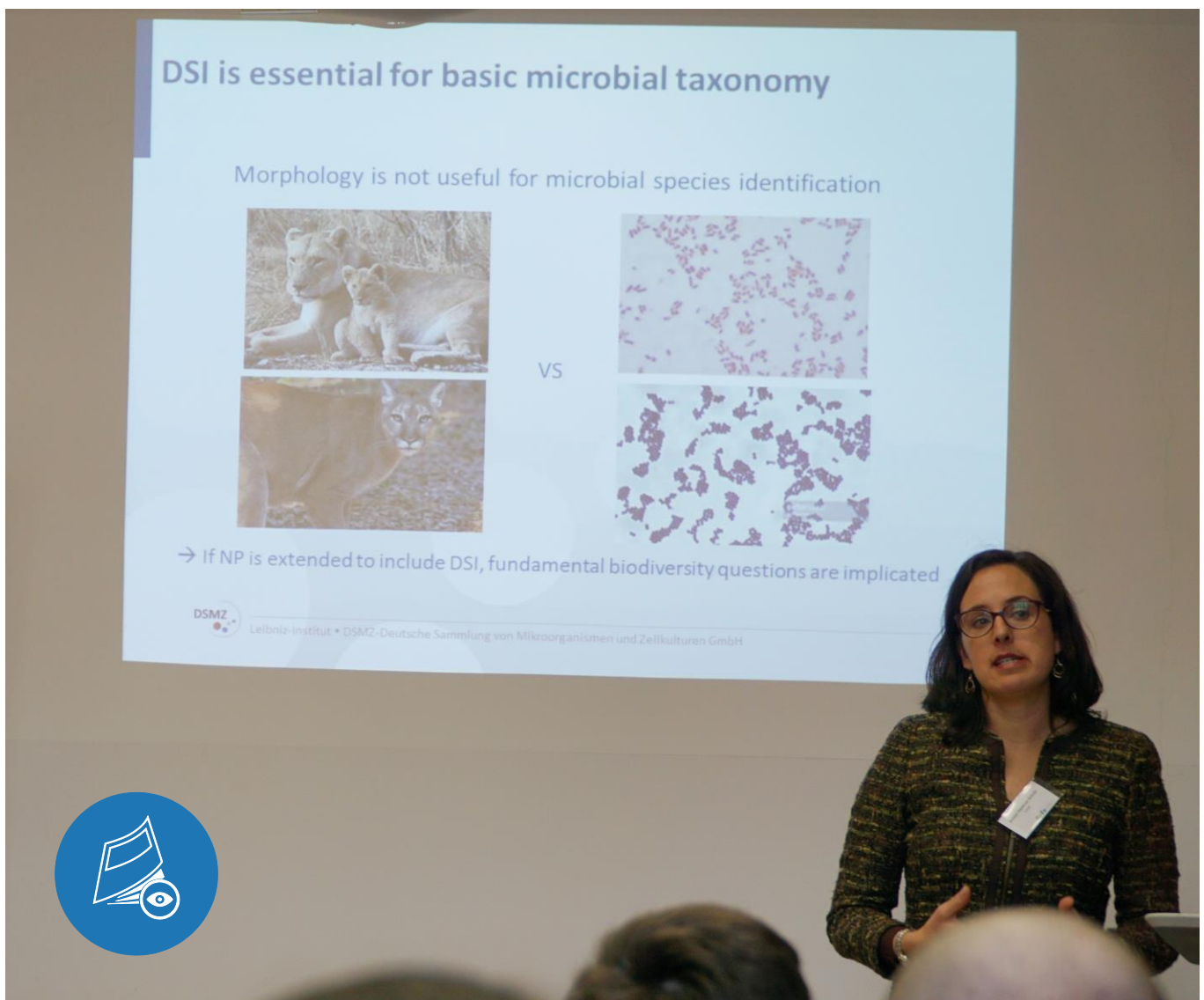


# Synthetische Biologie, Open Science und das Nagoya Protokoll

Ergebnisse des NeFo-Fachgesprächs am 9.1.2018 in Berlin



**Dr. Katrin Vohland**  
**Jonas Geschke**  
**Rainer Schliep**  
Museum für Naturkunde Berlin  
[www.biodiversity.de](http://www.biodiversity.de)



GEFÖRDERT VOM



---

## Zusammenfassung – Kernaussagen und -erkenntnisse

Das Netzwerk Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland (NeFo) hat am 9.1.2018<sup>1</sup> zu einem Workshop nach Berlin eingeladen, um mit Vertretern verschiedener Disziplinen, Sektoren und Netzwerke aus Wissenschaft und Politik über die Verbindungen zwischen Synthetischer Biologie und Open Science angesichts des Vorschlags der Vertragsstaaten (COP) des Abkommens zur Biologischen Vielfalt (CBD) und des Nagoya Protokolls (NP), die Auswirkungen der Einbeziehung der sogenannten digitalen Sequenzinformation (DSI) für die drei Zeile der CBD, die Erhaltung der biologischen Vielfalt, ihre nachhaltige Nutzung und insbesondere für den gerechten Interessenausgleich (ABS – *access and benefit sharing*; siehe NP decisions XIII/16<sup>2</sup> und NP-2/14<sup>3</sup>), zu erfassen und zu diskutieren. Dabei wurde deutlich, dass es je nach Hintergrund sehr unterschiedliche Perspektiven auf das Thema gab. Ziel des Workshops war nicht nur, das Problem klarer zu fassen, sondern auch Lösungsräume zu explorieren, zu denen die (Biodiversitäts-) Forschung beitragen kann.

Die übergeordneten Ziele der CBD standen außer Frage. Im Hinblick auf DSI wurde diskutiert, sich vor allem auf die Umsetzung der bereits bestehenden Verträge und Abkommen wie das Nagoya Protokoll zu fokussieren als neue Dimensionen aufzumachen. Aber nicht nur die konkrete Umsetzung der CBD wurde diskutiert, auch die zugrundeliegenden Probleme einer sozialen Ungleichheit zwischen dem globalen Norden und Süden. Europäische Länder beispielsweise würden i.A. stärker von der Nutzung genetischer Ressourcen profitieren als Entwicklungsländer. Allerdings wurde stark bezweifelt, dass die Aufnahme von DSI ins NP der richtige Lösungsweg ist, oder nicht vielmehr die Erreichung der CBD Ziele gefährdet und den Schutz und die Nutzung sowie den gerechten Interessenausgleich sogar erschwert.

DSI werden in einer großen Breite wissenschaftlicher Anwendungen genutzt wie beispielsweise zur Unterstützung der Nahrungsmittelsicherheit, Naturschutz, nachhaltige Nutzung natürlicher Ressourcen, Kartierungen, taxonomische Aufnahmen, aber auch in der Synthetischen Biologie mit ihren zukünftigen biotechnologischen Anwendungen. Erst durch die Forschung erhalten DSI überhaupt einen Nutzen, sei dieser monetär oder nicht-monetär. Die Aufnahme von DSI in das NP erschwert sowohl Grundlagenforschung als auch angewandte Forschung. Strategisch ist es dagegen zielführender, die intellektuellen und technischen Voraussetzungen für Länder des Globalen Südens zu verbreitern, um gerade auch ärmeren Ländern wissenschaftliche Teilhabe zu erleichtern oder zu ermöglichen. Die globale **Open Science Bewegung** bietet dafür möglicherweise Zugang, der genauer betrachtet werden sollte. So werden beispielsweise aktuell Millionen von Sequenzdaten über das von den USA, Europa und Japan finanzierte Portal INSD (*International Nucleotide Sequence*

---

<sup>1</sup> <http://www.biodiversity.de/events/nefo-fachgesprach-synthetische-biologie-open-science-nagoya-protokoll>

<sup>2</sup> <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-13/cop-13-dec-16-en.pdf>

<sup>3</sup> <https://www.cbd.int/doc/decisions/np-mop-02/np-mop-02-dec-14-en.pdf>

---

*Databases*) kostenfrei zur Verfügung gestellt. Daneben wurden als Teil von Lösungsansätzen verschiedene Möglichkeiten des **Capacity Buildings** sowie Beispiele **internationaler Vernetzung** besprochen.

---

## Einleitung

Nachdem 2010 nach jahrelangen Verhandlungen zum Gerechten Vorteilsausgleich (ABS – *Access and Benefit Sharing*) das Nagoya Protokoll (NP) als Zusatz zum Abkommen über die biologische Vielfalt (CBD – *Convention on Biological Diversity*) verabschiedet wurde, ist der Ratifizierungsprozess abgeschlossen und das Protokoll in europäischen und nationalen Verordnungen umgesetzt. Das NP besagt in seinen Grundzügen, dass Gewinne, die aus der Nutzung genetischer Ressourcen entstehen, zwischen den Ursprungsländern (überwiegend tropische Entwicklungs- und Schwellenländer) und den Nutzern (überwiegend aus Westeuropa, Nordamerika, Ostasien und Australien) gerecht zu teilen sind. Das NP soll so umgesetzt werden, dass zwischen potentiellen Nutzern und Ursprungsländern im Vorfeld vereinbart werden soll, welche Forschung durchgeführt werden soll, welche Ergebnisse zu erwarten sind, und wie diese – kommerziell oder anderweitig – verwertet werden sollen.

Kontrolliert werden soll die Umsetzung insbesondere durch den Nachweis, wie welches Material genutzt wird. Im Rahmen der Sorgfaltspflicht müssen sich Nutzer über den rechtmäßigen Erwerb des Materials versichern und diesen im Allgemeinen anhand von Verträgen (PIC – Prior Informed Consent und MAT – Mutually Agreed Terms) nachweisen. Das Aushandeln gemeinsamer Forschungsinteressen und Verwertungsmöglichkeiten hat eine hohe Akzeptanz in der Biodiversitätsforschung und drückt sich beispielsweise in einer Reihe von internationalen Projekten aus, die zunehmend inter- und transdisziplinär arbeiten<sup>4</sup>. Die konkrete Umsetzung des NP in der Biodiversitätsforschung verursacht allerdings (praktische) Probleme. So steht beispielsweise die taxonomisch orientierte sammlungsbasierte Grundlagenforschung aktuell vor logistisch – und finanziell – nicht zu bewältigenden Herausforderungen, da für entsprechendes in den Geltungsbereich des NP und der EU-ABS-Verordnung fallendes grenzüberschreitendes Material wie beispielsweise Tiere und Pflanzen, aber auch Bodenproben oder andere Proben mit Mikroorganismen, jederzeit die Herkunft nachgewiesen werden muss. Gerade im Bereich der Mikroorganismen handelt es sich häufig um Kosmopoliten, welche habitatspezifische und nicht geographische Verbreitungen aufweisen. Auch die Ursprungsländer stehen vor organisatorischen Hürden, da meist noch entsprechende Verwaltungsstrukturen aufgebaut werden müssen.

Parallel zu diesen Entwicklungen und Diskursen gab es in den letzten Jahren bahnbrechende Fortschritte in der genetischen Forschung und Entwicklung. DNA lässt sich immer schneller und genauer sequenzieren. Die genetischen Informationen, DSI (*Digital Sequence Information*), wird i.a. öffentlich zugänglich in unterschiedlichen Datenbanken gespeichert. Die großen Datenbanken der USA (NCBI), Europas (EMBL-EBI) und Japans (DDBJ) haben sich zu einem Konsortium

---

<sup>4</sup> z.B. die vom BMBF geförderten Projekte SASCAL (<http://www.sascal.org>), WASCAL (<http://www.wascal.org>)

---

zusammengeschlossen (INSDC – *International Nucleotide Sequence Database Collaboration*), welches sich den freien und unbegrenzten Zugriff dieser Daten zum Ziel gesetzt hat<sup>5</sup>.

Zudem erweitern sich die Möglichkeiten der gezielten Manipulation von genetischen Sequenzen und Organismen, nicht zuletzt auch durch moderne Methoden der Genomeditierung, wie beispielsweise CRISPR-Cas9, Zinkfinger etc., stark<sup>6</sup>. Es ist also nicht mehr unbedingt notwendig, organisches Material physisch über Grenzen hinweg zu transportieren, da das Versenden digitaler genetischer Sequenzen (*digital sequence information*, DSI) per Email für bestimmte Anwendungen ausreicht<sup>7</sup>. Damit wird die Frage gestellt, was genau „genetische Ressourcen“ im Sinne der CBD sind<sup>8</sup>. Im Allgemeinen wird eine Materialität angenommen<sup>9</sup>, aber dazu gibt es auch andere Positionen.

Diese Entwicklungen und Beobachtungen werden auch von den CBD Vertragsstaaten selbst aufgegriffen. Eine dort eingerichtete ad-hoc Expertengruppe (AHTEG) zur Synthetischen Biologie hat in ihrem Bericht u.a. vorgeschlagen, über Mechanismen nachzudenken, auch die Nutzung sequenzierter Daten in die Regelungen des NP aufzunehmen, um den Nutzen aus den genetischen Informationen teilen zu können<sup>10</sup>. Dieses Thema wurde auf die Tagesordnung für die nächste Vertragsstaatenkonferenz im November 2018 gesetzt. Ein weiterer präzisierter Vorschlag einiger Länder lautet, dass DSI zukünftig unter das NP fallen sollen<sup>11</sup>. Hierzu hat eine Debatte über die gewollten und ungewollten Auswirkungen verschiedener Optionen auf die Intention des Abkommens zur Biologischen Vielfalt begonnen. Dabei wird insbesondere der große Beitrag von DSI zur Naturschutzforschung<sup>12</sup> und zur Gesundheitsforschung herausgehoben<sup>13</sup>, welcher schon aktuell zu Benefits in vielen Ländern führe. Bei einer Aufnahme von DSI in das NP werden Nachteile sowohl für die Forschung als auch für die Umsetzung des Abkommens zur Biologischen Vielfalt erwartet.

Eine weitere neue Dimension und damit auch alternative Lösungsmöglichkeiten werden durch die Open Science Bewegung sichtbar. Grundgedanke ist, dass alle Wissenschaftlerinnen und

---

<sup>5</sup> <http://www.insdc.org/policy.html>; Brunak, S., Danchin, A., Hattori, M., Nakamura, H., Shinozaki, K., Matisse, T., Preuss, D. (2002) Nucleotide Sequence Database Policies. *Science* 298, 1333.

<sup>6</sup> Überblick z.B. bei Müller-Röber, B., Budisa, N., Diekämper, J., Domasch, S., Fehse, B., Hampel, J., Hucho, F., Hümpel, A., Köchy, K., Marx-Stölting, L., Reich, J., Rheinberger, H.-J., Ropers, H.-H., Taupitz, J., Walter, J., Zenke, M., (2015) Dritter Gentechnologiebericht. Analyse einer Hochtechnologie, in: Wissenschaften, B.-B.A.d. (Ed.), Forschungsberichte der Interdisziplinären Arbeitsgruppen der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften. Nomos Verlagsgesellschaft, Baden-Baden, pp. 1-476.

<sup>7</sup> Manheim, B.S. (2016) Regulation of synthetic biology under the Nagoya Protocol. *NATURE BIOTECHNOLOGY* 34, 1104-1105.

<sup>8</sup> Schei, P.J., Tvedt, M.W., (2010) 'Genetic Resources' in the CBD - The Wording, the Past, the Present and the Future, in: The Fridtjof Nansen Institute (FNI) (Ed.), pp. 1-24.

<sup>9</sup> Winter, G., 2015. Points to consider for national legislation on access to genetic resources and benefit sharing, in: Winter, G., Chege Kamau, E., Stoll, P.T. (Eds.), *Research and Development on Genetic Resources. Public domain approaches in implementing the Nagoya Protocol*. Earthscan from Routledge, London and New York, pp. 308 - 329.

<sup>10</sup> CBD (2015) Report of the ad hoc Technical Expert Group on Synthetic Biology: Objective 3m: „Inappropriate access without benefit sharing due to the use of sequenced data without material transfer agreements under the Nagoya Protocol“

<sup>11</sup> <https://www.cbd.int/abs/dsi-gr.shtml>; die sich dazu aktuell formierende Ad-Hoc AG trifft sich vom 13.-15.2.2018 in Montreal.

<sup>12</sup> Piaggio, A.J., Segelbacher, G., Seddon, P.J., Alphey, L., Bennett, E.L., Carlson, R.H., Friedman, R.M., Kanavy, D., Phelan, R., Redford, K.H., Rosales, M., Slobodian, L., Wheeler, K. (2017) Is It Time for Synthetic Biodiversity Conservation? *Trends in Ecology & Evolution* 32, 97-107.

<sup>13</sup> <https://wellcome.ac.uk/sites/default/files/the-use-of-digital-sequence-information-on-genetic-resources.pdf>

Wissenschaftler, auch jene in Entwicklungsländern, vom freien Zugang zu Informationen profitieren sollen. Statt auch in der Praxis kaum durchsetzbare restriktive Regelungen zum „Export“ von DSI im Rahmen des NP zu entwickeln, sollte stärker darüber nachgedacht werden, wie Entwicklungsländer effektiver von den neuen Technologien profitieren können und ihre eigene biotechnologisch oder bioökonomisch ausgerichteten Wirtschaftszweige stärken könnten<sup>14</sup>. Open Sourcing oder die Unterstützung von Aktivitäten wie iGEM in der internationalen (Entwicklungs-) Zusammenarbeit könnten Chancen darstellen<sup>15</sup>; aktuell kommt lediglich eine Minderheit der Teams aus Afrika oder Lateinamerika (Abb. 1). Auch die Auflage eines speziellen Fonds könnte dazu beitragen, Benefits zu teilen und insbesondere auch die zeitliche Lücke zwischen Erheben der genetischen Information und möglicherweise entstehendem kommerziellen Gewinn zu schließen<sup>16</sup>.

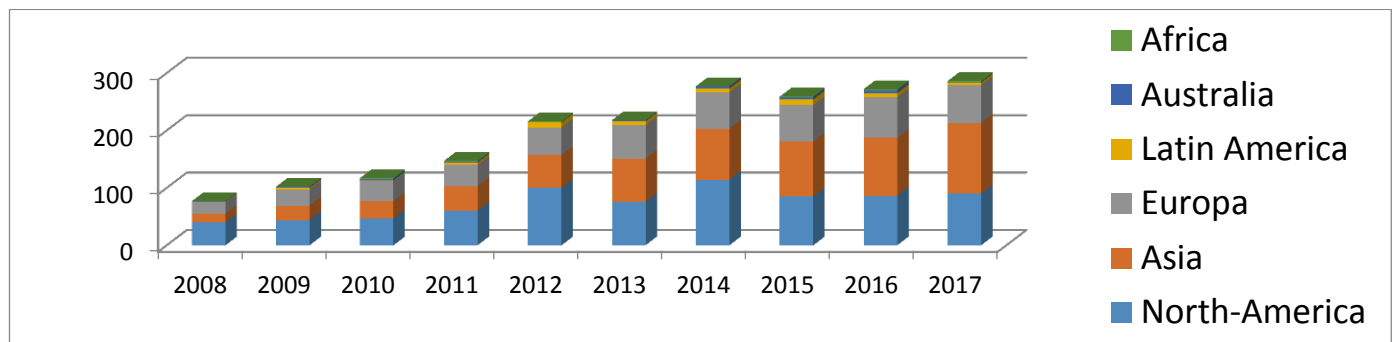


Abbildung 1: Anzahl zugelassener iGEM Projekte; eigene Darstellung und Auswertung, Daten von [http://igem.org/Main\\_Page](http://igem.org/Main_Page), Zugriff, 2.1.2018.

Mit diesem Fachgespräch möchte NeFo dazu beitragen, die komplexe Gemengelage zu entwirren und über Lösungsmöglichkeiten nachzudenken. Ein besonderes Augenmerk soll dabei nicht nur auf der bereits intensiv diskutierten Anwendung von DSI in der Naturschutzforschung liegen, sondern auch auf den sich neu entwickelnden Anwendungsfeldern im Rahmen der Genomeditierung und den Möglichkeiten des Capacity Buildings im Rahmen biologischer und biotechnologischer Forschung.

<sup>14</sup> Overmann, J., Scholz, A.H. (2017) Microbiological Research under the Nagoya Protocol: Facts and Fiction. Trends in Microbiology 25, 85-88.

<sup>15</sup> Augusto, C., Gutiérrez, C. (2014) Governing synthetic biology in the light of the Access and Benefit Sharing regulation (ABS). Rev Derecho Genoma Hum. 41, 63-87.

<sup>16</sup> Richerzhagen, C., 2014. The Nagoya Protocol: Fragmentation or Consolidation? Resources 3, 135-151.

---

# Kurzfassungen der Vorträge

## **Begrüßung und Einführung**

Dr. Katrin Vohland, Museum für Naturkunde Berlin

Frau Vohland eröffnete das Fachgespräch und begrüßte die Teilnehmenden mit einer kurzen Einführung in die Projekte Netzwerk-Forums zur Biodiversitätsforschung und GenomELECTION<sup>17</sup>, welche beide am Forschungsbereich Wissenschaftskommunikation und Wissensforschung des Museums für Naturkunde Berlin verortet sind. So betonte sie insbesondere, welche Rolle die synthetische Biologie als vernetzendes Thema diverser Fachdisziplinen fungiert – und, dass es ihrer Meinung nach im Diskurs um synthetische Biologie vor allem um fehlendes Vertrauen zwischen den verschiedenen (globalen sowie wissenschaftlichen und nicht-wissenschaftlichen) Akteuren ginge. Weiter führte Frau Vohland in das Programm des Fachgespräches ein.

## **Nutzung von digitaler Sequenzinformation (DSI) für synthetische Biologie – Möglichkeiten und Grenzen**

Prof. Dr. Bernd Müller-Röber, Max Plack Institut für molekulare Pflanzenphysiologie, Golm

Herr Müller-Röber wies zu Beginn seines Vortrages zunächst einmal darauf hin, dass die synthetische Biologie ein stark interdisziplinäres Thema ist, da hier Design, Modellierung, Konstruktion, Problemlösung und Umbau sowie das Testen der synthetisch-biologischen Materialien und Organismen zusammen kommen. Das langfristige Ziel der synthetischen Biologie ist es, für gesellschaftliche Problemstellungen wie beispielsweise die Gewährleistung der Nahrungsmittelsicherheit Lösungen zu entwerfen und umzusetzen. Eine Grundvoraussetzung ist die Standardisierung auf allen biologischen Ebenen (Gene, Proteine und biologische Systeme). Hierfür werden standardisierte „Biobausteine – BioBricks“ etabliert, konstruiert und charakterisiert. Die in den Biobausteinen verwendeten „neuen“ Gene können aus anderen Organismen stammen oder synthetisch hergestellt sein. Zunehmend wird die Funktion einzelner Gene erforscht und diese charakterisiert. Diese werden im nächsten Schritt zu neuen biologischen Systemen kombiniert, welche in Chassiszelle eingebracht werden. Als Chassiszelle versteht man eine quasi domestizierte Zelle oder ein biologischen System, welches sehr intensiv erforscht und charakterisiert wurde. Häufig sind nicht relevante genetische Informationen aus diesen Chassisorganismen entfernt worden.

Anschließend an diese kurze konzeptionelle Einführung in die synthetische Biologie erläuterte Herr Müller Röber die wissenschaftliche Geschichte anhand der Synthese von Hefegenen; 1970 gelang die Synthese eines Hefegens, bestehend aus 75 Basenpaaren (DNA), nach weiteren 14 Jahren ein

---

<sup>17</sup> [http://kluth.jura.uni-halle.de/bmbf\\_genomelection/](http://kluth.jura.uni-halle.de/bmbf_genomelection/)

---

Hefegen mit 330 Basenpaaren, und 2008 dann ein komplettes Hefegenom mit 580.000 Basenpaaren. Aktuell werden ganze Chromosomen resynthetisiert, wobei kurze synthetisierte Fragmente zusammen gebracht werden. Es kann beobachtet werden, dass sowohl die Gensequenzierung also auch die Synthese günstiger und schnell werden.

Die Bedeutung dieser Möglichkeiten der DNA-Synthese machte Herr Müller Röber anhand verschiedener Beispiele deutlich – beispielsweise konnte mittels synthetischer Biologie ein lichtgesteuerter genetischer Schalter in Hefe etabliert werden<sup>18</sup>. Dazu wurden unterschiedlichste DNA-Komponenten aus unterschiedlichsten Organismen zusammengebracht. Ein Beispiel betraf die Produktion von Artemisin, einem Mittel gegen Malaria, welches viel effektiver durch entsprechend genveränderte Hefen als durch die Pflanze produziert werden kann. Ein anderes Beispiel ist die Entwicklung von speziell angepassten Kulturpflanzen, oder auch z.B. von *Quinoa* ohne Bitterstoffe.

Für viele Anwendungen ist der Zugriff auf große Datenbanken unerlässlich. Darüber hinaus bräuchte man für viele Anwendungen Zugriff auf den Ursprungsorganismus (insbesondere im Falle von Pflanzen), um das Zusammenspiel von Physiologie und Genetik zu verstehen. Nur dann wären eine Ausschaltung sowie eine gezielte „Reparatur“ von Genen mit dem Ziel einer definierten physiologischen oder entwicklungsrelevanten Veränderung möglich. Entsprechend wäre beispielsweise eine Domestizierung von Tieren und bislang nicht genutzten Pflanzen mit gentechnischen Verfahren grundsätzlich möglich, bräuchte aber extrem hohen Aufwand – ohne Erfolgsgarantie, dass man einen neuen funktionierenden Organismus kreieren wird.

## **Ergebnisse der Umfrage „Understanding the use of and experiences with digital sequence information in Germany“ vom BfN und ibn**

Dr. Axel Paulsch und Elizabeth Karger, Institut für Biodiversität (ibn)

Frau Karger leitete ihren Vortrag mit den Kernfragen der im Auftrag des Bundesamtes für Naturschutz (BfN) durchgeführten Studie ein: Wer nutzt digitale Sequenzinformation (DSI), wie werden DSI genutzt, wie wird auf DSI zugegriffen und wie werden sie verteilt? Weitere Ziele der Studie waren herauszufinden, welche Bedeutung DSI für die verschiedenen Interessensgruppen hat und welche Erfahrungen mit DSI und Access and Benefit Sharing (ABS) vorhanden sind.

Grundsätzlich hatten Frau Karger und Herr Paulsch bei der Studie mit rund 340 Antworten rund 10-fach so viel Rücklauf wie erwartet. Die meisten Antworten kamen überwiegend aus der Grundlagenforschung und nur sehr wenig aus der angewandten (Industrie-) Forschung. Die meisten Befragten generieren einerseits selbst DSI, nutzen aber andererseits auch DSI, die sie aus externen

---

<sup>18</sup> Hochrein et al., 2017; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5587811/>



---

Quellen beziehen. Der Großteil der Antwortenden würde weite Teile seiner DSI-Daten veröffentlichen oder anderweitig verfügbar machen. Dabei fiel auf, dass es kaum Wissen darüber gab, was mit den DSI-Daten nach Veröffentlichung in bspw. öffentlichen Datenbanken passieren würde. Die Nachnutzung von DSI-Daten ist also weitestgehend nicht nachvollziehbar. Rund 65% der Antwortenden hätten angegeben, bereits Erfahrungen mit DSI und ABS gemacht zu haben, wobei es nicht sicher ist, ob die Befragten tatsächlich Erfahrungen mit „Prior Informed Consent“(PIC) und „Mutually Agreed Terms“ (MAT) gemacht haben oder ABS als Vereinbarungen mit Forschungsinstituten im Ausland verstanden haben. Von den Kommentaren der Befragten scheint es, dass die bisherigen Erfahrungen mit dem Nagoya Protokoll überwiegend negativ gewesen wären.

Abschließend brachte Frau Karger noch eine Debatte ins Gespräch, die weit über das Thema der synthetischen Biologie hinausgeht: Über den Verlauf der Studie hätten sie gemerkt, dass unter den Antwortenden Unklarheit herrschen würde, was der Unterschied zwischen Daten und Informationen wäre. Dieses zeigt auf, dass die Terminologie in biologischen und biodiversitätsbezogenen Diskussionen stets besprochen und klar definiert sein sollte. Die Studie wird im Laufe des Jahres vom Auftraggeber, dem Bundesamt für Naturschutz (BfN), veröffentlicht (Karger und Paulsch, in Vorb.)

### **DSI in the Nagoya Protocol? Scientific, societal, and legal implications**

Dr. Amber Hartman Scholz, Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen

Frau Hartman Scholz ging zu Beginn ihres Vortrages direkt auf den Punkt ein, mit dem Frau Karger ihren vorherigen Vortrag schloss – mit einer Kausalkette von Definitionen: Was ist eine genetische Ressource, was ist Sequenzinformation? Was ist verkörperte Information (*tangible*) und was nicht? Diese Frage wurde im Hinblick auf CBD und das NP von Herrn Prof. Spranger juristisch mit dem Ergebnis analysiert, dass DNA-Daten keine genetische Ressourcen sind<sup>19</sup>. Um ihren Standpunkt klar zu machen, führte Frau Hartman Scholz die Schmetterlingssammlung des Museums für Naturkunde Berlin an. In der Sammlung gäbe es Schmetterlinge, und diese sind „echte“ genetische Ressourcen. Im Gegensatz dazu können Information (nämlich visuelle Information) zu diesen Schmetterlingen abgeleitet werden und danach beispielsweise auf einem Kleid aufgrund der Bildinformation Schmetterlinge abgebildet werden. Ebenso seien Sequenzen zu betrachten; diese sind unverkörperte Information oder ein Arbeitsprodukt und können nicht 1:1 mit der Ressource gleichgesetzt werden.

Weiterhin führt Frau Hartman Scholz an, dass DSI grundsätzlich überall auf der Welt gefunden werden können, aber nur im vergleichenden Zusammenhang mit anderen DSI nutzbar werden. Sequenzinformation ohne Vergleich mit anderen Sequenzen sei nahezu wertlos. Insbesondere bei Mikroorganismen spielen Sequenzinformationen für eine taxonomische Einordnung eine essentielle

---

<sup>19</sup> [https://www.bmbf.de/files/Gutachten\\_DSI\\_Prof\\_Spranger\\_DE\\_BF.PDF](https://www.bmbf.de/files/Gutachten_DSI_Prof_Spranger_DE_BF.PDF)

---

Rolle, und ohne Sequenzen kann keine mikrobielle Biodiversitätsforschung durchgeführt werden. Für die finale Beschreibung einer neuen Art ist allerdings der gesamte Organismus nötig – der dann ggf. unter das Nagoya Protokoll fällt.

Grundsätzlich gilt in der Europäischen Union die Politik, dass Projekte mit öffentlichen Geldern ihre Daten und Ergebnisse öffentlich stellen sollten (Open Science). Wenn nun DSI ins Nagoya Protokoll eingeschlossen werden sollten, würde dies bedeuten, dass die Nutzung einer einzelnen Sequenzinformation die Erlaubnis aller relevanten Zur-Verfügung-Steller, beispielsweise Staaten, bedürfe. Dieses würde bedeuten, dass jede einzelne Forschungsaktivität im Sinn von Open Science extrem lange Zeit in Anspruch nehmen würde. Eine solche restriktive Datenpolitik läuft beispielsweise auch den ethischen Grundsätzen der INSDC<sup>5</sup> zuwider. Zudem, so Frau Hartman Scholz, sind DSI Datenbanken und deren Arbeitsabläufe nicht darauf ausgelegt, DSI als Teil des Nagoya Protokolls mit u.a. Tracing und Rückmeldung an den jeweiligen Ländern zu behandeln, und es kaum vorstellbar wie sie sich umwandeln können.

### **Die aktuelle Positionierung von Deutschland und der EU in Bezug auf Gültigkeit des Nagoya Protokolls für digitale Sequenzinformation (DSI)**

Thomas Greiber, Bundesamt für Naturschutz (BfN)

Herr Greiber leitete seinen Vortrag damit ein, dass das Nagoya Protokoll aktuell 102 Vertragsstaaten hätte, plus zwei Staaten im Ratifizierungsprozess und 29 weiteren Unterzeichnern. Deutschland, so Herr Greiber weiter, würde dabei auf Grundlage der EU-Gesetze nur eine Säule des Nagoya Protokolls umsetzen (die Compliance-Säule).

Bei der Vertragsstaatenkonferenz der Konvention für biologische Vielfalt in 2016 (CBD COP-13) hat es eine Einigung dahingehend gegeben, einen ergebnisoffenen Prozess einzuleiten, um den Vorschlag, genetische Ressourcen und DSI gleichzusetzen, zu analysieren. In der von der CBD beauftragten „Fact-Finding und Scoping“ Studie<sup>20</sup> wird im Kapitel 2 dargelegt, welches „Terminologie-Wirrwarr“ es rund um synthetische Biologie, genetische Ressourcen und DSI gibt. Dieses zeigt, so Herr Greiber, dass das Verständnis von und der Umgang mit DSI aktuell ein politischer Prozess ist.

Weiterhin zeigte Herr Greiber auf, dass es im gesamten Nagoya Protokoll lediglich eine Referenz zu „data“ geben würde und weder „data“ noch „DSI“ überhaupt definiert würden. Hier würde also ebenfalls noch Unklarheit bezüglich der Terminologie herrschen.

---

<sup>20</sup> <https://www.cbd.int/doc/c/b39f/4faf/7668900e8539215e7c7710fe/dsi-ahteg-2018-01-03-en.pdf>

---

Zusammenfassend könne man sagen, dass zu restriktive Regeln im Nagoya Protokoll in einem Vertragsstaat dazu führen könnten, dass sich die Wissenschaft dort abwendet. Dieses müsse verhindert werden.

## **Zur Perspektive ausgewählter Entwicklungsländer**

Suhel al-Janabi, ABS Capacity Building Initiative

Herr al-Janabi eröffnete seinen Vortrag mit dem Statement, nun „die andere Seite“ der Sicht zu präsentieren. Die ABS Capacity Building Initiative nämlich engagiert sich für Capacity Building für und die Einbindung des Wissens von lokalen Communities. So hätte das Nagoya Protokoll aktuell zwar 102 Vertragsstaaten, von denen aber 80 Staaten und damit immerhin 78% Entwicklungsländer wären. Davon wiederum wären 41 Staaten damit 40,2% afrikanisch. Auf Einladung der ABS Capacity Development Initiative haben sich die afrikanischen Staaten über ABS und DSI ausgetauscht. In ihrem von Herrn Janabi zitierten Report<sup>21</sup> führen sie aus, dass sie aufgrund der zunehmenden Bedeutung der synthetischen Biologie das Risiko einer Vergrößerung der Kluft zwischen Globalem Norden und Süden sehen, und aktuell Anwendungen eher auf den globalen Norden den Süden zielen, oder sich im Hinblick auf kleinbäuerliche Landwirtschaft auch negativ im Hinblick auf Einkommen auswirken können. Dieses würde verdeutlichen, dass der Aufbau von Kapazitäten sowie eine intensive Kommunikation mit lokalen Akteuren in Entwicklungsländern und insbesondere Afrika eine Grundbedingung für eine erfolgreiche Umsetzung des Nagoya Protokolls wären.

Weiterhin wies auch Herr al-Janabi darauf hin, dass man bei der angewandten Terminologie und entsprechenden Definitionen stärker ins Detail gehen sollte und somit klären müsse, wer was womit meinen würde. Als Beispiel brachte er die Abkommen für biologische Vielfalt (CBD) und das Nagoya Protokoll: Hier würde „genetic material“ mit „any material of plants [...] or other origin“ gleichgesetzt sein.

Neben eindeutigeren Definitionen würden für Entwicklungsländer und die dortigen Nutzer weiterhin Regeln für das ABS benötigt werden. Hier würde ein bilateraler Ansatz zur Nutzungsregelung von DSI nicht ausreichen. Vielmehr würden ABS-Regelungen benötigt werden, die länderübergreifend wirken.

---

<sup>21</sup> Report: [http://www.abs-initiative.info/fileadmin//media/Events/2017/6-10\\_March\\_2017\\_Dakar\\_Senegal/Senegal\\_Pan\\_African\\_ABS\\_Workshop\\_Report\\_final.pdf](http://www.abs-initiative.info/fileadmin//media/Events/2017/6-10_March_2017_Dakar_Senegal/Senegal_Pan_African_ABS_Workshop_Report_final.pdf)

---

## Governance von Saatgut und Sorten als Commons – ein alternativer Pfad für die Ausgestaltung des Saatgutsektors

Julia Tschersich, Universität Oldenburg

Frau Tschersich führte in das Thema der Zugriffsregelungen auf Saatgut und dessen Nutzung ein. Als Aufhänger stellte sie die zunehmende Marktkonzentration dar, deren Züchtungen und Aktivitäten auf eine industrielle Landwirtschaft zielen: Hohertragsorten, die stabile Umweltbedingungen benötigen, sowie der Ausbau der privaten Eigentumsrechte an Saatgut, die Nachzucht durch Landwirte verhindern.

Diese Praktiken stehen den Globalen Nachhaltigkeitszielen (*Sustainable Development Goals, SDGs*), insbesondere Ziele 2 *Kein Hunger* und 15 *Leben an Land*, der Dekade für Biodiversität (ausgerufen von der Konvention für biologische Vielfalt, CBD) und den Aichi-Zielen der CBD entgegen, da sie neben den rechtlichen und monetären Problematiken auch zu einem Verlust an Wissen und Kultur führen und damit die Ernährungssouveränität im globalen Süden gefährdeten.

Würde man den Saatgutsektor zudem historisch betrachten, so wäre Saatgut ein Gemeingut, welches auf kumulativem historischem Wissen beruht. Neben vielen Ländern des Globalen Südens, in denen Saatgut auch heute teils noch gemeinschaftlich verwaltet wird, beziehen im deutschsprachigen Raum ökologische Züchtungsinitiativen Aspekte von Commons in ihre Arbeit ein<sup>22</sup>. Frau Tschersich stellte das Projekt RightSeeds<sup>23</sup> vor, das Commons Ansätze in der Gemüsezüchtung und Saatgutproduktion aus ökologischer, ethischer, politikwissenschaftlicher und wirtschaftlicher Perspektive im Zusammenhang und in Zusammenarbeit mit Praxispartnern untersucht.

Die CBD sowie deren Konkretisierung im Nagoya Protokoll nutzen als Mechanismus zur Steuerung der Nutzung genetischer Ressourcen bilaterale Verträge zum Schutz der souveränen Rechte der Herkunftsländer, durch die ein Zugang sowie ein Ausgleich von Vorteilen aus der Nutzung genetischer Ressourcen gewährleistet werden soll. Dabei ist eine Einbeziehung indigener und lokaler Gemeinschaften nur dann gewährleistet, wenn dies in der nationalen Gesetzgebung gefordert wird<sup>24</sup>. Dagegen, wäre ein Beispiel für einen Commons-Ansatz im Saatgutsektor, so Frau Tschersich weiter, das Internationale Saatgutabkommen (*International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture, PGRFA*), bei dem ein Standardabkommen zum Materialtransfer den Austausch und Zugang zu genetischen Ressourcen regelt und im Vergleich zu einer bilateralen Aushandlung

---

<sup>22</sup> Ein Beispiel ist der Verein Kultursaat e.V., der Sorten als Kulturgut begreift und mit partizipativen Methoden on-farm neue Gemüsesorten züchtet: <https://www.kultursaat.org/>.

<sup>23</sup> <https://www.rightseeds.de/>

<sup>24</sup> Winter, G., & Evanson Chege Kamau. (2011). Von Biopiraterie zu Austausch und Kooperation: Das Protokoll von Nagoya über Zugang zu genetischen Ressourcen und gerechten Vorteilsausgleich. *Archiv Des Völkerrechts*, 49(4), 373–398.

vereinfacht<sup>25</sup>. Das Abkommen erkennt die Farmers' Rights explizit an und bei der Nutzung entstehende Vorteile fließen in einen gemeinsamen Fond- und nicht an einen liefernden Vertragsstaat.

## Kontext und Aufgaben der CBD-AHTEG zu digitaler Sequenzinformation (DSI)

Dr. Matthias Leonhard Maier, GD Umwelt der Europäischen Kommission

Herr Maier führte mit seinem Vortrag die genauen Abläufe der politischen Prozesse zu DSI aus (Abb. 2).

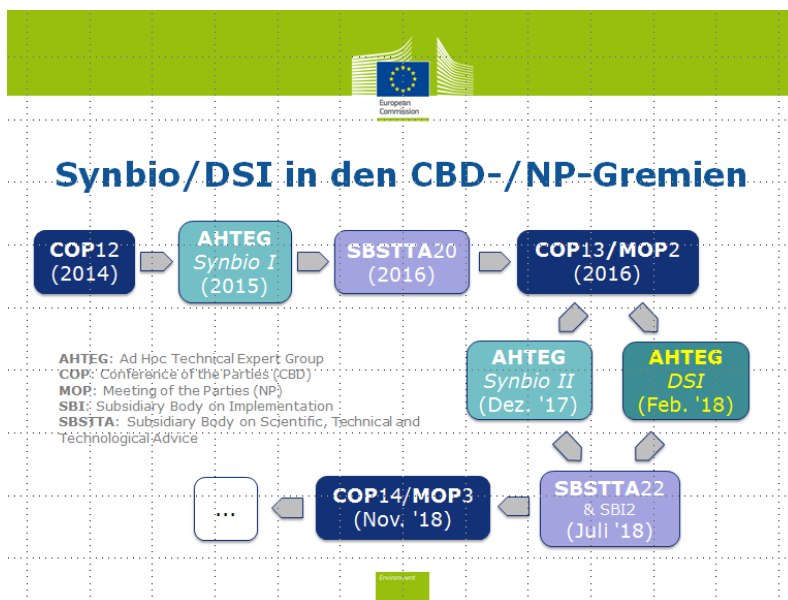


Abbildung 2 (links): Die Aufnahme von DSI in den Verhandlungsdokumenten der Gremien von CBD und dem NP. Abbildung von Herrn Maier (eigene Darstellung, Maier)

Zu beachten wären dabei seiner Meinung nach insbesondere die Beschlüsse der Vertragsstaatenkonferenzen des Abkommens über die biologische Vielfalt (CBD COP-13) und des Nagoya-Protokolls (COP-MOP 2) in 2016, dass nicht nur Benefit-Sharing, sondern auch die anderen beiden Ziele der CBD bei der Diskussion um DSI beachtet werden müssten (Dec. COP XIII/16 und NP 2/14). Ein indirekter Zusammenhang besteht auch zum COP-MOP-Beschluss über einen globalen multilateralen Mechanismus zum Benefit-Sharing (NP Art. 10), über dessen Einrichtung bisher jedoch kein Einvernehmen besteht unter den Vertragsstaaten.

<sup>25</sup> Godt, C. (2016). Geistiges Eigentumsrecht als Instrument zum Erhalt biologischer Vielfalt? Saatgut als Sonderfall. In Biopatente. Saatgut als Ware und öffentliches Gut. Baden-Baden: Nomos Verlagsgesellschaft.

# Zusammenfassung der WorldCafés und Abschlussdiskussion

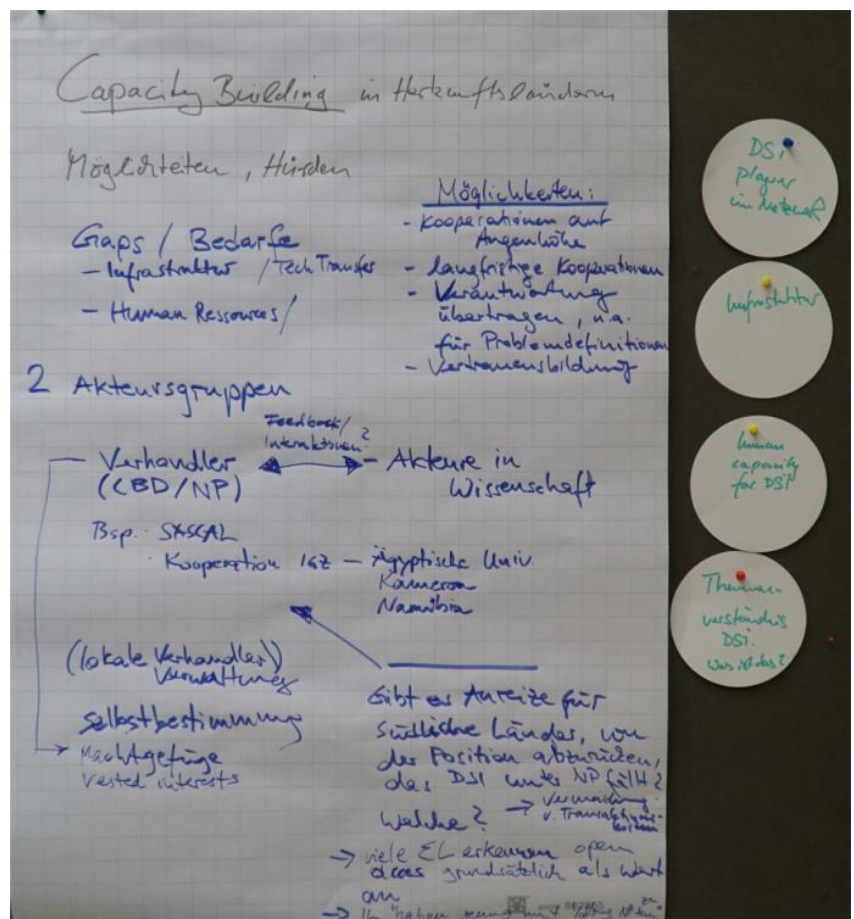
## Modul Capacity Building

Moderation Suhel al Janabi, ABS Initiative

Für das Modul Capacity Building wurde generell (Abb. 3a) und im Hinblick auf DSI (Abb. 3b) diskutiert, welche aktuellen und perspektivischen Möglichkeiten es gibt, Capacity Building in den Herkunftsländern zu unterstützen. Dabei haben sich folgende Kernvorschläge herauskristallisiert:

- Analyse von best-practice Beispielen der Implementation des NP.
- Intensivierung der Aufklärung und Bewusstseinsbildung in der Forschungscommunity im Hinblick auf das NP und seine Implikationen
- Unterstützung von Initiativen, die beispielsweise über Fortbildungen, Diskussionsforen etc. zum Kapazitätenaufbau in Ursprungsländern beitragen, wie beispielsweise die ABS Capacity Development Initiative<sup>7)</sup>
- Erforschung der Langzeiteffekte von Capacity Building und Technologietransfer
- Verstärkung der nationalen und internationalen Kooperation mit Universitäten und anderen Forschungseinrichtungen

Abbildung 3 a: Photographien der Flipchart zu Capacity Building



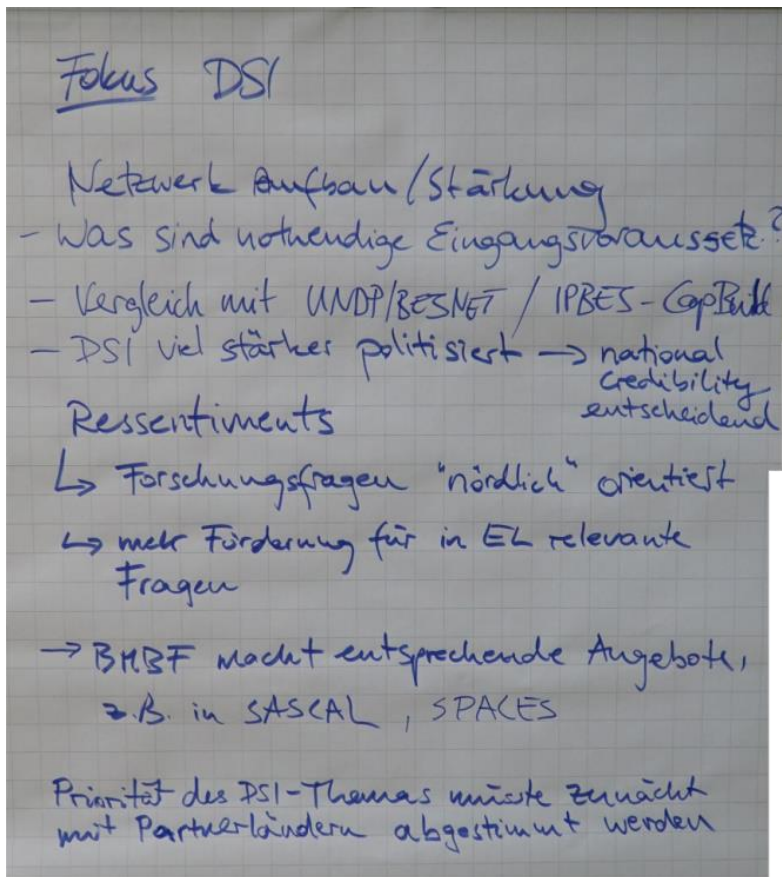


Abb. 3 b: Flipchart zu Capacity Building mit Fokus DIS

### **Modul Benefits aus DSI als Global Commons**

Moderation Rainer Schliep, MfN

In diesem World Cafe wurde diskutiert, welche Folgen für Governance und die Entwicklung von Businessmodellen es hat, wenn Sequenzinformationen als wissenschaftliche Gemeinschaftsgüter ("global scientific commons"<sup>26</sup>) verstanden werden.

Grundsätzlich verfolgt die europäische Forschungspolitik einen offenen Ansatz, beispielsweise in ihrer 3-Os Strategie (Open Science, Open Data, Open to the World) und der Auflage, dass Ergebnisse, die mit öffentlichem Geld finanziert werden, auch öffentlich zur Verfügung gestellt werden. Im Bereich der genetischen Forschung sind beispielsweise Millionen von DSI über die Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) abrufbar, die von Europa, den USA und Japan finanziert wird und ihre Information frei zur Verfügung stellt.

<sup>26</sup> Sensu Dedeurwaerdere, T., Melindi-Ghidi, P., Broggiato, A., 2016. Global scientific research commons under the Nagoya Protocol: Towards a collaborative economy model for the sharing of basic research assets. *Environmental Science & Policy* 55, 1-10.



Abbildung 4: Flipchart zur Abgrenzung von Commons allgemein zu DSI als Commons

Allerdings ist das Konzept der DSI als wissenschaftliche Commons noch nicht ausdefiniert und bedarf noch weiterer Forschung in Bezug auf Governance und andere Aspekte (Abb. 4).

### **Modul iGEM als Werkzeug zur Demokratisierung der Synthetischen Biologie**

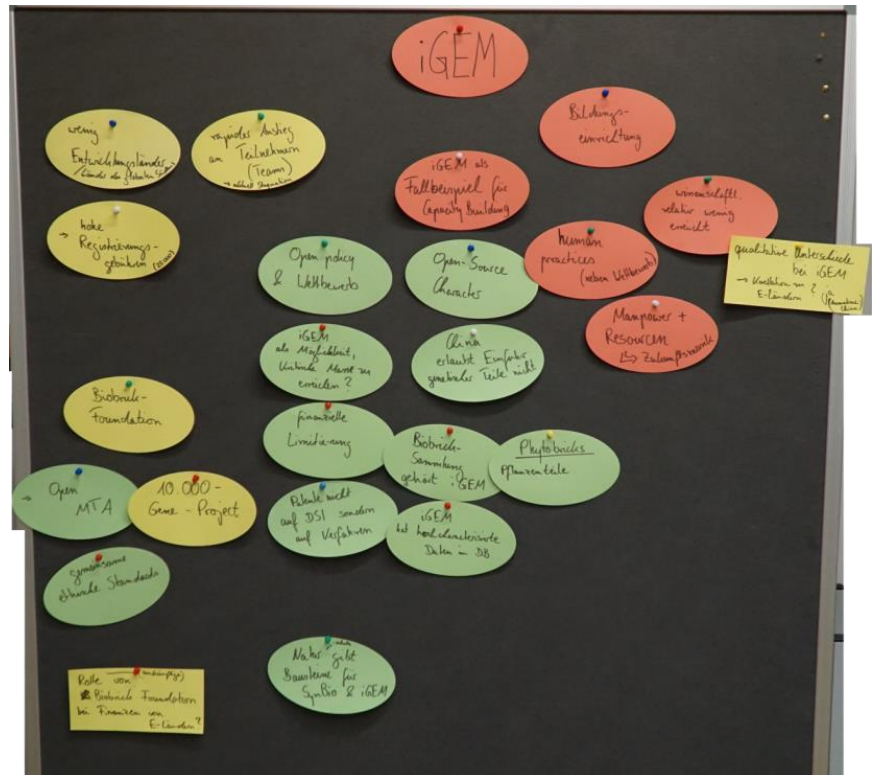
Moderation Nicolas Krink, Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology & LOEWE Research Center for Synthetic Microbiology (SYNMIKRO) sowie Vorstandsvorsitzender der Fachgesellschaft für Synthetische Biologie GASB e.V.

Bei diesem Worldcafe wurde besprochen, inwieweit das Narrativ von Synthetischer Biologie als Experimentierfeld für junge Wissenschaftler/innen und "Laien", aber auch für Entwicklungsländer interessant sein könnte, und wie Initiativen wie beispielsweise iGEM, die mit einigen wenigen Projekten auch in Entwicklungsländern tätig sind<sup>27</sup>, so unterstützt werden können, dass Sicherheit und Qualität gewährleistet sind (Abb. 5).

<sup>27</sup> <http://igem.org/About>



Abbildung 5: Flipchart zu Möglichkeiten und Herausforderungen von iGEM



Diskutiert wurde anhand des Beispiels iGEM, welches ein internationales Capacity Building Projekt bzw. ein internationaler Wettbewerb ist. iGEM selbst ist für viele noch relativ unbekannt, auch sind die Teilnahmegebühren für den Wettbewerb für viele Teams mit immerhin 25.000 Euro sehr hoch. So können nur wenige Entwicklungsländer teilnehmen, während finanzstärkere Länder einen rapiden Anstieg an Teams verzeichnen. Neben dem finanziellen Aufwand sind auch mangelnde Ausrüstung und Ausbildung in Entwicklungsländern – die häufig auch Ursprungsländer im Sinne des NP sind – eine relative Hürde.

Auch wenn iGEM als Wettbewerb für junge Wissenschaftler/innen bisher wissenschaftlich relativ wenig erreicht hat, ist es als Bildungseinrichtung und Capacity Building im Bereich der *human practices* doch eine die Synthetische Biologie bereicherndes Medium. Auch trotz Limitierungen bei Finanzen oder einzelnen Restriktionen durch Länder zeigt iGEM gute Ansätze zur Förderung der Synthetischen Biologie, insbesondere durch die BioBrick Foundation, das 10.000 Gene Project und deren gemeinsame open policy Prinzipien und ethischen Standards.

Neben iGEM setzen sich auch andere Akteure wie die BioBrick Foundation für Open Material Transfer Agreements (openMTA<sup>28</sup>) ein, um zum einen den internationalen wissenschaftlichen Austausch zu gewährleisten und zu erleichtern, aber auch im Hinblick auf Entwicklungsländern, da für diese auch teure Transaktionskosten wegfallen würden – und es ganz praktische Vorteile hätte, da die Wartezeiten beispielsweise für Primer wegfallen würden.

<sup>28</sup> <https://biobricks.org/openmta-2/>

---

### **Abschlussdiskussion**

Ein Kernpunkt der Diskussion während des Tages war die Frage, welche Bedeutung realen Organismen im Rahmen der Diskussion zu DSI zukommt. Und die Beantwortung hing sehr stark an den Disziplinen; für viele Forschungsfragen reiner Genetiker spielt die organismische Herkunft der DSI und entsprechende Informationen keine Rolle, für andere Forschungsfragen beispielsweise in der Züchtungsforschung oder Biodiversitätsforschung spielen der reale Organismus und seine Einbettung in die jeweiligen Ökosysteme eine große Rolle.

Ein weiteres wichtiges Themenfeld waren internationale Kooperationen und Netzwerke. Was kann von ihnen gelernt werden? Welche Rolle spielen sie in der aktuellen Diskussion?

Zusammenfassend lässt sich für die Forschungscommunity sagen, dass es aktuell kein Zurück hinter die Idee der offenen Wissenschaft (open science) gibt. Sinnvoller ist der Auf- und Ausbau entsprechender Forschungskapazitäten in den Ursprungsländern – und eine Evaluierung bereits bestehender entsprechender Aktivitäten. Es wurde auch nochmal darauf hingewiesen, dass zwar Capacity Building auch im Hinblick auf gentechnische Methoden in Entwicklungsländern zu begrüßen ist, aber die Risiken der Gentechnik nicht außer Acht gelassen werden dürfen. Forschungsbedarf besteht auch hinsichtlich verschiedener Business- und Governancemodelle, wenn DSI als *Global Scientific Commons* betrachtet werden. Hier ist kluge interkulturelle sowie inter- und transdisziplinäre Forschung gefragt.

## **Danksagung**

Wir danken dem Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), welches das Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland (NeFo) fördert. Dank gilt auch allen Referenten und Referentinnen, die auch unsere Zusammenfassungen weiter ergänzt haben, sowie den Moderatoren und Teilnehmenden, die durch ihre Beiträge die Debatte stark bereichert haben. Martina Lutz danken wir für ihre organisatorische Unterstützung.

---

## Ablauf

11:00 Uhr **Begrüßung und Einführung** (Dr. Katrin Vohland, Museum für Naturkunde Berlin)

11:15 Uhr **Nutzung von digitaler Sequenzinformation (DSI) für synthetische Biologie – Möglichkeiten und Grenzen** (Prof. Dr. Bernd Müller Röber; Max Planck Institut für molekulare Pflanzenphysiologie, Golm)

12:00 Uhr **Ergebnisse der Umfrage „ Understanding the use of and experiences with digital sequence information in Germany“ von BfN und ibn** (Dr. Axel Paulsch und Elizabeth Karger; Institut für Biodiversität, ibn)

12:30 Uhr Mittagspause

13:00 Uhr **DSI in the Nagoya Protocol? Scientific, societal, and legal implications** (Dr. Amber Hartman Scholz (Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures)

13:30 Uhr **Die aktuelle Positionierung von Deutschland und der EU in Bezug auf Gültigkeit des Nagoya Protokolls für digitale Sequenzinformation (DSI)** (Thomas Greiber; Bundesamt für Naturschutz, BfN)

13:50 Uhr **Zur Perspektive ausgewählter Entwicklungsländer** (Suhel al Janabi; ABS Capacity Building Initiative)

14:10 Uhr **Governance von Saatgut und Sorten als Commons – ein alternativer Pfad für die Ausgestaltung des Saatgutsektors** (Julia Tschersich; Universität Oldenburg)

14:30 Uhr **Kontext und Aufgaben der CBD-AHTEG zu digitaler Sequenzinformation (DSI)** (Dr. Matthias Leonhard Maier; DG Environment, Europäische Kommission)

14:50-15:20 Kaffeepause

15:20 Uhr Diskussion von Lösungsansätzen im World-Cafe Format

### **Modul Capacity Building**

Moderation Suhel al Janabi; ABS Capacity Building Initiative

### **Modul Benefits aus DSI als Global Commons**

Moderation Rainer Schliep; Museum für Naturkunde Berlin

### **Modul iGem als Werkzeug zur Demokratisierung der Synthetischen Biologie**

Moderation Nicolas Krink; Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology & LOEWE Research Center for Synthetic Microbiology (SYNMIKRO) sowie Vorstandsvorsitzender der Fachgesellschaft für Synthetische Biologie GASB e.V.

16:30 **Vorstellung der Arbeitsergebnisse und Diskussion**

## Teilnehmende

<b>Title</b>	<b>First name</b>	<b>Last name</b>	<b>Institution</b>
Dr.	Suhel Julia	al Janabi Diekämper	ABS Capacity Development Initiative / GeoMedia GmbH Museum für Naturkunde Berlin, Leibniz Institute for Evolution and Biodiversity Science (MfN)
Dr.	Kerstin Jonas	Elbing Geschke	Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin - VBIO e.V. Museum für Naturkunde Berlin, Leibniz Institute for Evolution and Biodiversity Science (MfN)
Dr.	Peter	Giere	Museum für Naturkunde Berlin, Leibniz Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung (MfN)
Dr.	Thomas Amber	Greiber Hartman Scholz	German Federal Agency for Nature Conservation (BfN) Leibniz-Institut DSMZ – German Collection of Microorganisms and Cell Cultures
Dr.	Christoph	Häuser	Museum für Naturkunde Berlin, Leibniz Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung (MfN)
	Elisabeth Nicolas Martina	Karger Krink Lutz	Institut für Biodiversität - Netzwerk e.V. (ibn) German Association for Synthetic Biology - GASB e.V. Museum für Naturkunde Berlin, Leibniz Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung (MfN)
Dr.	Matthias Leonhard	Maier	Europäische Kommission, GD Umwelt
Dr. Prof. Dr.	Lisa Bernd	Marquard Müller-Röber	Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung GmbH - UFZ Max Planck Institut für molekulare Pflanzenphysiologie Golm
Dr.	Axel	Paulsch	Institut für Biodiversität - Netzwerk e.V. (ibn)
Dr.	Matthias	Premke-Kraus	Leibniz-Gemeinschaft
Dr.	Florian	Rabitz	Kaunas University of Technology
Dr.	Sarah Katja	Kiefer Radzinski	Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung (IZW) Leibniz-Gemeinschaft
PD Dr. Dr.	Silke Arnold	Ruppel Sauter	Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ) Büro für Technikfolgen-Abschätzung beim Deutschen Bundestag (TAB)
	Rainer	Schliep	Museum für Naturkunde Berlin, Leibniz Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung (MfN)
Dr.	Rainer	Sodtke	PT-DLR, Projektträger im Deutschen Zentrum für Luft- und Raumfahrt e.V.
Dr.	Nike	Sommerwerk	Leibniz Verbund für Biodiversität (LVB)
Dr.	Susanne Sebastian Julia	Theuerl Tilch Tschersich	Leibniz-Institut für Agrartechnik und Bioökonomie Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung GmbH - UFZ Univ. Oldenburg
Dr.	Katrin	Vohland	Museum für Naturkunde Berlin, Leibniz Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung (MfN)
Dr.	Matthias	Voigt	Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)
Dr.	Thomas	von Rintelen	Museum für Naturkunde Berlin, Leibniz Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung (MfN)
Dr.	Petra	Wolff	Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

---

## IMPRESSUM

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](http://www.biodiversity.de).

