

„DSI rein oder wir sind raus“

Warum digitale Kopien von Organismen das Übereinkommen zur biologischen Vielfalt zum Scheitern bringen könnten

Ein Artikel Sebastian Tilch

Erscheinungsdatum: 14. März 2022

Das Übereinkommen über die biologische Vielfalt (CBD) soll neben dem Schutz und der nachhaltigen Nutzung der Biodiversität auch die Vorteile aus der Nutzung biologischer Ressourcen fair unter den Staaten aufteilen. Dafür wurde 2010 das Nagoya-Protokoll beschlossen, das den Zugang zu biologischen Ressourcen und die Beteiligung der Herkunftsstaaten regelt. Die fortschreitende Digitalisierung hat den Zugang zum ursprünglichen biologischen Material jedoch weitgehend unnötig gemacht. Gentechnische Entwicklungen basieren heute fast ausschließlich auf Digitalen Sequenzinformationen (DSI) aus weltweit verfügbaren Datenbanken. Die sind von den bisherigen Regelwerken der CBD jedoch bislang nicht erfasst. Die Schwellen- und Entwicklungsländer, die vor allem vom finanziellen Vorteilsausgleich profitieren sollten, befürchten, mit DSI nun leer auszugehen. Sie fordern: DSI ist selbstverständlich eine natürliche Ressource und muss ins Vertragswerk der CBD aufgenommen werden. Die Industriestaaten sehen das anders und fürchten massive Beschneidung der Forschung. Jetzt drohen einige südamerikanische und afrikanische Länder damit, die Verhandlung des neuen Globalen Biodiversitätsabkommens platzen zu lassen, wenn nicht ihren Vorstellungen des gerechten Vorteilsausgleichs entsprochen wird. Doch vom freien Zugang zu DSI hängt auch die Umsetzung der Ziele der CBD ab.



Digitale Sequenzinformation, kurz DSI, ist ein Platzhalterbegriff der CBD für das, was Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler als genetische Information bezeichnen, etwa die genetischen Codes von DNA und RNA, Aminosäuren oder auch ganzen Stoffwechselprodukten. Bild: Pixabay / qimono

Wieder einmal wird der finale Teil der Vertragsstaatenkonferenz der Biodiversitätskonvention, die CBD COP 15, wegen Corona verschoben. „Drittes Quartal“ steht als neues Datum für ein Präsenzmeeting im chinesischen Kunming auf der Webseite der CBD, und dies müsse noch bestätigt werden. Vor allem die EU mit Deutschland machen Druck. Das globale Abkommen zur Erhaltung der biologischen Vielfalt (Global Bio-

diversity Framework GBF), das die 2020 ausgelaufenen UN-Dekade der Biodiversität und die darin enthaltenen AICHI-Ziele ablösen soll, müsse nach ihrer Vorstellung nun unbedingt kommen.

Ob ihnen dieser Wunsch erfüllt wird, hängt jedoch nicht nur vom Stattfinden der Konferenz ab. Ausgerechnet ein Verhandlungsgegenstand, von dem umstritten ist, ob er überhaupt als Biodiversität bezeichnet werden kann, könnte über Erfolg oder Scheitern der COP 15 entscheiden: Digitale Sequenzinformationen. Vor allem die Schwellen- und Entwicklungsländer haben im sehnlichen Wunsch der EU nach einem Globalen post-2020 Biodiversitätsabkommen einen mächtigen Hebel dafür entdeckt, ihre berechtigten Forderungen für einen besseren Vorteilsausgleich und Chancengleichheit bei der Nutzung von DSI durchzusetzen. Doch um was geht es eigentlich?

Digitale Sequenzinformation, kurz DSI, ist ein Platzhalterbegriff der CBD für das, was Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler als genetische Information bezeichnen, etwa die genetischen

schen Codes von DNA und RNA, Aminosäuren oder auch ganzen Stoffwechselprodukten. DSI ist eng Verknüpft mit Genomsequenzierung, die sich in den vergangenen Jahren technisch enorm entwickelt hat. Es ist im Prinzip eine digitale Abschrift von Biomolekülen eines Organismus‘.

Genetische Ressourcen sind in vielen Branchen die Ausgangsbasis für erfolgreiche Produkte und zum Teil riesige Gewinne. So finden sich beispielsweise in exotischen Pflanzen oder Schwämmen aus tropischen Meeren immer wieder Substanzen, die sich als wirksame Mittel gegen Krankheiten entpuppen. Und die Umsätze für Medikamente sind gigantisch. Laut „Statista“ stieg der weltweite Absatz von Medikamenten im Zeitraum von 2001 bis 2020 von 390 Milliarden auf 1,27 Billionen US-Dollar. Weit mehr als die Hälfte davon entfielen auf die größten fünf nationalen Märkte: die USA, China, Japan, Deutschland und Frankreich.

Ähnlich sieht es in der Saatgutentwicklung aus. Auch hier sind digitale Gensequenzen die Ressource schlechthin. Der geschätzte Wert des globalen Saatgutmarktes betrug 2018 zwischen 60 und 67 Milliarden Dollar.

Von diesem Kuchen wollen die Entwicklungs- und Schwellenländer auch etwas abbekommen. Das ist verständlich. Die Erhaltung der genetischen und biologischen Biodiversität, die potenziell förderlich für die Menschheit auf der ganzen Welt sein könnte, kostet Geld. Oft bedeutet Naturschutz, auf Ausbeutung anderer Ressourcen wie Bodenschätze zu verzichten. Warum sollten Länder das tun, wenn Gewinne aus der Nutzung der Biodiversität in andere Länder abfließen?

Also handelten die Entwicklungsländer bei der CBD COP 2010 in Japan das Nagoya-Protokoll aus, das den Zugang und gerechten Vorteilsausgleich bei der Nutzung genetischer Ressourcen regelt. Demzufolge dürfen Staaten den Zugang zu ihren genetischen Ressourcen beschränken bzw. an bestimmte Bedingungen knüpfen. Oder anders gesagt: Wer genetische Ressourcen nutzen will, muss den Bereitsteller dieser Ressourcen um Erlaubnis fragen und die aus der Nutzung gewonnenen Vorteile mit dem Geber teilen, sofern dieser es verlangt. Aber bei diesen „genetischen Ressourcen“ geht es laut den CBD-Statuten um physisches Material, also um Organismen

oder Teile von Organismen, einschließlich genetischen Materials und anderen Molekülen. Digitale Kopien sind hier nicht erwähnt.



DNA-Barcoding ist ein standardisiertes Verfahren zur Bestimmung von Organismen anhand eines bestimmten Abschnittes aus dem Erbgut (DNA), der eine eindeutige Artzuordnung erlaubt. Der entsprechende Abschnitt wird mit Sequenzen einer Datenbank mit eindeutig zugeordneten Arten verglichen. Das Projekt German Barcoding of Life (GBOL) hat von 2012-2015 eine Referenzdatenbank zu allen in Deutschland vorkommenden Tier-, Pilz- und Pflanzenarten geschaffen. Bild: www.bolgermany.de

Der rasante Fortschritt der Sequenzierungstechnologie hat jedoch die Arbeit mit physischen Pflanzen-, Tier- oder Pilzproben immer weniger relevant gemacht. Immer mehr Organismen werden durchsequenziert und ihr Genom digital gespeichert. Während die Entschlüsselung des ersten menschlichen Genoms mit immerhin 3,2 Milliarden Basenpaaren in den 1990er Jahren 13 Jahre dauerte und drei Milliarden Euro kostete, ist dies heute schon innerhalb von 24 Stunden möglich. Das ermöglicht ungeahnte Möglichkeiten. 2020 startete das Earth BioGenome-Projekt mit dem ehrgeizigen Ziel, Referenzgenome aller bekannten Eukaryoten zu erfassen – in nur zehn Jahren. Dazu gehören 1,8 Millionen Pflanzen-, Tier- und Pilzarten sowie einzellige mikrobielle Eukaryoten.

Und mit solchen digitalen Ressourcen hantieren Forschende in den Biowissenschaften millionenfach. Dazu muss man wissen: Eine einzelne genetische Sequenz ist allein wertlos. Sie erhält erst dann einen Wert, wenn sie mit anderen verglichen werden kann. Pflanzenzüchter, die etwa eine neue pilzresistente Weizensorte züchten wollen, vergleichen das Genom einer Sorte mit dieser Resistenz mit vielen anderen und grenzen so nach und nach ein, welche Genregionen

für diese Eigenschaft verantwortlich sein könnte. Dabei reichen meist schon bestimmte Teile des Genoms, denn große Teile können von vorneherein ausgeklammert werden, da sie sich mit anderen Arten weitgehend decken. So sind rund 70 Prozent der proteinkodierenden Gene des Menschen mit jenen von Mäusen identisch.

Sind DSI genetische Ressourcen?

Bei der COP15 wird sich die Debatte nun um die Frage drehen, ob DSI, genauso wie ihre ursprünglichen Organismen, als Ressource betrachtet werden und damit unter die CBD oder das Reglement des Nagoya-Protokolls fallen sollen – kurz: ob bei Zugang und Nutzung von DSI-Daten ein Vorteilsausgleich erfolgen muss oder nicht.

Aktuell ist der Umgang mit DSI sehr verschieden. Einige Länder, allen voran Brasilien, haben DSI sehr früh ganz selbstverständlich als Teil ihrer Ressourcen definiert und regeln die kommerzielle Nutzung von DSI-Daten restriktiv. Andere Player wie die Europäische Union drängen stark darauf, den Zugang zu DSI nicht zu beschränken und alle Daten grundsätzlich in zentralen Datenbanken öffentlich zugänglich zu machen – Stichwort: Open Science. Die Erfahrungen aus dem Nagoya-Protokoll mit biologischem Material zeigen nämlich, dass der Verwaltungsaufwand für die Ausfuhr und Nutzung etwa einer Pflanze für Forschung und Entwicklung so enorm ist und rechtliche Risiken beinhaltet, dass es die Arbeit enorm erschwert. So müssen Pflanzenforscher für jedes Projekt einen bilateralen Vertrag mit dem Herkunftsland schließen und jede einzelne Probe aufführen. Es könnte ja daraus theoretisch ein Produkt entstehen, das Milliarden bringt.

Ohne freien Zugang zu DSI hätte die Entwicklung von Corona-Impfstoffen Jahre gebraucht

„Würde man diese Regeln jetzt auf DSI übersetzen, wäre das fatal“, sagt der Biologe Dirk Neumann von den Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns, der sich zur CBD und dem Nagoya-Protokoll engagiert. „Das würde die gesamte Forschung lehmlegen. Die extrem schnelle Entwicklung der Impfstoffe gegen das Coronavirus etwa wäre unter diesen Umständen nie möglich gewesen.“

Die Umsetzung sei auch einfach unrealistisch, denn im Gegensatz zu physischen Proben sind wichtige Informationen wie Herkunftsart, Ursprungsorganismus, zeitlicher Zugang und ähnliches bei DSI oft nur schwer oder gar nicht eingrenzbar, da die gleichen Gene, Aminosäuren oder Proteinbiosynthesewege in vielen unterschiedlichen Organismen zu finden sind. Die daraus abgeleiteten DSI-Daten liegen auf Datenbanken irgendwo in der Welt. Solche Informationen sind jedoch unter anderem Voraussetzung für die DSI-Regelungen nach dem Nagoya-Protokoll.

DSI-Datenbanken sind also essentiell für die biologische und medizinische Forschung. Und aus Sicht der westlichen Industriestaaten sollte es im Interesse aller Staaten sein, diesen Schatz gemeinsam aufzubauen und zum Nutzen aller zu pflegen. Deshalb haben sie 1992 die International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) gestartet. Darin tauschen drei große internationale Datenbanken, die [European Nucleotide Archive \(ENA\)](#) in Großbritannien, die [GenBank](#) in den USA und die [DNA Data Bank of Japan \(DDBJ\)](#), täglich ihren Datenschatz aus und stellen Nukleotidsequenzdaten einschließlich Metadaten frei zur Verfügung. Dieser ist für alle Nutzer frei zugänglich, für Vertreterinnen und Vertreter der Grundforschung ebenso wie für jene der Industrie, aus Entwicklungsländern ebenso wie aus Industrieländern. Die Voraussetzung dafür ist, dass alle mitmachen und ihr Wissen wieder – für alle frei zugänglich – in die Datenbanken einspeisen.



Dirk Neumann, Biologe im Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns.

Bild: Dirk Neumann

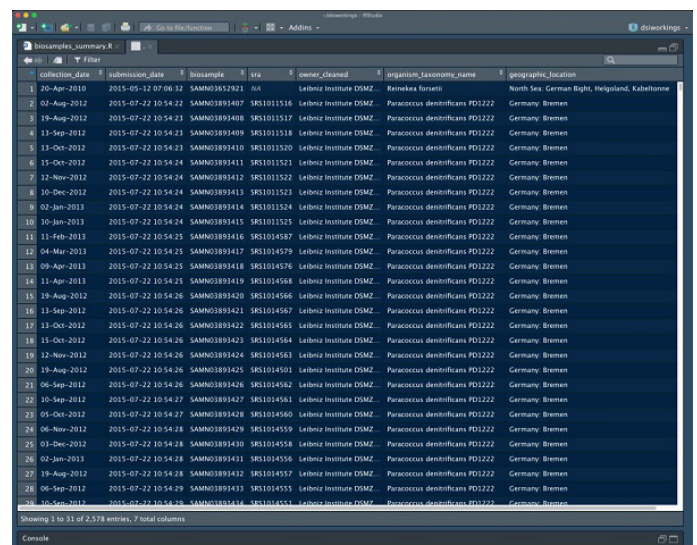
Daten bedeuten Macht

Und das ist nicht unbedingt immer der Fall. Viele DSI-Daten liegen in nichtöffentlich zugänglichen Datenbanken von Firmen. Zudem bauen Länder wie China, Indien und Brasilien parallel zur freien Infrastruktur eigene Gendatenbanken auf, deren Inhalte für Nutzer aus anderen Weltregionen ebenfalls nicht unbedingt frei zugänglich sind. Dabei hilft unter anderem Chinas Marktmacht in der Genomsequenzierung. Der Weltmarktführer Beijing Genomics Institute BGI, der neben China auch Standorte überall in der Welt, etwa in Kopenhagen, unterhält, bietet die niedrigsten Preise. Zum Teil sind aber allein die Daten offenbar schon wertvoll genug. So ließ das Niederländische Zentrum für Genetische Ressourcen in Wageningen seine weltweit größte Saatgutsammlung von Salat von BGI sequenzieren. Die 2546 Proben analysierte das Unternehmen gratis mit dem Versprechen, die Daten öffentlich zugänglich zu machen: zuerst auf Chinas Nationaler Genomdatenbank, danach gegebenenfalls auch auf den internationalen Datenbanken.

Gerade Forschende aus Entwicklungsländern ohne eigene technische Möglichkeiten und niedrigen Budgets müssen ihre Proben zur Sequenzierung häufig an BGI oder andere ausländische Anbieter liefern und tragen so zum Datenschatz der dortigen Nationalen Genbanken bei zu deren Bedingungen, die einen freien Zugang nicht unbedingt garantieren. Expertinnen und Experten kritisieren, dass diese Staaten schon seit Jahren zwar alles an DSI aufsammeln, aber selbst keine biologischen Proben herausgeben. Um diesem Wettlauf um die Datenhoheit entgegenzusteuern, setzen inzwischen viele wissenschaftliche Zeitschriften in diesem Forschungsfeld voraus, dass ihre Autorinnen und Autoren die verwendeten Daten auf den Open-Source-Datenbanken der INSDC veröffentlichen.

Dieses Tauziehen wird vermutlich weite Teile der kommenden CBD COP-Verhandlungen überschatten. Dabei sind noch ganz grundsätzliche Fragen völlig ungeklärt, nämlich, wie DSI eigentlich definiert sind: als einfache Gensequenzen, digitale Kopien von RNA oder gar als ganze Metabolite, also die Zellprodukte eines Gens, etwa ein Protein? Und was gilt als Herkunftsort? Der Fundort der Probe (wenn überhaupt bekannt), der Ort der Sequenzierung oder der Datenbank?

Wer sind die Geber und Nehmer? Inzwischen rufen Einrichtungen etwa in Brasilien genauso viele Sequenzinformationen aus den Datenbanken ab wie einige Industrieländer.



collection_date	submission_date	biosample	sex	gender	organism	geographic_location
20-Aug-2010	2015-05-12 07:06:32	SAMN03893291	NA		Leibniz Institute DSMZ	North Sea: German Bight, Helgoland, Kahltonia
02-Aug-2012	2015-07-22 10:54:22	SAMN03893407			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
19-Aug-2012	2015-07-22 10:54:23	SAMN03893408			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
13-Sep-2012	2015-07-22 10:54:23	SAMN03893409			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
13-Oct-2012	2015-07-22 10:54:23	SAMN03893410			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
15-Oct-2012	2015-07-22 10:54:24	SAMN03893411			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
12-Nov-2012	2015-07-22 10:54:24	SAMN03893412			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
10-Dec-2012	2015-07-22 10:54:24	SAMN03893413			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
02-Jan-2013	2015-07-22 10:54:24	SAMN03893414			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
10-Jan-2013	2015-07-22 10:54:24	SAMN03893415			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
18-Mar-2013	2015-07-22 10:54:25	SAMN03893416			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
04-Apr-2013	2015-07-22 10:54:25	SAMN03893417			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
09-Apr-2013	2015-07-22 10:54:25	SAMN03893418			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
19-Apr-2013	2015-07-22 10:54:25	SAMN03893419			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
13-Aug-2012	2015-07-22 10:54:26	SAMN03893420			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
16-Sep-2012	2015-07-22 10:54:26	SAMN03893421			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
17-Oct-2012	2015-07-22 10:54:26	SAMN03893422			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
18-Oct-2012	2015-07-22 10:54:26	SAMN03893423			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
12-Nov-2012	2015-07-22 10:54:26	SAMN03893424			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
19-Aug-2012	2015-07-22 10:54:26	SAMN03893425			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
06-Sep-2012	2015-07-22 10:54:26	SAMN03893426			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
10-Sep-2012	2015-07-22 10:54:27	SAMN03893427			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
01-Oct-2012	2015-07-22 10:54:27	SAMN03893428			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
08-Nov-2012	2015-07-22 10:54:28	SAMN03893429			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
01-Dec-2012	2015-07-22 10:54:28	SAMN03893430			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
30-Jan-2013	2015-07-22 10:54:28	SAMN03893431			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
19-Aug-2012	2015-07-22 10:54:28	SAMN03893432			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
06-Sep-2012	2015-07-22 10:54:29	SAMN03893433			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222
10-Sep-2012	2015-07-22 10:54:29	SAMN03893434			Leibniz Institute DSMZ	Paracoccus denitrificans PD1222

Einträge zu DSI in der BioSamples zu *Paracoccus denitrificans*, einem Bakterium, das im Boden, Abwasser oder Klärschlamm vorkommt. Bild: P. Oldman 2020: „Digital Sequence Information - Technical Aspects“

Am Ende muss es um einen Kompromiss gehen, wie solche Genomdaten weiterhin zugänglich und nutzbar bleiben und biodiversitätsreiche Länder höhere finanzielle Anreize bekommen, ihre Biodiversität zu erhalten. Klar ist, dass ein Wert aus DSI nur dann entsteht, wenn sie geteilt werden.

„Die großen Summen, die sich die Entwicklungsländer vor dem Beschluss der CBD, und danach durch Verabschiedung des Nagoya-Protokolls, durch den gerechten Vorteilsausgleich erhofft hatten, haben sich nie erfüllt“, sagt Dirk Neumann. „Wir sollten auch jetzt, wo es um DSI geht, nicht wieder solche Erwartungen wecken. Das führt nur zu noch größerer Frustration.“

Vorteilsausgleich von Zugang entkoppeln

„Der Ansatz der bilateralen Verträge, wie sie im Nagoyaprotokoll für physische Proben vorgesehen sind, ist bei DSI weder leistbar noch sinnvoll“, sagt Jens Freitag vom IPK Leibniz-Institut. „Deshalb braucht es aus unserer Sicht einen multilateralen Ansatz.“

Freitag ist einer von 41 Autorinnen und Autoren aus 17 Ländern einer [aktuellen Publikation](#) in der Fachzeitschrift Nature Communications

(siehe auch unseren [Gastbeitrag mit Jörg Overmann und Nike Sommerwerk](#)). In dieser schlagen sie einen Kompromiss vor, der den Vorteilsausgleich von der Nutzung trennt und weiterhin den freien Zugang zu den Daten sichert.

„Der Drang nach monetärem Vorteilsausgleich ist nachvollziehbar, aber Geldflüsse müssten getrennt vom Zugang zur DSI gemacht werden“, meint Freitag. Dabei würde nicht die Nutzung von DSI, sondern bereits deren Erzeugung mit einem pauschalen kleinen Betrag im Cent-Bereich besteuert werden. Dieses Geld könnte irgendwo in der Wertschöpfungskette gesammelt werden. Zum Beispiel über Mikrosteuern auf die für die Sequenzierung benötigten Chemikalien oder Geräte oder auch auf jedes elektronische Gerät, also digitalen Endgeräte. „Bei der Menge dieser Geräte weltweit, kommt da einiges zusammen und auf ein Gerät betrachtet, fällt der Betrag überhaupt nicht ins Gewicht“, sagt der Agrarbiologe. Mit solchen Systemen gebe es bereits umfangreiche Erfahrungen. „Wer von uns merkt, dass beim Kauf eines Druckers, Kopierers oder Mediennutzung auch Mikrosteuern anfallen, die Redakteuren und Verlagen über die Verwertungsgesellschaft WORT zu Gute kommen?“.

Dieses Geld könnte in einen gemeinsam (von der CBD) verwalteten Topf fließen, aus dem dann zum einen bedürftige Länder Mittel für die Umsetzung der Biodiversitätsziele bekämen und zum anderen die Open-Source-Datenbanken finanziert werden könnten; denn auch deren Unterhalt ist nicht frei von Kosten. Für eine ähnliche Lösung mit einem gemeinsamen Fonds unabhängig von einer Rückverfolgung der Herkunft der DSI hat sich zuletzt auch die Afrikanische Union ausgesprochen. Zumindest ein Teil der Entwicklungsländer signalisiert also Kompromissbereitschaft.

„Gerade solche Länder profitieren enorm von Forschungsoperationen, über die Länder wie Deutschland Aufbauhilfe und damit bereits heute nicht-monetären Ausgleich leisten“, meint Dirk Neumann. Das würde bei einer strikten Begrenzung des Zugangs zu DSI auf die Dauer wegfallen, zum Schaden beider Seiten.



Jens Freitag, Agrarwissenschaftler und Pflanzenphysiologe vom Studium, leitet die Geschäftsstelle am IPK Leibniz-Insitut. Bild: IPK Leibniz-Insitut

Digitale Sequenzinformationen zur Umsetzung der CBD-Ziele nötig

DSI spielt allerdings nicht nur als zentrales Streitthema für das neue Globale post-2020 Biodiversitätsabkommen der CBD eine Rolle, sie sind auch für dessen Umsetzung unabdingbar. Sie sieht der aktuelle Entwurf (1st draft) unter anderem ein globales Biodiversitätsmonitoring vor. Die moderne Taxonomie identifiziert und differenziert gefundene Arten anhand von Genomanalysen. DSI sind hier also nicht mehr wegzu-denken. Weitere Ziele wie die Eindämmung von illegalem Handel mit streng geschützten Wildtierarten nutzt Genomanalysen, bei denen zum Teil sogar die Herkunftsorte bestimmt werden können.

Die Co-Vorsitzenden der Open-Ended Working Group (OEWG), in der Vertreterinnen und Vertreter der CBD-Mitgliedsstaaten die Themen der COP vorverhandeln, haben Anfang Februar ein ernüchterndes Papier zum aktuellen des neuen Biodiversitätsabkommens vorgestellt. Offenbar haben die bisherigen vorbereitenden Treffen und auch die Einrichtung einer separaten Arbeitsgruppe in der DSI-Frage bislang noch keine Fortschritte gebracht.

„Die CBD ist einer der wenigen multilateralen Vertragswerke unserer Zeit und bildet die politische Grundlage für den globalen Schutz unserer Lebensgrundlagen“, sagt Jens Freitag. Das kann nur gemeinsam gelingen.

Freitag ist allerdings optimistisch. „Wenn die Kacke am Dampfen ist, dann kann die Menschheit auch schon mal Zugeständnisse machen“. Hoffen wir also, dass die Verhandlungsparteien im dritten Quartal nicht verschnupft anreisen.

Weitere Informationen:

[Video: DSI – simply explained](#)

[Pressemitteilung des DSMZ: Forschende machen sich für eine vernünftige internationale politische Lösung der freien Nutzung „digitaler Sequenzinformationen“ stark](#)

Mehr Informationen über **NeFo**, das Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung, und die „Kommunikationsoffensive Biodiversität 2021“ gibt es unter www.biodiversity.de

Empfohlene Zitierweise

NeFo (2022): „DSI rein oder wir sind raus“. Themenschwerpunkt im März 2022.

Online verfügbar:

<https://www.ufz.de/nefo/index.php?de=49155&nopagecache>

