökologischer Kontext) für die Aktivierung dieser ansonsten stillen Gencluster erforderlich. Der ökologische Kontext ist in der überwiegenden Zahl der Fälle bislang aber unbekannt. In Anbetracht der bisher bekannten mikrobiellen Genome und der in ihnen kodierten Gencluster ist zu vermuten, dass noch unzählige unbekannte Verbindungen von Mikroorganismen gebildet werden können, die Potenzial als Wirkstoff besitzen. Die Verfügbarkeit der Genomsequenzen in offenen Datenbanken ermöglicht ihre gentechnologische Erforschung, was bereits in einigen Fällen eine Aktivierung der stillen Gencluster und damit die Identifizierung und Isolierung neuer Substanzen erlaubt hat.

Derartige Ansätze sind insbesondere für die Antibiotikaforschung von außerordentlicher Bedeutung, da 55 Prozent aller antibakteriellen Wirkstoffe auf Naturstoffen beruhen, die meisten davon auf Mikroorganismen.[21] Gleichzeitig verweist dieses Beispiel auf die Relevanz öffentlich finanzierter Forschung, da die Suche nach antibiotisch wirkenden Stoffen und die Entwicklung neuer Antibiotika (vor allem aufgrund stark gesunkener Gewinnerwartungen) aktuell kaum noch von privatwirtschaftlichen Unternehmen durchgeführt wird.[22]

Die Erforschung von Mikroorganismen zeigt zudem ein grundsätzlicheres Problem auf. Im Kontext des *Nagoya-Protokolls* ist es von besonderer Bedeutung, die Herkunft und geografische Verbreitung einer genetischen Ressource zu erfassen. Allerdings ist das Vorkommen von Mikroorganismen lokal oder regional meist nicht begrenzt; sie können über Luft und Wasser weitläufig verbreitet werden. Diese wenig stark ausgebildete regionale Bindung macht einen Vorteilsausgleich schwierig bis unmöglich. Zwar kann die Provenienz einer einzelnen Probe problemlos nachvollzogen werden, allerdings können gleiche Genomsequenzen an Orten vorkommen, die Tausende von Kilometern voneinander entfernt sind.

21 Zudem beruhen 30 Prozent aller Krebstherapeutika auf Naturstoffen, siehe Newman & Cragg (2020).

22 Akademie der Wissenschaften in Hamburg & Leopoldina (2013); Simpkin et al. (2017).

5. Regelungsmodelle für die Nutzung Digitaler Sequenzinformation

Grundlegende Ziele des *Nagoya-Protokolls* sind die Kontrolle des Zugangs zu genetischen Ressourcen und der gerechte Ausgleich von Vorteilen, die sich aus deren Nutzung ergeben. Es ist demnach geboten, einen Mechanismus zu entwickeln, der einerseits Nutzungsgewinne gerecht aufzuteilen erlaubt, andererseits die anderen übergeordneten Ziele der *Biodiversitätskonvention* nicht gefährdet.

Die Digitalisierung in den Lebenswissenschaften und die Weiterentwicklung der synthetischen Biologie haben dazu geführt, dass die klassischen Methoden von Biopiraterie, also beispielsweise der illegale Export von Nutzpflanzen, inzwischen an Bedeutung verloren haben. Genetische Information kann vor Ort sequenziert und in die global verfügbaren offenen Datenbanken eingespeist werden. Lebende Organismen oder deren genetisches Ausgangsmaterial müssen also keine Ländergrenzen mehr überqueren. Theoretisch lassen sich aus diesen Informationen an jedem Ort der Erde eine Sequenz und ihre kodierten Proteine synthetisieren – wenn auch keine kompletten Lebewesen.[23] Der eigentliche wissenschaftliche Wert entsteht jedoch erst aus dem Vergleich mit anderen Sequenzen. Dennoch existieren Überlegungen, aus den Zugriffen auf Sequenzdatenbanken, auf die eine große Zahl von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern weltweit täglich angewiesen ist, finanzielle Mittel für den Vorteilsausgleich zu generieren. Falls dieser Weg verfolgt würde, müssten Lösungen gefunden werden, die den offenen Zugang zu Digitalen Sequenzinformationen nicht einschränken, um weder die übergeordneten Ziele der *Biodiversitätskonvention* zu gefährden noch die Lebenswissenschaften als solche massiv einzuschränken. Gleichzeitig sollten Lösungen gefunden werden, welche nicht darauf beruhen, Forschungsmittel für den Vorteilsausgleich zu verwenden.

Bei einer kostenpflichtigen Nutzung auch nur einzelner Datenbanken, wie sie aktuell diskutiert wird, wären erhebliche negative Konsequenzen zu befürchten. Bislang kann die Wissenschaft weltweit auf eine große Anzahl von offenen Datenbanken zurückgreifen. Dieses Netzwerk aus vielen kleinen und einigen großen Datenbanken ist insbesondere deswegen hochgradig funktional, weil die Datenbanken barrierearm aufgebaut und untereinander vernetzt sind und sich zu einem Großteil spiegeln, also den kompletten Datensatz anderer Datenbanken oder Teile davon enthalten. Dies sichert die Daten gegen Verlust und ermöglicht schnelleren Zugriff auf die Datensätze. Zudem profitiert hiervon auch die Bioinformatik, weil sich so innovative Ansätze der Datenverwaltung und -analyse einfacher erforschen lassen. Eine Einführung finanzieller Barrieren, also die Einschränkung des offenen Zugangs, würde die globale Vernetzung der Datenbanken, die Funktionalität des gesamten Systems und die Qualität lebenswissenschaftlicher Forschung bedrohen.

23 Es können zwar vollständige Genome reproduziert werden, allerdings keine vollständigen Organismen. Viele hierfür notwendige Zellbestandteile, beispielsweise die hochkomplexen Ribosomen, können nicht im Labor erzeugt werden.

Zahlschranken vor Datenbanken hätten zudem besonders negative Folgen für Forschende aus den Staaten des globalen Südens, denn quantitativ ausgerichtete Studien zeigen, dass etwas mehr als 50 Prozent der Nutzerzugriffe aus diesen Ländern stammen.[24] Zudem wäre eine solche Zugangsbeschränkung ein erheblicher Rückschlag für die Bemühungen um ein vertrauenswürdiges und transparentes Wissenschaftssystem, da der Open-Data-Ansatz ein zentrales und tragendes Element der Open-Science-Kultur ist. Sowohl die Publikation wissenschaftlicher Erkenntnisse als auch die Replizierbarkeit von Analysen würden erheblich erschwert, da eine Voraussetzung der Veröffentlichung in Fachjournalen die Hinterlegung von Primärdaten in den einschlägigen Datenbanken ist. Wären diese kostenpflichtig, könnte dies besonders problematisch für Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler sein, die in wirtschaftlich schwächeren Staaten tätig sind.

Ähnliches gilt für die Einführung rechtlicher Barrieren. Besonders im Bereich der lebenswissenschaftlichen Grundlagenforschung wären gravierende Auswirkungen zu erwarten, sollte der Zugang zu Digitalen Sequenzinformationen analog zur bislang bilateralen Umsetzung des *Nagoya-Protokolls* geregelt werden. Denn dann bedürfte der Zugriff auf jede einzelne Sequenzinformation zukünftig der Zustimmung des Ursprungsstaates und seiner Vollzugsbehörden. Bereits heute ist erkennbar, dass die Regelungen des *Nagoya-Protokolls* oft zu signifikanter Verzögerung oder sogar zur Verhinderung wissenschaftlicher Projekte führen. Forschungsbereiche wie die moderne Biodiversitätsforschung, die molekulare Genetik oder die Evolutionsbiologie, die große Datensätze von DNA-Sequenzen analysieren, dürften sich de facto unüberwindbaren Hürden gegenübersehen, sollten sie für jede Sequenz eine bilaterale Regelung treffen müssen. Ein zusätzliches Problem solcher bilateralen Lösungen stellt der Umstand dar, dass Sequenzen klar einem Ursprungsland zugeordnet werden müssten. Dies wäre insbesondere im Fall der meisten Mikroorganismen und der marinen Organismen kaum lösbar, da sich diese Organismen, wie oben erläutert, geografisch kaum eindeutig zuordnen lassen (siehe Kap. 4.2).

5.1. Allgemeine Nutzungsgebühren

Zur Generierung von monetären Vorteilsausgleichen aus der Nutzung Digitaler Sequenzinformationen werden verschiedene Modelle diskutiert. Eine Möglichkeit stellt die Einführung von Nutzungsgebühren dar, die entweder für die Dateneingabe oder für die Datenabfrage erhoben werden könnten. Während solche Nutzungsgebühren von Forschungsinstituten und -gruppen in Ländern des Globalen Nordens vermutlich ohne größere Einschränkungen aufzubringen wären, dürfte eine solche Regelung für Forschende in Ländern, deren Wissenschaftssystem finanziell weniger gut ausgestattet ist, eine deutlich höhere Hürde darstellen.

24 Scholz et al. (2020).

Damit Bezahlschranken effektiv wirken, ist zudem eine Voraussetzung, dass sie nicht umgangen werden können. Die größte der weltweit zugänglichen Datenbanken, GenBank, wird jedoch durch die USA betrieben, einem Staat, der weder der *Biodiversitätskonvention* beigetreten ist, noch das *Nagoya-Protokoll* unterzeichnet hat. Kurz- oder mittelfristig dürfte eine Erhebung von Nutzungsgebühren für die beiden anderen großen Datenbanken DDBJ und ENA daher dazu führen, dass diese international an Bedeutung verlieren und sich Forschende verstärkt GenBank zuwenden. Eine solche Entwicklung würde den Fortbestand des INSDC-Netzwerks in seiner aktuellen Form zweifellos infrage stellen und damit das gesamte globale Netzwerk großer und kleiner Datenbanken zerstören.

Darüber hinaus wäre fraglich, ob in Anbetracht des erwartbaren Bedeutungsverlustes zugangsbeschränkter, nichtoffener DSI-Datenbanken auf diese Weise überhaupt nennenswerte finanzielle Mittel generiert werden könnten. Zudem müsste der zusätzliche Verwaltungsaufwand für die Datenbanken gedeckt werden – beispielsweise mittels eines Teils der erhobenen Gebühren.

5.2. Selektive Nutzungsgebühren

Weitere Möglichkeiten wären die selektive Erhebung von Gebühren für die Nutzung von Sequenzen nach deren geografischem Herkunftsort oder eine selektive Zugangsschranke nach Herkunftsland der Datennutzerinnen und -nutzer. So könnte verhindert werden, dass Forschende aus Geberländern für die Nutzung von Sequenzen aus ihrem Land zahlen müssten. Die praktische Umsetzung einer solchen Lösung wäre jedoch sehr kompliziert, da sie zunächst die Möglichkeit einer genauen geografischen Zuordnung von Sequenz und Nutzerin bzw. Nutzer voraussetzt. Von den aktuell 1,5 Milliarden verfügbaren Sequenzen im INSDC-Netzwerk kann bisher für lediglich etwa 40 Prozent die geografische Herkunft festgestellt werden.

Die Verteilung der identifizierbaren geografischen Herkunftsorte von Sequenzinformationen und Nutzenden zeigt zudem, dass die mittels selektiver Gebühren generierten finanziellen Mittel wahrscheinlich eher vom globalen Süden in Richtung Norden fließen würden, da mehr als 50 Prozent der nachverfolgbaren Sequenzen aus den USA, China, Japan und Kanada stammen. Eine weitere unerwünschte Wirkung selektiver Nutzungsgebühren könnte darüber hinaus die Ablehnung gebührenpflichtiger Sequenzinformationen durch stark frequentierte Datenbanken wie GenBank sein, die mit einer solchen Maßnahme wahrscheinlich versuchen würden, den offenen Zugang zu ihren Daten aufrechtzuerhalten.

Ein wesentliches Problem würde außerdem der administrative Aufwand darstellen, der zur Umsetzung selektiver Nutzungsgebühren notwendig wäre. Zum einen müssten die Datenbankbetreiber mit zusätzlichen Verwaltungskosten rechnen, was das Fortbeste-

hen insbesondere kleinerer Datenbanken infrage stellen würde. Zum anderen wäre der bürokratische Aufwand für Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler mit einer deutlichen Mehrbelastung verbunden.

5.3. Gebühren für Forschungsprojekte und Arbeitsmaterialien

Eine weitere Option zur Generierung monetärer Mittel, die diskutiert wird, stellt das sogenannte Micro-Levy-Modell dar.[25] Es orientiert sich an Modellen aus dem Bereich des Rechtsschutzes für geistiges Eigentum und sieht vor, über Abgaben auf Arbeitsmaterialien, beispielsweise auf Sequenziermaschinen oder Verbrauchsmaterial, finanzielle Mittel zu generieren. Vorteil einer solchen Vorgehensweise wäre der Umstand, dass der offene Zugang zu Datenbanken erhalten bliebe. Dennoch hätte auch dieser Ansatz Nachteile: Methoden, Materialien und Geräte für die Sequenzierung entwickeln sich ständig weiter, weshalb diese Dynamik von einem entsprechenden Regelungsmodell aufgegriffen werden müsste, um dauerhaft funktionsfähig zu bleiben. Der hierfür notwendige administrative Aufwand würde voraussichtlich einen signifikanten Anteil der generierten finanziellen Mittel benötigen. Zudem bestünde auch hier das Problem einer ungerichteten Wirkungsweise. So müssten für jedes Gerät Gebühren erhoben werden, unabhängig vom tatsächlichen Verwendungszweck. Außerdem würden Institutionen und Firmen, die ausschließlich Nutzer Digitaler Sequenzinformationen sind, selbst aber keine Daten generieren, also auch keine Arbeitsmaterialien erwerben, ohne Mehrkosten Zugang zu den betreffenden Daten erhalten. Auf der anderen Seite müssten auch solche Institutionen und Firmen zahlen, die sequenzieren, ohne Digitale Sequenzinformationen zu generieren, beispielsweise in der humangenetischen Diagnostik.

Eine weitere Möglichkeit wäre, Gebühren auf Forschungsprojekte zu erheben, welche auf Digitale Sequenzinformationen zurückgreifen, und diese Gelder in einen multilateralen Fonds einzuzahlen. Ein Vorteil wäre auch hier, dass der Zugang zu offenen Sequenzdatenbanken davon unberührt bliebe. Allerdings wären auch solche Gebühren von Nachteil für die nichtkommerzielle Forschung. Letztlich würden so öffentliche Forschungsmittel verwendet, um zusätzlich zu dem nichtmonetären Vorteil der wissenschaftlichen Gemeinschaft einen monetären Vorteil zu generieren. Dabei würden diese Gebühren jenen Wissenschaftsdisziplinen Gelder entziehen, die für den Biodiversitätsschutz von besonderer Bedeutung sind. Und schließlich zeigt die weltweite Verteilung der Nutzungszahlen, dass die Länder des globalen Südens bei einem solchen Mechanismus wahrscheinlich mehr einzahlen müssten als die Länder des Nordens.

25 Eine detailliertere Beschreibung dieses Modells findet sich bei Scholz et al. (2020).

5.4. Einführung regulatorischer Barrieren

Die DSI-Datenbanken des INSDC-Netzwerks und der vielen hiermit verknüpften Datenbanken sind offen gestaltet. Dieser nahezu barrierefreie Zugang zu allen Datenbanken ist Voraussetzung für ihre Vernetzbarkeit. Die Vernetzung wiederum ist essenziell, da sie nicht nur die Spiegelung großer Teile oder des kompletten Datensatzes ermöglicht, sondern auch die weiterreichende Datenintegration und -analyse, was insbesondere für die Biodiversitätsforschung relevant ist, welche teilweise auf sehr heterogene Daten zurückgreift. Einzelne Datenbanken in sehr eng abgrenzbaren Forschungsfeldern können durchaus auch Zugangsbarrieren aufweisen und trotzdem erfolgreich arbeiten, sind aber durch ihre Barrieren nicht in das beschriebene Netzwerk integrierbar (siehe Box: „Global Initiative on Sharing All Influenza Data“).

Die nachträgliche Einführung von Barrieren, also beispielsweise auch die einer zwingenden Nutzerregistrierung, in nur einem Teil des globalen, offen konzipierten Datenbanknetzwerks ließe sich nicht realisieren, ohne die Integrität des Netzwerks zu zerstören. Eine solche verbindliche Nutzerregistrierung müsste vielmehr in der Gesamtheit des Netzwerks realisiert werden – ein äußerst komplexes Unterfangen, welches von der globalen wissenschaftlichen Gemeinschaft getragen werden müsste.

Wie regulatorische Elemente – unbeabsichtigt – nachteilig steuernd auf die Forschung wirken können, zeigen die Entwicklungen seit 2010: Einzelne Vertragsstaaten haben bei ihrer Umsetzung der Regeln des *Nagoya-Protokolls* oftmals komplexe und wenig effiziente nationale Verfahren entwickelt. Die Zuständigkeiten für die „Informierte Zustimmung“ des Geberlandes (*Prior Informed Consent*, PIC) und die „Einvernehmlich festgelegten Bedingungen“ (*Mutually Agreed Terms*, MAT) unterscheiden sich von Land zu Land und führen zu teils langwierigen Verzögerungen oder sogar zur Verhinderung von Forschungsprojekten.[26] Bereits im Jahr 2018 wiesen 67 namhafte brasilianische Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler in einer Publikation unter dem Dach der Brasilianischen Akademie der Wissenschaften auf die verheerenden Konsequenzen der bürokratischen Regulierung für die Biodiversitätsforschung in ihrem Land hin.[27] In anderen Ländern wurden vergleichbare Erfahrungen aus dem Feld der lebenswissenschaftlichen Grundlagenforschung beschrieben.[28]

Die Beispiele zeigen: Komplizierte und bürokratische Regelungen wirken sich auf wissenschaftliche Aktivitäten oft ähnlich hemmend wie Verbote aus und können mittel- und langfristig auch die Ausrichtung von Forschungsstrategien beeinflussen.

---

26 Unveröffentlichte Untersuchungen des Leibniz-Verbunds Biodiversität zeigen, dass internationale Kooperationsprojekte durchschnittlich um ein Jahr verzögert werden. Einzelne Projekte kommen gar nicht zustande.

27 Alves et al. (2018).

28 Pawar (2020).

5.5. Zielkonflikte vor dem Hintergrund von Biodiversitätskonvention und Agenda 2030

Eine Beschränkung des offenen Zugangs zu Digitalen Sequenzinformationen würde nicht nur massive direkte Auswirkungen auf die Lebenswissenschaften haben, sondern stünde auch in Konflikt zu grundlegenden Zielen der *Biodiversitätskonvention*. So empfiehlt das *Nagoya-Protokoll*, Bedingungen zu schaffen, die die Forschung zur Erhaltung der Biodiversität unterstützen. Zudem soll insbesondere die Biodiversitätsforschung in den Entwicklungsländern gefördert werden. Besonders hervorgehoben werden in diesem Zusammenhang Maßnahmen für einen vereinfachten Zugang zur Biodiversität für nichtkommerzielle Forschungszwecke.[29] Eine wie auch immer geartete Zugangsbeschränkung zu DSI-Datenbanken für Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler hätte allerdings die gegenteilige Wirkung und würde die Entwicklung der lebenswissenschaftlichen Forschung insbesondere in Ländern des globalen Südens empfindlich behindern. Derartige Ansätze widersprächen auch den Prinzipien von Open Science, insbesondere Open Data. Dabei stellt Open Science selbst einen wesentlichen nichtmonetären Vorteilsausgleich dar, der allen Forschenden weltweit zugutekommt und gleichzeitig einen wichtigen Beitrag zur Erreichung der Nachhaltigkeitsziele leistet, wie sie die Weltgemeinschaft in der *Agenda 2030* festgehalten hat.[30] Eine Erhebung von Gebühren auf Digitale Sequenzinformationen würde der bereits heute gelebten Praxis weltweiter wissenschaftlicher Kooperation im Wege stehen, Forschenden den Zugang zu der zentralen offenen Kooperationsinfrastruktur erschweren und die Infrastruktur empfindlich beeinträchtigen.

Zugangsbeschränkungen stünden durch ihre unmittelbare Wirkung auf die Biodiversitätsforschung zudem im direkten Widerspruch zu den Intentionen der *Biodiversitätskonvention*. Durch Zugangsbeschränkungen würde sich Forschung insbesondere in die Staaten verlagern, die freien Zugang zu ihren genetischen Ressourcen gewähren, wie beispielsweise viele Länder der Europäischen Union, bzw. in Staaten, die weder der Konvention beigetreten sind, noch das *Nagoya-Protokoll* unterzeichnet haben, allen voran die USA. Die Erforschung der Biodiversität in den biodiversitätsreichen Ländern der Erde würde zunehmend behindert – auch für dort beheimatete Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler. Bemühungen zum Schutz der Biodiversität würden insbesondere in diesen Ländern, aber auch global einen schweren Rückschlag erleiden.

29 CBD (2011).
30 UNESCO et al. (2020).

6. Schlussfolgerungen

Vor dem Hintergrund der vorangegangenen Ausführungen empfiehlt die Leopoldina mit Blick auf die Diskussion um den Zugang zu Digitalen Sequenzinformationen und den Bemühungen um einen gerechten Vorteilsausgleich die folgenden Grundpositionen zu berücksichtigen:

1. Das Open-Science-Prinzip sollte Leitmotiv für die Weiterentwicklung der internationalen Forschungsinfrastruktur sein.
2. Es besteht ein Zielkonflikt zwischen Open Science und einem Vorteilsausgleich durch Regulierung des Zugangs zu Digitalen Sequenzinformationen.
3. Der offene Zugang der Forschung zu Digitalen Sequenzinformationen sollte sichergestellt werden und als Element des nichtmonetären globalen Vorteilsausgleichs größere Anerkennung finden.
4. Die wissenschaftliche Gemeinschaft sollte nach Lösungen suchen, in den DSI-Datenbanken Mechanismen zu implementieren, die es erlauben, Ursprungsort und Beteiligte besser zu identifizieren.

Grundlage einer nachhaltigen globalen Entwicklung ist ein gerechter Ausgleich von Vorteilen zwischen bereitstellenden und nutzenden Parteien. Dieser erfolgt innerhalb der wissenschaftlichen Gemeinschaft zumeist nichtmonetär – so ist das offene Teilen von Sequenzinformationen ein wichtiger Bestandteil des Ausgleichs. Grundpfeiler hierfür sind gerechte Bedingungen für alle Beteiligten, eine Kooperation auf Augenhöhe und die Anerkennung der Generierung und Verfügbarmachung von Daten als grundlegende wissenschaftliche Leistung.

Ein zentrales Anliegen der *Biodiversitätskonvention* und des *Nagoya-Protokolls* ist die Stärkung freier Wissenschaft als Grundlage des globalen Biodiversitätsschutzes. Ein ungehinderter Zugang für die gesamte wissenschaftliche Gemeinschaft und die Gesellschaft zu Daten und Informationen ist Ziel von Open Science (Open Access, Open Data, Open to Society). Angesichts der Bedeutung der DSI-Datenbanken für die Lebenswissenschaften sollte der offene Zugang zu Digitalen Sequenzinformationen im Interesse aller Länder erhalten bleiben.

Die Ansätze der *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* (GISAID) sind ein Beispiel dafür, wie bestimmte wissenschaftliche Infrastrukturen den Ausgleich von Vorteilen verbessern können. GISAID ermöglicht die Identifizierung der Beteiligten und die der Herkunftsländer der jeweiligen genetischen Ressource. Dieser Ansatz ist derzeit nicht breiter anwendbar, da er bisher keine freie Übertragung der Datensätze in offene Datenbanken gestattet – eine Voraussetzung für die Datenanalyse in anderem Kontext. Gleichwohl sollte zukünftig gewährleistet werden, dass monetäre Wertschöpfung bei der Nutzung offener Datenbanken nachverfolgt werden kann. Lösungen hierfür müssen innerhalb der wissenschaftlichen Gemeinschaft entwickelt werden.

Von zentraler Bedeutung ist jedoch, dass ein Mechanismus zum Vorteilsausgleich nicht den Fortschritt der Wissenschaft als Ganzes beeinträchtigen darf. Selbst GISAID klammert den monetären Vorteilsausgleich aus, um die Funktionalität des Systems sicherzustellen, und das, obwohl es sich um Sequenzen u.a. für die Impfstoffentwicklung handelt, eine Wertschöpfung also unmittelbar erfolgt.

Der von den Vertragsstaaten der *Biodiversitätskonvention* diskutierte globale Fonds zur Erhaltung der Biodiversität ist uneingeschränkt zu begrüßen. Wenn Unternehmen Erträge aus der Nutzung der Biodiversität generieren, sollten anteilig hieraus Mittel in diesen Fonds fließen. Zu vermeiden ist aber, diesen Fonds durch eine wie auch immer geartete Gebühr für Digitale Sequenzinformationen zu speisen. Vielmehr sollten die Vertragsstaaten – insbesondere die Staaten des globalen Nordens – angesichts der Relevanz der multilateralen Schutzbemühungen auch ihre Verantwortung für den Biodiversitätsschutz in der Form anerkennen, dass sie öffentliche Mittel für den Fonds zur Verfügung stellen.

Biodiversitätsschutz ist eine Menschheitsaufgabe, die auf offener Wissenschaft basiert. Ansätze des globalen Vorteilsausgleichs, die den Zugang zu digitalen Sequenzinformationen und damit der Datengrundlage des Biodiversitätsschutzes einschränken, sind nicht sinnvoll. Barrieren zum freien Zugang digitaler Sequenzinformationen, seien es bürokratische, technische oder finanzielle Barrieren, sind dem Wissen über Biodiversität und damit dem Schutz der Biodiversität abträglich.

Mitglieder der Arbeitsgruppe und weitere beteiligte Personen

Prof. Dr. Rudolf Amann ML	Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie, Bremen
Prof. Dr. Katrin Böhning-Gaese ML	Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum (SBiK-F), Frankfurt am Main und Johann-Wolfgang-Goethe-Universität Frankfurt am Main
Prof. Dr. Axel Brakhage ML	Leibniz-Institut für Naturstoff-Forschung und Infektionsbiologie, Hans-Knöll-Institut (Leibniz-HKI), Jena
Prof. Dr. Birgitta König-Ries	Institut für Informatik, Friedrich-Schiller-Universität Jena
Prof. Dr. Jörg Overmann	Leibniz-Institut Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ), Braunschweig

Wissenschaftliche Mitarbeit und Redaktion

Dr. Henning Steinicke	Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina, Halle (Saale)
Dr. Stefanie Westermann	Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina, Halle (Saale)

Gutachter

Prof. Dr. Erwin Beck	Bayreuther Zentrum für Ökologie und Umweltforschung (BayCEER), Universität Bayreuth
Prof. Dr. Ralph Bock ML	Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam
Dr. Christoph Häuser	Museum für Naturkunde, Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung, Berlin
Prof. Dr. Thomas Lengauer ML	Max-Planck-Institut für Informatik, Saarbrücken
Dr. Axel Paulsch	Institut für Biodiversität, Netzwerk (ibn), Regensburg

Weitere Expertinnen und Experten

Im Rahmen der Arbeiten an der vorliegenden Stellungnahme haben die folgenden Personen wichtige Anregungen gegeben:

Dr. Jens Freitag	Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben
Dr. Amber Hartmann Scholz	Leibniz-Institut Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ), Braunschweig

Die Leopoldina dankt allen an der Stellungnahme beteiligten Personen. Insbesondere den Gutachtern und Expertinnen und Experten sei an dieser Stelle für ihre konstruktiven Hinweise gedankt.

ML = Mitglied der Leopoldina

Referenzen

Abdelgawad, W. (2012). The Bt Brinjal case: The first legal action against Monsanto and its Indian collaborators for biopiracy. *Biotechnology Law Report*, 31(2), 136–139. http://doi.org/10.1089/blr.2012.9926

AHTEG – Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources (2020a). *Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources*. Verfügbar unter: https://www.cbd.int/doc/c/ba60/7272/3260b5e396821d42bc21035a/dsi-ahteg-2020-01-07-en.pdf

AHTEG – Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources (2020b). *Combined study on Digital Sequence Information in public and private databases and traceability*. Verfügbar unter: https://www.cbd.int/doc/c/1f8f/d793/57cb114ca40cb6468f479584/dsi-ahteg-2020-01-04-en.pdf

Akademie der Wissenschaften in Hamburg & Leopoldina, Nationale Akademie der Wissenschaften (2013). *Antibiotika-Forschung: Probleme und Perspektiven* [Stellungnahme]. Berlin/Boston.

Alves, R. J. V., Weksler, M., Oliveira, J. A., Buckup, P. A. et al. (2018). Brazilian legislation on genetic heritage harms Biodiversity Convention goals and threatens basic biology research and education. *Anais da Academia Brasileira de Ciências, 90* (2), 1279–1284. Verfügbar unter: https://doi.org/10.1590/0001-3765201820180460

Amann, R., Baichoo, S., Blencowe, B. J., Bork, P. et al. (2019). Towards unrestricted use of public genomic data. *Science*, 363, 350–352. https://doi.org/10.1126/science.aaw1280

CBD – Secretariat of the Convention on Biological Diversity (2011). *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*. Verfügbar unter: https://www.cbd.int/abs/doc/protocol/nagoya-protocol-en.pdf

Houssen, W., Sara, R. & Jaspars, M. (2020). *Digital Sequence Information on genetic resources: Concept, scope and current use. Studies on Digital Sequence Information on genetic resources. Studies of the intersessional period 2019–2020*. Verfügbar unter: https://www.cbd.int/abs/DSI-peer/Study1_concept_scope.pdf

Jamil, U. (1998). *Biopiracy: The patenting of Basmati by Ricetec* [Commission on Environmental, Economic and Social Policy – South Asia & Sustainable Development Policy Institute Working Paper Series 37]. Verfügbar unter: www.jstor.org/stable/resrep00629

Leopoldina, Nationale Akademie der Wissenschaften (2014). *Herausforderungen und Chancen der integrativen Taxonomie für Forschung und Gesellschaft: Taxonomische Forschung im Zeitalter der OMICS-Technologien* [Stellungnahme]. Halle (Saale).

Newman, D. J. & Cragg, G. M. (2020). Natural products as sources of new drugs over the nearly four decades from 01/1981 to 09/2019. *Journal of Natural Product Research*, 83, 770–803.

Pawar, P. (2020). Strict biodiversity laws prevent Indian scientists from sharing new microbes with the world. *Science*, 20.10.2020. Verfügbar unter: https://doi.org/10.1126/science.abf3547

Scholz, A. H., Hillebrand, U., Freitag, J., Cancio, I. et al. (2020). *Finding compromise on ABS and DSI in the CBD: Requirements and policy ideas from a scientific perspective, WiLDSI Project, Full report*. Verfügbar unter: https://www.dsmz.de/fileadmin/user_upload/Presse/WILDSI/Final_WiLDSI_White_Paper_Oct7_2020.pdf

Simpkin, V., Renwick, M., Kelly, R. & Mossialos, E. (2017). Incentivising innovation in antibiotic drug discovery and development: Progress, challenges and next steps. *The Journal of Antibiotics, 70*, 1087–1096. Verfügbar unter: https://doi.org/10.1038/ja.2017.124

UN – United Nations (1992). *Convention on Biological Diversity*. Verfügbar unter: https://www.cbd.int/doc/legal/cbd-en.pdf

UNESCO – United Nations Educational, Scientific and Cultural Organization (2017). *Open access to scientific information*. Verfügbar unter: http://www.unesco.org/new/en/communication-and-information/access-to-knowledge/open-access-to-scientific-information/

UNESCO – United Nations Educational, Scientific and Cultural Organization (2020). *First draft of the UNESCO Recommendation on Open Science*. Verfügbar unter: https://unesdoc.unesco.org/ark:/48223/pf0000374409.page

UNESCO – United Nations Educational, Scientific and Cultural Organization, World Health Organization & United Nations High Commissioner for Human Rights (2020). *Joint appeal for Open Science*. Verfügbar unter: https://en.unesco.org/sites/default/files/joint_appeal_for_open_sciences_fin_en_fin.pdf

Ausgewählte Publikationen der Schriftenreihe zur wissenschaftsbasierten Politikberatung

2020

- **Ad-hoc-Stellungnahmen zur Coronavirus-Pandemie (1-7)**
- **Biodiversität und Management von Agrarlandschaften – Umfassendes Handeln ist jetzt wichtig**
- **Additive Fertigung – Entwicklungen, Möglichkeiten und Herausforderungen**
- **Zentrale und dezentrale Elemente im Energiesystem**

2019

- **Wege zu einer wissenschaftlich begründeten, differenzierten Regulierung genomeditierter Pflanzen in der EU**
- **Über eine CO_2-Bepreisung zur Sektorenkopplung: Ein neues Marktdesign für die Energiewende**
- **Klimaziele 2030: Wege zu einer nachhaltigen Reduktion der CO_2-Emissionen**
- **Luftverschmutzung und Gesundheit**
- **Fortpflanzungsmedizin in Deutschland – für eine zeitgemäße Gesetzgebung**
- **Warum sinken die CO_2-Emissionen in Deutschland nur langsam, obwohl die erneuerbaren Energien stark ausgebaut werden?**
- **Welche Bedeutung hat die Kernenergie für die künftige Weltstromerzeugung?**
- **Saubere Luft – Stickstoffoxide und Feinstaub in der Atemluft: Grundlagen und Empfehlungen**

2018

- **Biomasse im Spannungsfeld zwischen Energie- und Klimapolitik (2019) Governance für die Europäische Energieunion**
- **Privatheit in Zeiten der Digitalisierung**
- **Artenrückgang in der Agrarlandschaft**
- **Gemeinsamer Ausschuss zum Umgang mit sicherheitsrelevanter Forschung: Tätigkeitsbericht**
- **Künstliche Photosynthese**

2017

- **Sektorkopplung – Optionen für die nächste Phase der Energiewende**
- **Promotion im Umbruch**
- **Social Media und digitale Wissenschaftskommunikation. Analyse und Empfehlungen zum Umgang mit Chancen und Risiken in der Demokratie**

Alle Publikationen der Schriftenreihe sind auf den Internetseiten der Leopoldina als kostenfreies pdf-Dokument verfügbar

Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina e. V.
– Nationale Akademie der Wissenschaften –

Jägerberg 1
06108 Halle (Saale)
Tel.: (0345) 472 39-600
Fax: (0345) 472 39-919
E-Mail: leopoldina@leopoldina.org

Berliner Büro:
Reinhardtstraße 14
10117 Berlin

Die 1652 gegründete Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina ist mit ihren rund 1.600 Mitgliedern aus nahezu allen Wissenschaftsbereichen eine klassische Gelehrtengesellschaft. Sie wurde 2008 zur Nationalen Akademie der Wissenschaften Deutschlands ernannt. In dieser Funktion hat sie zwei besondere Aufgaben: die Vertretung der deutschen Wissenschaft im Ausland sowie die Beratung von Politik und Öffentlichkeit.

Die Leopoldina tritt für die Freiheit und Wertschätzung der Wissenschaft ein. Sie trägt zu einer wissenschaftlich aufgeklärten Gesellschaft und einer verantwortungsvollen Anwendung wissenschaftlicher Erkenntnisse zum Wohle von Mensch und Natur bei. Im interdisziplinären Diskurs überschreitet sie thematische, fachliche, politische und kulturelle Grenzen. Die Leopoldina setzt sich für die Achtung der Menschenrechte ein.

Als Nationale Akademie der Wissenschaften setzt die Leopoldina im Austausch mit anderen Institutionen, auch auf internationaler Ebene, Themen in der wissenschaftlichen Kommunikation und Politikberatung. In ihrer Politik beratenden Funktion legt die Leopoldina fachkompetent, unabhängig, transparent und vorausschauend Empfehlungen zu gesellschaftlich relevanten Themen vor. Sie begleitet diesen Prozess mit einer kontinuierlichen Reflexion über Voraussetzungen, Normen und Folgen wissenschaftlichen Handelns.

www.leopoldina.org

ISBN: 978-3-8047-4219-2