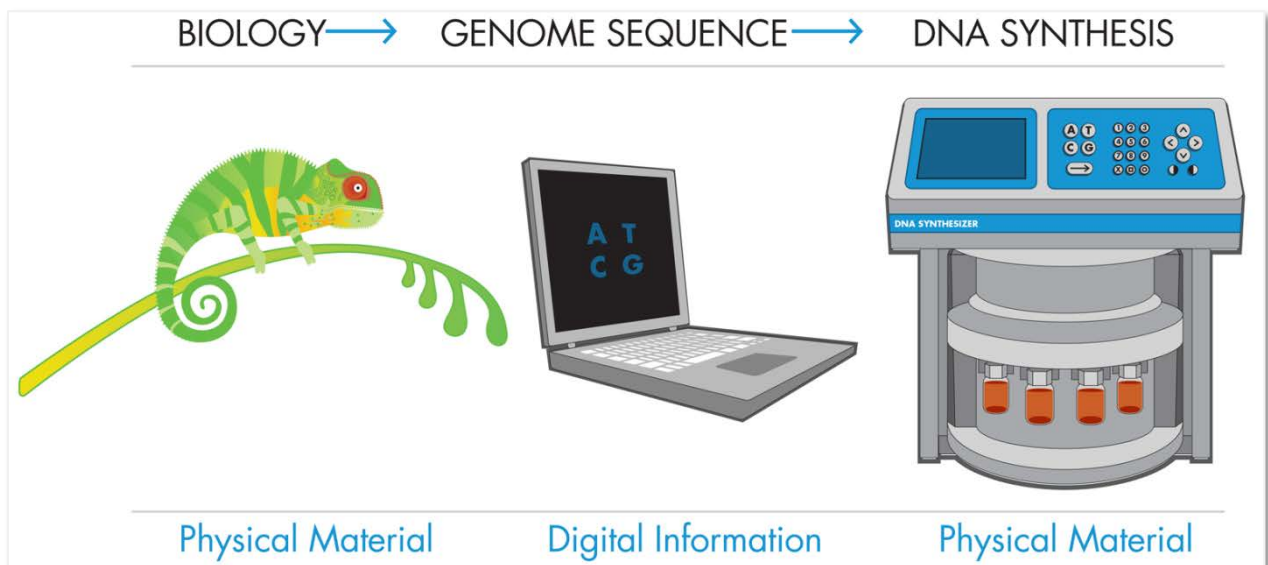


Digitale Sequenz-Information (DSI)

NeFo-Faktenblatt zur Vorbereitung auf SBSTTA-22 im Juli 2018



Quelle: www.safaribooksonline.com/library/view/biobuilder/9781491907504/ch01.html

Dr. Katrin Vohland

Rainer Schliep

Jonas Geschke

katrin.vohland@mfn.berlin

www.biodiversity.de



Was versteht die CBD unter Digitaler Sequenzinformation?

Der Begriff „Digitale Sequenzinformation“ (DSI) wurde im Rahmen des Diskurses um die Synthetische Biologie ins Spiel gebracht und bezog sich zunächst darauf, dass es aufgrund technischer Entwicklungen im Bereich der Gentechnik und Biotechnologie möglich geworden ist, bestimmte Anwendungen ohne physisches Material durchführen zu können. Da der Begriff aber von verschiedenen Akteuren unterschiedlich verwendet und zunehmend in Dokumenten und Verhandlungen aufgegriffen wurde (Vohland et al. 2018a,b), hat die CBD über ihre *Ad Hoc Technical Expert Group* (AHTEG) eine „[Fact-Finding- und Scoping-Studie](#)“ in Auftrag gegeben, um u. a. die Begriffe und Terminologien rund um DSI zu klären. Im aktuellen [SBSTTA-22-Dokument](#) wird DSI mit verschiedenen anderen Themen bzw. Datentypen in Verbindung gebracht:

- 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 Metaboliten
- e) Informationen über ökologische Zusammenhänge sowie abiotische Umweltfaktoren
- f) Funktion, wie z. B. Verhaltensdaten
- g) Struktur, einschließlich morphologischer Daten und dem Phänotyp
- h) Informationen zur Taxonomie
- i) Modalitäten der Nutzung.

Diese Datentypen können grob in die Kategorien Rohdaten (a-d) sowie kontextualisierende Metadaten (e-i) unterteilt werden. Aus wissenschaftlicher Sicht wird für alle drei Komponenten des Begriffs weiter auf Begriffsklärung gedrungen:

- 1) Digital – geht es nur um das Format der Informationsspeicherung, oder hat „digital“ eine eigene Qualität?
- 2) Sequenz – geht es nur um Nukleotid-Sequenzen, oder auch um darüber hinausgehende Informationen, die letztlich für die Erschließung und Nutzung der Nukleotid-Sequenzdaten relevant sind?
- 3) Sind (Roh-) Daten – oder Informationen gemeint?

Welche Anwendungsfelder gibt es für DSI?

Die Anwendungsfelder von DSI sind sehr weitreichend (Laird und Weinberg 2018, [CBD/SBSTTA/22/INF/2/Add.1](#), Karger 2018). DSI werden für kommerzielle und nicht-kommerzielle

Forschung mit ökonomischer Reichweite wie z. B. Bioprospektion sowie für die Gesundheits- und Agrarforschung genutzt. Für die Taxonomie sind genetische Daten unerlässlich und können im Rahmen der Technologien um das genetische Barcoding auch die Bestimmung von Arten beschleunigen. DSI werden für die biologische Grundlagenforschung genutzt, um beispielsweise Prozesse auf molekularer und zellulärer Ebene zu verstehen. In der ökologischen Grundlagenforschung und Naturschutzforschung wird DSI verwendet, um beispielsweise die Zerschneidung von Lebensräumen nachzuweisen oder Nachzüchtungen vorzunehmen. Anwendungen reichen bis in den künstlerischen sowie sogenannten DIYBio-Bereich hinein. Ein Teil der Anwendungen ist direkt mit der Erreichung der Ziele der CBD verknüpft (Tab. 1).

Tabelle 1: Anwendungsfelder von DSI in den verschiedenen Zielbereichen der CBD (eigene Darstellung; Quellen v.a. Laird und Weinberg 2018; Karger 2018; Fallstudien, die im [SBSTTA-Informationen](#)-Dokument zusammengestellt wurden)

CBD-Ziel	Anwendungsfelder DSI
Erhaltung der biologischen Vielfalt	<ul style="list-style-type: none"> • Naturschutzforschung • Taxonomie, Pilze, Pflanzen, Tiere • Identifikation von Pathogenen (bei Pflanzen und Tieren)
Nachhaltige Nutzung der biologische Vielfalt	<ul style="list-style-type: none"> • Analyse alter Landrassen, unternutzter Arten sowie Agro-Biodiversität generell • Pflanzen- und Tierzüchtung • Pharmazeutika via Synthetische Biologie
Gerechter Vorteilsausgleich	<ul style="list-style-type: none"> • Sequenzdatenbanken (z. B. INSDC) • Internationale Wissenschaftskooperationen, Netzwerke und Technologietransfer (z. B. H3ABioNet (Mulder et al. 2018), CIMMYT, GBIF)

Für Deutschland hat das Bundesamt für Naturschutz (BfN) eine Studie zur Nutzung von DSI in Auftrag gegeben ([Karger 2018](#)). Im Rahmen einer Online-Umfrage wurden 340 Fragebögen v. a. aus dem wissenschaftlichen Bereich ausgewertet. Dabei zeigte sich zum einen, dass das Anwendungsspektrum sehr weit war und von biochemischer Grundlagenforschung bis hin zur taxonomischen Forschung reichte. Zum anderen wurde deutlich, dass nicht alle Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler ihre eigenen Daten zur Nachnutzung zur Verfügung stellen oder sich ausreichend mit dem Nagoya-Protokoll befasst haben.

Wo laufen die Konfliktlinien?

Der offen liegende Hauptkonflikt dreht sich darum, ob unter dem Begriff „genetische Ressourcen“ in der CBD materielle Ressourcen gemeint sind, oder auch immaterielle wie eben Daten zu Nukleotid-Sequenzen. Aus der Definition der CBD selber lässt sich das nicht eindeutig ableiten, zumal zum

Zeitpunkt der Entstehung der Definition die aktuellen technologischen Entwicklungen nicht absehbar waren.

Angesichts der Tatsache, dass schon die „konventionelle“ Umsetzung des Nagoya-Protokolls zur Regelung des Zugang zu genetischen Ressourcen und zur ausgewogenen und gerechten Aufteilung der Vorteile aus ihrer Nutzung (Access and Benefit-sharing – ABS) mit relativ hohem bürokratischen Aufwand verbunden ist, befürchtet insbesondere die wissenschaftliche Community in Deutschland (z. B. [Stellungnahme der Allianz der Wissenschaftsorganisationen 2018](#)), dass es zu massiven Einschränkungen in der Forschung führt, wenn die Regelungen des Nagoya-Protokolls auch für DSI gelten.

Es ist vielmehr so, dass die wissenschaftliche Community bereits heute von der offenen Bereitstellung digitaler Informationen zu Nukleotid-Sequenzen über die global vernetzte Datenbank *International Nucleotide Sequence Database Collaboration* ([INSDC](#)), die aus Japan (DDBJ), den USA (NCBI) und Europa (EMBL-EBI) gespeist wird, profitiert. Damit ist bereits ein wichtiger Teil des Nagoya Protokolls erfüllt, nämlich der gerechte Vorteilsausgleich (Benefit-Sharing).

Einschätzung von NeFo

Hinter dem Streit um die genetische Sequenzinformationen liegt der alte Konflikt um Ressourcen, der bereits bei der Entstehung der CBD virulent war und sich in den intrinsischen Konflikten der CBD ausdrückt, nämlich Naturschutz vs. nachhaltige Nutzung, Wissenschaft vs. Ethik sowie Nord vs. Süd bzw. Industrie- vs. Entwicklungsländer (Jetzkowitz et al. 2018). Der industrielle Norden verfügt über technologische Ressourcen, der globale Süden über biologische; die CBD – und hier insbesondere der Absatz zu ABS – soll diesen intrinsischen Konflikt entschärfen.

Nach Einschätzung von NeFo ist es durchaus sinnvoll, die globale Ressourcenverteilung zu thematisieren. Die CBD ist dafür allerdings kein geeignetes Forum. Die Vorschläge einiger Länder, digitale Sequenzinformation – also letztlich Daten – als Teil der genetischen Ressourcen zu betrachten, würde einen sehr hohen Regelungsaufwand nach sich ziehen, die Forschung massiv einschränken und wahrscheinlich nicht zu dem erhofften monetärem Ausgleich führen. Im Gegenteil: Forschungschancen in Entwicklungsländern würden weiter beschnitten, weil internationale Kooperationen zwischen Forscherinnen und Forschern erschwert würden. Das sehen die Forscherinnen und Forscher auch in einigen Ländern des Globalen Südens so. Beispielsweise hat auch die Brasilianische Akademie der Wissen davor gewarnt, durch zu hohe bürokratische Hürden die Biodiversitätsforschung in Brasilien massiv zu schädigen (Alves et al. 2018).

Glossar

ABS	Access and Benefit-sharing: Regelung des Zugang zu genetischen Ressourcen und zur ausgewogenen und gerechten Aufteilung der Vorteile aus ihrer Nutzung (Nagoya-Protokoll)
AHTEG	Ad Hoc Technical Expert Group: Bezeichnung für Expertengruppen unter dem Dach des Übereinkommens über die biologische Vielfalt – CBD.
DIYBio	DIYBio (Do-it-yourself biology) ist eine Bewegung, in der Einzelpersonen, Teams und kleine Organisationen die gleichen Methoden anwenden wie traditionelle Forschungseinrichtungen in der Gentechnik. Dies kann als Hobby, als gemeinnütziges Unternehmen oder gewinnorientiert als Unternehmensgründung erfolgen. Andere Begriffe sind Garagenbiologie, Biohacking oder Wetware-Hacking.
Nagoya-Protokoll	Das Nagoya-Protokoll ist ein am 29. Oktober 2010 auf der 10. CBD-Vertragsstaatenkonferenz in Nagoya beschlossenes internationales Umweltabkommen zur Umsetzung der CBD im Bereich ABS.

Quellenverzeichnis und weitere Literatur

- Allianz der Wissenschaftsorganisationen (2018): Stellungnahme der Allianz der Wissenschaftsorganisationen zur Diskussion, die Nutzung digitaler Sequenzinformationen genetischer Ressourcen zukünftig im Rahmen des Nagoya-Protokolls und der Konvention über die biologische Vielfalt einzuschränken, 4 S.
- Alves, R. J. V. 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): 9, 1279-1284.
- CBD - Convention on Biological Diversity (2015): SYNTHETIC BIOLOGY. Part I: Potential Impacts of Synthetic Biology on Biological Diversity. Part II: Gaps and Overlaps with the Provisions of the Convention and Other Agreements, CBD Technical Series No. 82.
- CBD-SBSTTA – Convention on Biological Diversity / Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice (2018a): 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 objectives of the Nagoya Protocol. Dok. CBD/SBSTTA/22/INF/2. CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2.
- CBD-SBSTTA – Convention on Biological Diversity / Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice (2018b): 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 objectives of the Nagoya Protocol. Addendum: Case

studies and examples of the use of digital sequence information in relation to the objectives of the Convention and the Nagoya Protocol. Dok. CBD/SBSTTA/22/INF/2. CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2.

CBD-SBSTTA – Convention on Biological Diversity / Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice (2016): Document UNEP/CBD/SBSTTA/22/4: Synthetic Biology. Montreal, 12 S. Online, URL:

<https://www.cbd.int/doc/c/6e0d/b361/a877d43db3665160cce5d96e/sbstta-22-04-en.pdf>

[20. Juni 2018]

Jetzkowitz, J., Koppen, C.S.A.K.von, Lidskog, R., Ott, K., Voget-Kleschin, L., Mei Ling Wong, C. (2018): The significance of meaning. Why IPBES needs the social sciences and humanities. Innovation: The European Journal of Social Science Research 31: 38-60.

Karger, E. (2018): Study on the use of digital sequence information on genetic resources in Germany in the project Scientific and technical support on implementing the Nagoya Protocol - Part 1 "Digital sequence information and ABS". UFOPLAN 2017 F&E-Vorhaben (FKZ 3517810100) on behalf of the German Competent National Authority for the Nagoya Protocol in collaboration with the Institut für Biodiversität – Netzwerk e.V.: 1-80.

Mulder, N.J., Adebisi, E., Alami, R., Benkahla, A., Brandful, J., Doumbia, S., Everett, D., Fadlilmola, F.M., Gaboun, F., Gaseitsiwe, S., Ghazal, H., Hazelhurst, S., Hide, W., Ibrahim, A., Fakim, Y.J., Jongeneel, C.V., Joubert, F., Kassim, S., Kayondo, J., Kumuthini, J., Lyantagaye, S., Makani, J., Alzohairy, A.M., Masiga, D., Moussa, A., Nash, O., Oukem-Boyer, O.O.M., Owusu-Dabo, E., Panji, S., Patterson, H., Radouani, F., Sadki, K., Seghrouchni, F., Bishop, O.T., Tiffin, N., Ulena, N. (2018): H3ABioNet, a sustainable pan-African bioinformatics network for human heredity and health in Africa Genome Research 26: 271-277.

Vohland, K., Elbing, K., Geschke, J., Krink, N., Paulsch, A., Schliep, R., Scholz, A.H., 2018a. Synthetic Biology, Open Science and the Nagoya Protocol. Key insights from a science-policy workshop 9.1.2018 in Berlin. Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland, Berlin, 7 S.

Vohland, K., Geschke, J., Schliep, R., 2018b. Synthetische Biologie, Open Science und das Nagoya Protokoll. Ergebnisse des NeFo -Fachgesprächs am 9.1.2018 in Berlin. Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland, Berlin, 21 S.

IMPRESSUM

Vorgeschlagene Zitierung:

Vohland, K., Schliep, R., Geschke, J. (2018): Synthetische Biologie. NeFo-Faktenblatt zur Vorbereitung auf SBSTTA-22 im Juli 2018. Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland, Berlin, 8 S.

Kontakt:

Dr. Katrin Vohland

Museum für Naturkunde – Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung

Invalidenstraße 43, 10115 Berlin

katrin.vohland@mfn.berlin

Das Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland (NeFo) ist ein Projekt gefördert durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF). Das Projekt wird maßgeblich durchgeführt vom Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ Leipzig und dem Museum für



Naturkunde Berlin – Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung (MfN).



Weitere Informationen und Hinweise zum NeFo-Projekt und Team unter www.biodiversity.de.