

# LABOR JOURNAL

Magazin für Medizin- und Biowissenschaften

7-8/2022

Das Essay-Heft

Analyse  
Kritik  
Ausblick

**SANDRA CIESEK**

Lehren aus der  
Corona-Krise

**PROTEOMIK**

Unverzichtbar für  
personalisierte Medizin

**#ICHBINHANNA**

Prekäre Arbeit in der  
Wissenschaft

# Apply now for €20,000 of funding



## The InCa Research Award provides funding for projects in the field of inflammation and lung cancer

Submitted research projects will be reviewed by an independent advisory board composed of experts in the field of preclinical and clinical oncology research. Three selected projects will be supported with €20,000 each. All applicants will receive constructive feedback from the advisory board on their submitted project, regardless of the outcome of the award.

**Prof. Dr. Michael Thomas**  
Heidelberg



**Prof. Dr. Sebastian Kobold**  
München



**Dr. Martin Sebastian**  
Frankfurt/Main



### Get to know the InCa Advisory Board

**Prof. Dr. Wolfgang Schütte**  
Halle



**Dr. Nicole Glodde**  
Bonn



**Prof. Dr. Frank Griesinger**  
Oldenburg



For more information visit  
[www.novartis-onkologie.de/inca-foerderpreis-2022](http://www.novartis-onkologie.de/inca-foerderpreis-2022)  
or contact us at [inca.foerderpreis@novartis.com](mailto:inca.foerderpreis@novartis.com)

Submission deadline:  
**August 31, 2022**

Research projects from the universities of the advisory board members can be submitted. In this case, the corresponding advisory board member loses the right to vote for this project.





Liebe Leserinnen und Leser,

erst war alles noch ganz friedlich. Diesmal kamen sogar (fast) alle Essays für das vorliegende Heft pünktlich rein. Also konnten die Redakteure redigieren und die Layouter layouten. Und der Titelbild-Gestalter das Titelbild gestalten. Aber Letzterer bekam dann gegen Mittag plötzlich einen roten Kopf, haute mit der flachen Hand auf die Computer-Tastatur und schimpfte wie ein Rohrspatz. Wir können den Wortlaut seiner Tirade hier nicht unzensiert drucken – das wäre unschicklich – aber sie ging in etwa so: „Diese sch... Fotodatenbank! Das ist doch sexistisch. Ach was sage ich, das ist noch schlimmer: Das ist struktureller Sexismus! Ich brauche jetzt erstmal 'ne Pause. Ich brauche frische Luft.“

Er sprang auf und verließ stampfenden Schrittes das Büro. Der Redakteurin war



Über etwas nachdenken oder...

vor Schreck eine Salatgurke aus dem Mittags-Brötchen gefallen. Verständlich. Schließlich ist der Titelbild-Gestalter 1,90 Meter groß und 100 Kilo schwer. Mit seinem Iron-Maiden-T-Shirt sieht er nicht gerade aus wie der Gleichstellungsbeauftragte der Emma-Redaktion.

Betretenes Schweigen. Ratlose Blicke.

Die Redakteurin hatte sich zuerst wieder gefangen, und so fand die Salatgurke ihren Weg zurück zwischen zwei Scheiben Emmentaler. Allgemeines Gemurmel. Der etwas später zurückgekehrte Titelbild-Gestalter konnte die fragenden Blicke der anderen nicht lange aushalten und erklärte sich schließlich.

Wir fassen zusammen: Um für *Laborjournal* Bilder zu finden, zu lizenzieren und herunterzuladen, benutzen wir verschiedene kommerzielle Plattformen. Oft *Adobe Stock* oder *iStock*. Da gibt es viele Millionen Fotos.

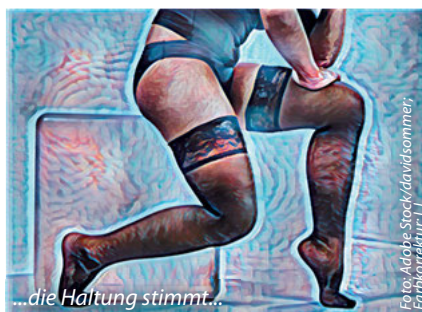
Deshalb sind die eingebauten Suchmaschinen extrem wichtig. Die Suchmaschinen haben sich in den vergangenen Jahren enorm entwickelt. Und wenn man eine Vorstellung von dem hat, was man finden möchte, funktionieren sie meistens sehr gut. Auch wenn



...an etwas denken, Hauptsache...

die Suchmaschinen zu *Harmonie*, *Fröhlichkeit* und *Wohlstand* viel mehr Bilder finden als für *Streit*, *Hass* und *Armut*. Die Bilddatenbanken sind also offensichtlich harmoniebedürftig. Oder liegt es an den Fotografen, die die Bilder liefern? Oder an den Kunden?

Je abstrakter das Thema der Titelstory, desto schwieriger die Bildersuche. Das vorliegende Heft hat Essays und Interviews zum Inhalt. Von und mit Forschern und Forscherinnen, Journalistinnen und Journalisten, Firmen-CEOs und so weiter. Als zusammenfassender Titel passt da am besten: *Nachdenken*, *Denken*, *Denker*, *Weiterdenken* et al. Das Problem aber mit der Bildersuche: Sie ist sexistisch. Gibt der Titelbild-Gestalter etwa „Denker“ ein, bekommt er circa 4.600 Fotos ernsthaft nachdenkender Männer und darin nur eingestreut – und eher weiter hinten – 800 meist weniger ernst aussehende Frauen.



...die Haltung stimmt...

Variiert man die Suchbegriffe, wird es noch abstruser: *Denken* und *männlich* zeigt wieder Tausende seriös gekleidete und sich gedanklich ernsthaft um eine Sache bemü-

hende Männer. Bei den Begriffen *denken* und *weiblich* findet man dagegen Fotos von Frauen, die oft schelmisch oder auch ratlos in die Kamera schauen. Und man fragt sich unweigerlich: An was denken die wohl? Bei einigen – gleich auf der ersten Seite – ist die Sache klar: An Verhütung und an Menstruation (siehe Foto). Sie denken also *an* etwas und nicht, wie die Männer, *über* etwas nach.

Nächster Versuch: *Denker* und *weiblich*. Und: Die Pose stimmt. Etwa. Der berühmte Denker! Sitzend, der Kopf auf die rechte Faust gestützt. Eine Bronzestatue von Auguste Rodin. Das „weibliche“ Suchergebnis konzentriert sich ganz auf die Beinhaltung (siehe Foto). Damenbestrumpft. Weibliches Denken?

Der Titelbild-Gestalter gibt nicht auf. Ein letzter Versuch: *Mastermind*, *denken*, *weiblich*. Das Ergebnis: Die Frauen denken auch hier nicht *über* etwas nach, sondern *an* etwas. Bei-



...und natürlich die Kleidung!

spielsweise an die Küche oder an Schönheit. Und dafür ist natürlich eines besonders wichtig: die passende Kleidung.

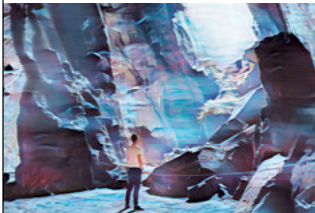
Wer aber ist schuld an diesem Mist? Tausende von unterbezahlten Jobbern, die den ganzen Tag Fotos verschlagworten? Natürlich nicht. Das macht die KI (Künstliche Intelligenz). Und die lernt von denen, die sie machen. Und die sind zu achtzig Prozent männlich. So werden männliche Stereotypen und Narrative perpetuiert.

Und weil Suchmaschinen Multiplikatoren sind, verbreiten sie diese verschrobene Welt- und Menschenbilder millionenfach. Auch über Zeitschriften. Aber Erkenntnis ist ein erster Schritt.

Unser Titel ist diesmal ein eigenes Foto, und wir behaupten, dass diese Rodin-Figur kein Mann ist. Warum? Weil wir es können! Und weil unsere NI (Natürliche Intelligenz) uns das vorgeschlagen hat.



ESSAYS



- 8 **Virologie im Medienfokus: Lehren aus der Corona-Krise** / Sandra Ciesek
- 16 Corona-Krise? Welche Krise? – Zum Umgang mit einer Pandemie / Steffen M. Diebold
- 20 Auf steinigem Weg zur offenen Wissenschaft / Wolf Blanckenhorn
- 26 Alles halb so wild / Hans Zauner

ESSAYS



- 30 Zur Diskussion gestellt / Matthias Wjst
- 34 **#IchBinHanna – Warum prekäre Arbeit der Wissenschaft nachhaltig schadet** / Amrei Bahr, Kristin Eichhorn und Sebastian Kubon
- 38 Erforschung, Nutzung und Erhalt von Biodiversität brauchen freien Datenzugang / Jörg Overmann und Amber Hartman Scholz

ESSAYS



- 42 Unser irrationaler Umgang mit der Grünen Gentechnik / Matin Qaim
- 46 Schuld und Heilung: Wir müssen über das moralische Dilemma Tierversuch reden / Florian Fisch
- 52 Zwischen Wunsch und Wirklichkeit: Innovationsförderung durch Kooperationen von Hochschulen und Industrie / Monika Lessl

ESSAYS



- 61 BMW statt Biotech: Ohne Imagearbeit wird's schwer für die Laborbranche / Klaus Ambos
- 72 Digitalisierung in der Forschung und Urheberrecht: Der Fall AlphaFold / Claudia Otto



Die Virologie steht seit knapp drei Jahren im Fokus der Medien. Die Forschung war dabei eng mit den tagesaktuellen gesellschaftspolitischen Debatten verwoben. Das hat Folgen für den akademischen Alltag auch über die Pandemie hinaus, wie die Virologin Sandra Ciesek beleuchtet. Seite 8



Die Arbeitsbedingungen an deutschen Hochschulen sind prekär. Das berichten immer mehr Forschende unter dem Hashtag #IchBinHanna, den Amrei Bahr, Kristin Eichhorn und Sebastian Kubon initiiert haben. Im Essay ab Seite 34 beschreiben die drei die fehlerhaften Strukturen und warum diese der Wissenschaft nachhaltig schaden.



# ” Forscher-Meinungen: Analyse, Kritik, Ausblick

Eine Spezialausgabe: Akteure aus den Lebenswissenschaften und der Biotech-Industrie schreiben oder sprechen über ihre „heißen“ Themen.

## INTERVIEWS



- 12 „Viele Entscheidungen sind rein politisch motiviert“ / Im Gespräch mit *Harald Renz*
- 49 Der steinige Weg zur Therapie / Im Gespräch mit *Holm Schneider*

## INTERVIEWS



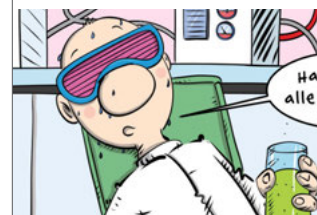
- 55 „Wir wollen mit einer individualisierten Therapie auch letzte Tumorherde im Körper vernichten“ / Im Gespräch mit *Liane Preußner*
- 58 „Beteiligung an Forschungsförderungen tut auch KMU gut“ / Im Gespräch mit *Michael Hannus*

## INTERVIEWS



- 64 „Der Medizinbetrieb ist zu unbeweglich – sowohl bei personalisierten Therapien als auch in der Corona-Pandemie“ / Im Gespräch mit *Hans Lehrach*
- 68 „Wir haben uns durch die Genomik ein falsches Bild von biologischen Abläufen und Krankheiten angewöhnt“ / Im Gespräch mit *Ruedi Aebersold*

## SONSTIGES



- 33 Impressum
- 82 Comic: Die „Lab-Files“ von *Chris Schlag*

## SERVICE

- 75 Kongresse
- 77 Fortbildungen
- 80 Stellenmarkt



Noch schafft es die Massenspektrometrie-basierte Proteomik nicht, die Myriaden an Proteoformen zu quantifizieren, die im Menschen existieren. Warum die Massenspektrometrie dennoch ein unverzichtbares Werkzeug der personalisierten Medizin ist, erläutert der Proteomik-Pionier *Ruedi Aebersold*. Seite 68

 [www.facebook.de/laborjournal](https://www.facebook.de/laborjournal)

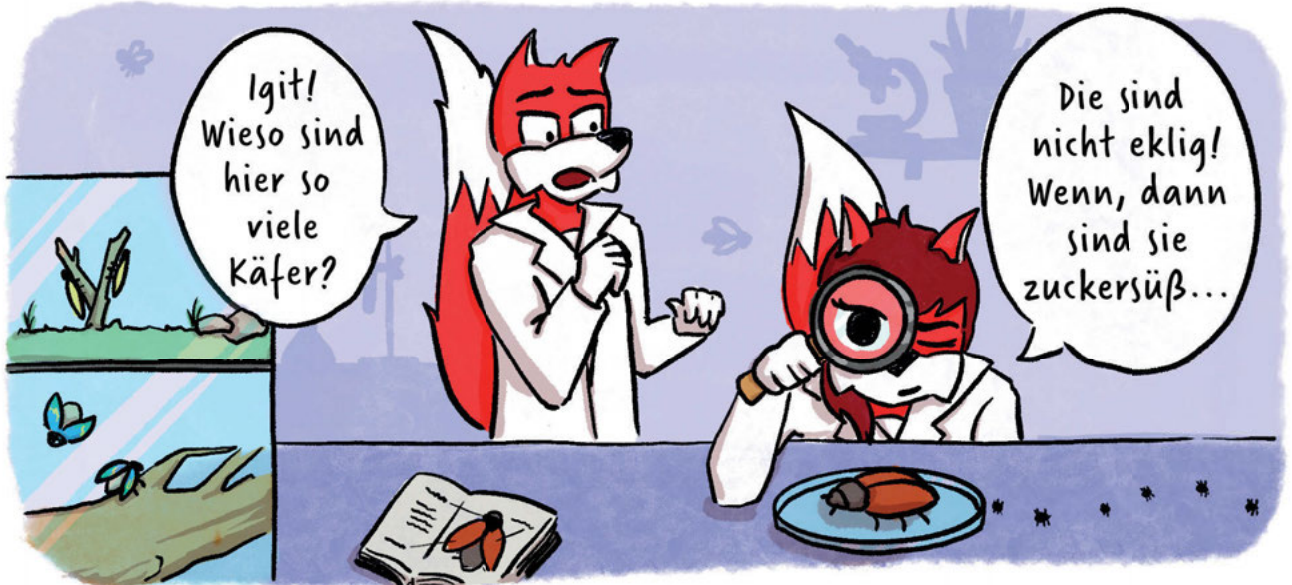
 [@Lab\\_Journal](https://twitter.com/Lab_Journal)

[www.laborjournal.de](http://www.laborjournal.de)









Wir versüßen Ihren Laboralltag, besuchen Sie uns auf [carlroth.de](http://carlroth.de)

# Virologie im Medienfokus: Lehren aus der Corona-Krise

VON SANDRA CIESEK, FRANKFURT/MAIN

*Die Kommunikation wissenschaftlicher Arbeit hat in der Pandemie eine neue Dimension erhalten: Die Forschung war eng mit den tagesaktuellen gesellschaftspolitischen Debatten verwoben. Das hat Folgen für den akademischen Alltag auch über die Pandemie hinaus.*

Erinnern Sie sich noch, wie die Corona-Pandemie für Deutschland begann? Es war eine kurze Nachricht der Deutschen Presseagentur (dpa) vom 19. Dezember 2019: „Eine mysteriöse Lungenkrankheit ist in der zentralchinesischen Metropole Wuhan ausgebrochen“, hieß es darin. Die öffentliche Aufmerksamkeit dafür war noch verhalten.

Das änderte sich am 27. Januar 2020. An diesem Tag wurde der erste Corona-Fall in Deutschland bestätigt – und von da an dominierte SARS-CoV-2 über zwei Jahre lang die Schlagzeilen samt der Prime Time des Fernsehens. Mit im Fokus: die Virologie – ein wissenschaftliches und medizinisches Gebiet, das

über Jahrzehnte in Deutschland außerhalb der Fachgemeinschaft kaum wahrgenommen worden war. Die SARS-Pandemie von 2002/2003, die Schweinegrippe von 2009 oder die Vogelgrippe von 2014 stehen lediglich für kurze Momente des Hinschauens. Das Interesse ebte jeweils rasch wieder ab.

Wo steht die deutsche Universitätsforschung in der Virologie? Wie innovativ ist die privatwirtschaftliche? Sind die Universitätskliniken entsprechend ausgestattet, um den Anforderungen einer Pandemie standzuhalten? Das sind nur einige grundlegende Fragen, die über viele Jahre hinweg allenfalls sporadisch in den wenigen kleinen Me-

dien für wissenschaftlich besonders interessierte Laien behandelt wurden. „Medien für Nerds“ nennt sie die Wissenschaftsjournalistin Mai Thi Nguyen-Kim.

Das hatte sich quasi über Nacht verändert. Im Mittelpunkt der vergangenen zweieinhalb Pandemie-Jahre standen dabei nicht nur die Virologie, deren Forschung sowie die medizinische Versorgung in diesem Sektor selbst. Vielmehr haben wir Virologen und Virologinnen in dieser Zeit die Kommunikation mit einer breiten Öffentlichkeit als neues Fach dazu bekommen. Zumindest einige von uns verfügen seitdem auch über Erfahrungen in der Kommunikation mit politischen Entscheidern





und Entscheiderinnen – und haben erlebt, wie das auf die Wahrnehmung als Wissenschaftlerin oder Wissenschaftler zurückwirkt.

Diese zusätzliche Dimension unserer Arbeit haben wir uns nicht unbedingt ausgesucht. Sie hat sich als Chance, aber auch als Risiko erwiesen.

Im Oktober 2021 ergab eine Umfrage der Fachzeitschrift *Nature*, dass mehr als die Hälfte von 321 befragten Corona-Expertinnen und -Experten – darunter auch solche aus Deutschland – nach Interviews persönliche Angriffe, Beleidigungen oder Bedrohungen in Mails oder sozialen Netzwerken erlebt hatten. Das verursacht eine starke persönliche Belastung, die sich niemand ausmalt, der eine wissenschaftliche Laufbahn einschlägt.

Das Problem des Hasses im Netz betrifft manche Gruppen mehr, andere weniger. Beispielsweise werden junge Frauen und Ange-

*»Speziell bei Corona sind alle, die sich dazu äußern, in eine Umgebung mit hohem Risiko geraten.«*

hörige von Minderheiten generell häufiger angefeindet. Speziell bei Corona sind jedoch alle, die sich dazu äußern, in eine Umgebung mit hohem Risiko geraten. Sie sprechen zu einem Thema, das politisch aufgeladen ist – und wegen der Impfung zusätzlich auch noch weltanschaulich. Das ruft Verschwörungstheoretiker und extreme politische Gruppen auf den Plan. Was jemand konkret sagt, spielt dabei keine Rolle mehr.

Einen gewissen Schutz erhalten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler in dieser Lage von gut aufgestellten Öffentlichkeitsabteilungen ihrer Institutionen. Doch leider ist eine meiner Lehren aus Corona: Längst nicht jede Universität und jedes Institut sind in diesem Bereich so ausgestattet, wie es hilfreich wäre.

Im Routinebetrieb einer Universität haben Forschende vor allem dann Kontakt mit der eigenen Presseabteilung, wenn die Ergebnisse einer neuen Studie in einer Pressemitteilung einem mehr oder minder großen Kreis von Fachjournalistinnen und Fachjournalisten zugänglich gemacht werden sollen. Schließlich hat kaum jemand von uns Erfahrungen mit den großen Publikumsmedien. Ein entsprechendes Training für Forschende und Lehrende gehört nicht zur Ausbildung. Dabei wäre es auch für uns von Vorteil, die Spielregeln der Medienwelt genauer zu kennen, um sich dort sicherer zu bewegen.

In einer Krisensituation, wie sie durch Corona entstanden ist, benötigen selbst medien-gewohnte Wissenschaftler und Wissenschaft-

lerinnen dringend professionelle Beratung. Ich selbst betrachte mich als sehr gut unterstützt.

Von Anfang an liefen alle Presseanfragen an mich ausschließlich über die Stabsstelle Kommunikation des Universitätsklinikums Frankfurt/Main. Sehr frühzeitig in der Anfragenflut haben wir uns zusammengesetzt, um das grundsätzliche Kommunikationsziel festzulegen, das wir verfolgen. Für mich war dabei klar: Ich möchte ausschließlich über wissenschaftliche Inhalte reden. Mich politisch zu positionieren, habe ich nicht als meine Aufgabe gesehen.

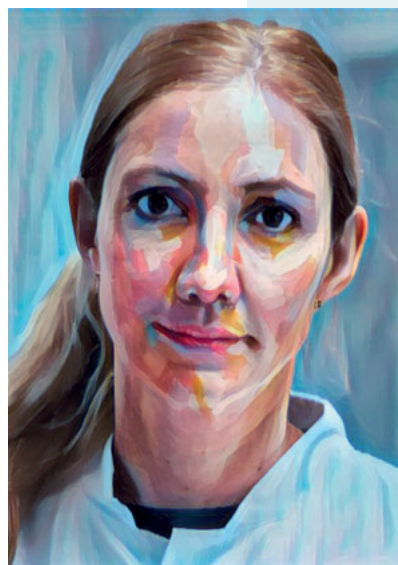
Vor diesem Hintergrund haben wir entschieden, welche Presseanfragen ich selbst übernehme. Dabei wurde schnell klar: Bestimmte Formate eignen sich von ihrer Grundstruktur her kaum beziehungsweise gar nicht, um wissenschaftliche Inhalte unaufgeregt zu besprechen, sodass am Ende ein fachbezogener Erkenntnisgewinn zu erwarten ist. Talkshows zählen dazu. Sie setzen auf Zuspitzung, und jedes Thema wird automatisch politisiert. Es gibt sicher Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler, die sich hier positionieren wollen – das ist selbstverständlich legitim. Wichtig ist es jedoch, sich bewusst entscheiden zu können. Und dafür benötigen wir seriösen Beistand von Kommunikationsprofis.

Allerdings geht es nicht nur um die Außenwirkung von Wissenschaftskommunikation. Die Corona-Pandemie hat meines Erachtens auch dem internen wissenschaftlichen Diskurs geschadet. In den vergangenen zweieinhalb Jahren haben wir mehrfach erleben müssen, wie eine Kommunikation, die für Laien oder die Politik bestimmt war, von anderen Wissenschaftlern so umgedeutet wurde, dass eine wissenschaftliche Reputation in Gefahr geraten konnte – und das völlig zu Unrecht.

Eine unbedachte oder etwas unpräzise Formulierung in einer Live-Sendung genügt mitunter, damit jemandem – ebenfalls über die Medien – die Qualifikation durch andere Fachvertreter abgesprochen wird. Das ist im Kern oft strategisch motiviert, wird aber selten so wahrgenommen. Wenn es einige Kolleginnen und Kollegen angesichts dieses Risikos vorziehen, sich aus der öffentlichen Kommunikation ganz herauszuhalten, halte ich das für verständlich.

Eigentlich hat es in der Wissenschaft eine lange und wertvolle Tradition, Angriffe *ad ho-*

## Zur Autorin



**Sandra Ciesek** ist Professorin für Medizinische Virologie und Direktorin des Instituts für Medizinische Virologie am Universitätsklinikum Frankfurt/Main. Überdies amtiert sie als Prodekanin für Forschung, wissenschaftlichen Nachwuchs und Diversität am Fachbereich 16 der Goethe-Universität Frankfurt.

*minem* zu unterlassen und den Diskurs auf der Sachebene auszutragen. Diesen respektvollen Umgang haben wir in der Pandemie teilweise eingebüßt. Vielleicht liegt es am verstärkten Gebrauch sozialer Netzwerke, in denen der Grundton per se schärfer ist. Vielleicht hängt es auch damit zusammen, dass es über lange Zeit keine Präsenz-Konferenzen mehr gab. Wenn sich Menschen nicht begegnen, so meine Vermutung, sinkt die Hemmung – auch das ist eine Lehre aus der Corona-Pandemie.

Ich halte es insgesamt für ein erschreckendes Signal für die Wissenschaft, wenn sich im forscherschen Austausch Gepflogenheiten breitmachen, die man sonst nur aus der Politik kennt. Wissenschaft lebt vom Diskurs und von unterschiedlichen Meinungen. Fortschritte lassen sich nur durch freien Austausch er-

*»Die Corona-Pandemie hat auch dem internen wissenschaftlichen Diskurs geschadet.«*

zielen. Statt uns an der Reputation von Kolleginnen und Kollegen abzarbeiten, sollten wir die Regeln der Wissenschaft hochhalten und uns mit den Forschungsergebnissen beschäftigen.

Natürlich bietet Wissenschaftskommunikation aber auch Chancen. Ich persönlich habe in der Pandemie die Erfahrung gemacht, dass das Interesse der Menschen an sachlichen Informationen zu Medizin und Wissenschaft in der Gesellschaft gestiegen ist. Viele möchten die Zusammenhänge und Details genau verstehen. Ein Format wie der Podcast des NDR zur Corona-Pandemie, an dem ich lange mitwirkte,



hat sich hier sehr bewährt. Auf dieser Langstrecke ließen sich wissenschaftliche Standpunkte ausführlich begründen und man konnte herausarbeiten, wie stark oder wie schwach die Evidenz für bestimmte Aussagen ist.

Allerdings haben mir – unter anderem – gerade die Rückmeldungen auf den Podcast auch vor Augen geführt, dass wir über Wissenschaftskommunikation nur reden können, wenn wir die Geschlechterfrage berücksichtigen. Treten Wissenschaftlerinnen in die Öffentlichkeit, müssen sie vermehrt mit misogynen Beleidigungen rechnen. Wir Frauen werden zudem häufiger auf einer Ebene angegriffen, die mit dem Beruf nichts zu tun hat. Unser Aussehen wird thematisiert und häufig benutzt, um uns die fachliche Kompetenz abzusprechen und uns allgemein kleinzumachen.

Auf der anderen Seite habe ich in meiner Eigenschaft als weibliche Expertin auch

viel Zuspruch erfahren. Zahlreiche Frauen finden es wichtig, in den Medien mehr Wissenschaftlerinnen zu sehen. Sie wünschen sich weibliche Role-Models für ihre eigene akademische Laufbahn oder die ihrer Töchter. Vereinbarkeit von Beruf und Privatleben ist dabei ein Stichwort. Ich wurde als Frau in einer Position wahrgenommen, in der sie offensichtlich viel in einen anspruchsvollen Beruf investiert und zugleich selbstverständlich Mutter sein kann. Die Kombination ist möglich. Es hat mich gefreut, dass diese Botschaft bei vielen Frauen angekommen ist, denn es liegt mir am Herzen, die Frauen in der Wissenschaft zu stärken.

An medizinischen Fakultäten zählt gerade die Virologie – die übrigens nicht an allen medizinischen Hochschulstandorten vorhanden ist – zu den Fächern, in denen Frauen in Führungspositionen stark unterreprä-

sentiert sind. Eine Erhebung des Deutschen Ärztinnenbundes hat jüngst ergeben, dass es in Deutschland vier Institutsdirektorinnen für Virologie und Mikrobiologie gibt, drei Ärztinnen und eine Biologin – was einen Anteil von rund zwölf Prozent Frauen ausmacht. Zum Vergleich: In der Allgemeinmedizin beträgt der Frauenanteil bei der Institutsleitung immerhin 32 Prozent.

Zwölf Prozent Frauen besetzen also Führungspositionen in der Virologie. Dabei sind schon seit Längerem über sechzig Prozent der Medizinstudierenden Frauen, und im Biologiestudium liegt der Frauenanteil ebenfalls um die sechzig Prozent. Es fehlt also nicht am weiblichen Nachwuchs. Aber offensichtlich kommt er nicht in den Top-Positionen an. Erst wenn in entscheidenden Runden mehr Frauen am Tisch sitzen, finden sie angemessenes Gehör.

---

*»Wir können über Wissenschaftskommunikation nur reden, wenn wir die Geschlechterfrage berücksichtigen.«*

---

Ein weiterer Baustein auf dem Weg zu einer Virologie, die das Geschlechterverhältnis real abbildet, sind Frauen-Netzwerke. Junge Frauen sollten wissen, was sie beachten müssen, um sich den Zugang zu einer akademischen Karriere offenzuhalten – auch wenn ihre momentane Lebensplanung darauf vielleicht nicht abzielt. Das erfahren sie von Frauen, die den Weg schon gegangen sind. Einen Schritt zurück kann jede oder jeder immer machen. Doch wer die ersten Schritte in Richtung Karriere – beispielsweise eine Promotion – auslässt, tut sich schwerer, sie später nachzuholen.

Sobald der Pfad eingeschlagen ist, findet sich immer eine Lösung, um ihn gegebenenfalls weiter zu beschreiten. Ein entscheidender Punkt dafür ist es, den Lebenspartner in die Planung einzubinden. Gerade im ärztlichen Beruf, für den ich hier spreche, sind inzwischen häufig beide Partner Ärzte. Auch in dieser Konstellation kann es gelingen, dass keine Partei substanzielle Nachteile wegen der Kindererziehung hinnehmen muss, wenn man sie gerecht aufteilt.

Die erhöhte Aufmerksamkeit für das Geschlecht von Personen, die Medizin und Wissenschaft in den Medien repräsentieren, kam in der Corona-Pandemie übrigens nicht nur von den Bürgerinnen und Bürgern. Die Medienschaffenden selbst hatten das Thema im Blick. Beispielsweise hatte der Verein „ProQuote Medien“ eine Liste explizit mit Wissenschaftlerinnen zusammengestellt, die nachweislich über eine fachliche Expertise zu unterschiedli-



chen Fragen der Corona-Pandemie verfügen. Inspiriert war die Aktion vom 50:50-Projekt der britischen BBC. Es zielt darauf, Frauen und Männer in den Medien gleich stark zu repräsentieren. Die damit verbundene generelle Debatte um Gleichstellung und Diversität wird inzwischen auch hierzulande in den öffentlich-rechtlichen Medien – und ebenso in vielen anderen – nachdrücklich geführt. Es ist also damit zu rechnen, dass die gestiegene Sensibilität für das Geschlechterverhältnis in der Wissenschaft über die Corona-Schlagzeilen hinaus erhalten bleibt.

In der Analyse, was in der Corona-Pandemie gut funktioniert hat und was weniger, müssen wir auch mein eigenes Fach selbst in den Blick nehmen. Dabei habe ich eine Befürchtung: Die klinische Virologie könnte womöglich nicht so gut aufgestellt sein, wie sie sollte.

Wir Ärzte, die in der Virologie arbeiten, haben einen gemeinsamen Facharzt mit der Mikrobiologie. Das klingt eng verwandt. Tatsächlich jedoch unterscheiden sich sowohl das Wissen als auch die Arbeitsmethoden in beiden Fächern deutlich. Wer auf Mikrobiologie spezialisiert ist, kann im Notfall nicht einfach bei der Klärung virologischer Fragestel-

lungen einspringen. Auch umgekehrt funktioniert das nicht.

*»Oft musste man sich bei der Bewertung des Infektionsgeschehens oder der Maßnahmen auf ausländische Zahlen verlassen.«*

Mit der Corona-Pandemie ist der Notfall eingetreten. Dabei zeigte sich, dass die Ressourcen, um die erforderlichen hochspeziellen klinischen Diagnosemethoden und Tests schnell zu entwickeln, sehr begrenzt sind. Einige virologische Institute der medizinischen Fakultäten sind mit den mikrobiologischen Instituten vereint. In einigen Städten mit Universitätskliniken liegt die W3-Professur, und damit der Forschungsschwerpunkt, bei der Mikrobiologie. Die Virologie ist mit W2-Professuren dort eingeordnet, und viele dieser Forschungsstellen haben Naturwissenschaftlerinnen und Naturwissenschaftler inne, keine Fachärztinnen oder Fachärzte.

In der Pandemie haben wir erlebt, was das für die klinische Forschung im Krisenmodus

bedeutet: Es fehlte teilweise am Material und an den Voraussetzungen, um die Kapazitäten schnell hochzufahren.

Im normalen Alltag einer Universitätsklinik spielt so eine spezielle Expertise eine untergeordnete Rolle und bringt kaum Geld. Für unser Gesundheitswesen ist es jedoch von zentraler Bedeutung, dieses Fachwissen zu erhalten. Wir sollten die klinische Virologie in der Forschungs- und Versorgungslandschaft nicht weiter zurückdrängen. Die nächste Pandemie wird kommen.

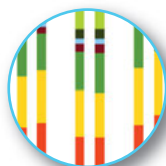
Corona hat uns weiterhin gelehrt, dass wir innerhalb der klinischen Virologie speziell bei der Infektionsepidemiologie im Vergleich mit einigen europäischen Nachbarländern zurückliegen. Wir in Hessen haben zum Beispiel drei Studien in Kindergärten gemacht und eine im Altenheim. So etwas wäre in Deutschland deutlich häufiger wünschenswert gewesen. Oft musste man sich bei der Bewertung des Infektionsgeschehens oder der Gegenmaßnahmen auf ausländische Zahlen verlassen.

Überhaupt war die Frage „Lässt sich das auf Deutschland übertragen?“ eine der am häufigsten gestellten in den Medien. Das sagt viel aus. Für die Zukunft sollten wir aus den Antworten die richtigen Schlüsse ziehen.

## Für jeden Forschungsabschnitt...



Probensammlung & Konservierung



Mikrobiomik



DNA/RNA  
Aufreinigung



Epigenetik



...das passende Produkt!

- ✓ Nucleic Acid Purification Services
- ✓ Microbiome Analysis Services
- ✓ Epigenetic Analysis Services

...den zeitsparenden Service!

- Direkt aus Freiburg -

CORONA IM SOMMERLOCH

# „Viele Entscheidungen sind rein politisch motiviert“

IM GESPRÄCH MIT HARALD RENZ, MARBURG

Wie gut sind die Tests? Wo stehen Therapie und Forschung? Was ist mit der BA.5-Variante? Der Präsident der Deutschen Gesellschaft für Klinische Chemie und Laboratoriumsmedizin, Harald Renz, zieht eine vorsichtige Zwischenbilanz.

*Laborjournal: Gerade erschien das Buch „Der Corona-Atlas“. Sie sind Herausgeber und haben auch Artikel dafür verfasst. Stand der Erkenntnisse ist November 2021. Im Vorwort schreiben Sie: „Es gab meines Wissens nach keine andere Erkrankung, bei der in so kurzer Zeit ein so gewaltiger Erkenntnis Schub gelang wie in Zusammenhang mit SARS-CoV-2 und COVID-19“. Das stimmt wohl – aber es fehlen auch noch viele Erkenntnisse.*

**Harald Renz** » Das ist natürlich richtig. Zweieinhalb Jahre nach Beginn dieser Pandemie verstehen wir die Kurzeffekte der Erkrankung, etwa wie das Immunsystem akut anspricht, wie die direkte Wirkung und die Nebenwirkungen der Impfung sind. Natürlich fehlen uns die Langzeitperspektiven: Wie lange hält die Immunantwort, wie gut ist das immunologische Gedächtnis, warum sind die Symptome so unterschiedlich, weshalb leiden Patienten an Post- und Long-COVID? Und wir wissen auch noch wenig darüber, ob und wie gut Kreuzreaktivitäten der Impfung und Infektionen sind, wie gut die-

se also bei einer Infektion mit einer neuen Variante schützen.

*Nicht wenige COVID-19-Genesene leiden unter Symptomen, die ihr Leben auch nach Abklingen der Infektion deutlich beeinträchtigen.*

**Renz** » Ich war im Juni auf einer Tagung der Deutschen Gesellschaft für Pneumologie und völlig überrascht davon, wie viel Raum man dort den Vorträgen und Diskussionen über Post- und Long-COVID eingeräumt hat. Aktuell schätzt man hierzulande und auch international, dass etwa 10 Prozent der ehemals Erkrankten Langzeitbeschwerden haben. Das gilt auch für die mit Omikron Infizierten. Das muss nachdenklich machen, und wir müssen da dringend was tun. Denn weil die Langzeitsymptome so sehr unterschiedlich sind, haben wir einen riesigen Berg an Themen, die wissenschaftliche Fragen, Patientenversorgung, Rehabilitation und so weiter betreffen.

*Wie diagnostiziert man denn Long-COVID?*

**Renz** » Wir benötigen dringend ein Labor-Panel, um herauszufinden, was das Problem bei jedem Patienten ist. Mit Schweizer Kollegen überlegen wir, welche labormedizinischen Tests wir angesichts der vielen Facetten dieser Erkrankung überhaupt vorschlagen sollen, auf deren Basis man dann Therapieoptionen für Long-COVID-Patienten erar-

beiten kann. Wir müssen wissen, welche Organe betroffen sind, das zentrale Nervensystem, das Herz oder die Gefäße? Ist eine Entzündung im Gange oder eine Autoimmunreaktion? Autoimmunitäten gegenüber Zytokinen und Zytokinrezeptoren, aber auch Typ-1-Diabetes treten gehäuft nach einer Infektion auf.

---

»Viren haben jetzt eine ganz andere Aufmerksamkeit – nicht nur aus Sicht der Virologie.«

---

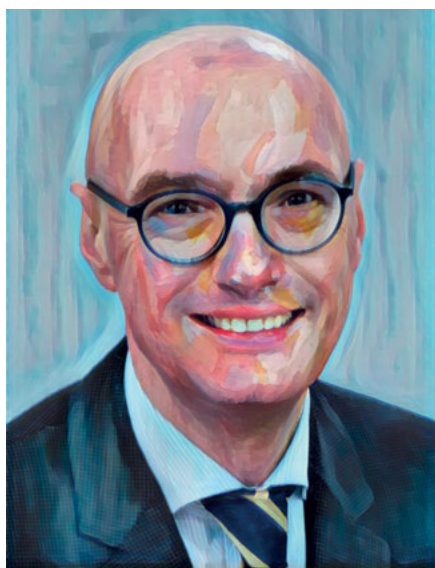
*Wie steht es um eine Long-COVID-Therapie?*

**Renz** » Es wird wohl nicht „die eine“ Therapie geben. Wir müssen je nach Symptomatik passgenaue Therapien entwickeln, die der Arzt dann individuell verordnen kann. Dafür muss er das individuelle Problem kennen. Ich kann schon verstehen, dass die Hausärzte als Grundversorger jetzt von uns Experten verlangen, ihnen zu sagen, was sie mit den Patienten tun sollen. Da müssen wir dringend Hilfestellung geben und die Leitlinien anpassen.

*Hat man neue Therapeutika in der Pipeline? Zugelassen, wenn teils auch nur mit Notfallzulassung, sind bisher vier Antikörper-Präparate, drei antivirale und vier immunmodulatorische Wirkstoffe.*

**Renz** » Wenn Sie jetzt mal auf den Webseiten des BfArM [Anm. d Red.: Bundesinstitut für Arzneimittel und Medizinprodukte] oder der europäischen Arzneimittel-Agentur EMA herumsuchen, werden Sie feststellen, dass sich kein weiterer Wirkstoff in einem Zulassungsverfahren befindet. Das finde ich sehr ermutlichend.

*Und neue, auf Omikron angepasste Impfstoffe lassen auch auf sich warten.*



## Zur Person

**Harald Renz** ist Präsident der Deutschen Gesellschaft für Klinische Chemie und Laboratoriumsmedizin und leitet das Institut für Laboratoriumsmedizin des Universitätsklinikums Gießen und Marburg.



**Renz** » Stimmt, BioNTech hatte ja einen solchen Impfstoff schon für diesen Frühling angekündigt. Jetzt rechnet man dort wohl mit einem Zulassungsverfahren im Herbst. Warum das jetzt doch so viel langsamer geht, weiß ich nicht.

*Flacht also die anfangs attestierte steile Lernkurve nun ab?*

**Renz** » Es hat den Eindruck. Hier und da scheint sich Corona-Müdigkeit breit zu machen. Andererseits haben Viren jetzt eine ganz andere Aufmerksamkeit als früher, und zwar nicht nur aus Sicht der Virologie, sondern auch aus Sicht der Immunologie, der Genetik, der Epidemiologie und anderer Disziplinen.

*Anderes Thema: Gerade macht die Evaluierung der Maßnahmen, die ein Expertengremium vorsehen sollte, von sich reden. Was können Sie dazu sagen?*

**Renz** *[lacht]* » Leider nicht viel. Ich habe das nicht so genau verfolgt, aber mich wundert, warum Herr Drosten das Handtuch geworfen hat. Sein Argument war, es sei so viel durchgestochen worden. Ich weiß nicht, ob das als Begründung reicht: In der Politik wird in allen Gremien durchgestochen und nach außen kommentiert. Ich denke, eine Evaluierung wäre schon gut, nur mit welcher Intention und Konsequenz wird das gemacht?

*Na um herauszufinden, welche Maßnahmen wie gewirkt haben – oder eben auch nicht. Das finnische Gesundheitsamt hat beispielsweise herausgefunden, dass die Infektionshäufigkeit bei Kindern sich in Regionen mit Maskenpflicht nicht unter-*

*schied von Regionen, wo es diese Pflicht nicht gab. In Deutschland waren die Schulen fast vierzig Wochen geschlossen, in der Schweiz gar nicht.*

**Renz** » Als Wissenschaftler ist man geneigt, einen Faktor herauszupicken und zu betrachten. Wie Sie das gerade getan haben. Allerdings fand jede einzelne Maßnahme in einem Kontext statt – und den muss man bei

der Bewertung der Maßnahme berücksichtigen. Schauen wir also mal auf die Schulen in der Schweiz. Dort wurde, vor allem im Kanton Graubünden, ein sehr intensives PCR-Testprogramm gefahren. Alle Schulen und alle Betriebe haben mitgemacht, es wurde mindestens einmal wöchentlich bei jedem ein PCR-Test gemacht. Natürlich auch im Klinikbereich, bei Alten- und Pflegeheimen. So konnte man einen





Ausbruch sehr früh feststellen und schnell reagieren. Das hat geholfen, das Alltagsleben weitgehend offen zu halten.

*Um eine Maßnahme zu evaluieren oder über ihren Einsatz zu entscheiden, benötigt man Daten. Mit dem Sammeln wichtiger Pandemie-Daten ist man in Deutschland eher zurückhaltend, um es mal freundlich auszudrücken. Ein Beispiel: In Großbritannien haben 99 Prozent der Bevölkerung Antikörper gegen das Virus. Hier wissen wir es nicht.*

**Renz** [seufzt] » Das stimmt leider. Ich kenne jedenfalls keine Studie, die den Status repräsentativ für die Bevölkerung untersucht hätte. Das einzige, was wir wissen, ist, dass ein Viertel der Bevölkerung nicht geimpft ist. Darin sind die fünf Prozent enthalten, die jünger als fünf Jahre sind und für die es keinen Impfstoff gibt. Also bleiben zwanzig Prozent, die gar nicht geimpft sind. Je jünger die Menschen, desto höher ist der ungeimpfte Anteil.

*Aber wir wissen nicht, wer von den ungeimpften Personen Corona hatte und somit über einen zumindest gewissen Immunschutz verfügt.*

**Renz** [seufzt wieder] » Auch das ist leider so. Und wir wissen auch nicht, ob ein leichter Verlauf auch leichten Immunschutz bedeutet. Es wundert mich eigentlich, dass es dazu noch nicht mehr Daten gibt.

*Was bedeutet das für den Herbst?*

**Renz** » Schauen Sie nach Portugal, wo die BA.5-Variante umgeht. Dieses Virus ist noch infektiöser als das ursprüngliche Omikron-Virus. Dazu kommt, dass seit Ende April alle Schutzmaßnahmen gefallen sind und obendrein die Bevölkerung überwiegend vor mehr als sechs Monaten zuletzt geimpft wurde. Eine fatale Kombination, finde ich. Vielleicht werden wir im Herbst diese Situation auch haben.

*Jetzt gerade, es ist Mitte Juni, machen laut dem Schweizer Bundesamt die Varianten BA.4 und BA.5 etwa die Hälfte aller Fälle im Land aus.*

**Renz** » Und der Anteil wird steigen. Hier hört man bisher wenig zu dem Thema.

*Man sieht aber sowohl in der Schweiz wie in Portugal, dass die neuen Varianten nicht zu schwereren Erkrankungen führen. Man muss sich also eigentlich keine Sorgen machen.*

**Renz** » BA.4 und BA.5 sind nicht gefährlicher, aber infektiöser. Auch mehrfach Geimpfte und Genesene stecken sich nochmals an. Durch die Masse der Erkrankten hat man dann

akut mehr Patienten in den Krankenhäusern und mehr Todesfälle als zuvor. Da muss man das Gesundheitssystem im Auge behalten.

*Eine Maßnahme, um die Situation zu beobachten, wäre, erneut intensiv zu testen. Halten Sie das für sinnvoll?*

**Renz** » Schauen Sie mal in unserem „Corona-Atlas“ auf Seite 55, Abbildung 3.13. Da sieht man die potenziellen Ansteckungsherde, die wir aus den Daten des Robert-Koch-Instituts herausgefiltert haben. Man sieht, dass die meisten Personen sich im privaten Haushalt angesteckt haben. Dahinter kamen zu Beginn der Pandemie noch die Altenheime. Auf Platz drei folgen die Arbeitsplätze. Das hat mich wirklich überrascht, es war mir nicht klar, wie viel im häuslichen Umfeld passiert.

*»Dass seit Ende April alle Schutzmaßnahmen gefallen sind und die Bevölkerung überwiegend vor mehr als sechs Monaten zuletzt geimpft wurde, ist eine fatale Kombination.«*

*Welchen Schluss ziehen Sie daraus?*

**Renz** » Wir müssen mehr testen, vor allem auch im häuslichen Umfeld. Ich kann nur raten: Testet euch zu Hause, testet die Kinder, die Angehörigen. Das ist natürlich eine Frage des Vertrauens in die Tests. Ein positiver Test bedeutet: Infektion. Immer. Und es ist eine Frage in der Verantwortung des Einzelnen. Inzwischen kenne ich persönlich viele Menschen, die mir sagen: „Na ja, ich war da positiv, aber ich habe es niemandem gesagt und bin auch nicht zu Hause geblieben.“

*Wirklich?*

**Renz** » Ja, klar. Viele Menschen halten eine Omikron-Infektion für einen harmlosen Infekt.

*Solche Personen kenne ich bisher nicht.*

**Renz** » Na, es sagt einem ja auch nicht jeder, dass er nix sagt oder tut. Und auch nicht jeder testet sich bei leichten Symptomen.

*Wie gut sind denn die Tests? Nach der neuesten Untersuchung des Paul-Ehrlich-Instituts (PEI), Stand 30. Mai, sind 48 käufliche Tests untauglich, davon erkennen 9 Tests nicht einmal die höchste geprüfte Viruslast mit einem Ct-Wert von kleiner 25. Das PEI schreibt, dass bei der negativen Evaluie-*

*rung eines Tests das BfArM diesen Test von seiner Empfehlungsliste nimmt. Aber sollte es solche Tests nicht rigoros vom Markt nehmen? Oder umgekehrt gute Tests mit einem Gütesiegel versehen? 161 Tests haben die Evaluierung bestanden.*

**Renz** » Bei der Beurteilung der Qualität von In-vitro-Diagnostika, kurz IVD, geht es um eine grundsätzliche Frage: Warum werden solche Tests – mit ganz wenigen Ausnahmen – nur von den Herstellern selbst geprüft und nicht von einer Behörde? Das geht so: Die Hersteller schreiben eine Dokumentation, ob die stimmt oder nicht, weiß man nicht.

*Aber jemand liest doch die Dokumentation.*

**Renz** » Ja, schon, aber er muss sich auf das verlassen, was da steht.

*Und Papier ist geduldig.*

**Renz** » Eben. Dann gibt es einen CE-Stempel und der Test geht in den Verkauf. Eigentlich bräuchten wir für solche Point-of-Care-Tests, wie es die Antigenschnelltests sind, eine Art Zulassungsverfahren. Das kann und muss nicht so ausführlich wie das Verfahren für ein Medikament sein, das käme auch viel zu teuer und würde zu lange dauern. Aber es müsste transparent und objektiv sein, sodass man sicher sein kann, dass am Schluss nur die hochqualitativen Tests übrig bleiben. Auf die aktuellen Evaluationen der Schnelltests bezogen würde ich das PEI kritisieren. Die haben das Tor für ein PEI-Gütesiegel schon sehr weit geöffnet.

*Sie wollen also mehr Sensitivität und Spezifität von guten Tests, als das bisher verlangt wird?*

**Renz** » Ja, unbedingt. Als „bestanden“ benotet das PEI diejenigen Tests, die in seiner Evaluation eine Mindestsensitivität von 75 Prozent hatten – und zwar mit Proben höherer Viruskonzentration, die einem Cq-Wert von kleiner 25 entspricht. Wie ein Test auf mittlere oder geringe Viruslast anspricht, spielt in der Bewertung keine Rolle.

*[Zur Erklärung: Der Cq-Wert bedeutet Quantification Cycle und bezeichnet die Anzahl der PCR-Zyklen. Da gibt es Tests, die zwar hundertprozentig auf die hohen Viruslasten anspringen, aber bei einem Cq-Wert von >30 nichts mehr erkennen, und bei mittleren Cq-Werten um die fünfzig Prozent richtig liegen.]*

Und die Evaluation gibt keinen Hinweis auf die Spezifität der Tests, die den Anteil der korrekt als gesund erkannten Personen beschreibt.

*Allerdings hat die EU eine neue Richtlinie namens 2017/746 für die Prüfung von In-vi-*



tro-Diagnostika herausgegeben, die eigentlich im Mai hätte in Kraft treten sollen. Sie würde auch eine intensivere Überprüfung von Corona-Schnelltests verlangen.

**Renz** » Diese Richtlinie wird aber noch nicht angewandt. Das Letzte, was ich davon gehört habe, ist, dass es Übergangsfristen bis 2025 gibt, weil viele Fragen nicht geklärt sind. Im medizinisch-diagnostischen Labor setzen wir beispielsweise auch selbst entwickelte Tests etwa für genetische Diagnostik oder die Überprüfung des Antikörperstatus ein. Nach der neuen Richtlinie müssten wir diese Tests genauso evaluieren lassen wie die kommerziellen Hersteller ihre Tests. Das können wir gar nicht. Dann müssten wir unsere Tests einstellen oder drunterschreiben: Achtung, nicht nach IVD-Richtlinie geprüft. Seit Jahren bemühen wir uns um eine Lösung, aber erst jetzt wurden wir in der EU wahrgenommen, und man denkt darüber nach, wie man damit umgehen will.

*Werden denn derweil umfassende – und nicht nur sporadische – unabhängige Über-*

*prüfungen von Corona-Tests im Bundesgesundheitsministerium oder anderen Behörden ernsthaft diskutiert?*

**Renz** » Ich höre nur Einzelmeinungen und habe noch nichts Systematisches wahrgenommen. Ich glaube schon, dass man ein schnelles und für den Hersteller machbares Verfahren implementieren könnte. Ich bin aber kein Jurist, kann die gesetzliche Lage also nicht beurteilen. Man muss auch bedenken, dass Entscheidungen, die in Berlin getroffen werden, politisch gewollt sind ...

*»Politik ist nicht Wissenschaft, diese Disziplinen sind diametral entgegengesetzt.«*

*... und man sich dabei nicht unbedingt mit wissenschaftlicher Evidenz belastet.*

**Renz [lacht]** » Ich habe heute in der Zeitung gelesen, ob und wie man sich auf den Corona-Herbst vorbereiten will. Die Grünen

wollen Pläne machen, die FDP drückt auf die Bremse. Da kommt man mit wissenschaftlicher Evidenz nicht weiter, Portugal hin und BA.5 her. Das ist einfach Politik. Und das ist bestimmt auch ein Resultat der erwähnten Corona-Müdigkeit. Wir haben ja jetzt auch wieder andere Themen.

*Corona ist also im Sommerloch?*

**Renz** » Irgendwie schon. Viele Entscheidungen, die getroffen wurden, sind rein politisch motiviert – etwa die Sequenzierfrequenz zu drosseln, die Testfrequenz zu senken, die PCR-Tests aus der Kostenerstattung herauszunehmen. Das waren alles politische Entscheidungen, deren Grundlage nicht wissenschaftliche Evidenz ist. Diese Entscheidungen sind anders getrieben. Man muss zur Kenntnis nehmen: Politik ist nicht Wissenschaft, diese Disziplinen sind diametral entgegengesetzt.

*Interview: Karin Hollricher (7.6.22)*

## DAS PASSENDE GERÄT FÜR IHRE INDIVIDUELLE ANWENDUNG



### Mikrobiologische Sicherheitswerkbank

- FASTER SafeFAST Premium
- Energieverbrauch <84,4 W
- Motorisierte & aufklappbare Frontscheibe
- Geräuschpegel <42,5 dB(A)

### Ultra-Tiefkühlschrank -86 °C

- Haier Premium | 579 Liter
- Energieverbrauch 7,5 kWh
- Hocheffiziente & höchst zuverlässige Kühlkompressoren
- Geräuschpegel 43,5 dB(A)

# Corona-Krise? Welche Krise? – Zum Umgang mit einer Pandemie

VON STEFFEN M. DIEBOLD, JUNGINGEN

*Ein Blick zurück auf Fehleinschätzungen und Versäumnisse. Und auf die Crux, die sich aus dem beliebigen Nebeneinander von Forschung und Aberglaube sowie Wissenschaft und Esoterik offenbart.*

Seit mehr als zwei Jahren grassieren zum Coronavirus allerlei obskure Theorien und Mythen. Viele halten es für harmlos. Manche argumentieren bei der Sterblichkeit gar mit einer zyklischen Welle: Es träfe vor allem jene, die in einem halben Jahr sowieso an was auch immer gestorben wären. Im Falle von Corona-Maßnahmen würde deren Tod im Folgejahr lediglich nachgeholt. Das ist natürlich mehr als zynisch: Wer will das einem Menschen im Pflegeheim beibringen? Wer maßt sich die Entscheidung darüber an, ob es sich für einen anderen lohnt, noch ein paar zusätzliche Monate zu leben?

Insbesondere die vermeintlich fehlende Übersterblichkeit (Exzessmortalität) wird gerne marginalisierend ins Feld geführt. Übersterblichkeit ist jedoch nicht einfach zu erfassen. Sie bezieht sich stets auf exakt zu definierende Gruppen (Alterskohorte, Erkrankungskollektiv, Gesamtbevölkerung *et cetera*) sowie einen bestimmten Betrachtungszeitraum. Man vergleicht mit einer „Basismortalität“, die ihrerseits Schwankungen unterliegt. Ändert sich die Zusammensetzung des Kollektivs – zum Beispiel durch Einwanderung relativ Jüngerer, einen wachsenden Anteil von Frauen unter Rauchern *et cetera* –, so wirkt sich das auf die Basismortalität und folglich auf die kalkulierte Über- oder Untersterblichkeit aus.

*»Es ist durchaus möglich, dass trotz Pandemie keine oder nur eine geringe Gesamt-Übersterblichkeit resultiert.«*

Zur Berechnung der (Über-)Sterblichkeit durch SARS-CoV-2 benötigt man außer der genauen Zahl der Verstorbenen präzise Angaben zur Prävalenz des Erregers, zu Infektions- und Testquoten innerhalb definierter Zeitspannen, zu Morbidität und Altersstruktur der jeweiligen Population sowie anderes mehr. Vor allem aber müssen sämtliche (!) konkurrierenden Faktoren mit Einfluss auf die Sterblichkeit bekannt sein. Effekte von Maßnahmen zum Infektionsschutz müssen evaluiert, die

Qualität des Pandemie-Managements und die Leistungsfähigkeit des Gesundheitswesens inklusive etwa regionaler Intensivkapazitäten berücksichtigt werden. Unverzichtbar ist auch die genaue Definition eines Todesfalls. All das ist keineswegs trivial. Und so war selbst bei stärkeren Grippewellen vergangener Jahrzehnte nicht immer eine Exzessmortalität festzustellen.

In vielen Ländern war die Übersterblichkeit im Jahr 2020 signifikant. Das war aber nicht überall so. Für Deutschland betrug sie je nach Berechnungsmethode bis zu einem Prozent.

Auffällig hoch war sie in der Alterskohorte der über Achtzigjährigen.

Infolge mancher Infektionsschutzmaßnahme gab es wahrscheinlich auch weniger Todesfälle durch Grippe, Unfälle, nosokomiale Infektionen, Behandlungsfehler und anderem. Dieses Phänomen ist als Präventionsparadoxon bekannt. Ferner registrierte man hierzulande – ebenso wie in Israel, Polen, USA, Italien, Neuseeland – eine Untersterblichkeit bei Kindern bis 14 Jahren. So ist es, vorsichtig formuliert, durchaus möglich, dass trotz Pandemie keine oder nur eine geringe Ge-





samt-Übersterblichkeit resultiert. Daraus den Schluss zu ziehen, die Pandemie oder der Erreger seien harmlos, ist jedoch unlogisch und methodisch fehlerhaft.

Vielfach wird auch behauptet, die offiziellen Todeszahlen wären gar nicht korrekt, da viele zwar positiv getestet, aber nicht an SARS-CoV-2, sondern nur (zufällig) mit dem Erreger gestorben wären. Selbstverständlich sind unter den „an oder mit Corona“ Verstorbenen auch welche, bei denen die unmittelbare Todesursache nicht das Virus war. Wer mit COVID-19 stirbt, ist meist alt, vorerkrankt oder beides.

Die Infektion durch das Coronavirus ist dennoch in aller Regel die Todesursache. Das heißt, ohne die Infektion hätten die Menschen länger gelebt. Frühzeitig ließ sich dies beispielsweise an den Ergebnissen mehrerer Autopsie-Serien des Instituts für Rechtsmedizin der Uniklinik Hamburg-Eppendorf (UKE) ableiten. Nur bei 5 bis 7 Prozent der klassifizierten Fälle war eine andere Ursache als COVID-19 für den Tod verantwortlich. Subtrahiert man bei kritischer Betrachtung der Autopsie-Befunde weitere rund 10 Prozent an „möglicherwei-

se“ konkurrierenden Todesursachen, so resultieren immer noch etwa 85 Prozent obduktionsgesicherte COVID-19-Diagnosen.

Mit zunehmender Verbreitung des Virus steigt die Inzidenz. Da die Testrate im Pandemieverlauf jedoch nicht konstant ist, steigt die Inzidenz auch dann, wenn unter ansonsten gleichen Bedingungen mehr getestet wird. Hält die Testkapazität dagegen mit der Verbreitung des Virus nicht Schritt, ist umgekehrt auch eine Untererfassung möglich. Daher sollte die Zahl der SARS-CoV-2-Positiven ins Verhältnis zur jeweiligen Testrate gesetzt und als Quotient berichtet werden. COVID-19-Todesfälle sollten dann auf diesen Quotienten bezogen und als prozentualer Anteil berichtet werden!

Schließlich wird gerade auch die Letalität von COVID-19 von vielen heftig bezweifelt. Manche behaupten, sie läge nicht höher als bei einer saisonalen Grippewelle. Eine solche kann schwerwiegend verlaufen. Das macht Corona aber erst recht nicht harmlos. Grob geschätzt dürfte die Infektionssterblichkeit (IFR) durch den SARS-CoV-2-Erreger mindestens dreimal so hoch sein wie durch Influenza A, wenn für jene IFR-Raten zwischen 0,05 und 0,1 Prozent zugrunde gelegt werden.

Für sehr schwere saisonale Grippewellen, wie sie zuletzt etwa 2012/13 und 2017/18 auftraten, schätzte das RKI die Influenza-bedingten Todesfälle auf 20.000 beziehungsweise 25.000. Doch trotz aller Interventionen zum Infektionsschutz sind bis zum 15. April 2021, gut 15 Monate nach Ausbruch der Pandemie, allein in Deutschland bereits 80.000 SARS-CoV-2-Infizierte an COVID-19 verstorben. Ich kann mich an keine ähnlich verheerende Grippewelle der letzten Jahrzehnte entsinnen.

Für Länder mit hohem Anteil Jüngerer wurden für SARS-CoV-2 mittlere IFR-Raten von mindestens 0,23 Prozent berechnet, für Industrienationen mit morbiderer Bevölkerung dagegen bis zu 1,15 Prozent. In Spanien erreichte die mittlere IFR beispielsweise in der ersten Welle 0,8 Prozent, auf der Basis repräsentativer Sero-Surveys ermittelt. Global und über alle Altersgruppen hinweg errechnete man eine mediane

IFR von circa 0,3 Prozent. Zwischen 15. April 2020 und 1. Januar 2021, also noch vor Einführung der Impfungen, sank diese globale IFR dabei von 0,47 Prozent auf 0,31 Prozent. Die 190 untersuchten Länder und Regionen unterschieden sich bis um den Faktor 30. Für bestimmte Untergruppen liegt die IFR weit über 0,3 Prozent. Etwa für die über Sechzigjährigen, für die eine US-Studie beispielsweise einen Wert von 1,71 Prozent ermittelte.

---

*»Vielfach war zu lesen, SARS-CoV-2 sei kein „Killervirus“. Das hat auch kein seriöser Forscher je behauptet.«*

---

Vielfach war zu lesen, SARS-CoV-2 sei dennoch kein „Killervirus“. Das hat, mit Verlaub, auch kein seriöser Forscher je behauptet. Obgleich kontagiöser, ist das Coronavirus zum Beispiel weit weniger letal als ein Marburg- oder Ebolavirus. Doch es provoziert massive Thromboembolien, verursacht Myokarditiden und löst häufiger als etwa Influenza A oder andere Pneumonieerreger einen sogenannten Zytokinsturm aus. Durch Bildung von Auto-Antikörpern gegen körpereigene Interferone blockiert es zugleich die Immunabwehr. Und neben der Lunge sind nicht selten auch noch andere Organe betroffen. Nachgewiesen wurden bislang unter anderem Schäden an Herz, Nieren und dem Zentralnervensystem sowie Thrombosen tiefliegender Venen und Störungen von Geruchs- und Geschmackssinn.

Die Sterblichkeit hospitalisierter Patienten betrug im Frühjahr 2020 etwa zwanzig Prozent, diejenige Intensivpflichtiger dreißig bis vierzig Prozent – bei invasiv Beatmeten sogar circa fünfzig Prozent. Ausschlaggebend für das Letalitätsrisiko sind hohes Alter, Übergewicht und kardiopulmonale Grunderkrankungen. Auch haben Männer ein rund 1,6-fach höheres Sterberisiko als Frauen!

Da SARS-CoV-2 eine völlig neue Variante der Coronaviridae ist, gibt es kaum naive Immunität. Zudem könnte der Selektionsdruck auf das Coronavirus zur Bildung von immer neuen Escape-Varianten führen oder über multiple Mutationen Reassortanten hervorbringen, gegen die bisherige Impfungen nicht mehr ausreichend wirken. Sollte man in einer solchen Situation auf Maßnahmen zum Infektionsschutz weitgehend verzichten?

Die Intensivstationen arbeiteten vielerorts am Limit. Es galt, einen Kollaps zu vermeiden. Die hohen Todesraten in Bergamo oder New York im Frühjahr 2020 waren unter anderem auch auf die Überlastung der Intensivkapazitäten zurückzuführen. Und was nüt-



zen Apparate ohne die Fachleute, die sie bedienen können, und das Pflegepersonal, das die Patienten dann wochenlang versorgt? In Deutschland wurden bis Herbst 2021 in nur einem Jahr ein Fünftel der Intensivbetten aufgrund Personalmangels abgebaut. Bis dahin waren bereits mehr als 100.000 Corona-Tote zu beklagen, weltweit mehr als 5 Millionen.

Wann also sollte man am besten eingreifen? Erreicht ein Atemwegsvirus aufgrund hoher Kontagiosität und der Art seiner Übertragung eine exponentielle Infektionskinetik, ist es angesichts der globalen Vernetzung für eine Eindämmung meist zu spät. Bei der Mexikanischen Schweinegrippe und der Vogelgrippe, die von manchen zu Vergleichen herangezogen werden, war der mediale Hype letztlich übertrieben. Milliarden wurden für Neuraminidase-Hemmer und andere Arzneimittel verschwendet. Im Nachhinein war das mehr als ärgerlich.

Nur: Die Fachwelt wusste seit Jahren, dass irgendwann ein fatales Virus auftauchen könnte. Nicht wann und nicht welches – aber dass durch Zoonosen Infektionserreger von einer Spezies auf die andere übergehen, ist nicht neu. Wir haben jetzt vielleicht noch Glück gehabt: Eine Pandemie mit einem Atemwegserreger, der die Letalität eines Marburg-, die genetische Variabilität eines Influenza-, und die Kontagiosität eines Herpesvirus besäße, könnte die Weltbevölkerung mutmaßlich im 100-Millionen-Maßstab dezimieren. Wie laut wäre dann der Schrei nach der ansonsten oftmals verabscheuten Pharmaindustrie, sie möge doch bitte in Windeseile etwas Wirksames dagegen aus dem Hut zaubern?

*»Sind wissenschaftliche Erkenntnisse in einer unklaren Krisenlage nicht vorhanden, muss der Staat das transparent machen.«*

Die Erkrankungs(fall-)Sterblichkeit (CFR) von COVID-19 betrug in Deutschland durchschnittlich circa 2,3 Prozent. Angesichts dessen ausschließlich auf eine natürliche Herdenimmunität zu setzen, hätte ein hohes Risiko dargestellt. Bei einer IFR von 0,3 Prozent riskiert man mit 83,5 Mio. Einwohnern und einer Herdenimmunitätsschwelle von 0,8 bereits über 200.000 Tote. Und selbst dafür ist die Voraussetzung, dass die Intensivkapazitäten zu keinem Zeitpunkt überlastet werden oder gar kollabieren.

Die Politik musste also handeln. Gefragt waren pragmatische Reaktionen auf Basis solider wissenschaftlicher Erkenntnisse. Sind solche in einer unklaren Krisenlage nicht vorhanden, muss der Staat das transparent machen

und die Motive seines Vorgehens offenlegen: Im Falle sogenannter Alltagsmasken mündete dies jedoch eher in den hilflosen Versuch, in Ermangelung anderer Optionen wenigstens irgendetwas zu tun. Man ließ die Leute anfangs sogar glauben, Kaffeefiltertüten oder Schals vor der Nase hätten einen Schutzeffekt. Doch für Alltagsmasken existierten weder kontrollierte klinische Studien noch valide *in-vitro*-Untersuchungen. Erkenntnisse aus der Reinraum-Technologie und der inhalativen Pharmazie zur Aerosolkinetik, zu Filtersystemen, Abscheide- und Leckgeräten *et cetera* ließen vielmehr vermuten, dass deren Schutzwirkungen im Falle viraler Flüssig-Aerosole mit Fraktionen von Partikelgrößen deutlich unterhalb von 5 µm völlig unzureichend sind.

*»Zu glauben, man könne auf umfangreiche klinische und labortechnische Untersuchungen verzichten, ist ein Irrtum.«*

Auch OP-Masken (Mund-Nasen-Schutz, MNS), erstmals 1897 durch den Chirurgen Mikulicz-Radecki in Breslau eingesetzt, bieten keinen Infektionsschutz für den Träger. 60 bis 90 Prozent des Luftstroms gelangen seitlich in die Atemwege. MNS dienen vielmehr dazu, bei Behandlungen von Patienten die Abgabe größerer (!) Tröpfchen auf kurze Distanz zu reduzieren. Sie wirken nicht gegen die Aufnahme und Abgabe kleinpartikulärer Aerosole. Genau dies wäre aber im Falle der hauptsächlich durch Aerosole verbreiteten Coronaviren erforderlich!

FFP-2-Masken wiederum wurden vorrangig für den Arbeitsschutz (Feststoff-Aerosole) und nicht für den medizinischen Einsatz bei kleinpartikulären Flüssig-Aerosolen entwickelt. Der für FFP-2-Masken reklamierte Schutz gegen eine Infektion durch Coronaviren musste daher erst wissenschaftlich belegt werden. Doch belastbare Daten dazu fehlten zunächst.

Vermutlich reduzieren manche Masken das Risiko einer Transmission. Aber welche, unter welchen Bedingungen, und in welchem Ausmaß? Im Herbst 2021 wollen Ärzteverbände bei Schülern und in Kindertagesstätten auf Masken verzichten. Virologen hingegen daran festhalten. Wer hat recht? Noch immer lassen sich Effekte des Abstandhaltens, des Aufenthalts im Freien, des Verzichts auf Händeschütteln und so weiter nicht klar von einem Effekt des Masketragens trennen. Auch ist völlig unklar, wie lange getrocknete virus-haltige Aerosolpartikel nach dem Ausatmen kontagiös bleiben.

Folglich wurde versäumt, frühzeitig Nachweise zu erbringen, dass Masken wirksam schützen. Obwohl gerade damit entsprechende Rechtsverordnungen vernünftig hätten begründet und *überzeugender* durchgesetzt werden können.

Überhaupt zu glauben, man könne auf umfangreiche klinische und labortechnische Untersuchungen verzichten, ist ein Irrtum. Denn fehlen solche Belege, unterminiert das die Glaubwürdigkeit von Politik und Wissenschaft gleichermaßen – und führt in der Folge zu leichtsinnigem Verhalten bei Maßnahmen, die die Verbreitung aerogener Erreger tatsächlich eindämmen. Also bei Maßnahmen wie:

1. Kontaktreduktion – Beschränkung von Anzahl und Frequenz persönlicher Kontakte.
2. Abstand – Dieser sollte zur Sicherheit mehr als 4 Meter betragen (Niesen)! Weil dies im Alltag kaum einzuhalten ist und größere Tröpfchen auch schon auf kürzerer Distanz sedimentieren, gibt man – willkürlich – 1,5 Meter vor. Hauptsächlich erfolgt die Infekti-



## Zum Autor

### Steffen M. Diebold

*ist unter anderem Fachapotheker für Öffentliches Gesundheitswesen, European Qualified Person für Arzneimittel und ehemals GMP-Inspektor der Europäischen Arzneimittel-Agentur EMA. Als solcher war er fast zwei Jahrzehnte in der Überwachung und Kontrolle international agierender Pharmakonzerne tätig.*



on aber durch Transgression kleinpartikulärer Aerosolwolken!

3. Hohe Luftwechselraten – Da sich kleinpartikuläre Aerosol-Fractionen mehrere Stunden in der Schwebe halten, ist es wichtig, Innenräume gut und regelmäßig mit Außenfrischluft zu durchlüften! Optimal ist ein Aufenthalt im Freien – was im Winter naturgemäß schwierig ist.

4. Erregerspezifische Impfungen.

**»Zwischen Tatsachen und Blödsinn gibt es keinen Kompromiss. Es existiert kein Recht auf Aberglauben.«**

Skandalös bei alledem ist beziehungsweise sind:

» Der vollkommen verspätete und halbherzige Versuch, besonders Vulnerable in Alten- und Pflegeheimen zu schützen. Stattdessen wurden – wenig fokussiert und wissenschaftlich unbegründet – generelle nächtliche Ausgangssperren verhängt. Vielleicht, weil bei individuellen Abendspaziergängen auf Feldwegen die Ansteckungsgefahr so hoch ist?

» Dass Effekte von Maßnahmen zum Infektionsschutz nicht systematisch evaluiert, Inzidenzen übers Wochenende unvollständig sowie Hospitalisierungsraten mit bis zu zwei Wochen Verzug gemeldet werden. Zehn Monate nach Start der Kampagne kannte das Robert-Koch-Institut (RKI) die Impfquote nur mit einer Unsicherheit von plusminus 5 Prozent. Das macht einen Unterschied von Millionen!

» Dass auch in Leitmedien Schlagzeilen irreführend formuliert werden – mal reißerisch, mal verharmlosend. Sowie dass schlampig recherchierte Angaben zu undefinierten Todesraten gemacht und verwirrende Botschaften zur Gefährlichkeit des Virus verbreitet werden.

» Das in Summe diffuse Pandemie-Management, die miserable Kommunikation und die mangelnde Systematik bei Meldung und Dokumentation der Erkrankungen und Todesfälle. Fallzahlen werden ohne Bezugsgrößen referiert und Inzidenzen nicht (wie etwa in Österreich) nach Impfstatus aufgeschlüsselt. Das erschwert nicht zuletzt auch Risikovergleiche zwischen SARS-CoV-2 und Influenza A.

» Dass man bisher immer wieder tausende vermeidbare Grippe-Tote achselzuckend als saisonales Naturereignis hingenommen hatte.

» Die meist katastrophalen hygienischen Zustände in deutschen Krankenhäusern: Jeder dritte Patient, der wegen ganz anderer Beschwerden eingeliefert wird, infiziert sich erst im Krankenhaus mit (nicht selten multiresistenten) Keimen. Ein Deutscher, der in eine nie-

derländische Klinik eingeliefert wird, musste daher schon vor Corona zuerst in Quarantäne.

Doch: Was kann man erwarten, wenn

» selbst im 21. Jh. noch immer allerhand Wundermittel (Homöopathika, Anthroposophika) ohne klinischen Wirksamkeitsnachweis und ohne die für Allopathika erforderliche arzneimittelrechtliche Zulassung in Verkehr gebracht und sogar zulasten der gesetzlich Krankenversicherten verordnet werden;

» allabendlich der Reizdarm-Schwachsinn mit seinen existenzbedrohenden Blähungen über die TV-Mattscheiben flimmert und damit eine offenbar breite Klientel an Blutentschlackern, Darmentgiftern und Datingfanatikern adressiert – man jedoch hierzulande nicht in der Lage ist, an stark frequentierten öffentlichen Orten überall berührungsfreie nutzbare Toiletten zu installieren. Das würde Infektionen aller Art reduzieren und wäre technisch kein Problem;

» Impfgegner glauben, Impfungen würden die Persönlichkeit verändern, Pädagoginnen und Pädagogen meinen, Masketragen würde die Kindesentwicklung stören und entgegen aller wissenschaftlichen Belege behauptet wird, die mRNA der Impfstoffe würde die DNA des menschlichen Erbguts schädigen;

» Ahnungslose von einer Corona-Diktatur faseln, ohne begriffen zu haben, dass solche Verlautbarungen in einer echten Diktatur erst gar nicht möglich wären!

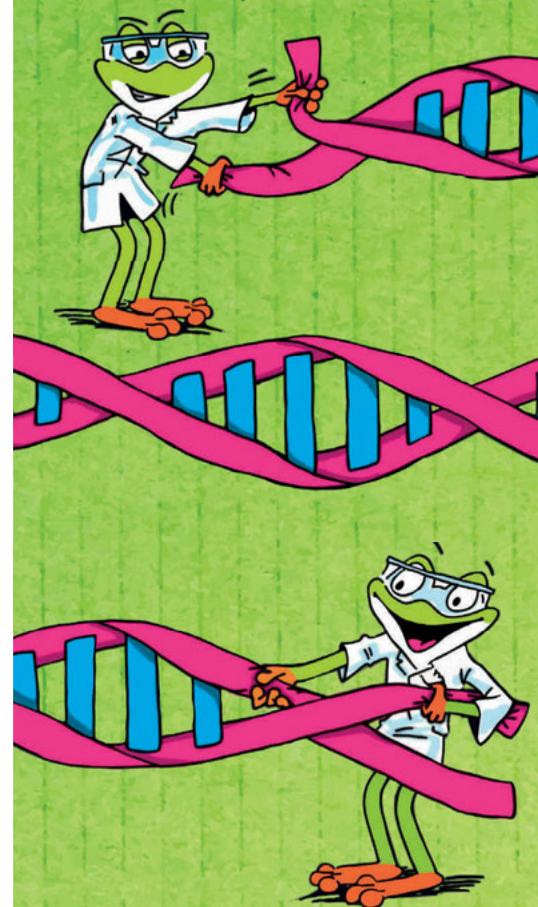
Auffällig viele gefälschte Atteste sind an Waldorfschulen und im Dunstkreis von Anthroposophen und Vertretern anderer Sekten in Umlauf. Auch die Impfquoten sind hier viel niedriger. Eine überzogene Rücksicht auf die esoterischen Befindlichkeiten dieser ganzheitlich-alternativen Szene kostet Tausenden zusätzlich das Leben. Doch anstatt hier für eine höhere Impfquote zu sorgen, sollen sich Geimpfte aus Solidarität mit den Impfgegnern ein drittes (viertes?, fünftes?, ...) Mal impfen („boostern“) lassen.

Leider erntet man daher nun in der Pandemie, was man jahrzehntelang gesät hat: Ein beliebiges Nebeneinander von Forschung und Aberglaube, von Wissenschaft und Esoterik musste in der Bevölkerung den Eindruck einer Gleichberechtigung jeglicher Aussagen erwecken. Ganz so, als wäre Vernunft oder Unsinn eben eine Frage des persönlichen Geschmacks, einer alternativen Weltanschauung. Doch zwischen Tatsachen und Blödsinn gibt es keinen Kompromiss. Es existiert kein Recht auf Aberglauben. COVID-19 wird nicht von 5G-Handymasten ausgelöst. Auch nicht vielleicht!

In der Folge stagnieren nun die Impfquoten. Und die lassen sich jetzt, nach Jahrzehnten boomender Esoterik, auch durch mehr „Kommunikation mit dem Volk“ nicht mehr wesentlich steigern.

neoFroxx  
Für ein grüneres Labor

**Auf die Plätze  
fertig  
prep!**



**Mehr Informationen zu  
unseren Nukleinsäure-  
Isolationskits**

# Auf steinigem Weg zur offenen Wissenschaft

VON WOLF BLANCKENHORN, ZÜRICH

*Wissenschaftliche Verlage entmachten, Universitäten und Forschungseinrichtungen stärken sowie Fachgesellschaften aufwerten – wenn dann noch das Wissenschaftspersonal selbst mitzieht, wäre der Weg frei für Open Science.*

Die Wissenschaft – genauer gesagt: die Wissenschaftskommunikation – durchläuft derzeit einen Paradigmenwechsel, der uns am Ende eines langen Tunnels eine offenere, gerechtere und diversere Wissensgesellschaft verspricht. Diese soll schließlich auch Wirtschaft und Politik nützen und den Fortschritt der Welt befördern. Die Rede ist von *Open Science*.

Damit ist vor allem das Fernziel einer allgemein offenen und kostengünstigen, wenn nicht gar kostenfreien Zugänglichkeit sämtlicher wissenschaftlicher Erkenntnisse dieser Welt gemeint – ähnlich beispielsweise der Zugänglichkeit von Musik. Allerdings erfordert dies eine radikale Umwälzung des derzeitigen Geschäftsmodells der Wissenschaftspublikation, die bereits im Gange ist – mit berechenbaren wirtschaftlichen Konsequenzen für verschiedenste Marktteilnehmer, insbesondere die Verlage. Aber auch der (Wissenschafts-)Journalismus als Ganzes, die Universitäten als Hauptarbeitgeber und -abnehmer, die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler selbst als Produzenten sowie ihre Standesorganisationen sind betroffen.

Wie so oft ist die neue Situation dem technischen Fortschritt geschuldet, in diesem Falle dem Siegeszug des Internets. Denn prinzipiell erlaubt das Internet bereits die freie Veröffentlichung aller möglicher kultureller Inhalte (Musik, Filme, Zeitungsartikel, ganze Bücher *et cetera*) von allen für alle. Kulturschaffende haben relativ einfache Möglichkeiten, ihre Inhalte für alle zugänglich ins Netz zu stellen.

---

»Die offene Wissenschaft ist eigentlich schon da – gäbe es nicht die mächtigen Wissenschaftsverlage.«

---

Gleichzeitig jedoch haben ihre Agenten, die Musik-, Film- oder Buchverlage, wie auch sie selbst, kaum noch Möglichkeiten, für ihre Dienstleistungen Geld zu verlangen und dieses effizient vom Kunden einzutreiben: Sie haben im Internet die Kontrolle über den Markt verloren. So sind viele traditionelle Publikationen (Bücher, Zeitschriften,

Ton- und Filmträger *et cetera*) schlicht überflüssig geworden. Auch wissenschaftliche Artikel werden nicht mehr gedruckt und in Bibliotheken für Spezialisten und die Öffentlichkeit gelagert und zugänglich gemacht. Folglich ist die offene Wissenschaft eigentlich schon da – gäbe es nicht mächtige Wissenschaftsverlage, die ihr traditionelles, bislang äußerst einträgliches Geschäftsmodell bewahren wollen [1]. Und auch die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler selbst, ihre Standesorganisationen, die Universitäten, die Politik, ja die ganze Gesellschaft – alle Stakeholder eben – kämpfen mit, allerdings auch *gegen* die notwendigen Anpassungen im System.

Über die andauernde Kampagne für eine offenere Wissenschaft (*Open Science*) ist bereits viel geschrieben worden [2, 3], was hier nicht alles wiederholt werden soll. Stattdessen möchte ich hier die Standpunkte der diversen, bereits oben erwähnten Interessengruppen diskutieren.

## Die wissenschaftlichen Verlage und ihre Zeitschriften

Die ersten wissenschaftlichen Fachzeitschriften entstanden bereits recht früh im 16./17. Jahrhundert, um die immer wichtiger werdende, notwendige wissenschaftliche Kommunikation der Fachleute untereinander zu ermöglichen (Beispiele sind das *Journal des Sçavans* oder die *Philosophical Transactions of the Royal Society*). Zuvor geschah dies hauptsächlich über persönliche, zum Teil von aufkommenden Fachgesellschaften organisierte Treffen – sowie über (wenige) wichtige Bücher, wie etwa Charles Darwins „*Origin of Species*“. Anfänglich gab es sehr wenige solche Zeitschriften, doch seit Ende des 19. Jahrhunderts bildeten sich, grob thematisch organisiert, mit der steigenden Anzahl von in der Wissenschaft Tätigen immer mehr davon heraus (beispielsweise *Zeitschrift für Physiologie*, *American Naturalist*, *Evolution*, *Ecology*, ...).

Dieser Prozess beschleunigte sich im 20. Jahrhundert ungemein, was zu unzähligen, oft thematisch, taxonomisch oder auch geographisch immer spezialisierteren Zeitschriften führte (etwa *Ecological Entomology*, *Jour-*

*nal of Thermal Biology*, *Journal of the American Mosquito Control Association*). Immer mehr Zeitschriften konnten – insgesamt weniger selektiv – immer mehr Artikel aufnehmen. Die Kommunikationssprachen reflektierten dabei die gängige kulturelle Dominanz der jeweiligen historischen Periode in der Wissenschaft – zuerst Latein, dann Französisch, Deutsch, schließlich Englisch.

---

»Die ursprünglichen Dienstleistungen der Verlage haben sich in nahezu Nichts aufgelöst.«

---

Wurden die Zeitschriften anfänglich noch zumeist von thematisch organisierten wissenschaftlichen Fachgesellschaften oder Universitäten im Selbstverlag herausgegeben, entwickelten sich vor allem nach dem Zweiten Weltkrieg immer mehr spezialisierte wissenschaftliche Verlage [1]. Seither verdienen diese Verlage mit ihrem Geschäftsmodell gutes Geld, vor allem da sich durch Zukäufe und Konsolidierung schließlich einige wenige große Verlage im naturwissenschaftlichen Markt durchgesetzt haben und diesen inzwischen nahezu monopolistisch dominieren (Wiley-Blackwell, Elsevier, Springer).

Das bis anhin gängige Geschäftsmodell basiert(e) auf der Bereitstellung einer gedruckten Plattform – eben der Zeitschrift –, um wissenschaftliche Studien nach Begutachtung von Experten im Peer-Review und abschließendem Redigieren zu verbreiten und allen interessierten Parteien zugänglich zu machen – vor allem natürlich der wissenschaftlichen Community. Nur selten werden diese (teuren) Journale von Privatpersonen abonniert (zum Beispiel von den Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern selbst, oder von Vereinen). Bis auf wenige Ausnahmen wie etwa dem *New Scientist* sind diese Journale auch nicht an interessierte Laien oder Journalisten gerichtet. Stattdessen wurden und werden wissenschaftliche Zeitschriften hauptsächlich von öffentlichen oder privaten Universitätsbibliotheken abonniert.





Logischerweise dürfen insbesondere gute und für einen Wissenschaftszweig wichtige Journale (*Nature*, *Science* & Co.) in keiner gut sortierten Bibliothek einer Forschungseinrichtung mit Anspruch fehlen – was den Wissenschaftsverlagen letztlich unzählige Abnehmer garantiert. Diese verlangten und erhielten von den Autoren (den Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern) einen Urheberschutz übertragen (Copyright), und so konnten sie sich ihr Produkt von den Bibliotheken teuer bezahlen lassen. Zumindest anfänglich war die damit verbundene Dienstleistung auch nicht banal: der Verlag organisierte den Peer-Review mit allem Schriftverkehr, redigierte den Artikel sprachlich, produzierte ein ansprechendes Layout der Abbildungen, druckte jeden Artikel auf Hochglanzpapier und sorgte für die weltweite Verteilung in die Bibliotheken.

Als ich meine wissenschaftliche Laufbahn in den 1980er-Jahren begann, tippete ich als Autor meine ersten Artikel noch auf Schreibmaschinen (oder den ersten Schreibtischrechnern), die zugehörigen Abbildungen wurden mit Tusche gezeichnet. Nach freier Wahl eines entsprechenden Journals für die Publikation (etwa die *Zeitschrift für Tierpsychologie*) sandte ich den fertigen Artikel in vierfacher Kopie per Post an den Hauptherausgeber der Zeitschrift – typischerweise ein Wissenschaftler (dazumal zumeist ein Mann), der für diese Dienst-

te jedoch keine Bezahlung, wohl aber viel Ruhm und Ehre einheimen konnte. Dieser musste mindestens zwei (eher drei) Fachgutachter finden, an die er die Kopien weiterschickte. Diese schrieben (wiederum kostenfrei) in der Regel anonyme Fachgutachten, aufgrund derer dann der Artikel entweder zurückgewiesen oder – nach allerhand Diskussion und Bearbeitung durch alle Parteien – letztendlich redigiert zum Druck akzeptiert wurde, um Monate später in der Zeitschrift zu erscheinen.

---

*»Die Auffassung der Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler zu diesen Umwälzungen ist einerseits erstaunlich gleichgültig, andererseits empört.«*

---

Dieser Prozess läuft aufgrund des technologischen Fortschritts inzwischen grundlegend anders ab. Wissenschaftliche Artikel werden nicht mehr auf Papier gedruckt und mühevoll verteilt, sondern irgendwo auf den Internetseiten der Verlage verankert. Den Großteil der Information geben die Autoren über Internetmasken selbst ein, und das Layout erledigen Maschinen. Der Peer-Review dagegen läuft, wenn auch inzwischen

entsprechend elektronisch und digital, immer noch ähnlich ab – weiterhin ohne direkte Bezahlung, versteht sich.

Folglich hat sich die Kostenstruktur der Publikation wissenschaftlicher Zeitschriften für die Verlage mittlerweile stark gewandelt: Deren ursprüngliche Dienstleistungen haben sich in nahezu Nichts aufgelöst, während die den Bibliotheken abverlangten Erlöse eher noch gestiegen sind [4]. Nichtsdestotrotz versuchen die etablierten Verlage im Internet ihr Geschäftsmodell, das heißt ihren Urheberschutz, zu bewahren – hauptsächlich indem sie den Zugang zu ihren Inhalten mit immer neuen Methoden zu verhindern wissen. An neuen Dienstleistungen fällt ihnen allerdings außer „Marketing“ wenig ein. Per Suchmaschine lassen sich einerseits wissenschaftliche Artikel inzwischen leicht finden, auch sehr alte Publikationen wurden inzwischen eingescannt – andererseits macht die schiere Masse derartiger Publikationen im Internet es immer mühsamer, Information von Werbung, richtig von falsch, gut von böse, Lüge von Wahrheit zu unterscheiden. Man orientiert sich daher an der Reputation der Autoren – und weiterhin der Journale.

Das Hauptproblem der etablierten Verlage ist der immense politische Druck der Open-Science-Bewegung gegen das etablierte Copyright-Modell. Beim alten Modell bezahlt nämlich der Leser, wenn auch indi-



rekt über die Beiträge der Universitätsbibliotheken. Dies ist inkompatibel mit der Idee des weltweit (kosten)freien Lesezugangs zu sämtlichen wissenschaftlichen Publikationen für alle, ob Spezialist oder Laie, wie etwa im europäischen PlanS vorgesehen [5, 6, 7]. Wie für Zeitungen und Journalisten, aber auch viele Künstler, stellt sich bei freiem Zugang zu ihren Produkten allerdings die Frage, wie die Verlage zur Bezahlung ihrer Dienstleistungen kommen.

## Die Produzenten der Wissenschaft

Womit wir bei den Produzenten wären, den Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern selbst. Das Alternativmodell sind nämlich Dienstleistungsbeiträge der Autoren, beziehungsweise ihrer Förderer (Forschungsfinanzierung) oder Arbeitgeber (Universitäten) – sogenannte Article Processing Charges (APCs). Dieses neue Geschäftsmodell wird bereits insbesondere von den zahlreichen neuen Internet-basierten Gold-Open-Access-Verlagen praktiziert, die wie Pilze aus dem Boden schießen [8].

Allerdings mutet dieses System absurd an, denn normalerweise werden Autoren, Journalisten oder Künstler für ihre Produkte bezahlt (Texte, Bilder, Musik *et cetera*), und müssen nicht noch für deren Publikation bezahlen. Zumal Autorinnen und Autoren im Zeitalter des Internets inzwischen nahezu die ganze Arbeit selbst machen können – über das Layout bis hin zum Aufladen und Marketing ihrer Schriften. Unzählige Blogs zeugen davon.

»Für diese Journale steht daher nicht unbedingt der fachliche Diskurs im Vordergrund, sondern eher Neues und Spektakuläres.«

Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler werden in der Regel von ihren Arbeitgebern, den Universitäten und Forschungseinrichtungen, ordentlich für Forschung, Lehre und Öffentlichkeitsarbeit bezahlt. Zudem erhalten sie großzügige Beiträge von zu meist öffentlichen Forschungsförderern (Deutsche Forschungsgemeinschaft, DFG); Schweizerischer Nationalfonds, SNF; Österreichischer Wissenschaftsfonds, FWF; ...). Die wissenschaftliche Veröffentlichung ist der notwendige abschließende Leistungsnachweis dieser Arbeit. Sollen diese Träger nun auch noch zusätzlich die Erträge der Verlage über APCs subventionieren, obgleich



## Zum Autor

**Wolf Blanckenhorn**  
ist Titularprofessor am Department für Evolutionsbiologie und Umweltwissenschaften der Universität Zürich. Bis 2021 war er Editor-in-Chief beim Journal of Evolutionary Biology.

sich deren Dienstleistungen sukzessive in Luft aufgelöst haben? (Inzwischen tun sie es, um den Systemwechsel zu forcieren!)

Die Auffassung der Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler zu diesen Umwälzungen ist einerseits erstaunlich gleichgültig, andererseits empört. Denn einerseits sind sie mit diesem System aufgewachsen und haben sich daran gewöhnt – sie bezahlen ja auch nicht selbst. Andererseits erfüllen sie unzählige Rollen in einem komplex gewachsenen Wissenschaftssystem, die nicht notwendigerweise kompatible Standpunkte befördern.

Ich selbst trage beispielsweise sehr viele unterschiedliche Hüte: Ich bin Lehrer, Forscher, Kommunikator, Museumsangestellter, Gruppenleiter, Chef, Manager, Organisator (beispielsweise von Ausstellungen oder Tagungen), Autor, Gutachter, Selbstdarsteller, Experte, Wissenschaftsjournalist ... Alles gleichzeitig oder nebeneinander. Ich produziere dauernd, beurteile ständig andere (nicht nur Studierende) und werde selbst beurteilt (Forschungsanträge, Stellenbewerbungen, Unterricht, wissenschaftliche Artikel, Dissertationen, Semesterarbeiten, ...). Habe ich heute einen wissenschaftlichen Artikel bei der Zeitschrift X eingereicht, kriege ich morgen vielleicht schon eine Anfrage von einer anderen Zeitschrift Z, den Artikel einer Kol-

legin zum selben Thema fachlich zu begutachten.

Professuren sind außerordentlich rar und heiß begehrt. Die Konkurrenz um Forschungsgelder ist groß, vor allem im anwendungsbezogenen Bereich, wo auch noch Patente locken. All dies trägt zum Ruf, zur Reputation von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern bei. Doch wie sollen sie in einem derartigen Umfeld ihre Objektivität bewahren? Dem System als Ganzem fällt die Qualitätskontrolle daher sichtlich schwer.

Für aktive Forscherinnen und Forscher (nicht alle Universitätsdozentinnen und -dozenten tun dies erfolgreich) haben sich ihre

Veröffentlichungen als das Maß ihrer Reputation etabliert. Dies bleibt ihr Hauptleistungsnachweis. Da das Gros der Forschung jedoch sehr spezialisiert ist, können eigentlich nur Fachkolleginnen und -kollegen diese Arbeit als Peers richtig beurteilen. Dies läuft über den Peer-Review in den Fachzeitschriften (siehe oben), die traditionell von Ständesorganisationen (siehe unten) herausgegeben beziehungsweise kontrolliert wurden. Die Logik dabei: Wenn ausgewiesene Spezialisten die Arbeit für gut befunden haben, erhöht dies den guten Ruf einer Person. Man delegiert sozusagen die Beurteilung an andere Spezialisten – eine häufige Strategie bei Personalentscheidungen, die durchaus sinnvoll ist.

Historisch hat sich eine Impact-Rangordnung von Zeitschriften mit unterschiedlicher Reputation etabliert, die auf die Autoren abfärbt. Dieser Impact-Faktor von Zeitschriften wird bei Evaluationen von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern gerne als Platzhalter genutzt. Als indirektes Maß reflektiert er nicht nur die Rolle als Artikelautor, sondern üblicherweise auch die Rolle als (in der Regel anonymer) Fachgutachter sowie den Grad der Vernetztheit einer Person in Fachzirkeln. Dazu müssten freilich die Gutachten ebenfalls publiziert werden, um einen offenen Diskurs zu ermöglichen – was bislang aufgrund von Geheimhaltungswünschen vieler Seiten nicht der Fall ist.

Nun hat sich der Impact-Faktor von Zeitschriften aufgrund der technologischen Entwicklung inzwischen stark verändert: Suchmaschinen messen einfach nur noch Zitationen (Aufrufe), ähnlich den „Likes“ der sozialen Medien. Zitationen sollten nach wie vor in irgendeiner Art und Weise die Qualität, Relevanz und Originalität eines Artikels, und damit in ihrer Gesamtheit den Ruf von Forscherinnen und Forschern definieren



und reflektieren. Am Ende geht es jedoch oft nur noch um Zitationshäufigkeiten, die vor allem die Popularität von Modethemen in der Wissenschaft widerspiegeln und sich zudem zwischen Fachgebieten und Personen derart unterscheiden, dass sie schlecht für direkte Vergleiche taugen.

Obgleich man folglich mittlerweile Aufrufe von einzelnen Publikationen gut messen kann (sogenannte „Altmetrics“) und das Journal als Träger damit eigentlich zweitrangig geworden ist, wird dennoch der viel indirektere Impact gewisser traditionell prominenter Zeitschriften (zum Beispiel *Nature*, *Science*) entgegen jedweder Vernunft weiter als Qualitätskriterium bei der Evaluation von Einzelpersonen genutzt [9, 10]. Dies vor allem auch deshalb, weil es inzwischen sehr viele kommerzielle, also nicht mit Fachgesellschaften verbundene, Zeitschriften auf dem Markt gibt, die unter Umständen andere Publikationskriterien haben oder einfach nicht selektiv und kritisch genug sind.

Andererseits gab es früher ebenfalls schon überfachliche wissenschaftliche Zeitschriften (wie etwa *Nature*), die spätestens heutzutage eher das (durchaus sinnvolle) journalistische Ziel haben, wissenschaftliche Resultate auch in der Öffentlichkeit und Po-

litik zu verbreiten. Auch für diese Journale steht daher nicht unbedingt der fachliche Diskurs im Vordergrund, sondern eher Neues und Spektakuläres. Ist die Mehrheit einer Berufungskommission nicht vom Fach (wie inzwischen üblich), (er)kennen die meisten nur diese Zeitschriften und ihr Renommee. So entscheiden letztlich (Wissenschafts-)Journalisten, was an die Öffentlichkeit kommt und wer Professorin oder Professor wird.

All diese Entwicklungen befördern letztlich die Popularisierung der Wissenschaft: Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler werden zu Popstars. Ob dies der Sache dient, ist zu bezweifeln.

### Die Fachgesellschaften (Standesorganisationen)

Die klassischen Journale der Fachgesellschaften gibt es noch, doch sie verlieren zunehmend Autoren und Einfluss. Zu viele andere Wissenschaftszeitschriften gibt es mittlerweile, sodass sich selbst Erfahrene nicht mehr gut zurechtfinden. Es sollte jedoch klargestanden sein, dass der Ruf ganzer Wissenschaftszweige wie auch einzelner Personen sehr stark von der Beurteilung durch die Kollegenschaft abhängt – und auch abhängen sollte. Deshalb

ist deren Organisation in Fachgesellschaften so wichtig und ihre Mitwirkung beim Peer-Review essentiell.

»Als Fazit lässt sich feststellen, dass viele der neuen kommerziellen Open-Access-Journale nicht gebraucht werden.«

Nun hat sich die Zahl der Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler weltweit derart stark erhöht, dass es inzwischen sehr viele solche Gesellschaften gibt. Diese thematische, geographische, eventuell auch politische Diversifizierung hat nicht nur Vorteile, da die notwendige Vernetzung dadurch eher erschwert wird. In der Praxis sind die meisten Leute in mehreren Fachgesellschaften aktiv und begutachten Artikel vieler verschiedener Zeitschriften. So werden einzelne Spezialisten mit gutem Ruf schnell überfordert: Sie lehnen daher viele Begutachtungen ab, sodass letztlich Cliquen entstehen. Andererseits werden viele Artikel nicht von kompetenten Spezialisten oder gar nicht beurteilt. Inzwischen können alle ihre wissenschaftli-



## Professionell gekühlt. Präzise und sicher.

Der Schutz hochsensibler Substanzen hat im Labor oberste Priorität. Die professionellen Kühl- und Gefriergeräte von Liebherr sind speziell für diese hohen Anforderungen entwickelt. In Verbindung mit SmartMonitoring gewährleisten sie die absolut sichere Lagerung Ihrer wertvollen Proben. So haben Sie den Kopf frei für das, was Ihnen am Herzen liegt: Ihre Forschung. Entdecken Sie maximal sichere Kühllösungen für Ihr Labor auf [home.liebherr.com/ScientificHealthcare](http://home.liebherr.com/ScientificHealthcare)

# LIEBHERR

Scientific and Healthcare



chen Artikel ohne Begutachtung auf sogenannte Preprint-Server laden. Dieser resultierende Wildwuchs behindert die Qualitätskontrolle sowie die notwendige Internationalisierung und Koordinierung der Wissenschaft als Ganzes. Und es bestehen historische Chauvinismen fort. Dass derzeit wissenschaftliche Artikel fast ausschließlich auf Englisch veröffentlicht werden (müssen), ist beispielsweise für viele bereits ein solcher Kulturchauvinismus, denn eine Mehrheit muss zumindest eine Fremdsprache gut beherrschen [11, 12, 13].

Somit ist die Reorganisation des Peer-Review zur Hauptaufgabe geworden, ansonsten bricht das etablierte Platzhalter-System der Beurteilung von Wissenschaft zusammen. Schon allein deshalb sollten Platzhalter nicht mehr die frühere Rolle bei der Beurteilung von wissenschaftlichen Leistungen spielen: Komplexe Situationen erfordern komplexere Evaluationen [9].

Ferner bedeutet Open Science natürlich mehr als nur offener Zugang zu sämtlichen wissenschaftlichen Publikationen für alle. Es bedeutet auch offenen Zugang zu allen Rohdaten sowie den unterliegenden theoretischen Modellen und statistischen Analysen. Ein durchaus sinnvolles, aber gigantisches Unterfangen – selbst im Zeitalter von Clouds und Big Data.

Traditionell war dies indes keineswegs der Standard. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler haben ihre Daten behütet wie ihre eigenen Kinder, denn viel Energie, Zeit und Geld fließt in ihre Produktion – von kommerziellen Patenten gar nicht zu reden. So wurde die Veröffentlichung zu einer mehr oder weniger gut erzählten und verkauften Berichterstattung der hochverarbeiteten Daten. Ohne die zugehörigen (Roh-)Daten und (Roh-)Analysen lässt sich jedoch keine wissenschaftliche Arbeit richtig beurteilen, und auch unlauteres Verhalten nicht aufdecken.

Insgesamt ist die Rolle der wissenschaftlichen Fachgesellschaften in diesem Zusammenhang also durchaus zwiespältig. Obgleich sie als legitime Hüter und Lotsen des wissenschaftlichen Qualitätsmanagements und Diskurses fungieren, hängen viele zugleich am wirtschaftlichen Tropf der Verlage, die sie mittlerweile an ihren Profiten aus dem Verkauf von Abonnements an Universitätsbibliotheken beteiligen. Über den traditionellen Peer-Review hinaus fördern Fachgesellschaften nämlich mit ihrem Einkommen die Wissenschaft in vielerlei Weise. Beispielsweise subventionieren sie die Organisation von inzwischen recht teuren wissenschaftlichen Konferenzen oder Workshops, wie auch sehr direkt den wissenschaftlichen Nachwuchs in vielfältiger Weise. Sie haben so ihren Einflussbereich ausgedehnt, brauchen dazu aber auch finanzielle Mittel über die traditionellen Mitgliedsbeiträge hinaus, die alleine nicht sehr weit tragen.

Als Fazit lässt sich feststellen, dass viele der neuen kommerziellen Open-Access-Journale nicht gebraucht und mittelfristig wohl auch wieder eingehen werden – spätestens wenn die Geldgeber via Autoren keine APCs mehr zahlen. Gleichzeitig sollten die überfachlichen Zeitschriften sich auf ihre journalistische Hauptaufgabe des Transfers wissenschaftlicher Erkenntnisse in die Öffentlichkeit konzentrieren, anstatt selbst Wissenschaft zu publizieren – so wie es etwa *Scientific American* oder *New Scientist* tun. Schließlich sind es nach wie vor die traditionellen Journale von in föderaler Weise organisierten und vernetzten Fachgesellschaften, die den besten Peer-Review garantieren, da sie von den relevanten Fachleuten unterstützt werden.

## Die Arbeitgeber und Finanzierer

Es sollte klargeworden sein, dass viele Geldströme im derzeitigen Wissenschafts-

system sehr indirekt fließen. Dies macht es für Laien undurchsichtig. Letztlich zahlen die Hauptarbeitgeber der Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler die Zeche: die Universitäten und Forschungseinrichtungen sowie die Forschungsförderinstitutionen. Grundlagenforschung wird hauptsächlich universitär und öffentlich finanziert, somit durch den Steuerzahler. Die Forschung privater Unternehmen ist dagegen mehrheitlich Produktentwicklung, wobei selten offen veröffentlicht wird, denn man will ja mit Resultaten und Patenten selbst Geld verdienen und gerade nicht teilen. Dies betrifft zum Teil auch Fachhochschulen (Polytechnics, Universities of Applied Science), die ja oft mit privaten Firmen und Geldgebern zusammenarbeiten (müssen), dafür ihren Absolvierenden und Absolventen Arbeitsplätze verschaffen können, ihre Erkenntnisse jedoch oft nicht publizieren (dürfen). Deren Anreizstruktur unterscheidet sich daher fundamental von derjenigen der akademischen Universitäten.

---

»Die Universitäten subventionieren Fachgesellschaften und Journale über die ehrenamtliche Arbeit ihrer Angestellten.«

---

Die Finanzierung des wissenschaftlichen Publikationswesens durch die arbeitgebenden Universitäten geschieht über mindestens zwei Kanäle. Erstens arbeiten viele Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler in Fachgesellschaften sowie für deren Journale als Herausgeber (Editor) oder Gutachter (Reviewer), ohne ein direktes Gehalt dafür zu beziehen. Bei mir mach(t)en solche Tätigkeiten etwa 10 bis 15 Prozent meines Gesamtpensums aus, doch schwankt dies stark je nach Engagement. Das



heißt, die Universitäten subventionieren Fachgesellschaften und Journale über die ehrenamtliche Arbeit ihrer Angestellten. Zweitens unterhalten zumindest forschungsorientierte Institutionen umfangreiche Fachbibliotheken, die letztlich viele teure (gedruckte) Fachzeitschriften abonnieren, die ihre Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter für ihre Forschungsarbeit benötigen und aus denen sich die Profite der Verlage speisen. Das Budget meiner Universität dafür geht in die Millionen. Die Universitätsbibliotheken bezahlen so die Verlage, subventionieren aber auch (indirekt) die Arbeit der Fachgesellschaften. Dies obwohl im Zeitalter des offenen Zugangs zu aller (neuen) Fachliteratur im Internet traditionelle Bibliotheken theoretisch nicht mehr notwendig sind, außer für die nicht wenigen „alten“ Bücher und Zeitschriften, die noch nicht elektronisch gescannt verfügbar sind.

»Auch die Fachgesellschaften parasitieren das reguläre Einkommen ihrer meist ehrenamtlich tätigen Mitglieder.«

Die Universitätsbibliotheken würden daher liebend gerne die finanzielle und inhaltliche Kontrolle über offene Wissenschaftspublikationen auf (Pre-)Print-Servern von den Verlagen übernehmen, das Know-how dazu haben sie. Dazu haben die Bildungsinstitutionen ja bereits das (bezahlte) Mandat, Öffentlichkeit und Politik aufzuklären. Und die Qualitätskontrolle über den Peer-Review läge dann, über die Fachgesellschaften, auch bei ihnen.

Resultat wären somit neu erfundene digitale Universitätsverlage – und damit wären wir wieder dort, wo einmal alles anfang (siehe oben). All dies geschieht bereits [5, 14, 15]. Und auch direkt öffentlich geförderte sowie von Verlagen unabhängige Webplattformen für den Peer-Review gibt es bereits – zum Beispiel die französische „Peer Community in“ (PCI, *peercommunityin.org*), die in etwa die Rolle einer neuartigen digitalen Fachgesellschaft einnimmt.

Der technologische Fortschritt und Open Science versprechen somit erhebliches Sparpotential für die Universitäten bei den Bibliotheken – wie auch mehr Einfluss. Dies ist auch recht so, denn sie müssen ja letztlich gegenüber der Öffentlichkeit auch für die Arbeit ihrer Forschungstätigen geradestehen, die sie bezahlen. Die großen Wissenschaftsverlage versuchen derweil, ihre alten Sammel-Pauschalabonnements weiterhin zu verkaufen und gleichzeitig kostenpflichtige Übergangsangebote mit offenem Zugang anzubieten – auch damit die beliebten traditionel-

len Journale der Fachgesellschaften keine Kunden verlieren (sogenanntes Hybrid-System). Denn der Druck der nationalen Forschungsförderer auf die Wissenschaft wächst, gemäß PlanS nur noch Open-Access-Publikationen zu akzeptieren.

### Fazit: Die Ökonomie der Wissenschaftspublikation – Wer bestellt, bezahlt nicht!

Die Geldflüsse in der wissenschaftlichen Publikationslandschaft sind offensichtlich undurchsichtig. Es ist jedoch wert, zumal als direkt Beteiligte, sich damit auseinanderzusetzen, will man den anstehenden Paradigmenwechsel hin zu Open Science wirklich verstehen. Musik- und Film-Industrie wie auch die Presselandschaft haben diesen Paradigmenwechsel ja schon früher durchgemacht. So kann man sich denken, in welche Richtung „der Markt“ alles regeln wird.

Die Wissenschaftsverlage, über Jahrzehnte (wenn nicht Jahrhunderte) gewachsen und auch wieder gestorben, haben lange gut vom System gelebt. Allerdings haben sie handfeste ökonomische Interessen und taugen daher nicht als Gralshüter der Qualitätskontrolle, denn sie verfolgen hauptsächlich wissenschaftliche wie auch kommerzielle Modeströmungen. Zwar geben die Verlage einigen (Ex-)Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern Arbeit, etwa als geschäftsführende Editoren von Zeitschriften, und auch die vielen involvierten Forschungsaktiven kriegen inzwischen hie und da einen kleinen Zustupf für ihre Dienste als Gutachter oder Herausgeber. Alles in allem jedoch haben die Verlage die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler lange genug regelgerecht ausgenutzt und von anderen bezahlen lassen, um ihre Erträge zu steigern. Letztere wiederum haben sich gerne ausnutzen lassen, da sie ja sowieso bezahlt wurden und diese Tätigkeit korrekterweise als Teil ihrer Stellung begriffen. Vor allem können sie über Gutachter Tätigkeiten für Journale Hintergrundinformationen erhalten und so Einfluss gewinnen auf den Lauf der Wissenschaft – letztlich ihr Kerninteresse (nicht zuletzt auch, um sich selbst zu vermarkten).

Die wissenschaftlichen Fachgesellschaften sind als Gralshüter der Qualität tatsächlich fachlich und demokratisch legitimiert – sofern auch alle Forscherinnen und Forscher mitmachen, was leider nicht immer der Fall ist. Doch die Mitgliederbeiträge allein reichen für ihre Aktivitäten bei weitem nicht aus, um ihnen den gebührenden Einfluss zu ermöglichen. Auch sie parasitieren das reguläre Einkommen ihrer meist ehrenamtlich tätigen Mitglieder – oder sie hängen am Tropf der Verlage, die sie mehr oder weniger am Profit ihrer Fachzeitschriften beteiligen.

Die Universitäten und Forschungseinrichtungen sowie die Forschungsförderungsorganisationen schließlich zahlen die Zeche – in Europa meist öffentlich finanziert. Sie sollten am ehesten am guten Ruf ihrer Forschenden und Lehrenden interessiert sein, da gerade dieser die Reputation der gesamten Institution maßgeblich prägt sowie die Zahl und Qualität ihrer Studierenden („Kunden“) bestimmt. Dazu trägt auch deren ehrenamtliche Tätigkeit für die wissenschaftliche Qualitätskontrolle in Fachgesellschaften bei, die Forschungsinstitutionen daher gerne subventionieren sollten. Allerdings stehen die Universitäten selbst auch unter ständigem ökonomischen Druck, je nach politischer Lage. Und so würden sie gerne auf die horrenden Gebühren für ihr riesiges Zeitschriftenarsenal verzichten – in einer schönen, neuen, offenen Wissenschaftswelt.

## Referenzen

- [1] [www.theguardian.com/science/2017/jun/27/profitable-business-scientific-publishing-bad-for-science](http://www.theguardian.com/science/2017/jun/27/profitable-business-scientific-publishing-bad-for-science)
- [2] Stern B.M. & O'Shea E.K., 2019, *PLoS Biol.* 17(2): e3000116
- [3] Eisen M. et al., 2020, *eLife* 9: e64910
- [4] Alizon S., 2018, *Trends Ecol. Evol.* 33(5):301-3
- [5] [www.coalition-s.org](http://www.coalition-s.org)
- [6] Ellers J. et al., 2017, *J. Sch. Publ.* 49(1): 89-102
- [7] Ensenrink M., 2017, *Science* 355: 1357
- [8] McNutt M., 2019, *PNAS* 116 (7): 2400-3
- [9] <https://sfdora.org>
- [10] Brembs B., 2019, *PLoS Biol.* 17(2): e3000117
- [11] Gordin M.D., 2015, *Scientific Babel: How science was done before and after global English*, University of Chicago Press
- [12] Nuñez M.A. et al., 2019, *J. Appl. Ecol.* 56, 4-9
- [13] Lund B.D., 2021, *Account. Res.* 29(4): 1-9
- [14] [www.openaire.eu/item/open-access-to-publications-in-horizon-2022](http://www.openaire.eu/item/open-access-to-publications-in-horizon-2022)
- [15] Webseiten des Schweizerischen Nationalfonds (<http://p3.snf.ch>) sowie der Universität Zürich (<https://zora.uzh.ch>)

# Alles halb so wild

VON HANS ZAUNER, DACHAU



*Forschungsergebnisse offener, transparenter und schneller kommunizieren – und dabei alte Zöpfe abschneiden: Dass das möglich ist, beweisen Preprints, Open Access und Co. Aber da geht noch viel mehr.*

Neulich teilte der britische Neurowissenschaftler Chris Chambers auf Twitter folgende Anekdote:

*Sagt ein Biologe: „In meiner Disziplin sind wir nicht bereit für Literatur, die auf Preprints basiert. Klar, die Journale haben Nachteile. Aber sie helfen uns herauszufinden, was wichtig ist. Und wir brauchen sie, um Leute für Jobs auszuwählen.“*

*Darauf ein Physiker: „Wenn WIR jemanden anstellen, lesen wir einfach die Preprints.“*

Im Lauf der weiteren Unterhaltung über das Publizieren im Allgemeinen soll der Physiker dann noch eingeworfen haben: „Oh ja, so hatten wir das in den 1950ern auch gemacht.“

Es ist paradox: Bioforscherinnen und -forscher liefern sich Rennen, wer seine Finger zuerst an die modernsten Methoden und Geräte bekommt – wer schafft als Erster die neueste Generation hochauflösender Mikroskope an, wer analysiert Datenberge mit den schnellsten Supercomputern. Und winzige Kästchen, nicht viel größer als ein USB-Stick, sequenzieren heute ganze Genome.

Aber wenn es darum geht, die mit High-tech zusammengeforschten Ergebnisse zu veröffentlichen, öffnet sich ein Fenster im Raum-Zeit-Kontinuum. Der Weg, auf dem Resultate der Lebenswissenschaften in die (Fach-)Welt kommuniziert werden, unterscheidet sich heute meist nicht wesentlich von den späten Neunzigerjahren, als ein beliebter Internet-Browser „Netscape Navigator“ hieß. Und jedes Mal, wenn in den ver-

gangenen 25 Jahren neue Ideen aufkamen, wie man den verkrusteten Publizier-Bumms besser organisieren könnte, sprangen sofort Bedenkenträger und Mahner auf. Artikel, die im Internet herumschwirren, anstatt auf Papier in einer Bibliothek zu verstauben, könnten komplett verloren gehen. Chaos bräche aus, wenn man das altherwürdige anonyme Peer-Review-Verfahren der ebenso altherwürdigen Journale infrage stellt. Man könne doch ungeprüfte Manuskripte nicht einfach so als „Preprint“ ins Internet stellen. Und Open Access führe dazu, dass gegen Bezahlung jeder Müll Eingang in die seriöse Literatur finde. Überhaupt könnte uns der Himmel auf den Kopf fallen.

---

*»Open Access führe dazu, dass gegen Bezahlung jeder Müll Eingang in die seriöse Literatur finde.«*

---

Die These dieses Essays ist:

Die ersten zaghaften Revolutionschritte im akademischen Publikationswesen haben bewiesen, dass ein Großteil dieser Sorgen und Befürchtungen unbegründet war. Digitale Publikationen, Open Access, Preprints, Open Review und Open Data sind ein gewaltiger Fortschritt, weil die real existierenden Vorteile und Chancen die oft nur imaginierten Nachteile und Risiken deutlich übertreffen. Und wenn

das so ist, wenn das am Ende also alles halb so wild ist wie gedacht, dann ist jetzt vielleicht sogar eine richtige Revolution drin.

Es gibt sicher *Laborjournal*-Lesende, die noch nicht das Vergnügen hatten, ein Paper bei einer akademischen Zeitschrift einzureichen. Für diesen Leserkreis will ich noch mal klarmachen, über welche byzantinischen Zustände wir hier reden. (Alle anderen dürfen den folgenden Absatz überspringen.)

## Die deprimierende Ausgangslage

Der traditionelle Weg vom Manuskript zur Veröffentlichung sieht etwa so aus:

Ist ein Forschungsprojekt publikationsreif, müssen sich die Autorinnen und Autoren entscheiden, welcher Fachzeitschrift sie ihr Manuskript anvertrauen wollen, denn die archaischen Regeln verbieten, ein Paper zeitgleich zu mehreren Journalen zu schicken.

Dank Internet und sozialen Medien ist es für die Verbreitungschancen eigentlich fast egal, wo man ein Paper veröffentlicht – möchte man meinen. Über PubMed und Google Scholar werden die Kollegen die Arbeit schon finden. Selbst einflussreiche und Nobelpreis-gewürdigte Arbeiten erschienen in „kleinen“ Journalen mit einem mickrigen Journal-Impact-Faktor (JIF).

Allerdings gibt es eine Renommee-Hierarchie, die auf eben diesem JIF beruht, der – kurz gesagt als Maß dafür dient, wie oft ein Artikel





einer Zeitschrift, „im Durchschnitt“ zitiert wird. Wenn Forscher die Wahl haben, publizieren sie daher meist lieber in einem Journal mit hohem JIF – das mehr tatsächlich oder wenigstens vermeintlich die Chancen auf Fördergeld und macht sich gut im Lebenslauf. Die überstrapazierte Maßzahl sagt aber gar nichts aus über die Qualität eines einzelnen Artikels einer Zeitschrift oder gar über die Kompetenz der Autoren. Das wurde hier im *Laborjournal* und anderswo schon oft im Detail besprochen, deshalb erspare ich mir hier eine detaillierte Ausführung dieses leidigen Themas.

»Für Autoren bedeutet Peer-Review: Warten und bangen ... – und sich am Ende oft ärgern.«

Wenn die Editorin des Journals der Wahl einen neu hereingeflatterten Artikel nicht sofort ablehnt, beginnt das Hochamt des wissenschaftlichen Publizierens – der Peer-Review. Will heißen: Die Editorin bettelt mit zunehmender Verzweiflung diverse Kollegen an, bis sich mindestens zwei bereit erklären, ein Gutachten zu schreiben. Aber nur, sobald sie die Zeit dafür finden. Also zum Beispiel an einem Freitagnachmittag in drei bis acht Wochen. Denn üblicherweise stapeln sich schon andere Manuskripte auf dem Schreibtisch der gefragten Expertinnen und Experten, und ihre eigentli-

che Arbeit in Lehre und Forschung will ja auch erledigt werden.

Am Ende bekommen nur Editorin und Autoren die Gutachten zu sehen, und wer sie geschrieben hat, bleibt ein Redaktionsgeheimnis. Das bedeutet: Nach einer Ablehnung beim Journal der ersten Wahl fängt der Zirkus bei einer anderen Zeitschrift wieder ganz von vorne an. Und wenn man sich dann sklavisch an die „Instructions for Authors“ hält, muss man vor der nächsten Einreichung auch noch diversen Nervkram machen, wie etwa das beliebte Spiel „Referenzen gemäß Journal-Style formatieren“.

Für Autoren bedeutet Peer-Review vor allem: Warten und bangen ... – und sich am Ende oft ärgern über vermeintlich inkompetente anonyme Gutachter oder Gutachterinnen.

Sinn dieser etablierten Prozedur ist einerseits die Qualitätskontrolle und andererseits eine sinnvolle Sortierung. Im Bioinformatik-Journal erscheint nur Bioinformatik, im Pflanzenphysiologie-Journal nur Pflanzenphysiologie. Beides – Qualitätskontrolle und thematische Sammlung – könnte man allerdings auch *nach* der Publikation erledigen, das wäre entspannter. Falls Fehler in der ungeprüften Version auftauchen, könnte man sie ja einfach in einer „Version 2“ korrigieren. Aber dazu später mehr.

Zuvor noch der Gipfel der Absurdität: Wenn der Peer-Review nach diversen Revisionen ein glückliches Ende hat, verstecken traditionelle Journale den auf Herz und Nieren geprüften Artikel hinter einer Paywall, deren Preisstruktur eine ausgesprochen perfide Gestaltung aufweist. Der Zugang zu einem einzelnen Artikel ist für einen individuellen Nutzer abschreckend teuer – niemand zahlt 35 Euro, um ein Paper zu lesen. Und der Preis für ein Bündel von Zeitschriften, mit Nutzungsberechtigung beispielsweise für eine ganze Uni, bewegt sich in schwindelerregenden Höhen.

Nicht zu vergessen: Von Formatierung und Tippfehler-Beseitigung mal abgesehen erledigen üblicherweise andere Forscherinnen und Forscher die wesentliche Arbeit, also den Peer-Review. Und zwar für umsonst.

Wenn es in der Arbeitsgruppe jemanden gibt, die sich mit Layout-Programmen auskennt, bekommt man übrigens ein mindestens genauso schönes PDF hin wie Elsevier, Wiley oder Springer *et al.* Tatsächlich habe ich

schon von Autoren gehört, die sich beschwerten, dass ihr eigenes, in liebevoller Handarbeit gefertigtes LaTeX-Manuskript sauberer formatiert war als der letztlich semi-automatisch erstellte Artikel des Verlags.

»Das traditionelle Biotop der akademischen Zeitschriften ist ein dahinsiechendes Relikt aus alten Zeiten.«

Halten wir fest: Das traditionelle Biotop der akademischen Zeitschriften ist ein dahinsiechendes Relikt aus Zeiten, als die Journale auf Papier erschienen. Die Verlage haben – bisher durchaus profitabel – versucht, dieses Geschäftsmodell in die digitale Welt zu retten.

## Revolution #1: Digitale Publikationen

Die Wissenschaft hat lange gebraucht, sich vom Papier zu lösen. Besonders zögerlich waren beispielsweise die Zoologen, als es um Erstbeschreibungen neuer Arten ging. Bis 2012 (!) war es nicht regelkonform, wissenschaftliche Namen für neu entdeckte Tierarten in rein digital erscheinenden Journalen zu veröffentlichen, der „International Code for Zoological Nomenclature“ sah dafür gedruckte Kopien vor. Das hatte zur Folge, dass Artnamen „gültig“ waren, die in obskuren, selbst verlegten Zeitschriften in Kleinstauflage gedruckt wurden – nicht aber solche, die in einem seriösen Digital-Journal erschienen.

Die Begründung: Beschreibungen mit neuen Artnamen sollen auch nach Jahrzehnten und Jahrhunderten auffindbar sein. Und was passiert mit elektronischen Papern, wenn ein Journal nicht mehr existiert?



## Zum Autor

**Hans Zauner** ist promovierter Biologe und als Editor für das Open-Access-Journal *GigaScience* tätig. Die hier vorgetragene Meinung ist ausschließlich seine eigene.

tiert und die Website abgeschaltet ist? Die Frage ist berechtigt. Allerdings haben Bibliotheken und Verleger längst Systeme für eine sichere Archivierung wissenschaftlicher E-Publikationen entwickelt (ein Stichwort dafür lautet LOCKSS – „Lots of Copies Keep Stuff Safe“). Und zur Sicherheit hat die Zoologie-Community noch ihre eigene Datenbank für Artnamen aufgebaut. 2012 wurde endlich – nach jahrelanger Diskussion – eine Ergänzung des Nomenklatur-Kodex beschlossen, die es erlaubt, neue Artnamen auch digital zu verkünden.

Also: Geht doch!

## Revolution #2: Open Access

Digitale Publikationen bereiten den Weg für die „Open-Access“- (OA-) Bewegung. Anstatt Geld für Abonnements zu verlangen, stellen OA-Zeitschriften ihre Inhalte zur freien Nutzung ins Netz und finanzieren sich anderweitig – zum Beispiel über Gebühren, die von den Autoren eingetrieben werden. Die Vorteile liegen auf der Hand, denn eine bestmögliche Verbreitung ihrer Werke ist im Interesse der Forschenden, die möglichst viele Leser erreichen, mit der Publikation aber kein Geld verdienen wollen. Auch das Argument, dass öffentlich finanzierte Forschung öffentlich zugänglich sein muss, ergibt Sinn.

Aber der OA-Bewegung schlug Skepsis entgegen: Wenn Journale von den Gebühren der Autoren leben, wieso sollten sie dann überhaupt noch Artikel ablehnen? Wird dann jeder Müll gegen Geld publiziert? Ja, es gibt Predatory Journals, die den Anschein seriöser Journale erwecken, aber ohne Qualitätskontrolle jeden Quatsch publizieren. Aber die Abzocker sind insgesamt eher eine lästige Randerscheinung. Autorinnen und Leser können nämlich sehr wohl unterscheiden, welche Journale seriös sind und welche nicht – genauso wie im Abonnement-Modell, wo es längst auch nicht alle mit der Qualitätskontrolle so genau nehmen.

*»Es bleibt ein Geheimnis, ob ein Paper gründlich oder schlampig begutachtet wurde.«*

Dass OA-Journale solide Wissenschaft veröffentlichen und langfristig bestehen können, das jedenfalls haben Zeitschriften wie diejenigen der PLoS- und BioMedCentral-Familien (und viele andere) längst bewiesen.

Auch die großen Verlage haben letztlich einsehen müssen, dass an Open Access kein Weg vorbeiführt. Nur lassen Elsevier und Co. ungern von ihren exorbitanten Profitmargen

ab und kalkulieren die Publikationsgebühren meist nicht nach tatsächlichen Kosten, sondern nach dem erprobten Kapitalistenprinzip: „Wir verlangen, was immer der Markt hergibt.“ Je höher die Reputation eines Journals (Impact-Faktor!), desto mehr Geld kann man den Autoren abnehmen. Eine Kugel Eis in einer Bar auf dem Markusplatz in Venedig kostet schließlich auch das Vielfache dessen, was

fentlichungen können für Verwirrung sorgen. Beispielsweise kam in den ersten Wochen der COVID-19-Pandemie ein seltsamer Preprint heraus, der über Ähnlichkeiten zwischen SARS-CoV-2 und HIV berichtete. Das war falsch, der Preprint wurde zurückgezogen. Aber zugegeben: Es ist schwierig, solche Ideen wieder aus der Welt zu schaffen – vor allem, wenn Verschwörer-Kreise darauf aufmerksam werden.



man für ein Eis vergleichbarer Qualität in einem deutschen Kleinstadt-Café bezahlt.

Wie setzt man Open Access also am besten um, sodass die Wissenschaft profitiert und nicht über den Tisch gezogen wird? Welches ist die Rolle von Verlagen, was darf deren Dienstleistung pro Artikel oder pro Uni kosten, und was könnten Forscher und Bibliotheken mit eigener Infrastruktur selbst stemmen? Das ist noch ein Experimentierfeld, und dieses Fass will ich hier gar nicht weiter aufmachen. Aber halten wir fest: Entgegen manchen Unkenrufen ist das Prinzip Open Access eine Erfolgsgeschichte.

## Revolution #3: Preprints

Texte und Grafiken ins Internet stellen, geht schnell und kostet quasi nichts. Wieso also warten, bis Gutachter zu Potte kommen, wenn man das Werk schon vorab öffentlich teilen kann – etwa über Preprint-Server wie arXiv oder bioRxiv? Dann können die Kollegen die Resultate in der Autorenversion lesen und nutzen, und die Autoren bekommen eventuell Hinweise für ein Update des Artikels. Den Peer-Review bei einem Journal kann man viel entspannter angehen, wenn alle Kollegen den Artikel eh schon lesen und zitieren können – und nein, es spricht in der Regel nichts dagegen, Preprints als Quelle zu zitieren wie ein „richtiges“ Paper.

Es hat gedauert, aber spätestens im Zuge der COVID-19-Pandemie sind Preprints auch im Lebenswissenschaften-Mainstream angekommen. Und, oh Wunder, es stellt sich heraus: Viele Befürchtungen waren unbegründet. Ja, manche auch nicht. Fehlerhafte Vorab-Veröf-

Und sicher, die Masse der Preprints machte es unübersichtlich. In den ersten vier Monaten der Pandemie erschienen fast 20.000 COVID-19-Paper, ein Drittel davon Preprints. Andererseits: Dank der Vorab-Artikel konnten Forscher-Community und Entscheider in der Politik schnell auf neue Erkenntnisse reagieren; zum Beispiel, als Daten aus Preprints zeigten, dass SARS-CoV-2 wohl schon vor Symptombeginn ansteckend ist.

Vielleicht braucht man für den Sonderfall von Preprints, die für die medizinische Praxis relevant sind, daher tatsächlich eigene Regeln. Ein grober Fehler in einem Preprint über die Geschlechtschromosomen der Schnirkelschnecken hätte schließlich weniger weitreichende Folgen.

Unterm Strich bleibt jedenfalls: Preprints bringen auch in Biologie und Medizin viele Vorteile, und mit Risiken und Nebenwirkungen kann man umgehen. Da hätte man auch schon vor zwanzig Jahren draufkommen können.

## Revolution #4: Peer-Review neu gedacht

Was ist denn eigentlich der große Unterschied zwischen einem „Pre“-Print und einem „richtigen“ Artikel? Nebensächliches wie Formatierung und Tippfehler-Beseitigung mal beiseite, bleibt die inhaltliche Qualitätskontrolle. Aber ob der Aufwand des Peer-Reviews Substantielles zur Verbesserung beiträgt, dafür gibt es wenig harte Evidenz. Ist die Prozedur vielleicht eher traditionelles Ritual als unabdingbare Notwendigkeit?

Es gibt die Vorstellung, Gutachterinnen und Gutachter würden sich so intensiv mit dem Ma-



nuskript beschäftigen, dass am Ende ein quasi fehlerfreier Artikel herauskommt, in dem jede Statistik nachgerechnet, jeder Datenpunkt geprüft wurde. Das wäre schön, ist aber realitätsfern. In der Praxis beugen sich die Referees vielleicht einen Nachmittag lang über das Paper. Im Idealfall findet die Gutachterin dann etwaige logische Fehler und kann prüfen, ob alle Kontrollen gemacht, ob relevante Vorarbeiten korrekt zitiert wurden und ob die Ergebnisse wirklich so robust und neu sind, wie die Autoren behaupten. Ja, das ist alles ganz nützlich.

»Zwar fällt häufig der Satz „Data available on request“. Doch oft sind die Daten nicht verfügbar.«

Aber die Probe aufs Exempel kommt so wieso erst nach der Publikation, wenn die gesamte Community (und nicht nur zwei zufällig ausgewählte Kollegen) die Arbeit kennenlernt – und sie feiert, ignoriert, kritisiert oder gar komplett widerlegt.

Nun ist der traditionelle, anonyme Peer-Review eine intransparente, geheimniskrämerische Veranstaltung, und damit anfällig für Korruption und Mauscheleien. Es bleibt ein Geheimnis, ob ein Paper gründlich oder schlampig begutachtet wurde und ob die Gutachter wirklich unabhängige Experten sind.

Auch für dieses Problem gibt es eine Open-Science-Lösung: Die Gutachter unterschreiben ihre Reviews, und das Journal stellt die Kommentare online. Und schon wieder schallt es: Funktioniert nicht! Gutachter trauten sich nicht, ihre Kollegen offen zu kritisieren. Mächtige Alpha-Profis könnten bei nächster Gelegenheit eine Retourkutsche liefern und die Karriere der kritischen Kollegin zerstören.

Ganz von der Hand zu weisen sind auch diese Risiken nicht. Aber hier kann ich aus eigener Erfahrung berichten: Ich bin als Editor für das Journal *GigaScience* tätig, das seit seiner Gründung vor zehn Jahren mit offenen, unterschriebenen Gutachten operiert. In der Tat kommt es so gut wie nie vor, dass im „offenen Review“ ein Paper auf fiese Art verrissen wird. Zumal das sowieso nicht der Sinn

der Prozedur wäre! Peer-Review soll den Autoren in erster Linie eine hilfreiche Rückmeldung von Experten außerhalb ihrer engsten Blase geben. Wenn das signierte Gutachten publiziert wird, so ist das ein positiver Anreiz, Kritikpunkte konstruktiv und verständlich aufzuschreiben sowie Interessenkonflikte offenzulegen. Zusätzlich wird auch der Beitrag der Gutachter sichtbar und Teil der Fachdiskussion.

Auch beim Thema Peer-Review gilt also: Es muss nicht auf ewig so intransparent und ineffektiv bleiben, wie es ist, nur weil die Alternativen ein paar Risiken und Nachteile haben.

## Revolution #5: Offene Daten

Zu Recht ist die Erwartung an ein wissenschaftliches Paper, dass andere die Ergebnisse unabhängig prüfen und weiterverwenden können. Dazu müssen allerdings die Rohdaten verfügbar sein. Und daran hapert es. Zwar fällt häufig der Satz „Data available on request“. Doch oft sind die Daten nicht wirklich verfügbar – zum Beispiel, weil es der korrespondierende Autor nicht so mit dem Korrespondierenden hat und E-Mails unbeantwortet bleiben.

Wie man Daten fair und transparent teilt, hatten Genomikerinnen und Genomiker vorgemacht. Im sogenannten Fort-Lauderdale-Agreement und in den Bermuda Principles wurden ab Ende der 1990er-Jahre Prozeduren festgehalten, wie Forscher DNA-Sequenzen teilen können und sollen – und dies auch schon vor der Publikation des zugehörigen Papers. Andere Disziplinen waren viel langsamer, aber mittlerweile verlangen immer mehr Journale, dass die Daten wenigstens zum Zeitpunkt der Publikation zugänglich sind.

»Wir könnten weiter sein, wenn nicht oft unbegründete Ängste so mächtig gewesen wären.«

Natürlich hat aber auch die Open-Data-Bewegung ihre Kritiker: „Klauen“ andere dann nicht die Früchte meiner Arbeit? In einem Editorial im *British Medical Journal* sprachen die US-Kliniker Dan Longo und Jeffrey Drazen gar

von „Forschungsparasiten“ – und meinten damit Leute, die nicht selbst im Labor stehen, sondern sich für ihre Analysen an frei verfügbaren Datensätzen bedienen.

Allerdings: Daran ist überhaupt nichts Verwerfliches – im Gegenteil.

„Forschungsparasiten“ interessieren sich vielleicht für Fragen, die die Datenerzeuger gar nicht auf dem Schirm haben; oder sie entdecken neue Zusammenhänge oder Fehler in der Analyse der Autoren. Einzige Bedingung: Die wissenschaftliche Redlichkeit verlangt, dass die Produzenten der Daten korrekt gewürdigt und zitiert werden.

## Da geht noch mehr

Digitale Publikationen, Open Access, Preprints, Alternativen zum klassischen Peer-Review, offene Daten: Es hat sich durchaus schon viel verändert – und es hat nicht mal weh getan. Wir könnten aber weiter sein, wenn nicht oft unbegründete Ängste, die Kräfte der Beharrung sowie die Lobbyarbeit der Verlage so mächtig gewesen wären.

Am Ende bleibt die Frage: Brauchen wir überhaupt Journale? Dürfen Verlage noch mitspielen oder organisieren Forscherinnen und Forscher ihre Kommunikation in Zukunft alleine? Ist Peer-Review nötig – und wenn ja, in welcher Form? Wie durchbricht man die Impact-Faktor-Obsession? Brauchen wir Metriken, um die Leistung von Forscherinnen und Forschern auf Zahlen runterzubrechen, oder ist das sowieso ein unsinniges Unterfangen?

Auf all das gibt es nicht die eine Antwort. Aber mehr Open Science ist die Zukunft – das sieht auch die UNESCO so, die Organisation der Vereinten Nationen für Bildung, Wissenschaft, Kultur und Kommunikation. In Empfehlungen, die Ende 2021 angenommen wurden, verpflichten sich die UNESCO-Mitgliedsstaaten, öffentlich finanzierte Forschung an Open-Science-Prinzipien auszurichten. Auf dass wissenschaftliche Ergebnisse überall auf der Welt möglichst frei verfügbar sind – als Beitrag zu „mehr globaler Gerechtigkeit und Teilhabe am wissenschaftlichen Fortschritt“.

Um dieses hehre Ziel zu erreichen, wird allerdings mehr revolutionärer Spirit nötig sein als in den vergangenen 25 Jahren.



# Optische Filter

Für die Fluoreszenzmikroskopie

Große Auswahl · Kundenspezifische Designs



www.ahf.de

# Zur Diskussion gestellt

VON MATTHIAS WJST, SÜDDEUTSCHLAND

*Stapelweise Preprints, High-Impact-Zeitschriften mit nicht reproduzierbarem Inhalt, neue Rekorde an Retractions, ... – was ist eigentlich gerade los? Ein Plädoyer für eine neue Diskussionskultur sowie Post-Publication-Peer-Review*

Formell sind wissenschaftliche Originalarbeiten eher langweilig: Einleitung, Methode, Ergebnisse und Diskussion. Wobei, Diskussion? Eher nicht, es ist mehr ein Monolog, den der oder die Autorin über die Ergebnisse führt. Eine echte Auseinandersetzung wäre womöglich sowieso kontraproduktiv. Man kann schließlich nicht schreiben, dass die Studie mittlerweile nicht mehr besonders originell ist. Oder dass sich alle früheren Arbeiten geirrt haben.

Sicher, seit dem berühmt-berüchtigten Ioannidis-Paper wissen wir nun, dass die meisten Arbeiten in der Biomedizin nicht reproduziert werden können – aber wir haben nun mal diesen leidigen künstlichen Wettbewerb um Impact-Faktoren. Natürlich müsste man in einer echten Diskussion schreiben, dass die Experimente nicht in der beschriebenen Reihenfolge durchgeführt wurden und einiges ausgelassen wurde. Oder dass ursprünglich eine völlig andere Datenauswertung geplant war. Doch Fehler und Widersprüche überspringt man besser in der Hoffnung, dass die Reviewer es nicht merken – und der gewünschte Impact herauspringt.

Früher fanden sich oft noch Diskussionen in der Rubrik Letter/Correspondence. Bei vielen Zeitschriften ist diese inzwischen aber nur noch eine Kategorie, um Mini-Originalarbeiten unterzubringen. Andere Zeitschriften haben dagegen hohe Mauern errichtet, um die üblichen Besserwisser fernzuhalten – oder Lehnen Zuschriften zu Artikeln mangels Neuigkeitswert gleich ganz ab.

Wenigstens in Arbeitsgruppen wird noch diskutiert. Dummerweise fördern aber Groupthink und formale Abhängigkeiten nicht unbedingt die kontroverse Auseinandersetzung. Oder glaubt wirklich jemand, dass man sich auf einer befristeten #IchBinHanna-Stelle wegen inhaltlicher Differenzen mit dem Lehrstuhlinhaber anlegt? Es ist immer wieder verblüffend festzustellen, welche Meinungen ehemalige Gruppenmitglieder auch noch Jahre nach dem Abtritt ihres früheren Chefs vertreten.

Damit bleibt noch die Diskussion auf Kongressen. Allerdings bestehen auch da Zweifel, wenn nach Vorträgen lediglich ausgewiesene Selbstdarsteller aufstehen – mit Einfällen, die gerade mal drei Minuten alt sind. Außerdem sind die Vorträge ja oft nur noch PR für

längst eingereichte Paper, es wird also keinesfalls über Konzepte diskutiert. Seltene Ausnahme sind die Pro-Con-Sessions, auch wenn sich hier eher rhetorisches Geschick statt tatsächliche Überzeugungskraft durchsetzt.

Offenbar findet die einzige und letzte relevante Diskussion somit leider im Peer-Review von Manuskripten vor der Veröffentlichung statt. Es ist die Kontrollstation, um „dem unendlichen Irrtum eine Grenze zu setzen“ – um es mit Brechts Galilei zu sagen. Es ist aber auch die letzte Chance für Autoren, missverständliche Aussagen und Fehler zu bereinigen – oder zu erklären, warum Einwände der Gutachter nicht zutreffen. Meist geschieht dies in Form der „Point-by-Point-Response“, bei der die Autoren auf jeden einzelnen Gutachter-Kommentar eingehen müssen. Einige wenige Zeitschriften veröffentlichen solche Diskussionen online, die allermeisten allerdings nicht.

---

**»Ist das Zauberwort nun Post-Publication-Peer-Review, auch wenn es diesen bislang nicht mal ansatzweise gibt?«**

---

Mit dem Aufkommen von Preprints – zuerst auf arXiv, dann auf bioRxiv und nicht zuletzt auf medRxiv kurz vor der Corona-Pandemie – wird nun auch noch der Peer-Review vor der Veröffentlichung umgangen. Damit fällt die letzte Bastion der Plausibilitätskontrolle, alles geht direkt an die Nachrichtenagenturen. Sicher, es ist ein Vorteil, wenn es keine Zeitverzögerung mehr zwischen Abfassung und Veröffentlichung gibt. Erste Vergleiche zwischen ursprünglichem Preprint und „veröffentlichter“ Endversion zeigen auch kaum Unterschiede. Aber wie viele Preprints werden überhaupt noch später „veröffentlicht“ oder im Peer-Review-Prozess abgefangen? Ist das Zauberwort nun PPPR – Post-Publication-Peer-Review –, auch wenn es diesen nicht mal ansatzweise flächendeckend gibt?

Der Beginn des modernen Peer-Review wird meist Henry Oldenburg zugeschrieben, der 1665 in London die *Philosophical Transactions* herausgab und zwei Mitglieder der Royal Society um seine Meinung bat. Das Verfah-

ren war nicht unbedingt beliebt und stand von Anfang an unter Zensurverdacht, denn jedes Manuskript musste den politischen, religiösen und moralischen Vorstellungen der Zeit entsprechen.

Der österreichische Wissenschaftsforscher Gerhard Fröhlich dazu: „Begonnen hat es etwa im 17. Jahrhundert. Da gab's viele experimentelle Shows und viele Scharlatane, und auch viele, die nur behauptet haben: ‚Ich hab doch was ganz Uriges entdeckt!‘ Und daher brauchte man Zeugen, und diese Zeugen waren Peers. Aber Peers waren keine Gleichrangigen, keine Gleichaltrigen, sondern das waren die höchsten Adelligen. Das heißt, ein Mann – musste natürlich ein Mann sein! – von hohem sozialen Stand hat bezeugt: Das hat tatsächlich geblitz! Oder die gelbe und die grüne Flüssigkeit zusammengemischt ergaben tatsächlich weiß. Und dann war das Experiment bestätigt.“

Als der Peer-Review im 18. Jahrhundert dann Standardverfahren in den Akademien wurde und die Peers gleichrangig waren, kam es dann auch immer öfter zu Ideenklau – mehr aber noch zu Ideenabwehr. Nach Meinung von Experten war „das Peer-Review-Verfahren nie fester Bestandteil der Forschungspraxis selber gewesen [...], sondern ist von außen als Zensur- oder Steuerungsmöglichkeit an das System herangetragen worden“ (Bodo Rödel, 2020, „Peer Review: Entstehen – Verfahren – Kritik“).

Albert Einstein lernte zum Beispiel erst in der US-Emigration, dass es so etwas wie den Peer-Review gab, als er zusammen mit Nathan Rosen ein Manuskript an *Physical Review* schickte. Nachdem er in dem Antwortbrief einen zehnteiligen Kommentar fand, reagierte er mit der berühmt gewordenen Antwort: „We (Mr. Rosen and I) had sent you our manuscript for publication and had not authorised you to show it to specialists before it is printed. I see no reason to address the – in any case erroneous – comments of your anonymous expert. On the basis of this incident I prefer to publish the paper elsewhere.“

Die Anekdote zeigt sehr schön die ganze Problematik der Peer-Reviews auf, wenn Autoren in einer anderen Liga spielen als die Reviewer. Auf der anderen Seite war und ist es auch für Experten extrem schwierig, Irrtü-



mer aufzuklären. Viel leichter ist es, sie in die Welt zu setzen – „A lie gets halfway around the world before the truth has a chance to get its pants on“, so Churchill einmal.

Aber dient nicht wenigstens der Impact-Faktor einer Zeitschrift als Garantie für die Richtigkeit ihrer Artikel? Die Mehrheit der Artikel in *Nature*, *Cell* und *Science* hat keine höhere Zitierrate, als es der Fetischfaktor der Zeitschriften vermuten lässt. In meiner Disziplin lagen alle Glamour-Journal-Artikel daneben, berühmtestes Beispiel in *Nature* ist der Immunglobulin-E-Memory-Effekt von Wasser.

Warum aber sorgen nicht mal die Edelblätter, da sie ja vermeintlich die besten Gutachter beauftragen können, für zuverlässige Qualität? Stefan Hornbostel, der Gründungsdirektor des Instituts für Forschungsinformation und Qualitätssicherung, sagt dazu: „Die Gutachtertätigkeit ist nicht gleich verteilt auf alle Wissenschaftler, sondern ganz im Gegenteil, sie ist extrem schief verteilt“. Es geht in vielen Fächern also überdies um die Interpretationsmacht – weshalb die Gutachten für ein und dieselbe Arbeit auch allzu oft nur bedingt übereinstimmen. Ist der Peer-Review vor Ver-

öffentlichung daher vielleicht doch kontraproduktiver als allgemein angenommen?

Zumal der Peer-Review vor Veröffentlichung auch leider nur selten Betrug erkennt. Wobei dies bis heute auch nicht explizit zu den Anforderungen an einen Review gehört. Aber überhaupt: Fälschungsskandale in der Wissenschaft. Dass Genauigkeit und Ehrlichkeit vorausgesetzt werden, ist womöglich eine der fatalsten Annahmen unseres aktuellen Wissenschaftssystems unter dem „Publish-or-Perish“-Druck. Aktuell haben wir in Deutschland generell über 800.000 registrierte Betrugsfälle pro Jahr. Und bei den über 100.000 Artikeln aus deutschen Institutionen im Jahr soll praktisch kein Betrugsfall dabei sein?

Seit 2019 fördert die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) nun das „Summa-cum-Fraude“-Projekt als Gegenmaßnahme gegen wissenschaftliches Fehlverhalten. Solche Projekte sind dringend notwendig, denn wie kann es möglich sein, dass sowohl *The Lancet* als auch das *New England Journal of Medicine* während der Corona-Pandemie auf den Betrüger Sapan Desai hereingefallen sind? Wie kann es sein, dass Wissenschaftsbetrüger wie Yoshitaka Fujii, Joachim Boldt oder Hironobu Ueshima unbehelligt hunderte von Artikeln veröffentlichen konnten? Womöglich liegt es mit an dem, was Carl Bergstrom und Jevin West wie folgt ausdrückten: „The scientific enterprise faces a [...] set of problems – from hype and hyperbole to publication bias and citation misdirection, predatory publishing, and filter bubbles“ (*PNAS* 118 (15): e1912444117).

---

»Auch mit einem verwechselten Western Blot kann ein Artikel neu, relevant und interessant sein.«

---

Preprints sind gekommen, um zu bleiben. Sie kamen mehr oder weniger durch die Hintertür und hebeln nun ein jahrhundertealtes System der Qualitätskontrolle aus. Um nun aber nicht komplett den Überblick zu verlieren, brauchen wir so etwas wie Post-Publication-Peer-Review (PPPR). Nicht zuletzt deshalb kamen die US-National Institutes of Health (NIH), die die National Library of Medicine finanzieren, schon 2013 auf die Idee, wissenschaftliche Kommentare auf PubMed als PubMed Commons zuzulassen. Nur fünf Jahre später stellte das NIH die Kommentarfunktion jedoch wieder ein. Gerade mal 7.500 Kommentare waren in dieser Zeit abgegeben worden, während die private Website PubPeer bereits 54.000 Kommentare eingesammelt hatte. Ein ähnliches Bild boten die digitalen Wissenschafts-Plattformen. Bei Public Library of Scien-



ce (PLoS) hielten sich die Kommentare mit rund 15.000 auch in Grenzen, wobei die Hälfte davon Anmerkungen der Herausgeber waren. Gähnende Leere zeigte sich auch in den Kommentarspalten bei BioMed Central (BMC) und den Preprint-Archiven. Wer will auch schon gerne öffentlich kontroverse Diskussionen führen?

»PubPeer bietet keinen Peer-Review, sondern stellt allenfalls das gerissene Flatterband an der Absturzkante dar.«

Ein Rätsel ist dann aber, warum die Zahlen bei der offenen Debattier-Plattform PubPeer so in die Höhe geschossen sind. Bei PubMed Commons musste man sich mit Namen registrieren, bei PubPeer kann man das zwar ebenfalls, darf aber auch anonym bleiben. PubPeer – der „Online-Journal-Club“, wie sie sich selbst bezeichnen – gehört einer in Kalifornien registrierten Non-Profit-Stiftung. Der Serverstandort unterliegt damit US-Recht, in dem freie Meinungsäußerung eine höhere Rolle spielt als in Deutschland. Lange war nicht klar, wer überhaupt hinter der Website steckt. Erst drei Jahre nach der Gründung 2012 hat sich das Team geoutet: Brandon Stell und Boris Barbour, zwei Neurowissenschaftler am Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS) in Paris, die Brüder Richard und George Smith, Letzterer ein Webentwickler, sowie Gabor Brasnjo, ein IP-Anwalt in San Francisco.

Die Besonderheit von PubPeer: taxonomische Pseudonyme und einfache Spielregeln. Das Redaktionsteam hat dabei ähnlich wie die Administratoren der Wikipedia den Grundsatz, dass Aussagen entweder direkt evident sind, wie etwa bei Bildmanipulationen, oder aber durch Links auf andere Webseiten, Originalliteratur oder Zeitschriften hinreichend belegt werden können. Insiderwissen aus einem Labor wird damit also beispielsweise nicht akzeptiert. Von Kommentatoren angesprochene Autoren haben etwas mehr Freiheiten, sie können zum Beispiel unveröffentlichte Daten nachliefern. Allerdings haben sie – genauso wie deutsche Behörden – kaum eine Handhabe, um gegen missliebige Inhalte oder Verleumdungen vorzugehen.

PubPeer wird anonym moderiert, die Zahl der aktuellen Moderatoren ist nicht bekannt. Gegen die Moderation kann kein Einspruch erhoben werden, auch wenn sie manchmal etwas willkürlich ist. Beiträge von Usern mit mehreren bereits akzeptierten Einträgen werden umgehend freigeschaltet, die Bearbeitungszeit bei neuen Usern liegt normalerweise unter 24 Stunden. User können ihre Beiträge nicht mehr ändern, sobald ihrem Beitrag ein weiterer folgt.

Kritische Äußerungen sind weitaus häufiger als Zustimmung. Das PubPeer-Team ist davon wenig überrascht: „We consider this unsurprising and even inevitable, since most authors have been forced by the system to put the most positive spin possible on their results.“

PubPeer ist mit diesen Prinzipien die größte wissenschaftliche Kommentar-Datenbank mit Einträgen zu 123.000 Artikeln geworden. Offizielle Statistiken gibt es nicht, eine externe Auswertung 2020 ordnete fünf Usern extrem hohe Aktivität zu, zwei davon sind namentlich bekannte Frauen. 86 Prozent der Kommentare sind anonym, mehr als 15.000 User schrieben nur einen Eintrag, 8.000 weitere zwei bis vier Einträge. Life-Science-Artikel sind mit 51 Prozent am häufigsten vertreten, gefolgt von Medizin mit 28 Prozent. Angaben über die Zahl der täglichen Zugriffe auf PubPeer gibt es nicht.

Überproportional viele Einträge gibt es zu Bildmanipulationen. Das war durch die relativ einfache Überprüfbarkeit zu erwarten. Schon im bekanntesten deutschen Betrugsfall, „Herrmann/Brach/Mertelsmann“ spürte die DFG-Kommission die Datenmanipulationen vorrangig durch Analyse der Abbildungen auf.

Zwischendurch finden sich auf PubPeer immer wieder auch andere interessante Diskussionen – etwa darüber, dass ein kommerzielles Geldokumentationssystem undokumentiert Artefakte einfügt oder dass eine Zeitschrift über Jahre Abbildungen „gepimpt“ hat, weil ihr die Markierungen und Skalen der Autoren nicht gefallen haben.

Manche Kommentare sind lustig, etwa wenn Autoren vergessen, ihre Textanmerkungen herauszunehmen. Manchmal sind es allerdings auch bestürzende Kommentare, etwa wenn chinesische Ärzte quasi unter Tränen zugeben, dass ihre Publikation, die zur Weiterbeschäftigung zwingend notwendig war, ein Schreibbüro aka Paper-Mill erfunden hat. Oder aber wenn Emeriti im Keller nach alten Laborbüchern suchen, weil sie selbst über die eigenen Abbildungen entsetzt sind.

Die Zahl der Retractions aufgrund von PubPeer-Einträgen ist nicht bekannt, dürfte aber im unteren einstelligen Prozentbereich liegen. Nimmt man die Corrections dazu, sind es sicher mehr als 10 Prozent. Leider ignorieren viele Autoren die Info-Mails von PubPeer, die sie nach Einträgen zu deren Veröffentlichungen automatisch erhalten.

Ein PubPeer-Kommentar ist allerdings noch lange kein Review eines Artikels. Auch wenn die meisten Verlage im Rahmen von Open Science in Zukunft verzichtbar sein sollten, so brauchen wir doch weiterhin Instanzen für einen qualifizierten und fairen Review-Prozess – egal ob vor oder nach der Veröffentlichung. Pub-

Peer ist dafür ungeeignet und in der aktuellen Form allenfalls das gerissene Flatterband an der Absturzkante. Auch mit einem verwechsellerten Western Blot kann ein Artikel natürlich neu, relevant und interessant sein.

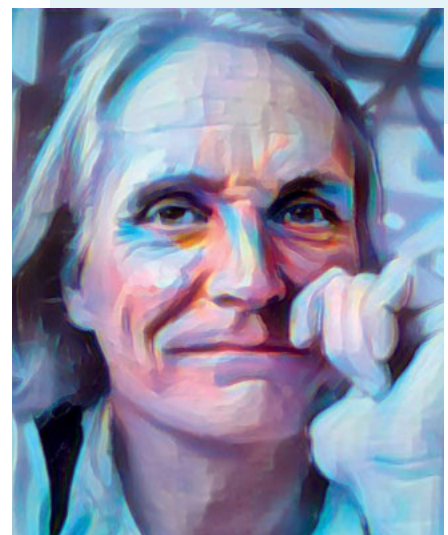
Zudem ist die weitere Entwicklung von PubPeer derzeit nicht absehbar, zu sehr hängt alles noch an einzelnen Personen und einer unsicheren Finanzierung. Drohungen auf Löschung und Prozesse auf Herausgabe der IP-Adressen von Kommentatoren hat PubPeer allerdings bisher unbeschadet überstanden – unter anderem auch die Klage eines US-Professors, dem wegen negativer PubPeer-Einträge eine Anstellung mit 350.000 US-Dollar Jahresgehalt entgangen ist.

Denunziation, Cyber-Mobbing und Online-Trolling haben natürlich einen üblen Beigeschmack, allerdings werden die klassischen juristischen Kriterien für Denunziation nicht erfüllt. Schließlich sind keine Strafanzeigen im Spiel, meist auch keine niedrigen Beweggründe – und ein persönlicher Vorteil für einen anonymen Autor ist auch nur selten auszumachen. Dabei sollte man auch nicht vergessen, dass 80 bis 90 Prozent der aktuellen Review-Prozesse anonym sind. Auch ist Wikipedia zum größten Teil über anonyme Beiträge aufgebaut worden. Die Wikimedia-Foundation hat im Übrigen auch unzählige Gerichts-

## Zum Autor

### Matthias Wjst

ist Arbeitsgruppenleiter an einem süddeutschen Forschungsinstitut und applizierter Professor an der benachbarten Universität. Seit einigen Jahren interessiert er sich auch für Research Integrity – und als begeisterter Fotograf vor allem für die Abbildungen.





prozesse hinter sich – und sitzt, Zufall oder nicht, ebenfalls in Kalifornien.

Eines der innovativsten PPPR-Modelle hat indes die Online-Zeitschrift *eLife*. Vom Howard Hughes Medical Institute, der Max-Planck-Gesellschaft und dem Wellcome Trust gegründet, begutachtet *eLife* nur noch Manuskripte, die bereits auf einem Preprint-Server liegen. Die Verlagssoftware ist auf Github frei verfügbar, die Kosten liegen aktuell bei 2.500 US-Dollar pro Artikel.

### »Drittmittel sind über Publikationen erst dann „abgerechnet“, wenn stimmt, was drinsteht.«

Die Akzeptanzrate von *eLife* liegt zwar auch nur bei 15 Prozent – was aber nicht tragisch ist, da ja jeder weiterhin das abgelehnte Originalmanuskript auf dem Preprint-Server einsehen kann. Für Ende 2022 ist dazu ein aktives Vorgehen geplant, sodass mittels Software die neuesten Preprints in einem Gebiet per KI lokalisiert und triagiert werden sowie ein „Kurator“ ernannt wird, der die Autoren zu einer Submission motivieren soll.

*eLifes* aktuelle Webpräsentation von Artikeln ist hervorragend, man kann zwischen Review und Original springen, die Literatur ist verlinkt, Pageviews und Downloads sind direkt einsehbar, Annotation und Kommentare allerdings nur mit ORCID-ID willkommen. Generell könnte jedoch solch ein Review-on-Demand von Preprints zu einer neuen Dienstleistung werden, die die Forschungszentren und Universitäten am besten selbst in die Hand nehmen, statt sich weiterhin von oligopolen Verlagen ausnehmen zu lassen.

Zum Schluss noch eine Bonusinformation für alle, die bis hierhin gelesen haben. Dass Cut & Paste von Textblöcken aus anderen Artikeln irgendwann auffällt, ist seit Vroniplag und den Rücktritten gewisser Politikerinnen und Politiker bekannt. Viele Institute setzen nun auch Plagscan oder ähnliche Software routinemäßig ein. Wir selbst arbeiten an einer Bildersuchmaschine, ähnlich TinEye oder Google Images, die Bilder in Millionen von früheren wissenschaftlichen Artikeln findet, Kameratypen auswertet und Photoshop-Änderungen markiert. Seek & Blastn extrahiert schon seit einiger Zeit Primersequenzen aus PDFs und blastet sie gegen das Genom, ob sie amplifizieren. ICLAC identifiziert fehlannotierte Zelllinien. Überdies gibt es diverse Statistikmodule, die Tabellen aus PDFs extrahieren und unwahrscheinliche Zahlenreihen entdecken können, etwa den Last Digit Checker oder Statcheck. Genauso wie es Datenbanken gibt, die Autoren mit exzessiven Selbst-

ziten identifizieren – und demnächst auch semantische Netzwerke, die die Korrektheit von Literaturreferenzen scannen.

Ich vermute daher, dass sich in naher Zukunft die PubPeer-Einträge mindestens verdoppeln werden. Schlampige Arbeit und Wissenschaftsbetrug wird in zunehmendem Maß entdeckt, verfolgt und auch geahndet. Schon im letzten Jahr gab es einen neuen Rekord mit 3.200 Retractions, die meisten Artikel waren zuvor auf PubPeer markiert. Vermutlich wäre auch der Medizinnobelpreis des Jahres 2019 nicht genau so vergeben worden, wenn sich das Komitee vorher die PubPeer-Einträge zu einem der Preisträger angesehen hätte. Unter diesem Gesichtspunkt lohnt es sich also, die eigenen Artikel vor dem Abschicken dreimal anzusehen. Und wenn früher einmal Abbildungen „optimiert“ wurden, empfiehlt es sich – Stichwort Schweizer Steuer-CD – über Korrekturen nachzudenken.

Aber auch für die Wissenschaftsadministration ergeben sich daraus Konsequenzen. Wir brauchen dringend Fortbildungsmodule. Nicht etwa zur Wissensvermittlung über Research Integrity – das war nach einer früheren Studie sogar kontraproduktiv –, sondern stattdessen praktische Kurse mit Fallbeispielen, Analysen und Rollenspielen, um jeder Wissenschaftlerin und jedem Wissenschaftler die Konsequenzen von Fehlverhalten klarzumachen. Statt immer höhere Etats an PR-Abteilungen zu geben, wären vielmehr Research Integrity Offices wichtiger, die den Output der Forscher screenen – ähnlich wie dies auch Zeitungsredaktionen tun. Schließlich sind Drittmittel erst dann über Publikationen „abgerechnet“, wenn auch stimmt, was drinsteht. Und die Folgekosten nicht-reproduzierbarer Forschung sind immens. Wir können uns diese gigantische Verschwendung in der Biomedizin einfach nicht mehr leisten.

Viel gewonnen wäre auch, wenn die auf Masse optimierte Publikationsflut auf relevante Artikel kanalisiert würde. Denn langsam aber sicher droht mit der Preprint-Flut ein Kollaps des Systems.

Zwar nimmt mit Preprint-Servern, Open Science und zunehmendem PPPR die Macht der Verlage immer weiter ab, allerdings geben diese das lukrative Geschäft nicht kampfflos auf. Vielmehr versuchen sie mit allen Mitteln, die Kontrolle zu behalten: Zwangsauthentifizierung, personalisierte PDFs, User Tracking und Prozesse gegen Sci-Hub, ResearchGate und Co. Zugleich haben wir es mehr denn je selbst in der Hand, wo wir unsere Manuskripte platzieren. Es ist die einmalige Gelegenheit für die Wissenschaftsgemeinde, wieder die Kontrolle zu bekommen – auch wenn noch völlig unklar ist, wie das gehen könnte und nach welchen Spielregeln.

Das müssen wir nun diskutieren.

## IMPRESSUM

### Laborjournal 28. Jahrgang | Heft 7-8/2022

gegründet 1994  
von Hanspeter Sailer † und Kai Herfort

ISSN: 1612-8354  
Einzelpreis: 3,50 Euro

#### Verlag und Herausgeber:

Lj-Verlag GmbH & Co. KG  
Seitzstraße 8  
D-79115 Freiburg  
Tel. +49-761-28 68 93  
www.laborjournal.de

#### Druck & Lithos:

westermann DRUCK | pva  
Georg-Westermann-Allee 66  
38104 Braunschweig

#### Anzeigen:

top-ad Bernd Beutel  
Schlossergäßchen 10  
D-69469 Weinheim  
Tel. +49-6201-290 92-0  
Fax. +49-6201-290 92-20  
E-Mail: info@top-ad-online.de

#### Versand/Abo:

Tel. +49-761-28 68 69

#### Stellenanzeigen:

Ulrich Sillmann,  
Tel. +49-761-29 25 885  
E-Mail: stellen@laborjournal.de

#### Kalender:

Tel. +49-761-29 25 885  
E-Mail: kalender@laborjournal-online.de

#### Graphik/Bilder/Montagen/Layout:

Kai Herfort, Juliet Merz, Ralf Neumann,  
Ulrich Sillmann

#### Redaktion:

Zentrale: Tel. +49-761-28 68 93  
Chefredakteur: Ralf Neumann  
Tel. +49-761-35 73 8  
Kai Herfort (-28 68 69)  
Harald Zähringer (-29 25 886)  
Juliet Merz (-29 25 887)  
E-Mail: redaktion@laborjournal.de

#### Titelbild:

Foto und Bearbeitung: Kai Herfort

#### Ständige MitarbeiterInnen:

Ulrich Dirnagl, Rafael Florés, Kathleen Gransalke, Karin Hollricher, Tobias Ludwig, Sigrid März, Henrik Müller, Andrea Pitzschke, Maïke Ruprecht, Mario Rembold, Chris Schlag, Larissa Tetsch

#### Bankverbindung:

Fidor-Bank  
IBAN: DE42 7002 2200 0020 1347 47  
BIC: FDDODEMMXXX

# #IchBinHanna – Warum prekäre Arbeit der Wissenschaft nachhaltig schadet

VON AMREI BAHR UND KRISTIN EICHHORN, STUTTGART, SOWIE SEBASTIAN KUBON, HAMBURG

*Im Juni 2021 ging der von den Autorinnen und dem Autor dieses Beitrags initiierte Hashtag #IchBinHanna auf Twitter viral. Plötzlich gaben zahlreiche befristet angestellte Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler dem Prekariat im deutschen Hochschulwesen öffentlich ein Gesicht, viele davon unter Klarnamen. Sie beschrieben die strukturell trostlose Perspektive in der deutschen Wissenschaft anhand von zahlreichen individuellen Beispielen. Unsere Grassroots-Initiative verließ schnell die Twitter-Blase, da auch die klassischen Medien in einer bisher kaum dagewesenen Breite über die prekären Arbeitsbedingungen in der Wissenschaft berichteten [1].*



Bild: iStock/Zephyr18, Farbkorrektur: JJ

Es ist spätestens jetzt kein Geheimnis mehr, dass die Beschäftigung an deutschen Hochschulen so gar keine Ähnlichkeit mit den Bedingungen hat, die man gemeinhin mit Arbeitsverhältnissen beim Staat assoziiert. Schon im Herbst 2020 hatten wir mit dem Hashtag #95vsWissZeitVG – in loser Anlehnung an den Reformationstag – 95 Thesen gegen das Wissenschaftszeitvertragsgesetz (WissZeitVG) gesammelt. In ihnen fassten wir unterschiedliche Probleme zusammen, die das prekäre Arbeitswesen für Individuen, aber auch für Wissenschaft, Gesellschaft und Wirtschaft produziert [2].

Wer aber ist Hanna? Und was ist eigentlich das Wissenschaftszeitvertragsgesetz? Hanna ist eine fiktive animierte Doktorandin aus ei-

nem inzwischen gelöschten Erklärvideo des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF), das den Adressaten und Adressatinnen die Befristungspraxis in der deutschen Wissenschaft nicht nur erklären, sondern auch als sinnvoll und gut verkaufen sollte. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler, die sich in Deutschland über viele Jahre von einem befristeten Vertrag zum nächsten hangeln müssen, fühlten sich von diesem Erklärungsversuch zu Recht verhöhnt.

Eine wesentliche Grundlage der desolaten Befristungspraxis für Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler ist das Wissenschaftszeitvertragsgesetz, mit dem 2007 ein bundesweit geltendes Sonderbefristungs-

recht eigens für die Wissenschaft geschaffen wurde (heute gültig in der Novellierung von 2016). Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler können aufgrund dieses Gesetzes zu Qualifikationszwecken (beispielsweise für die Arbeit an ihrer Dissertation oder Habilitation) maximal bis zu sechs Jahre vor der Promotion und weitere sechs Jahre nach der Promotion befristet angestellt werden. (Es gibt Abweichungen für Medizinerinnen sowie Mediziner und „Härtefall-Regelungen“ wie eine Familienkomponente oder das „Corona-Jahr“, deren Umsetzung in entsprechende Arbeitsverträge aber einer gewissen Willkür der Hochschulen unterliegt und vielen Wissenschaftlerinnen sowie Wissenschaftlern deshalb gar nicht zuteil wird.)



Wem es zum Ablauf der zwölf Jahre nicht gelungen ist, eine der wenigen unbefristeten Stellen oder eine Professur auf Lebenszeit zu ergattern, muss in den meisten Fällen unfreiwillig die der eigenen Qualifikation entsprechende Arbeit in der Wissenschaft aufgeben und sich beruflich neu orientieren. Aufschub geben allenfalls Verträge mit kurzer Laufzeit aus Drittmitteln, dies dann aber weiterhin befristet. Viele Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler müssen also regelmäßig im vierten oder fünften Lebensjahrzehnt in einer anderen Branche Fuß fassen.

Das in anderen Sparten geltende Teilzeit- und Befristungsgesetz (TzBfG) enthält hingegen sehr viel strengere Vorgaben – schließlich ist der bundesrepublikanische Konsens, dass das unbefristete Arbeitsverhältnis das Normalarbeitsverhältnis bleibt. In der Wissenschaft ist es allerdings genau umgekehrt: 92 Prozent der unter 45-jährigen Beschäftigten ohne Lebenszeitprofessur sind befristet angestellt [3]. Sie gelten als „Nachwuchs“, der sich noch bewähren muss. Diese fragwürdige Bewährungslogik macht nicht einmal mehr vor den vormals als Lebenszeitstellen ausgelegten Professuren Halt: Immer mehr Professuren werden befristet ausgeschrieben, teils sogar ohne Entfristungsoption [4].

Ein Grund für die massiv hohen Befristungszahlen ist die Abhängigkeit der Hochschulen von Drittmitteln, die Forschung projektabhängig fördern und mittlerweile dicht an die 50 Prozent der Gesamtfinanzierung herangehen. Ähnliches galt auch über viele Jahre für Stellen speziell zur Unterstützung der Lehre aus den vom Bund finanzierten Hochschulpaktmitteln. Die werden jetzt auf Basis des „Zukunftsvertrags Studium und Lehre stärken!“ verstetigt – gerade weil man erkannt hat, dass aus den bisherigen Zuschüssen sehr viele befristete Stellen geschaffen worden sind. Das ist mit nachhaltiger Lehre nicht kompatibel. Inwieweit die Änderung indes dazu geeignet ist, der Situation abzuwehren, bleibt abzuwarten. Denn die mit den Bundesländern abgeschlossenen Verträge lassen doch stark verbindliche Zusagen zur Schaffung von Dauerstellen vermissen.

Aber die überbordende Befristungspraxis liegt nicht allein in der Projektförmigkeit der Wissenschaftsfinanzierung begründet. Das zeigen die ähnlich hohen Befristungsquoten an außeruniversitären Forschungseinrichtungen wie der Max-Planck-Gesellschaft, die wesentlich weniger auf befristete Mittel angewiesen sind. Hingegen wird in der Wissenschaft oft schlicht deshalb zügellos befristet, weil es gesetzlich erlaubt ist.

Außerdem: „Eigene“ abhängige Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter zu haben, die stets um ihren nächsten Vertrag bangen müssen, stärkt die Machtposition der vorgesetzten Professorinnen, Professoren, Direktorinnen und

Direktoren und begünstigt nicht selten (die Vertuschung von) Machtmissbrauch. Denn weder können sich die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter gegen ihre Vorgesetzten rechtlich zur Wehr setzen, noch liegt es im Interesse einer Hochschulleitung, Professorinnen oder Pro-

»„Eigene“ abhängige Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter zu haben, die stets um ihren nächsten Vertrag bangen müssen, stärkt die Machtposition der Vorgesetzten.«

fessoren zurechtzuweisen, wenn diese über Drittmittelakquise und Forschungstätigkeiten doch wesentlich zu Finanzierung und Standing ihrer Institution beitragen.

Diese unbefriedigende Situation wurde nun im Video des BMBF als notwendige Voraussetzung für Innovation bezeichnet. Ohne stetige Fluktuation des Personals komme es zur „Verstopfung“ des Systems. Diese zynische Wortwahl macht den befristeten beschäftigten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern sehr deutlich, dass sie als reines Verschleißmaterial betrachtet werden und die Wissenschaft ganz offiziell als Durchlauferhitzer gedacht ist. Dies sei letztlich eine Form der Generationengerechtigkeit, weil so allen Kohorten von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler die gleichen Chancen eingeräumt würden, wurde das BMBF nicht müde zu betonen. Natürlich ist das eine argumentative Finte, da sich bei solch ho-

hen Befristungsquoten und desolaten Personalstrukturen nicht sinnvoll von Chancen sprechen lässt, sondern allenfalls von Glückstreffern und der Bewahrung von Privilegien. Jeder Generation die „Chance“ einzuräumen, sich stets aufs Neue in unsachgemäßen und unfairen Beschäftigungsverhältnissen verheizen zu lassen, hat mit Gerechtigkeit nichts zu tun.

Zwar gibt es schon seit Jahren immer wieder Twitter-Aktionen, die die prekären Arbeitsverhältnisse anprangern, doch haben nie zuvor so viele Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler mit Klarnamen die Probleme und Belastungen, die diese politisch gewollte Unsicherheit mit sich bringt, derart eindringlich und öffentlichkeitswirksam unter dem Hashtag #IchBinHanna in den Fokus gerückt. Dabei ist deutlich geworden, dass es sich keineswegs um individuelle Probleme handelt, die die Betroffenen selbst zu verschulden hätten. Vielmehr zeigen die Missstände, wie gerade Innovation und Chancengleichheit strukturell unterbunden werden, während hierarchischen Strukturen, Machtmissbrauch und wissenschaftlichem Fehlverhalten zugeordnet wird.

Ihre prekäre Situation bringt es mit sich, dass befristet beschäftigte Wissenschaftlerinnen sowie Wissenschaftler mehr mit dem Schreiben von Bewerbungen und Anträgen beschäftigt sind als mit Forschung, ganz zu schweigen von Lehre oder Wissenschaftskommunikation. Die beiden letzten Aktivitäten sind im Übrigen auch nur zu einem geringen Anteil entfristungsrelevant – im Gegensatz zu Forschung und vor allem Drittmittelwerbung. Ein großer Anteil der Arbeitszeit wird investiert, um die eigene Finanzierung zu sichern.

## Zu den Personen



**Amrei Bahr** ist Juniorprofessorin für Philosophie der Technik und Information an der Universität Stuttgart und forscht zur Kopierethik und der Ethik der Abfallentsorgung.



**Kristin Eichhorn** vertritt zur Zeit eine Professur für Neuere Deutsche Literatur an der Universität Stuttgart



**Sebastian Kubon** ist promovierter Mediävist und beschäftigt sich vorwiegend mit Public History. Er ist wissenschaftlicher Mitarbeiter am Fachbereich Geschichte der Universität Hamburg.

Aufgrund niedriger Förderquoten ist diese Arbeit aber oft für den Papierkorb. Damit stellt das Antragswesen eine immense Verschwendung von Steuergeldern, Zeit und Motivation dar, die ihresgleichen sucht.

Die Hochschulen bieten unter solchen Bedingungen weniger die Rahmenbedingungen für Forschung als maximal noch für die Ausarbeitung von Forschungsphantasien, die mangels finanzieller Ressourcen zum überwiegenden Teil nie in die Tat umgesetzt werden. Damit geht der gesellschaftliche Mehrwert von Wissenschaft verloren: Bewerbungen und die Konkurrenz um Drittmittel werden zum Selbstzweck, dem sich alles andere unterzuordnen hat. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler werden durch die künstliche Erschaffung existenzieller Nöte dazu gezwungen, nur auf den eigenen Nutzen zu schauen, statt für das Gemeinwohl zu arbeiten – ein Ziel, das viele von ihnen ursprünglich gerade zur Wahl ihres Berufes motiviert haben dürfte. Die Folge ist Frustration auf allen Ebenen.

*»Jeder Generation die „Chance“ einzuräumen, sich stets aufs Neue in unsachgemäßen und unfairen Beschäftigungsverhältnissen verheizen zu lassen, hat mit Gerechtigkeit nichts zu tun.«*

Dass Mittel für Forschung inzwischen in erster Linie nach aufwendigen und lange dauernden Antragsverfahren fließen, hat neben der Prekarisierung befristeter beschäftigter Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler indes weitere negative Effekte für die Wissenschaft. Forschung kann oft nur noch betrieben werden, wenn sie in kleine Häppchen verpackt wird. Die Bearbeitung langfristiger Fragestellungen ist deutlich erschwert. Die Folgen: Es fehlt an Grundlagenforschung. Teuer angeschaffte Geräte verweisen, weil sie niemand mehr bedienen kann. Aufwendig aufgebaute digitale Plattformen veralten, weil nur ihre Anlage, nicht aber ihr Betrieb auf Dauer für die an „Innovation“ interessierten Fördermittelgeberinnen und Fördermittelgeber attraktiv ist.

In Fächern mit starker Industriekonkurrenz ist es inzwischen schwer, Stellen überhaupt zu besetzen, da die in Frage kommenden Bewerberinnen und Bewerber anderswo deutlich bessere Bedingungen vorfinden. Hinzu kommt, dass die Antragstellung zunehmend davon beherrscht wird, inhaltlich Rücksicht auf die Geldgeberinnen und Geldgeber zu nehmen und Projekte danach auszurichten, was Vorgesetzte und Gutachterkommissionen mutmaßlich gerade für

sinnvoll halten. Risikobehaftete und innovative Forschungsideen werden so schon häufig durch die eigene Schere im Kopf zensiert. Es ist daher gegenwärtig vermehrt Stromlinienförmigkeit in der Wissenschaft zu beobachten. Prekär beschäftigte Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter können sich keine Risiken leisten, wenn sie ihren Verbleib in der Wissenschaft sichern wollen. Von einer „Karriere“ kann man da eigentlich schon gar nicht mehr sprechen.

Für diese „Karriere“ zählen letztlich auch Publikationen an hochrangiger Stelle. Um die eigene Publikationsliste möglichst umfangreich damit zu füllen, werden gerne Inhalte wiederverwertet und aus halbfertigen Ergebnissen steile Thesen gebaut. Zudem kommt es vor allem in Fächern mit Co-Autorenschaften vor, dass aus strategischen Gründen oder auf ihren Druck hin Autorinnen und Autoren mit angegeben werden, die nichts mit der Publikation zu tun haben. Prekäre Beschäftigung begünstigt also auch bestimmte Formen wissenschaftlichen Fehlverhaltens. Das hängt häufig mit den bereits zuvor erwähnten Abhängigkeitsbeziehungen in der Wissenschaft zusammen: Wer ausschließlich unter den Bedingungen kurzfristiger Beschäftigung arbeitet, hängt von der Gunst etablierter Professorinnen und Professoren sowie der Verwaltung ab. Zwar stehen den Betroffenen natürlich weiterhin gesetzlich gesicherte Rechte zu; diese wird aber kaum einfordern, wer im System überleben will. So erklärt sich auch die Vielzahl der verfallenen Urlaubstage, die dringend einmal systematisch erfasst werden sollte. Statistisch gesichert ist hingegen die Anzahl der gemachten und nie vergüteten Überstunden: Die be-laufen sich im Schnitt auf 13 Stunden vor der Promotion und zehn Stunden nach der Promotion – pro Woche!

Wissenschaft ist auf diese Weise primär eine Branche für die bereits ohnehin Privilegierten, die sich biografische und ökonomi-

sche Unsicherheit leisten können. Bis zur Professur ist es ein langer Weg, auf dem der zweite Platz immer der erste Verlierer ist. Da es keine „Trostpreise“, sondern nur Nieten gibt, machen sich viele potenzielle Kandidatinnen und Kandidaten gar nicht erst auf den Weg. Schon Studierende bekommen mit, welche Bedingungen herrschen, und entscheiden sich früh gegen den Versuch, in der Wissenschaft zu arbeiten. Angesichts dieser Benachteiligung ist es wenig überraschend, dass zwar bei den Studierenden das Geschlechterverhältnis längst ausgeglichen ist, sich dieses

*»Gerade Frauen scheiden aufgrund der äußerst schlechten Vereinbarkeit von Wissenschaft und Familie recht bald aus, andere bleiben ungewollt kinderlos.«*

Verhältnis auf der Leitungsebene aber längst nicht wiederfindet: Gerade Frauen scheiden aufgrund der äußerst schlechten Vereinbarkeit von Wissenschaft und Familie recht bald aus, andere bleiben ungewollt kinderlos. Viele Umzüge und lange Pendelstrecken sind mit Care-Arbeit (ob für Kinder oder pflegebedürftige Angehörige) ebenso wenig vereinbar wie die stets drohende Gefahr von Phasen der Arbeitslosigkeit [5].

Zunächst umworbene Forschende aus dem Ausland müssen, sind sie einmal da, regelmäßig um ihren Aufenthaltsstatus bangen, ist dieser doch oft an den Arbeitsvertrag gekoppelt; dies ist unter anderem unter dem von Reyhan Şahin gestarteten Hashtag #IchBinReyhan nachzulesen [6]. Die Bundesrepublik Deutschland gefällt sich darin, „Nachwuchs“ ins System zu bringen und „international scholars“ ins Land zu holen (gerne auch



Bild: iStock/sutlafk; Farbkorrektur: LJ



die, die in ihren Herkunftsländern gefährdet sind). Was nach Auslaufen ihres Stipendiums oder ihres Vertrages aus ihnen wird, interessiert dann plötzlich nicht mehr, denn das ist anders als deren „Förderung“ keine Pressemitteilung wert.

Die wenigen privilegierten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler sind eine kleine Elite. Das ist auch so gewollt – und die Elite wird nur noch elitärer, wenn nun auch W2-Professuren immer häufiger befristet sind. Die kleine Möglichkeit, in diese Gruppe aufzusteigen, dient als Karotte, die der Masse der Forschenden vor die Nase gehalten wird, ohne dass die meisten das Ziel jemals erreichen können. Angesichts der verschwindend geringen Chance ist von einem positiven Wettbewerb nichts mehr übrig: Es sind letztlich Netzwerke und Kontakte, die den Ausschlag geben. Mit solchen Strukturen geht eine Arbeitskultur einher, die vielfach als toxisch beschrieben werden kann. Diese gibt es zwar auch in anderen Branchen, doch ist der Vergleich mit weiteren staatlichen Arbeitsplätzen frapierend: Schullehrerinnen und -lehrer werden nach wenigen Jahren vielfach verbeamtet, während ihre ehemaligen Ausbilderinnen und Ausbilder weiterhin prekär beschäftigt sind, wenn sie nicht gleich ganz aus dem System ausscheiden mussten. Strukturell haben befristete beschäftigte Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler mehr Gemeinsamkeiten mit Akteurinnen und Akteuren der Gig-Economy wie Uber-Fahrerinnen sowie -Fahrer, die sich ohne institutionelle Sicherheit von Auftrag zu Auftrag hangeln, als mit anderen Staatsangestellten.

Dass ein so eingerichtetes System der zahlenmäßig stärksten Gruppe an den Hochschulen, den Studierenden, nicht zugutekommt, überrascht nicht. Studierende benötigen eigentlich verlässliche Ansprechpartnerinnen und -partner, vernünftige Betreuungsrelationen und konzentrierte, einfallsreiche Lehre. Mit der permanenten Fluktuation von Lehrenden, die dazu noch unter dauerndem Bewerbungsstress stehen, ist ihnen nicht im Mindesten gedient. Die Lehre, da kaum entfristungsrelevant, ist ohnehin das ungeliebte Geschwisterkind der Forschung an deutschen Universitäten. (An Hochschulen für Angewandte Wissenschaften, den HAWs, sieht das etwas anders aus, aber auch dort ächzt man unter der ohnehin höheren Lehrbelastung.)

Was hat #IchBinHanna bislang gebracht? Ein wesentlicher Aspekt dürfte der Vernetzungsaspekt im sozialen digitalen Raum mit seinem Erfahrungsaustausch sein. Dadurch ist es gelungen, dass das System als strukturell fehlerhaft erkannt und benannt wird – und sich die Betroffenen nicht mehr individuelles Versagen unterstellen (lassen) müssen.

Das Thema ist zudem nachhaltig in der Politik angekommen. Das BMBF – zu dem Zeit-

punkt noch unter der Leitung von Anja Karliczek (CDU) – sah sich mehrfach zu Stellungnahmen gezwungen und schon zwei Wochen nach dem ersten Tweet wurde eine „Aktuelle Stunde“ im Bundestag zu diesem Thema angesetzt. Im Koalitionsvertrag der neuen Regierung aus SPD, Grünen und FDP wurden sämtliche Kernforderungen von #IchBinHanna aufgegriffen. So sollen unter anderem Stellen die gesamte Dauer der Promotion abdecken und Dauerstellen für Daueraufgaben eingerichtet werden. Die neue Regierung hat sich damit zu verlässlichen Arbeitsbedingungen in der Wissenschaft bekannt und eine Reform des WissenschaftszeitVG auf Basis der mittlerweile erfolgten Gesetzesevaluation angekündigt. (Die Evaluation sollte eigentlich schon in der vergangenen Legislaturperiode vorgelegt werden, wurde aber von der alten Regierung verschleppt.)

Da die Formulierungen im Koalitionsvertrag recht offen sind, lassen sie einigen Spielraum für die Entwicklung guter Lösungen. Gleichzeitig bergen sie das Risiko, dass Reformen nicht weit genug gehen oder sich einzelne Zielsetzungen und Maßnahmen gegenseitig konterkarieren. So ist zum Beispiel angesichts der Ankündigung, die Exzellenzstrategie zu verlängern und die Drittmittel zu erhöhen, nicht geklärt, wie dies mit einer nachhaltigen Wissenschaft und einer Möglichkeit der Erforschung langfristiger Phänomene sowie einer Verbesserung der Arbeitsbedingungen der Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler zusammengehen soll. Schließlich sind doch gerade derartige Steuerungshebel und Maßnahmen mitverantwortlich für die gegenwärtige unbefriedigende Situation.

### »Wissenschaft als Beruf verliert zunehmend an Attraktivität.«

Zudem müssen die Karrierewege in der Wissenschaft neu diskutiert werden. Davon führt der Koalitionsvertrag mehrere Optionen parallel auf, etwa Tenure-Track-Professuren oder mehr Dauerstellen neben der Professur. Die Pluralität der Karrierewege bringt jedoch Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler jetzt schon in die missliche Situation, dass es völlig unklar ist, welche Anforderungen zu erfüllen sind, um wenigstens eine minimale Chance auf Erfolg zu haben (zum Beispiel Habilitation: ja oder nein?). Hier müssen grundsätzliche Probleme und Unstimmigkeiten beseitigt werden. Eine punktuelle Verbesserung einzelner Programme oder Gesetzespassagen reicht nicht aus.

Die obigen Ausführungen zeigen, wie umfassend die systemischen Probleme sind. Ohne eine tiefgehende wie umfassende Reform des Wissenschaftssystems werden sich keine

Lösungen finden. Diese Aufgabe ist nicht trivial, liegen die verschiedenen Zuständigkeiten doch nicht nur beim Bund, sondern auch bei den Ländern sowie den Hochschulen und wissenschaftlichen Einrichtungen. In diesem Bermuda-Dreieck sind schon einige Initiativen verschollen.

Auf eine große koordinierte Reform zu verzichten, kann sich die deutsche Wissenschaft jedoch nicht leisten. Nicht nur, weil vernünftige Arbeitsbedingungen einen Wert an sich darstellen, sondern auch, weil es die Wissenschaft in vielen Bereichen nicht mehr schafft, mit der außerwissenschaftlichen Konkurrenz mithalten. Wissenschaft als Beruf verliert zunehmend an Attraktivität. #IchBinHanna hat gezeigt, dass sich daran dringend etwas ändern muss, wenn deutsche Wissenschaft fair und zukunftsfähig ausgestaltet werden soll.

*Das Buch zur Aktion ist am 27. März 2022 in der Edition Suhrkamp erschienen [7].*

## Referenzen

[1] Siehe den Pressespiegel auf <https://ichbinhanna.wordpress.com>.

[2] <https://95vswisszeitvg.wordpress.com>. Die Thesen liegen mittlerweile auch gedruckt vor zusammen mit Erfahrungsberichten und drei Essays. Vgl. Amrei Bahr, Kristin Eichhorn, Sebastian Kubon (Hg.): #95vsWissZeitVG. Prekäre Arbeit in der deutschen Wissenschaft. Marburg 2021.

[3] Vgl. Konsortium Bundesbericht Wissenschaftlicher Nachwuchs: Bundesbericht Wissenschaftlicher Nachwuchs 2021, doi: 10.3278/6004603aw.

[4] Kristin Eichhorn: Befristete Professuren – die nächste Bewährungsstufe. In: *alma meta* vom 20. März 2020; <https://almameta.de/befristete-professuren-die-naechste-bewaehrungsstufe/>.

[5] Vgl. Amrei Bahr, Kristin Eichhorn, Sebastian Kubon: Forschung auf ALG I und Hartz IV. In: *Zeitgeschichte Online* vom 10. Juni 2021; <https://zeitgeschichte-online.de/node/58477>.

[6] [twitter.com/hashtag/ichbinreyhan](https://twitter.com/hashtag/ichbinreyhan)

[7] Amrei Bahr, Kristin Eichhorn, Sebastian Kubon: #IchBinHanna. Prekäre Wissenschaft in Deutschland. Suhrkamp Verlag (2022).

# Erforschung, Nutzung und Erhalt von Biodiversität brauchen freien Datenzugang

VON JÖRG OVERMANN UND AMBER HARTMAN SCHOLZ, BRAUNSCHWEIG

*Bei den laufenden internationalen Verhandlungen der UN zum globalen Biodiversitätsschutz ist der offene Zugang zu lebenswissenschaftlichen Daten zu einem zentralen Streitpunkt geworden. Sollten sich Deutschland und die Europäische Gemeinschaft drängen lassen, das Prinzip des freien Datenzugangs aufzugeben, wird dies nicht nur zu grundlegenden Umwälzungen in der modernen lebenswissenschaftlichen Forschung und den internationalen Forschungs Kooperationen führen, sondern letztendlich den Biodiversitätsschutz selbst beeinträchtigen.*

Neben der Erderwärmung stellt der fortschreitende Verlust der biologischen Vielfalt eine der größten globalen Herausforderungen für die Menschheit dar. Bereits vor dreißig Jahren wurde das erste Internationale Übereinkommen zum Schutz der biologischen Vielfalt (Convention on Biological Diversity, CBD) unterzeichnet. Damit wollten die 196 Vertragsstaaten die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt bei gerechtem Vorteilsausgleich sicherstellen. Im Rahmen des Übereinkommens wurden dazu den einzelnen Staaten die souveränen Rechte an den genetischen Ressourcen auf ihrem Staatsgebiet übertragen. In Ergänzung der CBD wurde 2010 das „Protokoll von Nagoya über den Zugang zu genetischen Ressourcen und die ausgewogene und gerechte Aufteilung der sich aus ihrer Nutzung ergebenden Vorteile“ (kurz „Nagoya-Protokoll“) verabschiedet und trat 2014 in Kraft. Dieses legt fest, dass Zugang und Vorteilsausgleich bei der Nutzung genetischer Ressourcen über bindende Vereinbarungen (Prior Informed Consent und Mutually Agreed Terms) festgelegt wird. Eine wesentliche Motivation für diese internationalen Abkommen war, Anreize für den Schutz der Biodiversität in einkommensschwachen Ländern durch Erlöse (wie beispielsweise Patenteinnahmen) aus der pharmazeutischen und biotechnologischen Nutzung ihrer physischen genetischen Ressourcen zu schaffen. Gleichzeitig war das Nagoya-Protokoll die politische Voraussetzung für die Zustimmung zu den sogenannten Aichi-Zielen für weltweiten Biodiversitätsschutz im Rahmen des Strategischen Plans für Biologische Vielfalt (2010-2020).

Bisher haben sich diese teilweise hohen Erwartungen an den Vorteilsausgleich kaum erfüllt [1, 2]. Gleichzeitig setzt sich der weltweite Artenverlust ungebremst fort. Auf dem anstehenden Weltnaturgipfel (CBD Conference of the Parties, COP 15) muss nun dringend der Durchbruch hin zu einem effektiveren und globalen Biodiversitätsschutz gelingen. Als Rahmenvereinbarung dazu dient das Post-2020 Global Biodiversity Framework, allerdings lie-



gen die Positionen der einzelnen Vertragsparteien hinsichtlich fast aller verhandelten Ziele und Maßnahmen – wie zum Beispiel einer nachhaltigen Landnutzung, einer Erhöhung des Flächenanteils von Schutzgebieten oder dem Finanzierungsmechanismus – noch immer weit auseinander [3].

Im aktuellen Tauziehen um eine Kompromisslösung kommt dem freien Zugang zu lebenswissenschaftlichen Daten mittlerweile eine Schlüsselrolle zu. Beispielsweise macht die Gruppe der afrikanischen Länder ihre Zustimmung zum Post-2020 Global Biodiversity Framework prinzipiell von einer Einigung auf einen funktionierenden und signifikanten finanziellen Vorteilsausgleich bei der Nutzung von Sequenzdaten abhängig [4]. Anders als die physischen genetischen Ressourcen selbst fallen deren digitale Nukleotid- und Aminosäuresequenzen (sogenannte digitale Sequenzinformation, DSI) nämlich nicht eindeutig unter die Beschränkungen des Nagoya-Protokolls. Damit lässt sich digitale Sequenzinformation oh-

ne die Zustimmung der Herkunftsländer und ohne Vorteilsausgleich nutzen, sobald sie in den kostenlosen, öffentlichen Datenbanken hinterlegt ist. Dies gilt im Übrigen nicht nur für die kommerzielle Ausbeutung von Sequenzen, sondern auch für die wissenschaftliche Verwendung von Daten aus Ländern des globalen Südens. Diese Art der Nutzung durch Wissenschaftler aus Industrieländern wird in jüngerer Zeit als „Scientific Colonialism“ oder auch „Parachute Science“ diskutiert [5, 6]; allerdings nutzen gleichzeitig Millionen von Wissenschaftlern des globalen Südens die offene digitale Sequenzinformation anderer Länder [7].

Knapp zwanzig Länder haben bereits die Nutzung und Weitergabe von digitaler Sequenzinformation durch nationale Gesetze oder Verordnungen genehmigungspflichtig gemacht und eingeschränkt [8] – alle nach unterschiedlichen Regeln. Kürzlich hat beispielsweise Kolumbien ein entsprechendes Gesetzesvorhaben (National Decree 1076) zur Kommentierung eröffnet. Insbesondere



re einige Schwellenländer fordern nun eine international bindende Vereinbarung für die Nutzung und den Vorteilsausgleich von digitaler Sequenzinformation auf der Basis bilateraler, landesspezifischer Genehmigungsverfahren wie beim Nagoya-Protokoll. Damit ist nun ein internationales Abkommen zu digitaler Sequenzinformation das Faustpfand für den Erfolg des gesamten Post-2020 Global Biodiversity Framework geworden.

Zur Veranschaulichung der unmittelbaren Konsequenzen für die Lebenswissenschaften: Bei physischen genetischen Ressourcen erfolgt die Kontrolle der Einhaltung der Bestimmungen des Nagoya-Protokolls durch alle Vertragsstaaten – also nicht nur durch das Herkunftsland selbst. Im Staatsgebiet der Europäischen Union gilt dazu die EU-Verordnung 511/2014. Danach müssen Forschende, die genetische Ressourcen aus anderen Ländern verwenden wollen, zunächst selbst ermitteln, welche Genehmigungen von welchen zuständigen Behörden im Herkunftsland benötigt werden, sich die gültigen Genehmigungen besorgen und in ihrem eigenen Land zwanzig Jahre lang für die Kontrolle durch die Behörden ihres eigenen Landes (in Deutschland dem Bundesamt für Naturschutz, BfN) vorhalten, die bei etwaigen Verstößen auch empfindliche Strafen verhängen.

Passt dieses Verfahren nun zu digitaler Sequenzinformation? Wissenschaftliche Publikationen verwenden Sequenzdaten aus bis zu 130 verschiedenen Ländern [9]. Vor jeder Analyse von Sequenzen müssten also die aktuellen Genehmigungen aus bis zu 130 Herkunftsstaaten unter genauer Beschreibung des Ziels der Analysen eingeholt werden. Dies ist administrativ nicht machbar. Nach den bisherigen Erfahrungen mit dem Nagoya-Protokoll versagen bestimmte Staaten ohnehin den Zugang zu ihren genetischen Ressourcen. Vor allem aber wäre eine Verpflichtung zu Einzelfall-abhängigen Genehmigungsverfahren absolut unvereinbar mit dem existierenden System tausender weltweit verlinkter Sequenzdatenbanken, in denen Milliarden frei zugänglicher Sequenzen permanent ausgetauscht werden. Eine Erweiterung des Geltungsbereichs der CBD auf digitale Sequenzinformation wie auch jedes andere System mit teilweise bilateraler Zugangskontrolle (wie die von manchen Staaten vorgeschlagene „hybride“ Lösung) würden das effiziente und jahrzehntelang bewährte Fundament der lebenswissenschaftlichen Forschung mit seiner weltweiten freien Verfügbarkeit von Sequenzdaten ganz grundlegend in Frage stellen.

Dass eine Lösung für den Vorteilsausgleich bei der Nutzung von digitaler Sequenzinformation gefunden werden muss, ist evident. Der Lösungsansatz wird jedoch nur dann tragfähig und zukunftsgerichtet sein, wenn

er auf den im Folgenden genannten wissenschaftlichen Fakten beruht und die Arbeitsweise der Datenwissenschaften hinreichend berücksichtigt.

*»Der offene Zugang zu Sequenzinformation wird entscheidend sein für die Überwindung der Biodiversitätskrise.«*

Marktwirtschaftlich würde die Kommerzialisierung digitaler Sequenzinformation für ein einzelnes Land dann lohnend sein, wenn das Land über einzigartige Sequenzen verfügen würde. Die ursprüngliche Idee des Vorteilsausgleichs der CBD basierte auf der Beobachtung, dass sich die Zentren pflanzlicher Artenvielfalt (sogenannte Biodiversity Hot Spots) oft in Ländern des globalen Südens befinden. Insbesondere kommen 58 Prozent aller bekannten rund 60.000 Baumarten ausschließlich in jeweils nur einem einzelnen Land der Erde vor [10].

Die Vorstellung, dieses Potenzial kommerziell pharmazeutisch oder biotechnologisch auszubeuten, prägte den Begriff des Grünen Goldes (Green Gold). Für den Nutzwert daraus gewonnener digitaler Sequenzinformation ist allerdings entscheidend, wie viele der Gene endemischer Organismen tatsächlich einzigartig

sind und nicht gleichzeitig auch in verwandten Arten anderer Länder vorkommen. Nahe verwandte Arten weisen nämlich großteils gleiche Genbestände auf. Zwar ist bisher nur ein Prozent der Pflanzen genomsequenziert [11] und daher über die Überlappung ihrer Genbestände quantitativ wenig bekannt. Die genetischen Unterschiede beispielsweise zwischen verwandten Tierarten sind aber sehr gering. So beträgt die Ähnlichkeit der Genomsequenz des Bonobos zum Schimpansen 99,6 Prozent [12]. Dies bedeutet, dass sich die allermeiste Sequenzinformation des in der Demokratischen Republik Kongo endemischen Bonobos ebenso auch aus den Schimpansen in vielen anderen Ländern gewinnen lassen würde – beispielsweise Zentralafrikanische Republik, Kongo, Gabun, Kamerun und auch Westafrika. Durch diese starke Überlappung der Genbestände sind die Möglichkeiten zur Monopolisierung digitaler Sequenzinformation selbst bei endemischen Organismen sehr begrenzt.

Tatsächlich kennen viele pharmazeutisch und biotechnologisch relevanten Organismen keine Grenzen. Dies gilt insbesondere für Mikroorganismen, die aufgrund ihrer großen biochemischen Vielfalt für die Nutzung eine herausgehobene Rolle spielen. Patente mit Bezug zu Mikroorganismen machen 60 Prozent aller Organismen-bezogenen Patente aus [13]. Aufgrund ihrer geringen Größe werden Mikroorganismen durch Wind- und Wasserströmungen, durch Zugvögel, aber auch durch den



## Zu den Personen

### Jörg Overmann

ist Geschäftsführender Direktor des Leibniz-Instituts DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH in Braunschweig sowie Professor für Mikrobiologie an der dortigen Technischen Universität.

### Amber Hartman Scholz

arbeitet in Jörg Overmanns Abteilung „Mikrobielle Ökologie und Diversitätsforschung“ am Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH in Braunschweig.

reisenden Menschen und seinen Warenverkehr sehr effizient über große Distanzen verbreitet. So benötigen Sandpartikel mit Mikroorganismen in Staubstürmen aus der Sahara ganze drei Tage, bis sie die Karibik erreichen. Staubstürme aus Asien überqueren den gesamten Pazifik in sieben bis neun Tagen [14]. Es verwundert daher nicht, dass dieselbe Bakterienart oft auf verschiedensten Kontinenten oder in verschiedenen Ozeanen nachgewiesen wird [15, 16]. Aufgrund ihrer geografisch weiten Verbreitung sind weder die Mikroorganismen selbst noch ihre digitale Sequenzinformation endemisch. Gleichzeitig ist das Nutzungspotenzial von Mikroorganismen riesig, aber noch am geringsten ausgeschöpft, da von den 1,7 Milliarden geschätzten Bakterienarten bisher nur etwa 18.000 bekannt sind.

Aus diesen Befunden ergibt sich zwangsläufig, dass der bilaterale Ansatz für den Vorteilsausgleich zu einer marktwirtschaftlichen Benachteiligung aller Länder mit rigiden Zugangsregelungen führen muss, da dieselbe digitale Sequenzinformation oftmals in Ländern mit freiem Zugang genauso verfügbar ist. Nicht zuletzt deshalb bedarf es dringend eines multilateralen, einfachen gesetzlichen Regelwerks mit einer Gesamtlösung für alle Länder.

Die gegenwärtige SARS-CoV-2-Pandemie hat eindrücklich gezeigt, wie es

ten zumeist eine Region der Untereinheit I der Cytochrom-c-Oxidase (*cox1*) verwendet. Das Barcode of Life Data System (BOLD; [17]) sammelt diese Barcodes – zusammen mit Informationen zur Morphologie und dem Fundort der entsprechenden Organismen – über ein System kontinentaler, regionaler und nationaler Knoten. Durch Vergleich mit Referenzen in der Datenbank wird eine Zuordnung zu einzelnen Arten möglich. Die frei zugänglichen und fortlaufend aktualisierten Barcodes stammen aus aktuell 147 Ländern der Erde und bieten eine essenzielle Basis für das Monitoring – also die Erfassung der Verbreitung und Bestandsentwicklung von Arten –, wie auch für die Erstellung Roter Listen, die Naturschutzplanung, die Kontrolle und Rückverfolgung des illegalen Tier- und Pflanzenhandels sowie Kontrollen in der internationalen Fischerei.

Modernste Methoden zum Vergleich ganzer Genome ermöglichen noch viel weitergehende Erkenntnisse, die für den globalen Biodiversitätsschutz benötigt werden. So konnte der Ursprung und die weltweite Ausbreitung des Amphibiensterbens, verursacht durch einen Befall mit dem Pilz *Batrachochytrium dendrobatidis*, erst durch den Vergleich der Genome von insgesamt 234 Isolaten aus verschiedensten Ländern ermittelt werden [18]. Diese Grundpfeiler des globalen Biodiversitätsschutzes werden in

Frage gestellt, sollte der bisher freie Zugang zu ihrer digitalen Sequenzinformation nun gebührend pflichtig oder vollständig unterbunden werden.

Ein häufig bemühtes Argument für eine prinzipiell notwendige Beschränkung des freien Zugangs zu digitaler Sequenzinformation ist, dass frei verfügbare Sequenzinformationen die Entwicklung neuer Produkte und Verfahren auch unabhängig von den physischen genetischen Ressourcen gestattet. Damit gäbe es ein Schlupfloch für eine Kommerzialisierung unter Umgehung des Nagoya-Protokolls, ohne dass ein fairer Vorteilsausgleich für das Herkunftsland sichergestellt wäre. Möglich sei dieses Vorgehen, welches auch öffentlichkeitswirksam mit dem Begriff „Biopiraterie“ belegt wird, für diejenigen Nukleotid- oder Aminosäuresequenzen, die bereits sehr umfassend analysiert und funktionell verstanden sind und damit eine rasche Translation in die Anwendung gestatten.

Aber ist dies das typische Szenario für die Entdeckung wertvoller, neuartiger Produkte

oder Stoffwechselleistungen in unbekanntem Organismen, das eine globale Abschaffung des freien Zugangs zu digitaler Sequenzinformation rechtfertigen würde? Das, was meistens in der gegenwärtigen Debatte unter „Digitaler Sequenzinformation“ verstanden wird, stellt tatsächlich ja nur eine Abfolge von vier Nukleotiden beziehungsweise von 22 Aminosäuren dar. Ihren Bedeutungsgehalt erhält diese Abfolge überhaupt erst durch den Vergleich mit anderen Sequenzen und anderem zusätzlichem Wissen. Ohne diese Aufarbeitung stellt die meiste neue digitale Sequenzinformation eigentlich überhaupt keine echte Information dar, sondern ist vergleichbar einer unbekanntem Sprache, deren Buchstabenfolgen und Texte nicht einmal sinnvoll ausgesprochen, geschweige denn verstanden werden können.

---

»Ohne Aufarbeitung stellt die meiste neue digitale Sequenzinformation eigentlich überhaupt keine echte Information dar.«

---

Die bisher sequenzierten Genome aller Organismen enthalten sogar zu hohen Anteilen hypothetische Gene, die selbst durch Sequenzvergleiche nicht funktionell interpretiert werden können – und in Zukunft experimentell aufwendig charakterisiert werden müssen, um sie überhaupt irgendwann zu verstehen. Um das aktuelle Ausmaß unseres gegenwärtigen Unwissens zu beziffern: Selbst im gut untersuchten Reisgenom sind 27 Prozent der Gene hypothetisch [19], und bei vielen Bakterienengenomen lassen sich zwei Drittel der vorkommenden Gene überhaupt noch nicht lesen [20, 21]. Gerade für innovative neue Anwendungen wären die über hypothetische Gene vermittelten Funktionen jedoch besonders interessant.

Der freie Zugang zu digitaler Sequenzinformation ist schließlich auch für die disziplinübergreifende Integration von Daten von besonderer Bedeutung. Zwar wachsen die Datenmengen in den Lebenswissenschaften seit mehreren Jahren exponentiell an, sie sind jedoch bisher stark verteilt, unstrukturiert und wenig standardisiert – und daher nur begrenzt für übergreifende Datensynthesen zugänglich. So kann die Fülle von Omics-Daten (Genomics, Transcriptomics, Proteomics, Metabolomics, ...) bisher noch nicht hinreichend ausgeschöpft werden, da beispielsweise die Integration mit phänotypischen Daten und Umweltdaten unzureichend ist. Diese begrenzte Zugänglichkeit und Verknüpfbarkeit von Daten ist aktuell ein entscheidendes Hindernis bei der Bearbeitung komplexer Fragestellungen in den Lebenswissenschaften, wie et-



senziell das schnelle und effiziente Teilen von digitaler Sequenzinformation für den wissenschaftlichen Erkenntnisgewinn und die Lösung gesellschaftlicher Herausforderungen ist. Der offene Zugang zu Sequenzinformation wird jedoch mindestens ebenso entscheidend für die Überwindung der Biodiversitätskrise sein. So lassen sich nicht nur Insekten und die meisten Krebstiere, sondern auch viele andere Arten nur anhand ihrer diagnostischen DNA-Sequenzen (sogenannten Barcodes) in der Umwelt verfolgen und quantifizieren. Dazu wird als Marker-Gen bei Eukaryo-



wa die Erstellung von Modellen zur Vorhersage der CO<sub>2</sub>-Emission oder des Nährstoffhaushalts von Böden oder die Modellierung der Artenverbreitung (Species Distribution Models).

Die dazu erforderliche Integration interdisziplinärer Datensätze kann nur gelingen, wenn frei zugängliche Daten standardisiert, kuratiert und über die entsprechenden offenen Datenbanken automatisch miteinander verlinkt werden. Um solche wertvollen Datenbestände nun besser und schneller zu erschließen, zu vernetzen und für das deutsche Wissenschaftssystem nutzbar zu machen, haben Bund und Länder seit dem Jahr 2020 die Nationale Forschungsdateninfrastruktur ([www.nfdi.de](http://www.nfdi.de)) etabliert und fördern diese mit Steuergeldern in Höhe von 85 Millionen Euro pro Jahr. Bemerkenswerterweise läuft die gegenwärtige Diskussion in der CBD zur Beschränkung des freien Datenzugangs in exakt die entgegengesetzte Richtung.

Genauso wie für physische genetische Ressourcen in der CBD argumentieren manche auch für die digitale Sequenzinformation aus übergeordneter ethischer Sicht, dass die Souveränität über diese Information einen völkerrechtlich selbstverständlichen Rechtsanspruch der Bewohner eines Landes darstellt. Allerdings ignoriert diese Argumentation den oben dargelegten wichtigen Unterschied zwischen einer Sequenzabfolge und ihrem Bedeutungsgehalt, also der tatsächlichen Information. Die Verarbeitung von digitaler Sequenzinformation erfolgt multidirektional. Typischerweise ermöglicht erst die Interpretation anderer Sequenzen den tatsächlichen Informationsgehalt. Wie dies in einen Rechtsanspruch aller am Wissensprozess Beteiligten aus ganz verschiedenen Ländern zu übersetzen ist, wird bisher aber überhaupt nicht berücksichtigt – geschweige denn international diskutiert. Vor allem aber führt dieser Ansatz zu dem unsäglichen Dilemma, dass eine weltweite Abschaffung des freien Zugangs zu digitaler Sequenzinformation höchstwahrscheinlich die Benachteiligung der Entwicklungsländer vertiefen würde.

Würde die internationale Staatengemeinschaft den freien Zugang zu digitaler Sequenzinformation nun per internationalem Abkommen abschaffen, so würden damit aber gerade auch die Biodiversitätsforschung und der Biodiversitätsschutz empfindlich und irreparabel getroffen. Von der UN muss daher ein klares Signal für die weltweite Zusammenarbeit in der Biodiversitätskrise ausgehen.

Bisher stammt mehr als die Hälfte der geografisch zuzuordnenden digitalen Sequenzinformation in den öffentlichen Datenbanken aus nur vier industrialisierten Ländern: USA, Kanada, China und Japan. Dagegen nutzen die Länder des globalen Südens quantitativ deutlich mehr digitale Sequenzinformation ande-

rer Länder in den offenen Datenbanken, als es dem Anteil der entsprechenden Information aus genetischen Ressourcen ihrer eigenen Länder entspricht [7]. Offenbar beschreibt der alte Nord-Süd-Antagonismus im Falle digitaler Sequenzinformation die aktuelle Situation vollkommen unzureichend. Benötigt wird stattdessen der Aufbau bioinformatischer und datenwissenschaftlicher Expertise sowie ein freier weltweiter Zugang zu biologischen Daten, um eine echte Teilhabe der ärmeren Länder an der weltweiten Dateninfrastruktur zu sichern und ihnen Innovationssprünge in der Bioökonomie zu ermöglichen.

Bei der Einführung von Bezahlschranken für den Zugriff auf digitale Sequenzinformation in Datenbanken ist dagegen ein Ausbleiben eines finanziellen Vorteilsausgleichs und eine fortgesetzte Frustration von Ländern des globalen Südens absehbar, da Sequenzdaten ohne tieferen Informationsgehalt uninteressant bleiben werden. Gewinne bei der kommerziellen Nutzung digitaler Sequenzinformation lassen sich sinnvoll nur nachgelagert – also entkoppelt vom primären und ungehinderten Zugriff auf die Datenbanken – erst zum Zeitpunkt der Entwicklung und Vermarktung von Produkten und Verfahren abschöpfen. In diesem Zusammenhang ist es ein hoffnungsvolles Zeichen, dass die Gruppe der afrikanischen Länder einen globalen multilateralen Mechanismus zum Vorteilsausgleich mit nachgelagerter Besteuerung von Biodiversitäts-basierten Produkten vorgeschlagen hat [4].

### »Ohne freien Zugang zu digitaler Sequenzinformation würde sich die Benachteiligung der Entwicklungsländer noch vertiefen.«

Eine große Gruppe internationaler Wissenschaftler hat kürzlich einen Vorschlag für ein multilaterales Access-and-Benefit-Sharing-System veröffentlicht, das ohne ein komplexes bilaterales Kontrollsystem auskommt, einen offenen Zugang zu digitaler Sequenzinformation ermöglicht und gleichzeitig eine faire Finanzierung des Biodiversitätsschutzes in Ländern des globalen Südens eröffnet [9]. Zudem setzt sich ein neu gegründetes Bündnis der deutschen universitären und außeruniversitären Biodiversitätsforschung – bestehend aus dem Leibniz-Forschungsnetzwerk „Biodiversität“, dem Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland (VBIO) und dem Konsortium Deutscher Naturkundlicher Sammlungen (DNFS) – für eine multilaterale, entkoppelte Lösung ein. Die deutschen Lebenswissenschaften müssen sich umgehend, klar

und auf breiter Front in den laufenden politischen Prozess rund um den weltweit offenen Zugang zu digitaler Sequenzinformation einbringen, damit faktenbasierte, funktionierende und praktikable Sachentscheidungen getroffen werden.

## Referenzen

- [1] Wade L (2014), *Science* 346: 1440
- [2] Fonseca P., 2015, *Sci. Am.*, [www.scientificamerican.com/article/a-major-center-of-biodiversity-research-crumbles/](http://www.scientificamerican.com/article/a-major-center-of-biodiversity-research-crumbles/)
- [3] CBD Sekretariat, 2022, [www.cbd.int/conferences/post2020](http://www.cbd.int/conferences/post2020)
- [4] IISD, *International Institute for Sustainable Development*, 2022, *Earth Negotiations Bulletin* Vol. 9 No. 767
- [5] Cisneros J.C., et al., 2022, *R. Soc. Open Sci.* 9: 210898
- [6] Lenharo M., Rodrigues M., 2022, *Nature* 605: 18
- [7] Scholz A.H. et al., 2021, *GigaScience* 10 (12): giab085
- [8] Bagley M. et al., 2020, *CBD/DSI/AHTEG/2020/1/5*, doi: 10.13140/RG.2.2.34067.22561
- [9] Scholz A.H. et al., 2022, *Nat. Comm.* 13: 1086
- [10] Beech E. et al., 2017, *J. Sustain. For.* 36: 454-89
- [11] Soltis P.S., Soltis D.E., 2021, *Plants People Planet* 3: 74-82
- [12] Gibbons A., 2012, *Science*, doi: 10.1126/article.25670
- [13] Oldham P. et al., 2013, *PLOS ONE* 8: e78737
- [14] Griffin D.W., 2007, *Clin. Microbiol. Rev.* 20: 459-77
- [15] Thole S. et al., 2012, *ISME J.* 6: 2229-44
- [16] Spät D.R. et al., 2012, *Front. Microbiol.* 20(3): 304
- [17] [www.boldsystems.org](http://www.boldsystems.org)
- [18] O' Hanlon S.J. et al., 2018, *Science* 360: 621-27
- [19] Jiang S.-Y. et al., 2009, *Plant Physiol.* 150: 1997-2008
- [20] Overmann J., Scholz A.H., 2017, *Trends Microbiol.* 25: 85-8
- [21] Overmann J. et al., 2017, *Annu. Rev. Microbiol.* 71, 711-30

# Unser irrationaler Umgang mit der Grünen Gentechnik

VON MATIN QAIM, BONN

*Seit Jahrzehnten lehnt eine Mehrheit der deutschen und europäischen Bevölkerung den Einsatz von Gentechnik in der Landwirtschaft ab – obwohl diese zu einer ertragreicheren und umweltfreundlicheren Produktion beitragen könnte. Wie erklärt sich diese Ablehnung, und was muss getan werden, um die Chancen der Technologie besser nutzen zu können?*

Der Begriff „Grüne Gentechnik“ bezeichnet die Nutzung gentechnischer Methoden in der Landwirtschaft, vor allem zur züchterischen Verbesserung von Nutzpflanzen. In der Pflanzenzüchtung werden inzwischen seit über dreißig Jahren molekulare Methoden des Gentransfers eingesetzt, um Sorten mit neuen, erwünschten Eigenschaften auszustatten. In den vergangenen 15 Jahren sind zusätzliche Methoden der gezielten Gen-Editierung – wie TALEN oder CRISPR – hinzugekommen, die die Präzision und Geschwindigkeit der Züchtung weiter revolutionieren. Diese technischen Entwicklungen sind vor dem Hintergrund der globalen Herausforderungen für die Landwirtschaft – wie Bevölkerungswachstum, Ressourcenknappheit, Klimawandel und Verlust an Biodiversität – sehr zu begrüßen. Allerdings stößt die Grüne Gentechnik in der Öffentlichkeit nach wie vor auf Vorbehalte, vor allem bei uns in Europa.

Die gesellschaftlichen Vorbehalte haben auch in der Politik zu Skepsis und hohen Zulassungshürden für die Grüne Gentechnik geführt, weil man Innovationen nicht gegen den Willen der Bevölkerung durchsetzen will. Die öffentliche Ablehnung basiert allerdings auf Missverständnissen und Vorurteilen, die einzelne Gruppen durch gezielte Stimmungsmache weiter schüren. Leider hat die ablehnende Haltung bei uns in Europa auch negative Konsequenzen für die Nutzung der Technologie anderswo. Ich bin überzeugt davon, dass die Grüne Gentechnik einen wichtigen Beitrag zur nachhaltigen Entwicklung leisten kann und muss. Deswegen müssen wir die Diskussion neu führen, Vorurteile abbauen und uns bei der Bewertung vor allem von der wissenschaftlichen Evidenz leiten lassen.

## Potenziale

Molekulare Methoden des Gentransfers und der Gen-Editierung helfen, die Effizienz in der Pflanzenzüchtung weiter zu steigern. Neue Merkmale – wie Resistenzen von Pflanzen gegen Krankheiten und Schädlinge, Toleranzen gegen Klimastress und Bodenversalzung, ef-

fektivere Ausnutzung von Bodennährstoffen oder ein höherer Gehalt bestimmter Vitamine – können mithilfe von Gentechnik präzise und schnell erreicht werden. Solche Merkmale werden dringend benötigt, um die Nahrungsproduktion ertragreicher und gleichzeitig umweltfreundlicher sowie klimaangepasster zu machen. Über den Nahrungssektor hinaus kann die Gentechnik helfen, Pflanzen als effiziente Quellen unterschiedlichster nachwachsender Rohstoffe zu entwickeln, was in der angestrebten Kreislaufwirtschaft zunehmend an Bedeutung gewinnen dürfte.

---

*»Die öffentliche Ablehnung gegen die Grüne Gentechnik basiert auf Missverständnissen und Vorurteilen, die einzelne Gruppen durch gezielte Stimmungsmache weiter schüren.«*

---

Die Weltbevölkerung wächst weiter und damit auch die Nachfrage nach Nahrungsmitteln und anderen nachwachsenden Rohstoffen. Die landwirtschaftlichen Flächen sind jedoch begrenzt, und eine weitere Ausdehnung in Naturräume sollte wegen der negativen Umwelt- und Klimaeffekte möglichst vermieden werden. Deswegen müssen die Erträge auf den bereits genutzten Flächen gesteigert werden. In den vergangenen Jahrzehnten waren Ertragssteigerungen oft an einen Mehreinsatz von Düngemitteln, Pflanzenschutzmitteln und Bewässerung gekoppelt. Wasser ist aber ebenfalls knapp, und immer mehr Chemie kann wegen der Umwelteffekte auch nicht die Lösung sein. Die Gentechnik kann helfen, die enge Korrelation zwischen Ernteertrag und Einsatz von externen Betriebsmitteln zu reduzieren. Darüber hinaus können Pflanzen mit größerer Robustheit gegen Hitze, Dürre und Überschwemmung vor allem in Zeiten des Klimawandels zur größeren Ertragsstabilität beitragen. Insbesondere in den Tropen und Subtropen, wo viele arme Menschen von der Landwirtschaft

als Einkommensgrundlage abhängig sind, steigen sowohl die Durchschnittstemperaturen als auch die Häufigkeit von Wetterextremen.

Natürlich können gentechnisch entwickelte Sorten diese Herausforderungen nicht alleine lösen. Sie müssen stets an die lokale Situation angepasst sein und sinnvoll mit anderen technischen sowie wirtschaftlichen und sozialen Maßnahmen kombiniert werden. Einige positive Beispiele gibt es bereits. So werden zum Beispiel gentechnisch veränderte Sorten mit eingebauter Resistenz gegen Schadinsekten seit vielen Jahren in den USA, China, Indien, Südafrika und vielen anderen Ländern verwendet. Diese Sorten senken den Einsatz chemischer Insektizide und steigern die Erträge und Einkommen der Bauern. In Argentinien wird seit Kurzem dürreroleranter Weizen angebaut, der die Ernteverluste durch Trockenstress erheblich reduziert. Pilz-, bakterien-, und virusresistente Sorten wurden in verschiedenen Ländern zwar erfolgreich getestet, aber aufgrund von gesellschaftlichen Vorbehalten bisher nicht für die Praxis zugelassen.

## Risiken und Vorbehalte

Als die gentechnische Forschung an Pflanzen vor über dreißig Jahren begann, befürchtete man mögliche neuartige Risiken für Gesundheit und Umwelt. Deswegen wurden in den 1990er-Jahren für gentechnisch veränderte Pflanzen Gesetze und Zulassungsverfahren entwickelt, die ganz anders sind als für konventionell gezüchtete Pflanzen. Nach über 30 Jahren Forschung und mehr als 25 Jahren großflächiger Anwendung sind aber keinerlei unerwartete Effekte aufgetreten, sodass namhafte Wissenschaftsorganisationen weltweit zum Fazit kommen, dass gentechnisch veränderte Pflanzen genauso sicher sind wie herkömmlich gezüchtete. Negative Effekte durch neue Merkmale können zwar auftreten, was aber für alle Züchtungsmethoden zutrifft – egal ob Gentechnik, Mutagenese oder traditionelle Kreuzung. Deswegen gibt es aus Sicht der Risikobewertung keinen Grund dafür, die



Gentechnik anders zu behandeln als konventionelle Züchtungsmethoden. Die Gesetze und Zulassungsprozesse hat man allerdings bisher nicht an diesen wissenschaftlichen Erkenntnisgewinn angepasst. Die Grüne Gentechnik wird nach wie vor fälschlich wie eine Hochrisikotechnologie behandelt. Der Fortschritt in den Pflanzenwissenschaften wird dadurch völlig unnötig erschwert.

Unabhängig von hypothetischen Gesundheits- und Umweltrisiken gibt es in der Öffentlichkeit eine Reihe anderer Vorbehalte gegen Gentechnik. So wird befürchtet, dass Patente auf Pflanzen und biologische Prozesse zur Marktmacht großer Konzerne führen und am Ende vor allem Sorten entwickelt werden, die nicht weniger, sondern mehr Chemie benötigen, Monokulturen fördern und andere nicht nachhaltige Formen der Landwirtschaft begünstigen. Genannt wird hierbei von Gentechnikgegnern gerne die Herbizidtoleranz bei Soja und Mais, die in Teilen Südamerikas

tatsächlich zu verengten Fruchtfolgen, Resistenzentwicklungen in Unkrautpopulationen und höherem Chemieeinsatz beigetragen hat.

Leider wird in der öffentlichen Diskussion kaum zwischen den Risiken der Gentechnik als Methode und den möglichen unerwünschten Effekten konkreter Anwendungen unterschieden. Wenn gentechnische Veränderungen grundsätzlich gefährlich wären, müsste man die Methode strikt regulieren und gegebenenfalls sogar verbieten. Wenn aber nur bestimmte Anwendungen negative Effekte haben können, sollte man diese Anwendungen regulieren und nicht die Technologie als Ganzes verbieten. Denn durch ein grundsätzliches Verbot der Methode werden natürlich auch alle möglichen Anwendungen mit positiven Effekten unterbunden. Herbizidtolerante Sorten werden übrigens inzwischen auch konventionell gezüchtet, und diese konventionellen Sorten haben die gleichen Effekte wie die mit Gentechnik entwickelten, wenn ihre Anwen-

dung nicht mit Regeln der guten fachlichen Praxis verknüpft wird. Wir benötigen vernünftige Regeln für nachhaltige Landwirtschaft, aber das Verteufeln von Schlüsseltechnologien ist hierfür kaum der richtige Weg.

---

*»Die Grüne Gentechnik wird nach wie vor fälschlich wie eine Hochrisikotechnologie behandelt.«*

---

Fragen von Patenten und Marktmacht sind übrigens auch sehr relevant, sollten aber nicht mit der Gentechnik gleichgesetzt werden. Grüne Gentechnik kann man auch dann verwenden, wenn es keine Patente auf Sorten und biologische Prozesse gibt. Zu starke und weitreichende Patente können die wichtige Vielfalt und den Wettbewerb auf den Saatgutmärkten einschränken, sodass das Patentrecht und seine Auswirkungen überprüft und angepasst werden müssen. Aber auch hier gilt, dass das Verbot von Schlüsseltechnologien wohl kaum die beste Maßnahme zur Verhinderung von Marktmacht ist. Das wäre in etwa so, als ob man das Internet verbieten würde, um Marktmacht von Konzernen wie Google und Amazon zu verhindern. Was viele übrigens nicht wissen: Patentrecht ist nationales Recht, und viele der in den USA patentierten Innovationen im Bereich der Grünen Gentechnik sind in Ländern Afrikas und Asiens nicht patentiert.

## Zulassungsverfahren

Im sogenannten Cartagena-Protokoll, einem Zusatzabkommen der Vereinten Nationen über die biologische Vielfalt, haben sich die Unterzeichnerstaaten dazu verpflichtet, keine gentechnisch veränderten Organismen ohne ein eigens dafür geschaffenes Recht und Zulassungsverfahren zu entwickeln und anzuwenden. Mit anderen Worten: Ohne eine spezielle Zulassung darf eine gentechnisch veränderte Pflanze nicht angebaut und in den Umlauf gebracht werden. Sie darf ohne spezielle Genehmigung noch nicht einmal im Versuchsfeld getestet werden. Solche Genehmigungs- und Zulassungsverfahren gibt es für konventionell gezüchtete Pflanzen nicht, obwohl sich die Risiken der Methoden wie gesagt nicht unterscheiden.

Um die Zulassung einer gentechnisch veränderten Pflanze zu beantragen, muss ein umfangreiches Dossier mit den Daten mehrjähriger Risikostudien eingereicht werden. Diese Daten werden von einem unabhängigen Expertengremium begutachtet, das in der Europäischen Union von der European Food Safety Authority (EFSA) einberufen wird. Die EFSA







gibt nach der Prüfung ein wissenschaftliches Votum ab, wobei die Entscheidung über die Zulassung letztlich die Europäische Kommission sowie ein politisches Gremium der Mitgliedsstaaten fällen. Das Gesetz sieht eigentlich vor, dass das EFSA-Votum die Entscheidungsgrundlage bildet, aber die politische Realität sieht anders aus. So gibt es mehrere Beispiele gentechnisch veränderter Pflanzen, die die EFSA als sicher einstuft, aber vom politischen Gremium der Mitgliedsstaaten nie zugelassen wurden. Einzelne Mitgliedsstaaten stimmen aus politischen Gründen in diesem Gremium konsequent gegen die Zulassung gentechnisch veränderter Pflanzen, völlig unabhängig vom jeweiligen EFSA-Votum. Insofern geht es bei den Zulassungsentscheidungen längst nicht mehr um Fragen von Risiken, sondern einzig und allein um politisches Kalkül.

Die einzige gentechnisch veränderte Pflanze, deren Anbau in der EU erlaubt ist, ist insektenresistenter Mais, der bereits 1998 zugelassen wurde, also vor fast 25 Jahren. Und auch

dieser Mais wurde nachträglich in mehreren Mitgliedsstaaten – darunter auch Deutschland – auf Basis dubioser Risikoargumente verboten. Vor diesem Hintergrund gilt in Europa quasi

---

*»Wir benötigen vernünftige Regeln für nachhaltige Landwirtschaft, aber das Verteufeln von Schlüsseltechnologien ist hierfür kaum der richtige Weg.«*

---

ein De-facto-Verbot für den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen, auch wenn weiterhin Anträge zur Zulassung eingereicht werden können. Feldversuche zu experimentellen Zwecken dürfen mit Genehmigung weiterhin stattfinden, allerdings muss der genaue Standort veröffentlicht werden, was in der Vergangenheit regelmäßig Feldzerstörungen durch Gentechnikgegner nach sich zog. Seit der Europäi-

sche Gerichtshof im Sommer 2018 alle Verfahren der Gen-Editierung ebenfalls als Gentechnik eingestuft hat, gelten die gleichen Zulassungshürden nun auch für Gen-editierte Pflanzen – und zwar auch dann, wenn in der Pflanze keine artfremden Gene enthalten sind.

Der Vollständigkeit halber sei erwähnt, dass die EFSA und die politischen Gremien der EU nicht nur Anträge zur Zulassung für den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen prüfen, sondern auch Anträge für den Import für Lebens- und Futtermittelzwecke. Die Bearbeitung dieser Anträge wird teilweise auch aus politischem Kalkül heraus möglichst lange verzögert, aber hin und wieder werden Zulassungen für den Import erteilt, unter anderem auch deswegen, weil Importverbote nicht mit dem Recht der Welthandelsorganisation (WTO) vereinbar wären und die USA und andere Exportländer der EU mit Handelssanktionen drohen. Deswegen importieren wir in der EU durchaus gentechnisch veränderte Produkte, die hier vor allem als Futtermittel dienen. Lebensmittel von Tieren, die mit gentechnisch veränderten Pflanzen gefüttert wurden, müssen in der EU nicht als solche gekennzeichnet werden. Aus diesem Grund sind sich viele Verbraucher nicht bewusst, dass sie regelmäßig mit Gentechnik hergestellte Produkte konsumieren.

## Konsequenzen des De-facto-Anbauverbots

Die politisierten Prozesse der Gentechnikzulassung in der EU haben weitreichende Konsequenzen. Erstens kommen seit über zwanzig Jahren keine neuen Anwendungen auf den Markt, was dazu führt, dass viele die deklarierten Vorteile der Gentechnik schlicht als leere Versprechungen betrachten. Zweitens führt die regelmäßige Nicht-Zulassung unweigerlich dazu, dass Bürgerinnen und Bürger die Gentechnik als grundsätzlich gefährlich einstufen. Warum sonst sollten Pflanzen nach aufwendiger Prüfung am Ende nicht zugelassen werden? Dass hier hinter politisches Kalkül steckt, ist für die meisten nicht zu durchschauen, zumal von Politikerinnen und Politikern oft auf mögliche Risiken hingewiesen wird, um die Entscheidungen gegen die Zulassung zumindest ein Stück weit zu rechtfertigen.

Drittens machen die hohen Hürden gentechnische Zulassungsverfahren unnötig teuer und zeitaufwendig. Teure Risikostudien, das wiederholte Nachliefern von Daten und die oftmals jahrelangen Verzögerungen der Verfahren mit ungewissem Ausgang führen dazu, dass die Zulassungskosten inzwischen wesentlich höher sind als die Forschungs- und Entwicklungskosten selbst. Öffentliche Forschungseinrichtungen und kleinere Unternehmen können sich diese hohen Kosten nicht



leisten, sodass am Ende nur die großen Konzerne am Markt eine Chance haben. Selbst für Konzerne lohnen sich die hohen Zulassungskosten nur bei Kulturarten und Merkmalen mit großem kommerziellen Potenzial. Anreize für die Entwicklung möglicher Anwendungen der Gentechnik für kleinere Marktsegmente fehlen. Die Befürchtung einer Dominanz durch große Konzerne, die vor allem Technologien für kommerzielle Märkte entwickeln, wird zur selbsterfüllenden Prophezeiung, weil die Regulierungs- und Zulassungspraxis andere Optionen systematisch unterbindet.

Viertens wandert die moderne Pflanzenforschung in Europa zunehmend ab und verliert an internationaler Wettbewerbsfähigkeit. Große Firmen wie Bayer und BASF haben bereits vor vielen Jahren ihre Pflanzenbiotech-Forschung an Standorte außerhalb Europas verlegt. Kleinere Unternehmen, die nicht international tätig sind, haben ihre Biotech-Aktivitäten eingestellt. Öffentliche Institute für Pflanzengentechnik konzentrieren sich heute primär auf Grundlagenforschung, weil Produktentwicklung und Anwendung hierzulande keine Chance haben. Studierende und Nachwuchsforschende wandern ins Ausland ab oder entscheiden sich von vornherein für andere Fächer, weil das gesellschaft-

*»Die regelmäßige Nicht-Zulassung führt unweigerlich dazu, dass Bürgerinnen und Bürger die Gentechnik als grundsätzlich gefährlich einstufen.«*

liche Klima für die Grüne Gentechnik in Europa so schwierig ist.

Die europäische Haltung blockiert die Grüne Gentechnik in Europa selbst, bremst aber auch die Entwicklungen anderswo aus. Die EU ist für viele Länder ein wichtiger Agrarhandelspartner, sodass die Nutzung gentechnischer Anwendungen, die in der EU nicht zum Import zugelassen sind, zum Verlust eines wichtigen Exportmarkts führen würde. Vor allem Länder in Afrika und Asien blicken aber auch in Sicherheitsfragen nach Europa und nehmen aufmerksam wahr, dass gentechnische Anwendungen bei uns regelmäßig nicht zugelassen werden. Das schürt internationale Ängste, die von den lokalen Medien aufgegriffen und von gentechnikkritischen Organisationen weiter angeheizt werden. Greenpeace brüstet sich zum Beispiel damit, aktiv zur Verhinderung von Gentechnik in verschiedenen Ländern Afrikas und Asiens beigetragen zu haben. Dabei könnten gerade arme Menschen im globalen Süden besonders stark von der Grünen Gentechnik profitieren, wie

unter anderem die Forschung meiner eigenen Arbeitsgruppe zeigt.

## Wie kann die Irrationalität überwunden werden?

Die Gentechnikdebatte ist in Europa in eine Sackgasse geraten, aus der es nicht ganz leicht sein wird, sie wieder herauszuholen. Aber ich bleibe optimistisch, dass dies schrittweise gelingen kann. Dazu muss die Regulierungs- und Zulassungspraxis geändert werden. Ein guter erster Schritt wäre, Gen-editierte Pflanzen, die keine artfremden Gene enthalten, vom Gentechnikrecht auszunehmen. Dieser Schritt wäre kurzfristig möglich, auch ohne Gesetzestexte selbst verändern zu müssen, sodass sich möglicherweise leichter politische Mehrheiten gewinnen ließen. In der öffentlichen Wahrnehmung löst vor allem der Gentransfer über Artgrenzen hinweg Unbehagen aus, der für viele Anwendungen der Gen-Editierung aber gar nicht relevant ist. In weiteren Schritten sollte allerdings das Gentechnikrecht umfassender reformiert werden, denn wie jahrzehntelange Sicherheitsforschung nahelegt, führen gentechnische Eingriffe auch dann nicht zu neuartigen Risiken, wenn dabei artfremde Gene übertragen werden. Risiken können durch das Produkt entstehen, also die Pflanze mit ihren neuen Eigenschaften, nicht aber durch die zur Entwicklung verwendete Züchtungsmethode. Insofern sollte ein neues Gesetz zum Risikomanagement auf das Produkt und nicht auf die Methode fokussieren.

Gleichzeitig muss aber auch die öffentliche Debatte und Meinungsbildung ehrlicher und faktenbasierter werden. Nur durch objektive Kommunikation können zum Teil tiefsitzende Vorurteile gegen die Grüne Gentechnik schrittweise abgebaut werden. Das erfordert mehr Engagement aus der Wissenschaft heraus, braucht aber auch Mut von den Medien, nicht jedem Argument – egal wie oft es schon widerlegt wurde – in der Berichterstattung den gleichen Raum zu geben. Eine vermeintlich ausgewogene Berichterstattung, die jede geäußerte Meinung gleich gewichtet, trägt mit zur Perpetuierung von Vorurteilen bei, weil jeder sich in seiner Einschätzung bestätigt sieht. Wir alle leiden unter kognitiven Verzerrungen, wodurch wir bereitgestellte Informationen am liebsten so fil-

tern und interpretieren, dass sich die eigenen Erwartungen erfüllen.

Eine stärker faktenbasierte öffentliche Debatte würde auch eine Gentechnik-offenere Politik erleichtern. Für politische Entscheidungsträger ist es schwer, sich für eine Technologie stark zu machen, für die es in der Bevölkerung eine weitverbreitete Ablehnung gibt. Bisher war das Thema Grüne Gentechnik in Europa nicht wichtig genug, als dass viele Politikerinnen und Politiker bereit gewesen wären, durch Befürwortung mögliche Sympathiepunkte in der Wählerschaft zu riskieren. Die Relevanz des Themas ändert sich allerdings derzeit, sodass eine neue politische Dynamik entstehen könnte. Der Klimawandel

*»Die Gentechnikdebatte ist in Europa in eine Sackgasse geraten.«*

schreitet massiv voran und beeinflusst bereits die landwirtschaftlichen Erträge. Gleichzeitig rücken die negativen Umweltwirkungen der Landwirtschaft immer stärker auf die politische Tagesordnung, dank derer konkrete Ziele zur Reduktion des Chemieeinsatzes formuliert wurden. Darüber hinaus verdeutlicht der Krieg in der Ukraine, dass die Weltversorgung mit Nahrungsmitteln auf wackeligen Füßen steht und der Hunger ansteigt, wenn die verfügbaren Mengen international knapp werden. Diese Faktoren führen zu einem neuen Interesse an Technologien zur nachhaltigen Produktionssteigerung in der Landwirtschaft.

Wir müssen uns an das Thema Grüne Gentechnik öffentlich und politisch nochmals heranwagen und die Situation neu bewerten. Die Technologie bietet viele Chancen und Potenziale, nachhaltige Entwicklung voranzutreiben. Diese Chancen nicht zu nutzen, wäre vor dem

Hintergrund der globalen Herausforderungen unverantwortlich.

## Zum Autor

**Matin Qaim** ist Professor für Agrarökonomie und Direktor am Zentrum für Entwicklungsforschung (ZEF) der Universität Bonn. Er ist Mitglied der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina.



# Schuld und Heilung: Wir müssen über das moralische Dilemma Tierversuch reden

VON FLORIAN FISCH, BERN

*Rechtfertigt eine bestimmte Erkenntnis, einem fühlenden Lebewesen Leid anzutun? Diese Frage dürfen Forscherinnen und Forscher nicht für sich beantworten. Für eine Beteiligung der Gesellschaft braucht es aber radikale Transparenz.*

Sprach er wirklich von Schuld? Ich dachte, ich hätte mich verhöhrt. Doch tatsächlich benutzte ein Theologe diesen Begriff auf einer Tagung zu Tierversuchen. Da konnte ich als ausgesprochener Atheist und überzeugter Befürworter von Forschungsfreiheit zuerst mal nur innerlich den Kopf schütteln. Das ist weitab von jeglichem Alltag an den Forschungsinstituten, dachte ich.

Meine empörte Verwirrung teilte ein Mitglied einer Ethikkommission im Publikum: „Wenn ich eine saubere Güterabwägung gemacht habe, zwischen dem Leid der Versuchstiere und dem Nutzen für die Gesellschaft, dann mache ich mich doch nicht schuldig!“ Genau, denn wäre es tatsächlich so, dass wir uns durch eine Handlung schuldig machen, dann müssten wir die Handlung doch unterlassen. Der Theologe sah es anders und formulierte es aus dem Blickwinkel eines Biomediziners so: „Ich weiß, dass es falsch ist, aber ich muss es tun und übernehme auch die Verantwortung dafür.“

Der Tierethiker Herwig Grimm von der veterinärmedizinischen Universität Wien schaffte es dann, meine Gedanken zu ordnen. Tierversuche fügen den Tieren, an denen der Versuch durchgeführt wird, eindeutig Leid zu, egal wie stark wir es zu lindern versuchen. Es mag in vielen Fällen eine klei-

ne Belastung sein, aber es ist eindeutig eine. Bei Menschen haben wir dafür Kompensationen. War der Schaden ungewollt, entschuldigen wir uns. Tierversuche sind aber kein Versehen. Manchmal schaden wir Menschen zur Strafe. Die Tiere haben aber nichts Falsches getan. Auch andere moralische Begründungen für Schaden bei Menschen funktionieren bei Tierversuchen nicht.

*»Wir Menschen nehmen den Labortieren etwas, das wir ihnen nicht zurückgeben können.«*

Egal wie wir es drehen und wenden, es bleibt ein „moralischer Rest“, wie es Grimm formulierte. Wir Menschen nehmen den Labortieren etwas, das wir ihnen nicht zurückgeben können. Beim heute typischen Vorgehen, der klassischen Abwägung zwischen dem Nutzen für die Menschen und dem Schaden für die Tiere, gehen die am Versuch beteiligten Tiere leer aus.

So betrachtet fing mich diese theologische Betrachtung an zu überzeugen. Indem wir den Patientinnen und Patienten Gutes tun, tun wir den Labortieren Schlechtes. Daraus gibt es keinen Ausweg. Es ist ein Dilemma. Entweder wir verzichten auf die Vorteile von Tierversuchen oder wir stellen uns über die Tiere. Ich kann mich nur schuldig machen und muss mir also wohl oder übel eingestehen: Ich bin ein Speziesist. *[Anm. d. Red.: Speziesismus ist laut dem Duden eine Anschauung, nach der der Mensch allen anderen Arten überlegen und daher berechtigt sei, deren Vertreter nach seinem Gutdünken zu behandeln.]*

Diese Schuldfrage beschäftigt uns in Europa schon eine lange Zeit. Die niederländische Regierung kündigte 2016 an, das Land bis 2025 „weitgehend tierversuchsfrei“ zu machen – der Plan wurde mittlerweile etwas angepasst. Auch das EU-Parlament verlangte im September 2021 von der Kommission einen „Aktionsplan zur Abschaffung von Tierversuchen in der Forschung“. Die noch junge medizinische Fakultät der Johannes-Kepler-Universität in Linz hat sich 2020 zwar entschieden, ein neues Tierversuchslabor einzurichten, möchte bei der Bewilligung aber restriktiver sein als sonst in Österreich üblich. Am Max-Planck-Institut für biologische Kybernetik in Tübingen gibt es seit der unrühmlichen Auseinandersetzung und dem letztlich Wechsel von Hirnforscher Nikos Logothetis nach Shanghai keine Forschung mit Rhesusaffen mehr.

Was sagt die Bevölkerung dazu?

Wie die Schweizerinnen und Schweizer mit der Schuldfrage umgehen, zeigte sich am 13. Februar 2022. Fast achtzig Prozent bekannten sich als Speziesistinnen und Speziesisten. Dies war zumindest das Resultat der Abstimmung über die Volksinitiative mit dem Namen „Ja zum Tier- und Menschenversuchsverbot“. Es ging also auch um klinische Studien, bei denen nicht die Versuchspersonen selbst die Nutznießer des Versuches sind (Plazebo-Gruppen, Phase-1-Studien und Ähnliches). In der vorangegangenen Debatte waren die Tierversuche allerdings die ganze Zeit im Fokus.

Abstimmungen zum Umgang mit Tieren haben eine lange Geschichte in der Schweiz. Bei der ersten überhaupt im Jahr 1893 ging es ums Schächten und hatte den Titel „Für ein Verbot des Schlachtens ohne vorherige Betäubung“. Sie wurde mit sechzig Prozent der Stimmen angenommen.

In den 130 Jahren seither hat sich das Verhältnis unserer Gesellschaften zu Tieren verändert. Immer mehr Menschen leben in Städten, wo Tiere vor allem als Streicheltiere vorkommen. Es gibt immer weniger Bauernhöfe, auf denen die Leute in Kontakt mit Nutztieren kommen. Der Naturschutz spielt eine immer größere Rolle in der Politik, und rechtlich gelten Tiere meist nicht mehr als Sache. Wäh-

## Zum Autor

**Florian Fisch** ist promovierter Biochemiker, Wissenschaftsredaktor für Biologie und Medizin beim Schweizerischen Nationalfonds (SNF) und Co-Leiter von dessen Forschungsmagazin Horizonte.





rend Massentierhaltung immer mehr in die allgemeine Kritik gerät, wird der Veganismus immer populärer. Antispeziesismus wurde zu einem weithin bekannten philosophischen Begriff.

Interessanterweise schlägt sich dies nicht in der Haltung der Schweizer Stimmberechtigten zu Tierversuchen nieder. Seit fast vier Jahrzehnten bleibt die Ablehnung von Einschränkungen der Forschung mit Tieren bei plus/minus zwei Dritteln. Der medizinische Nutzen scheint in den Überlegungen klar zu überwiegen.

» 1985 wurde die „Abschaffung der Vivisektion“ mit 71 Prozent verworfen.

» 1992 wurde die „drastische und schrittweise Einschränkung der Tierversuche“ mit 56 Prozent verworfen.

» 2010 wurde die Einführung eines „Tierschutzanwalts“ mit 71 Prozent verworfen.

» 2019 wurde im Kanton Genf die „bessere Kontrolle von Tierversuchen“ mit 64 Prozent verworfen.

» 2022 wurde neben der oben erwähnten Abstimmung im Kanton Basel das Konzept „Grundrechte für Primaten“ mit 75 Prozent verworfen.

Die Tierversuche werden selbst von den Grünen grundsätzlich getragen. Allerdings drängt die Linke im Parlament für mehr Einschränkungen. Zum Beispiel für ein Verbot des höchsten Schweregrads, der zum Beispiel durch das Einpflanzen eines aggressiven Tumors gegeben ist. Oder für einen festgelegten Zeitpunkt eines Ausstiegs aus Tierversuchen, wie ihn auch die niederländische Regierung ursprünglich wollte.

Die Hoffnung, dass Tierversuche einmal unnötig werden, wird durch die Daten nicht gestützt. Zwar sanken in der Schweiz die Zahlen von 1983 bis 1996 von fast zwei Millionen auf 600.000 Versuchstiere pro Jahr. Doch seither schwanken die Zahlen um diesen Wert. Auch in Deutschland und Österreich bleiben die Zahlen in den vergangenen Jahren mehr oder weniger stabil. Da die Forschungstätigkeit in dieser





Zeit gestiegen ist, ist dies zwar eine relative Abnahme, aber sicher nicht die angestrebte Reduktion.

In der Schweiz hat der Bund das Nationale Forschungsprogramm „Advancing 3R – Tiere, Forschung und Gesellschaft“ in Auftrag gegeben, das zum Ziel hat, diese Reduktion herbeizuführen. Daneben sollen auch ethische, rechtliche, soziale, historische, kulturelle und wirtschaftliche Aspekte erforscht werden, um die gesellschaftliche Diskussion voranzubringen. Dafür stehen für fünf Jahre zwanzig Millionen Schweizer Franken zur Verfügung.

Natürlich kann man die Zahlen auch relativieren, wenn man sie mit dem Fleischkonsum vergleicht. Die Schweiz hielt 2020 gemäß Bundesamt für Landwirtschaft 12,4 Millionen Hühner, 1,5 Millionen Rinder und 1,3 Millionen Schweine. Im selben Jahr konsumierten die Schweizerinnen und Schweizer über fünfzig Kilogramm Fleisch pro Kopf. Dazu kommt die Zerstörung des Lebensraums und die nicht immer sehr artgerechte Haltung von Haustieren.

---

*»Bei Tierversuchen sind es andere, die die Verantwortung für das Tierleid übernehmen. Bürgern und Politikern bleibt nur der totale Ausstieg oder das volle Vertrauen.«*

---

Im Unterschied zur Forschung sind dies moralische Entscheidungen, die jede Person für sich selbst fällen kann: Fleisch essen oder nicht, Katze anschaffen oder nicht, großes Haus kaufen oder nicht. Bei Tierversuchen hingegen sind es andere, nämlich die Experimentatorinnen und Experimentatoren sowie Mitglieder von Tierversuchskommissionen, die entscheiden, ob sie die Verantwortung für das Tierleid übernehmen, um medizinische Fortschritte zu ermöglichen. Die einzelne Entscheidung entzieht sich dem demokratischen Prozess. Dem normalen Bürger und der normalen Politikerin bleibt nur der totale Ausstieg oder das volle Vertrauen.

Um die getroffenen Entscheidungen besser nachvollziehen zu können und auch gezielter in die gewünschte Richtung zu leiten, ist es folgerichtig, dass die Forschungsinstitutionen transparenter werden sollen. Wozu werden die vielen Tiere verwendet, welche alternativen Verfahren kommen zum Einsatz?

In Deutschland gibt es seit einigen Jahren die Initiative „Tierversuche verstehen“ von einer Allianz von Wissenschaftsorganisationen. Forscherinnen und Forscher gehen dabei auf die Menschen zu und erklären aktiv, wie die Dinge laufen. In der Schweiz arbeiten die Forschungsinstitutionen zusammen, um

das Swiss Transparency Agreement on Animal Experimentation auf die Beine zu stellen. Eine Selbstverpflichtung also, offen über die eigenen Forschungsarbeiten zu berichten. Es sind vorerst kleine Schritte. Aber hier kommt eben wieder die Schuldfrage: Es fällt allen schwer, über das Leid zu reden. Und mit dem Verkünden von Tierversuchszahlen lässt sich schwer für mehr Steuer- und Spendengelder werben.

Zudem droht das Bürokratiemonster. Es ist erstaunlich schwierig, genau Buch zu führen. Die Einteilung in Schweregrade ist nicht einfach, und nicht alles wird in allen Ländern gleich gezählt. Ist eine Beobachtungsstudie überhaupt ein Tierversuch? Und wie soll man die nach der Zucht überzähligen Tiere zählen?

Die Finanzen sind ebenso kompliziert. Die meisten Forschungsprojekte beinhalten sowohl Tierversuche als auch Alternativmethoden. Was soll nun zum Tierversuch und was zu den Zellkulturen gezählt werden? Die Verbrauchsmaterialien und Analyseapparaturen sind wahrscheinlich die gleichen? Gehören die Löhne der Experimentatorinnen und Experimentatoren zu den Ausgaben für Tierversuche – und zu welchem Prozentsatz? Und wann kann man sagen, dass man 3R-Forschung betreibt? Eine Alternativmethode anzuwenden, reicht ja wohl nicht. Doch dann benötigt die 3R-Forschung ebenfalls Tierversuche – und sei es nur zur Validierung. Neben all diesen administrativen Aufgaben sollen die Forschenden ja noch Zeit haben, herauszufinden, wie das Immunsystem genau funktioniert oder auf welche Wirkstoffvarianten die Tumorzellen am meisten ansprechen.

Die Forschungsinstitutionen werden dies immer besser hinkriegen und laufend transparenter werden – da bin ich überzeugt. Das wird die informierte demokratische Debatte über Forschungsfreiheit, Tierschutz und medizinischen Fortschritt zumindest vereinfachen. Der eigentliche Punkt, an dem sich die Frage um Schuld kristallisiert und an dem sich die meisten Konflikte entladen, ist damit aber noch nicht angegangen: die Tierversuchskommissionen.

Diese Expertengremien bestimmen die Höhe der Hürde, sie beurteilen die berüchtigte Güterabwägung, sie sind als Behörde die Schnittstelle zwischen Gesellschaft und Forschung, sie müssen ein rechtsstaatliches, klares Verfahren garantieren.

In der Schweiz sind die kantonalen Veterinärämter dafür zuständig. Sie sind es auch, die abschließend – gestützt auf den Entscheid der Kommission – bestimmen. Auf welche Art die Kommissionen entscheiden und welche Personen dort Einsitz nehmen sollen, ist seit jeher eine kontroverse Angelegenheit. Sie werden von Tierschützerinnen und Tierschützern für ihre Ablehnungsquoten kritisiert, die sich

im tiefen, einstelligen Bereich befinden. Von Forschenden für ihre nicht evidenzbasierten Entscheide. Die einen beklagen, dass die Tierschützerinnen sowie Tierschützer darin untervertreten seien. Die anderen kritisieren, wenn Mitglieder ein Rekursrecht für die Entscheide der eigenen Kommission besitzen. Das Verfahren für ein Hirnforschungsprojekt an drei Makaken von der Universität Zürich dauerte insgesamt 43 Monate, länger als eine durchschnittliche Dissertation.

Bei alledem haben Außenstehende keine Chance, zu verstehen, welche Diskussionen geführt werden und nach welchen Kriterien entschieden wurde. Hätten sie die Schuld auf sich genommen, um diese Erkenntnis zu erlangen? Würden sie das Versprechen auf eine Heilungsmethode höher gewichten als den reinen Erkenntnisgewinn? Hätten sie noch offene Fragen gehabt?

Um diese schwierigen Fragen beantworten zu können, braucht es Einsicht in die Prozesse der Tierversuchskommissionen. Davon sind wir allerdings sehr weit entfernt. Hier kommen noch andere ethische Prinzipien ins Spiel: Die Persönlichkeit der Forschenden muss geschützt werden. Eine Ablehnung darf nicht öffentlich breitgetreten und die Personen damit bloßgestellt werden. Schützenswert ist auch das Kommissionsgeheimnis, das erlaubt, dass Mitglieder sich frei äußern und einen Konsens herstellen können.

---

*»Das moralische Dilemma werden wir nie lösen.«*

---

Trotzdem: Mehr Transparenz ist möglich – muss möglich sein. Positive Entscheide können konsequent kommuniziert werden. Negative können so anonymisiert oder zusammengefasst werden, dass daraus kein Rückschluss auf die Antragstellenden gezogen werden kann. Die Argumente einer Kommission werden für Letztere bereits zusammengefasst. Sie können auch für die Öffentlichkeit aufbereitet werden – notfalls auch exemplarisch in Form von einzelnen Beispielen.

Das moralische Dilemma werden wir nie lösen. So viel ist klar. Aber Forschende, Kommissionsmitglieder, Tierschützerinnen und Tierschützer sowie Politikerinnen und Politiker können einander zeigen, wie sie über einzelne Versuche denken und warum sie so oder anders entschieden haben oder hätten. Wir werden uns auch in Zukunft nicht einig sein. Aber ich hoffe fest, dass wir mit besseren Argumenten darüber streiten können. Die Diskussion darum könnte jedenfalls spannender werden.



# Der steinige Weg zur Therapie

IM GESPRÄCH MIT HOLM SCHNEIDER, ERLANGEN

*From Bench to Bedside – bei seltenen Krankheiten scheint dieser Weg besonders mühsam. Ihn geht gerade auch der Erlanger Kinderarzt Holm Schneider, dem an ungeborenen Kindern im letzten Schwangerschaftsdrittel erfolgreiche Heilversuche zur Behandlung von X-chromosomaler hypohidrotischer ektodermaler Dysplasie (XLHED) gelangen. Wer an dieser Krankheit leidet, kann nicht schwitzen.*

**Laborjournal:** XLHED ist eine sehr seltene Erkrankung. Können Sie sie beschreiben?

**Holm Schneider** » Unter den fast hundert ektodermalen Dysplasien – genetisch bedingten Entwicklungsstörungen des äußeren embryonalen Keimblattes – ist XLHED die häufigste. Vier bis acht von 100.000 Menschen sind davon betroffen. Das erkennt man vor allem an Haut, Haaren und Zähnen. Männliche Betroffene haben dunkle Augenringe, liches Haar, kaum Augenbrauen und nur wenige, oft auffällig spitze Zähne. Ihre Haare wachsen so langsam, dass sie keinen Friseur brauchen. Schlimmer aber ist, dass viele nicht schwitzen können – keinen Tropfen, weil in ihrer Haut die Schweißdrüsen fehlen. Und wer nicht schwitzen kann, weder bei Hitze noch bei Anstrengung, der erleidet leicht einen Wärmestau. Also geht er der Sonne aus dem Weg, zieht sich bei schönstem Wetter an kühle, schattige Orte zurück. In manchen Gegenden begannen die Leute dann zu tuscheln, jemand mit zwei spitzen Zähnen, der das Sonnenlicht scheut, sei womöglich ein Vampir. Im Volksmund heißt die XLHED dort heute noch „Vampirkrankheit“.

»Mit diesem Wissen behandelten wir einen dritten betroffenen Jungen im Mutterleib – wiederum erfolgreich.«

**Wie kamen Sie dazu, eine Therapie für genau diese Erkrankung zu entwickeln? Was war der Anlass?**

**Schneider** » Wir prüfen eine Therapie mit einem Ersatzprotein für das Signalmolekül, das den Betroffenen fehlt. Also keine Gentherapie. Damit das Protein wirken kann, muss es allerdings schon im Mutterleib verabreicht werden. Das ist das Neue an unserem Verfahren. Der Anlass dafür war Christoph, ein Junge mit XLHED, der vor fast zwanzig Jahren mein Interesse an diesem Krankheitsbild weckte.

## Zur Person

**Holm Schneider** ist Professor für Kinderheilkunde am Universitätsklinikum Erlangen und leitet dort das Zentrum für Ektodermale Dysplasien.

Dass es nicht am schlimmsten war, wie ein Vampir auszusehen, sondern keine Schweißdrüsen zu besitzen, verstand ich erst, als Christoph von seinem Bruder erzählte, der deswegen im Säuglingsalter an einem Hitzschlag gestorben war. Einer meiner Patienten erklärte es mir später so: „Nicht schwitzen zu können, das ist wie Autofahren mit einem Motor ohne Kühlung.“

**Wie funktioniert die Therapie?**

**Schneider** » Um die Bildung von Schweißdrüsen, Haaren, Zähnen und anderen Dingen in Gang zu setzen, muss während der vorgeburtlichen Entwicklung überall dort, wo entsprechende Anlagen entstehen sollen, das Protein Ektodysplasie A1, kurz EDA1, auf bestimmten Zellen an seinen Rezeptor andocken. Wird aufgrund einer Genveränderung defektes oder gar kein EDA1 gebildet, kommt es zu den genannten Krankheitsercheinungen. Meine Arbeitsgruppe erforscht seit vielen Jahren ein rekombinantes Protein, eine Nachbildung von EDA1, das an Fc-Fragmente eines humanen Antikörpers gekoppelt ist. Dieses Ersatzprotein, wir haben es Fc-EDA genannt, bindet an den natürlichen EDA1-Rezeptor und löst die Signalkette aus, die zur Bildung von Schweißdrüsen, Haaren und Zähnen führt.

**Sie spritzen dieses Protein ins Fruchtwasser?**



**Schneider** » Für die Therapie ist der Zeitpunkt der Fc-EDA-Gabe entscheidend: Bei Mäusen mit XLHED genügt es, wenn die Behandlung gleich nach der Geburt erfolgt, beim Menschen muss sie deutlich früher stattfinden. Deshalb verabreichen wir Fc-EDA zwischen der 26. und der 32. Schwangerschaftswoche mehrmals in das den Fetus umgebende Fruchtwasser und machen uns dabei den Fc-Rezeptor des Kindes zunutze. Der sitzt im Darm aller Säugetiere – auch des neugeborenen Menschen – und wartet darauf, dass Muttermilch vorbeikommt, um sich mütterliche Antikörper herauszufischen. Er erkennt diese an ihrer Fc-Komponente, bindet sie und befördert sie dann durch das Darmepithel ins Blut des Kindes. Das funktioniert bereits bei Feten, sobald sie Fruchtwasser schlucken, und ermöglicht es, ein Ersatzprotein im Huckepackverfahren in den Kreislauf eines ungeborenen Kindes einzubringen. So gelangt unser Fc-EDA zu seinen Wirkorten.

**Faszinierend!**

**Schneider** » Dieses Verfahren könnte auch für die Behandlung anderer Krankheiten nützlich sein.

lich sein. Ich denke da zum Beispiel an lysosomale Speicherkrankheiten, die schon vor der Geburt zu Organschäden führen. Aber bleiben wir fürs Erste bei der XLHED.

»Sehr gerne hätten wir eine klinische Prüfung gestartet, aber uns fehlte das Geld dafür.«

**Haben Sie bereits Heilversuche vorgenommen?**

**Schneider:** Nach einer Phase-1-Studie an Erwachsenen, in der keine relevanten Nebenwirkungen von Fc-EDA beobachtet wurden, haben wir 2013 eine klinische Prüfung an zehn Neugeborenen mit XLHED begonnen, die am Ende gezeigt hat, dass die Behandlung gleich nach der Geburt leider zu spät kommt. Damit war klar: Wenn sich an der Krankheit überhaupt etwas ändern lässt, dann nur pränatal im biologisch vorgegebenen Zeitfenster. Die für die Wärmeabgabe maßgeblichen ekkrinen Schweißdrüsen entwickeln sich beim Menschen zwischen der zwanzigsten und dreißigsten Schwangerschaftswoche. In dieser Zeit sollte eine ultraschallkontrollierte Injektion von Fc-EDA ins Fruchtwasser gut möglich sein. Fc-EDA würde dort gespeichert, bliebe also tagelang verfügbar, und die Mutter wäre dem rekombinanten Protein kaum ausgesetzt, weil die Plazentaschranke dazwischenliegt.

Als uns Anfang 2016 eine Schwangere mit Zwillingen, die beide eindeutige Zeichen einer XLHED zeigten, um einen rechtzeitigen Therapieversuch bat, verabreichten wir zum ersten Mal unser Ersatzprotein *in utero*. Das Paar hatte bereits einen betroffenen Sohn; es war daher bestens informiert und bereit, angesichts der Chancen auch die Risiken des Heilversuchs auf sich zu nehmen. Unser Versuch glückte. Den Zwillingen fehlen nun weniger Zähne, sie haben genauso viele Schweißdrüsen wie gesunde Kinder und konnten von Geburt an ganz normal schwitzen. Mit diesem Wissen behandelten wir einen dritten betroffenen Jungen im Mutterleib – wiederum erfolgreich.

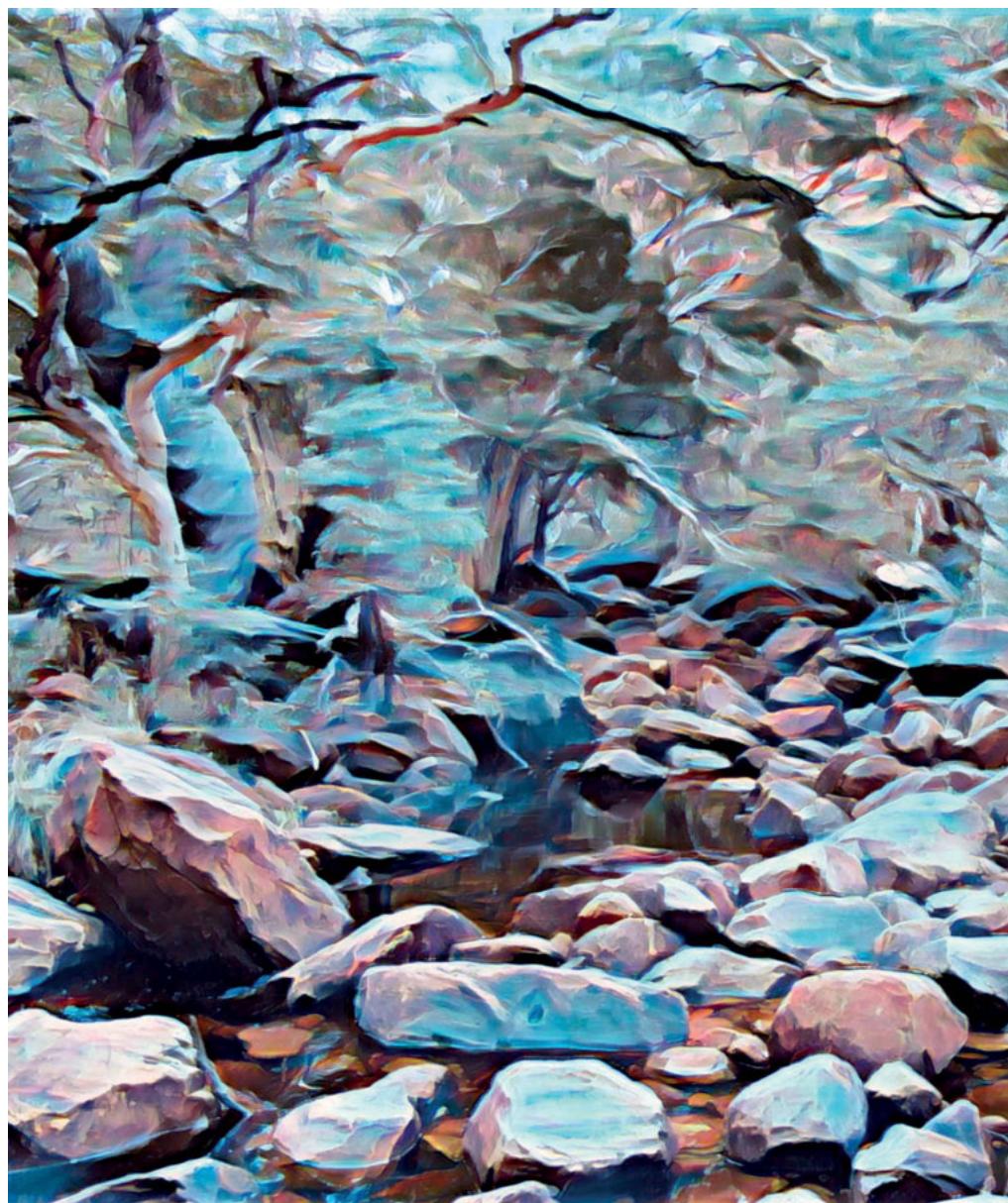
**Hatten Sie Sorge oder gar Angst vor der ersten Behandlung?**

**Schneider:** »Natürlich war ich aufgeregt, konnte nicht gut schlafen, aber ich hatte zusammen mit meinem Kollegen aus der Pränatalmedizin die Entscheidung getroffen, diesen Heilversuch zu wagen. Nicht leichtsinnig, sondern aufgrund langjähriger

ger Erfahrung, vielversprechender Daten aus dem eigenen Labor – und nach sehr gründlicher Beratung durch unser klinisches Ethikkomitee. Es ging um zwei konkrete Patienten und um eine Krankheit, für die es keine wirksame Therapie gab. So war das in der Medizin ja schon immer: Entweder man schreckt vor den Risiken zurück und geht eben kein Wagnis ein – oder man nimmt ein kalkuliertes Risiko in Kauf und traut sich auf einen unbekannteren, aber aussichtsreichen Weg. Der Schwangeren und ihrem Mann konnte ich nur sagen: „Wie es ausgeht, wird ungewiss bleiben, bis die Zwillinge auf der Welt sind.“ Das mussten die Eltern aushalten. Trotzdem baten sie um den Heilversuch. Es brauchte dafür also ebenso viel Mut vonseiten dieses Paares. Ohne diese couragierten Eltern, die uns ihr ganzes Vertrauen schenkten, hätte keine Behandlung stattgefunden.

**Haben Sie danach klinische Studien mit mehr Patienten machen können?**

**Schneider:** »Sehr gerne hätten wir eine solche klinische Prüfung gestartet, aber uns fehlte das Geld dafür. Und als die Finanzierung endlich gesichert war, führte die Corona-Pandemie zu neuen Verzögerungen. Trotzdem gab es Schwangere, die ein Kind mit XLHED erwarteten. Dazu gehörten zwei Frauen aus den USA, die alles daransetzten, einen Heilversuch bei ihren ungeborenen Söhnen möglich zu machen. Jede nahm wegen der Reisebeschränkungen einen Behördenmarathon in Kauf, dazu viele Virustests, eine mehrwöchige Trennung von Mann und Tochter, die nicht mit nach Erlangen reisen durften – und letztlich das Risiko einer Entbindung im Ausland fern von ihrer Familie, damit das Kind in ihrem Bauch behandelt werden konnte. So waren es dann doch sechs Heilversuche, be-





vor im November 2021 unsere klinische Prüfung begann.

*Wie und von wem haben Sie finanzielle Unterstützung erhalten? Wie teuer ist das überhaupt?*

**Schneider** » Unsere Forschung wurde durch mehrere Patientenorganisationen, zwei inzwischen nicht mehr existente Industriepartner sowie durch öffentliche Drittmittelgeber aus Deutschland und der Schweiz unterstützt. In die nun laufende klinische Prüfung ist ein kommerzieller Partner, Pierre Fabre, eingebunden, der viele Millionen Euro investiert, um Fc-EDA zur Zulassung, also zu den Patienten zu bringen und dann weltweit auf dem Markt zu halten. Die Anschubfinanzierung dafür war der Care-for-Rare-Science-Award, den ich 2019 erhielt und für den ich der Care-for-Rare-Stiftung sehr dankbar bin. Zudem wur-

den uns Fördermittel des BMBF bewilligt, mit einem erheblichen Zuschuss der Schweizer EspeRare-Stiftung. Diese finanzielle Unterstützung war und ist natürlich essenziell. Seltene Krankheiten zu erforschen, geht aber dennoch nur in enger Zusammenarbeit mit den Betroffenen und ihren Familien. Sie haben uns ermutigt, Neuland zu betreten und gemeinsam weiterzugehen.

*Und trotzdem war es offenbar schwer, Geld für die Therapie dieser seltenen Krankheit zu finden?*

**Schneider** » Ja, für viele sogenannte Orphan Drugs ist der Weg vom erfolgreichen Tierversuch zur klinischen Prüfung sehr mühsam. Das gilt in besonderem Maße, wenn ein Medikament nur ganz am Anfang des Lebens zum Einsatz kommen soll und später nicht mehr benötigt wird – denn da lockt kein großer Profit.

Deshalb haben wir schon für die Phase-1-Studie lange nach einem Sponsor gesucht. Der erste Industriepartner, der mit ins Boot stieg, hatte großes Interesse, aber nicht genug Geld, der zweite hatte Geld, aber nicht genug Interesse, sodass das Projekt in einer Schublade verschwand – bis eine eigens für die Studie gegründete amerikanische Firma, Edimer Pharmaceuticals, die Lizenz erwarb. Öffentliche Drittmittelgeber waren immer bloß zu anteiliger Finanzierung bereit, was die Planung eines solchen Langzeitprojekts natürlich erschwert. Nachdem Edimer mangels rascher Erfolge aufgegeben hatte, fanden wir in der EspeRare-Stiftung einen neuen Sponsor und standen kurz davor, die klinische Prüfung der pränatalen Behandlung zu starten – da kam wie gesagt SARS-CoV-2 und warf alle Pläne über den Haufen.

*Wie ist der Stand der Dinge jetzt?*

**Schneider** » Ende 2021 konnten wir die lange vorbereitete klinische Prüfung beginnen. Inzwischen läuft sie an fünf Standorten: in Erlangen und Leipzig, in Paris, Murcia und Cardiff, drei weitere Studienzentren kommen noch dazu. Wir werden durch das PRIME Scheme der Europäischen Arzneimittel-Agentur EMA unterstützt und auch durch eine Fast-Track-Designation der U.S. Food and Drug Administration (FDA). Wir wollen insgesamt zwanzig Patienten behandeln und dann im Alter von sechs Monaten den primären Endpunkt bestimmen, also das am Unterarm nach Pilocarpin-Stimulation gebildete Schweißvolumen – und dieses mit den Daten unbehandelter betroffe-

ner Verwandter vergleichen. Wenn alles gut läuft und die Studie zu ähnlichen Ergebnissen führt wie die Heilversuche, dann könnte in drei bis vier Jahren die Zulassung von Fc-EDA als Arzneimittel beantragt werden.

*»Für viele sogenannte Orphan Drugs ist der Weg vom erfolgreichen Tierversuch zur klinischen Prüfung sehr mühsam.«*

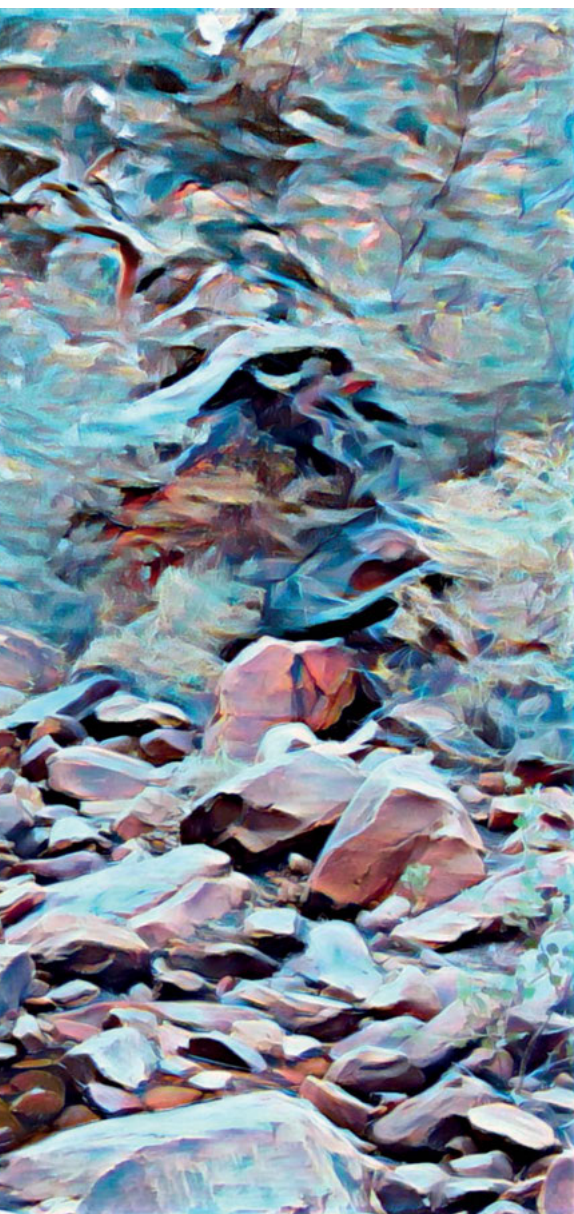
*Sie behandeln den Fetus im Mutterleib. War es schwierig, die Ethikkommission zu überzeugen, dass das ein gutes Vorgehen ist?*

**Schneider** » Die Behandlung ist ethisch schon eine besondere Herausforderung, weil sie ja gleich zwei Personen betrifft: die Mutter und ihr ungeborenes Kind. Aber wir hatten überzeugende Argumente für eine klinische Prüfung: Unsere Heilversuche haben bei sechs von sechs behandelten Patienten das Hauptproblem der XLHED, die fehlende Schwitzfähigkeit, dauerhaft behoben. Das gelang jeweils mit einem einzigen Behandlungszyklus, der von den Schwangeren wie von den Kindern gut vertragen wurde. Wird das Ersatzprotein nach der Geburt verabreicht, wirkt es leider nicht mehr. XLHED geht jedoch von Geburt an mit Lebensgefahr einher. Die Sterblichkeit im Säuglingsalter liegt selbst in unseren Breiten zwischen zwei und zwanzig Prozent, in warmen Ländern noch höher. Von der Behandlung im Mutterleib erwarten wir, dass sie die Lebensqualität der Familien hebt, die Zahl an Krankenhausaufenthalten reduziert, dazu sportliche und berufliche Möglichkeiten erweitert sowie die häufige Frühinvalidisierung vermeiden hilft – und so das Leben der Betroffenen nachhaltig verändert.

*Wie stehen die betroffenen schwangeren Frauen zu einer Behandlung in utero? Die Behandlung eines ungeborenen Kindes ist sicher ein sehr sensibles Thema.*

**Schneider** » Das haben wir in einer separaten Studie an fünfzig betroffenen Frauen untersucht: 69 Prozent der Frauen, die über Auswirkungen ihres XLHED-Trägerstatus auf die Familienplanung berichteten, gaben an, dass eine vorgeburtliche Therapieoption ihre Entscheidung beeinflussen würde. Unter den Schwangeren, die uns bisher kontaktiert haben, war keine, die im Falle eines betroffenen Jungen an der klinischen Prüfung nicht hätte teilnehmen wollen.

*Das Gespräch führte Karin Hollricher*





# Zwischen Wunsch und Wirklichkeit: Innovationsförderung durch Kooperationen von Hochschulen und Industrie

VON MONIKA LESSL, LEVERKUSEN

*Kooperationen zwischen Hochschulen und Industrie bieten hohes Innovationspotenzial, um die anstehenden globalen und fundamentalen Transformationsprozesse zu gestalten. Dazu braucht es hierzulande aber nicht nur strukturelle Änderungen, sondern vor allem mehr Offenheit und Vertrauen zwischen den Akteuren. Einige Vorschläge.*

Wir stehen vor den größten globalen Herausforderungen seit dem Ende des Zweiten Weltkrieges: Der Klimawandel, die COVID-19-Pandemie, der russische Angriffskrieg in der Ukraine und die damit verbundene Gefahr einer internationalen Hungerkrise bringen unsere Gesundheits- und Ernährungssysteme weltweit an ihre Grenzen.

Deutlich wird in diesem Zusammenhang auch, dass wir uns bedingt durch die Klimakrise inmitten eines Paradigmenwandels vom grenzenlosen Wachstum zum Wachstum innerhalb unserer planetaren Grenzen befinden. Um die damit verbundenen Herausforderungen zu bewältigen, braucht es

einen fundamentalen und globalen Transformationsprozess, der die Gesundheit – sowohl der Menschen als auch des Planeten – in den Mittelpunkt stellt. Diese Transformation umfasst alle gesellschaftlichen Bereiche und reicht von Unternehmen über Regierungen, das Bildungs- und Hochschulwesen bis hin zur Zivilgesellschaft.

Damit diese ganzheitliche Transformation gelingen kann, brauchen wir neben technologischen auch soziale Innovationen, um Ungleichheit abzubauen und gemeinsam den Fortschritt zu gestalten.

Bei technologischen Innovationen wird viel über das Zeitalter der Digitalisierung gespro-

chen. Dabei wird oft übersehen, dass es auch in der Biologie im letzten Jahrzehnt bahnbrechende Fortschritte gab. Dazu gehören nicht zuletzt die Entwicklung von RNA-Impfstoffen, die Entdeckung der Genschere CRISPR oder auch neuartige Krebstherapien. Wir stehen am Beginn einer neuen Ära: Biologie und Digitalisierung verschmelzen und ermöglichen Innovationen, die ein solches Potenzial haben, dass man von einer Biorevolution sprechen kann.

Diese Innovationen haben das Potenzial, unsere Ernährung, unsere Gesundheit und damit viele unserer Lebensbereiche grundlegend und nachhaltig zu verbessern. Im Gesundheitsbereich eröffnen neue Technologien





die Möglichkeit, Krankheiten nicht nur zu behandeln, sondern zu heilen oder durch frühe Diagnostik zu verhindern. Die neuen Gentherapien für seltene Erbkrankheiten sind hierfür erste Ansätze. Auch in der Landwirtschaft gibt es vielversprechende neue Möglichkeiten. Beispielsweise können mit Hilfe der Gensche-re CRISPR Pflanzen trocken- oder krankheits-resistenter gemacht werden, um eine bessere Anpassung an Klimaveränderungen zu ermöglichen.

Technologische Innovationen allein können jedoch die Herausforderungen, vor der wir als Gesellschaft stehen, nicht lösen. Wir brauchen auch wirksamere und nachhaltige Wege, um gesellschaftliche Ungleichheiten – sei es im Zugang zu Vermögen und Einkommen oder zu Gesundheit, Ernährung oder Bildung – zu adressieren. Dafür braucht es soziale Innovationen.

---

*»Kooperationen zwischen Universitäten und Unternehmen werden häufig nicht strategisch und langfristig konzipiert.«*

---

Bei diesen geht es darum, neue Geschäftsideen zu entwickeln, die langfristig wirtschaftlich tragfähig sind, aber auch eine starke gesellschaftliche Wirkung haben. Ich bin überzeugt, dass wir langfristigen Wandel nur durch unternehmerisches Handeln erreichen können. Daher ist der Bereich „Soziale Innovationen“ auch einer der Schwerpunktbereiche der Bayer Foundation. Ein Programm der Bayer Foundation fördert zum Beispiel Kleinbauern in Senegal, überwiegend Frauen: Mit Hilfe geeigneter Trainingsprogramme und digitaler Spar-Plattformen können sie so langfristig selbst erfolgreiche Unternehmerinnen werden, um damit nicht nur ihre Familien und sich ausreichend ernähren, sondern auch ihren Kindern den Schulbesuch ermöglichen zu können.

Ein weiteres Beispiel ist die Zusammenarbeit der Bayer Foundation mit dem Sozialunternehmen mTOMADY. Dieses hat eine einzigartige digitale Gesundheits-Plattform entwickelt, über die Geldgeber, Kleinbauern und Gesundheitsanbieter vernetzt werden, um so den Zugang zur Gesundheitsversorgung für Menschen in ländlichen Gebieten Madagaskars zu verbessern. So können diese selbst, Verwandte oder auch Spender einfach Gelder für eine verlässliche Gesundheitsversorgung bereitstellen.

Deutlich wird, dass der fundamentale Transformationsprozess mit Hilfe von tech-

nologischen und sozialen Innovationen nur gelingen kann, wenn alle Stakeholder aus Wissenschaft, Industrie, Politik und von NGOs zusammenarbeiten und das notwendige gesellschaftliche Vertrauen geschaffen werden kann.

Eine Schlüsselrolle nehmen dabei Forschungsk Kooperationen von Hochschulen und Unternehmen ein.

Nur durch eine enge Zusammenarbeit können Erkenntnisse aus der Grundlagenforschung in gesellschaftlich wertvolle Innovationen umgesetzt werden. Die Entwicklung der COVID-Vakzine ist hierfür ein Paradebeispiel.

Allerdings ist es auch in anderen Bereichen höchste Zeit, aus den Silos herauszukommen, aufeinander zuzugehen und gemeinsam an gesellschaftlichen Lösungen zu arbeiten. Das geht nur mit größtmöglicher Offenheit. Alle Institutionen müssen sich stärker öffnen und kooperieren.

Dies ist auch ein Gebot der aktuellen Stunde, in der nicht zuletzt aufgrund des Kriegs in der Ukraine und der drohenden globalen Rezession sowohl für Unternehmen aber auch für Hochschulen und zivilgesellschaftliche Akteure wie NGOs die Ressourcen und Budgets immer knapper werden.

Allen gesellschaftlichen Akteuren ist bewusst, dass wir die eingangs skizzierten globalen Herausforderungen nur durch die Zusammenarbeit aller Stakeholder bewältigen können. Dabei spielt die Zusammenarbeit von Hochschulen und Industrie eine Schlüsselrolle, um möglichst schnell und effizient neue Ideen aus der Forschung in die Umsetzung zu bringen.

Zwar fördert die Bundesregierung mit zahlreichen Maßnahmen – wie beispielsweise dem Spitzencluster-Wettbewerb, dem Programm Innovative Hochschule oder der geplanten Deutschen Agentur für Transfer und Innovation (DATI) – die Zusammenarbeit zwischen akademischen Einrichtungen und Unternehmen, zugleich sinken laut Deutschem Stifterverband das dritte Mal in Folge de facto die Drittmittel der Wirtschaft an Hochschulen – um 0,2 Prozent auf rund 1,5 Milliarden Euro.

Dafür gibt es zahlreiche Gründe.

Transferbüros an Hochschulen sind personell oft nicht adäquat besetzt und ausgestattet – und haben auch im eigenen Haus nicht den nötigen Stellenwert.

Zudem lässt sich beobachten, dass Kooperationen zwischen Universitäten und Unternehmen häufig nicht strategisch und langfristig konzipiert werden, sondern vielfach einen Projektcharakter haben. Dies verhindert letztendlich innovative Durchbrüche, von denen alle profitieren würden.

Auch ist die Durchlässigkeit von Karrierewegen nach wie vor von beiden Seiten nicht wirklich gegeben. Wissenschaftler müssen sich

in vielen Fällen für einen Karriereweg entscheiden: entweder an Hochschulen beziehungsweise öffentlichen Forschungseinrichtungen oder in der Industrie.



## Zur Autorin

### **Monika Lessl**

*ist Senior Vice President und Leiterin des Bereichs Corporate R&D and Social Innovation bei der Bayer AG und leitet als Executive Director die Bayer Foundation. Zudem ist sie Mitglied des Kuratoriums der Deutschen Gesellschaft für Internationale Zusammenarbeit (GIZ) und des Verbandes der Chemischen Industrie (VCI). Sie hat am Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik im Bereich Biochemie promoviert und besitzt ein Diplom in General Management der Ashridge Business School London.*

Insgesamt sind die bürokratischen Hürden und der administrative Aufwand hoch. Selbst für kleine Kooperationen sind häufig lange und komplexe Verhandlungen notwendig. Selbstkritisch müssen wir als Industrie aber auch lernen, dass nicht jede Zusammenarbeit mit einer Geheimhaltungserklärung beginnen muss und es kreativer Wege bedarf, frühe, forschungsbasierte Kooperationen zu gestalten.

Die weiteren Gründe für die bisweilen herausfordernde Zusammenarbeit zwischen Wissenschaft und Wirtschaft liegen weniger auf der administrativen als vielmehr auf der gesellschaftlichen Ebene.

Das Vertrauen in die Wissenschaft ist dem Wissenschaftsbarometer von „Wissenschaft im Dialog“ zufolge in Deutschland mit 61 Prozent insgesamt recht hoch. Bei der Frage, warum Misstrauen gegenüber der Wissenschaft existiert, ist das Thema Abhängigkeit vom Geldgeber – und damit insbesondere auch Industrie-finanzierte Forschung – mit 48 Prozent der wichtigste Grund für die Befragten.

Besonders kritisch werden in Deutschland Beratertätigkeiten von Professoren und anderen akademischen Mitarbeitern gesehen. Diese haben oftmals Sorge vor dem Verlust der eigenen Unabhängigkeit beziehungsweise ihrer öffentlichen Reputation. Wenig überraschend gibt es in den USA oder im angelsächsischen Raum eine höhere Offenheit gegenüber der Zusammenarbeit von Universitäten und Unternehmen.

Was also können wir tun, um die Zusammenarbeit zwischen Hochschulen und Industrie insgesamt zu verbessern und zugleich das gesellschaftliche Vertrauen in Kooperationen zu steigern?

---

**»Mehr als 60 Prozent der Kooperationen scheitern auf der Beziehungsebene. Strategische Fragen sind viel seltener das Problem.«**

---

Transparenz und zielgerichtete Kooperationsformate sind wesentliche Mittel, um das Vertrauen in Kollaborationen zu steigern. Sie ermöglichen gegenseitiges Kennenlernen und die Entmystifizierung von intersektoralen Kooperationen.

Der Zugang und die proaktive Bereitstellung von Informationen über Kooperationen sind dabei ein Schlüssel für mehr Transparenz. Wir haben uns daher bei Bayer entschieden, offen mit dem Thema umzugehen und klar zu zeigen, mit wem wir kooperieren, an welchen Themen gearbeitet wird und wie viel Geld fließt. Für uns als Wissenschaftsunternehmen ist die Integrität und Glaubwürdigkeit von Forschung und Entwicklung essenziell.

Wir möchten daher zum Dialog über die Zusammenarbeit zwischen Wirtschaft und Wissenschaft einladen, um die Zusammenarbeit weiter zu verbessern und auszubauen. In unserer Online-Datenbank „Bayer Science Collaboration Explorer“ veröffentlichen wir als erstes DAX-Unternehmen neue, vertragsbasierte wissenschaftliche Kooperationen mit Universitäten, öffentlichen Forschungseinrichtungen und Einzelpersonen in Deutschland.

Durch verschiedene Kooperationsformate kann der Austausch intensiviert und dadurch

das Vertrauen zwischen den verschiedenen Akteuren nachhaltig gestärkt werden. Die Zusammenarbeit ist oft davon geprägt, dass beide Seiten zu wenig übereinander wissen. Bei den Kooperationen, die ich mit Hochschulen auf den Weg gebracht habe, war es sehr wichtig für den Erfolg, dass man zunächst Vertrauen aufgebaut und sich offen über die gemeinsamen Ziele verständigt hat.

Dazu gehört beispielsweise auch eine Verständigung über Terminologien, die in der Wirtschaft vielleicht anders verwendet werden als in der akademischen Forschung. Gerade zu Beginn von Kooperationen ist es zudem essenziell, die Beziehungsebene zu klären, anstatt direkt in die Sachebene einzusteigen. Mehr als 60 Prozent der Kooperationen scheitern auf der Beziehungsebene. Strategische Fragen sind viel seltener das Problem. In einer Analyse haben wir das RESOLVE-Modell entwickelt, das Erfolgsfaktoren der guten Zusammenarbeit zusammenfasst [Details siehe <https://tinyurl.com/2pshyvzj>].

Doch verlassen wir die Managementebene – und schauen uns vielmehr Beispiele für Kooperationsformate an, die sich aus meiner Sicht bewährt haben:

# *Joint Labs* beziehungsweise *Translation Centers* bieten die Möglichkeit zum Forschen und Arbeiten unter einem Dach. Im Rahmen der Bayer-Kooperation mit dem Broad Institute in Boston haben wir beispielsweise ein gemeinsames Labor zur Erforschung von Herzkreislauf-Therapien eingerichtet und ermöglichen so die enge Zusammenarbeit von Wissenschaftlern aus beiden Institutionen. Das geplante Translationszentrum für Zell- und Gentherapie in Berlin in Kooperation mit der Charité geht in eine ähnliche Richtung. Hier werden zudem noch Start-ups beteiligt.

# *Open-Campus*-Modelle wie der Bayer CoLaborator Berlin bieten Wissenschaftlern und jungen Start-ups vollständig eingerichtete Labor- und Büroräume und die Möglichkeit zum direkten Austausch mit erfahrenen Wissenschaftlern aus Forschungsunternehmen.

# *Scientists-in-Residence*-Programme ermöglichen es erfahrenen Wissenschaftlern aus Hochschulen oder Forschungseinrichtungen, für einen bestimmten Zeitraum in die Forschungsabteilung eines Unternehmens zu wechseln. Das ermöglicht beiden Seiten einen Perspektivwechsel. Bei Bayer hat beispielsweise ein Wissenschaftler des Deutschen Krebsforschungszentrums (DKFZ) für sechs Monate als Scientist-in-Residence gearbeitet und praktisch erlebt, wie wir forschen beziehungsweise arbeiten und zugleich umgekehrt seine Erfahrungen einbringen können. Ein Gewinn für beide Seiten.

Das sind nur einige wenige Beispiele für Kooperationsformate. Es gibt endlose Varia-

tionen, und alleine darüber könnte man viel diskutieren. Entscheidend für den Erfolg bleibt jedoch das Vertrauensverhältnis: Fehlt diese Basis, kann auch das beste Modell nicht helfen.

Einen anderen Ansatz, der viel früher greift und den „Entrepreneurial Spirit“ in der Wissenschaft fördert, möchte ich an dieser Stelle auch kurz erwähnen. Ein schönes Beispiel ist hier das „Young Entrepreneurs in Science Program“ der internationalen Wissenschaftsplattform Falling Walls. Es ermutigt junge Wissenschaftler, bereits während oder kurz nach der Promotion zu stärkerem unternehmerischen Denken und Handeln – und vermittelt auch erste Einblicke und Kontakte in die Industrie. So wird das Nachdenken, ob eine Idee gegebenenfalls in eine Innovation und gar eine Firmengründung umgesetzt werden kann, schon früh angestoßen.

---

**»An den Hochschulen braucht es auf Leitungsebene einen Verantwortlichen für Kooperationen.«**

---

Dies sind nur einige Maßnahmen, um die Zusammenarbeit und das Vertrauen in Kooperationen zwischen Industrie und Wissenschaft zu verbessern. Weitere Ansätze zur Stärkung der Kooperationsfähigkeit liegen auf Seiten der Hochschulen beziehungsweise der Politik – drei sind aus meiner Sicht besonders wichtig:

1) Entsprechende Anreizsysteme für den Transfer von wissenschaftlichen Erkenntnissen in konkrete Innovationen beziehungsweise Produkte sollten etabliert werden.

2) An den Hochschulen braucht es auf Leitungsebene jeweils einen Verantwortlichen für Kooperationen.

3) Kooperationsaspekte müssen stärker in die Lehre integriert werden, sodass Studierende schon früh für den Wissenschaftstransfer sensibilisiert werden.

Was bleibt demnach als Fazit?

Es zeigt sich, dass wir die globalen Herausforderungen nur gemeinsam als Gesellschaft bewältigen können. Zur Umsetzung des fundamentalen Transformationsprozesses braucht es sowohl technologische als auch soziale Innovationen – und Vertrauen in diese. Großes Innovationspotenzial bieten Kooperationen zwischen Hochschulen und Industrie. Auch wenn dies allen Akteuren bewusst ist, so ist der Unterschied zwischen Wunsch und Wirklichkeit noch zu groß. Um diese Lücke zu schließen, bedarf es einer Kraftanstrengung aller Beteiligten – von Hochschulen über die Politik bis hin zur Industrie.



# „Wir wollen mit einer individualisierten Therapie auch letzte Tumorherde im Körper vernichten“

IM GESPRÄCH MIT LIANE PREUßNER, MAINZ

*BioNTech kann nicht nur Corona-Impfstoff, das wissen wir schon länger. Grund genug, mal nachzufragen, was sonst so geht und ansteht. Dafür hat sich Laborjournal mit Liane Preußner unterhalten, die bei BioNTech die klinische Entwicklung leitet. Über Krebs-Vakzine, Fahndungsplakate und – natürlich – auch ein bisschen Corona.*

*Laborjournal: Frau Preußner, in den Medien hörten wir in den vergangenen Jahren im Bezug auf die Corona-Pandemie bisweilen: „Wie gut, dass die mRNA-Technologie so weit entwickelt war, als SARS-CoV-2 auftauchte.“ Aber das war kein Zufall, BioNTech zum Beispiel tüftelt bereits seit mehr als zehn Jahren an mRNA-Technologien für medizinische Anwendungen. Wo lag BioNTechs Fokus vor der Corona-Pandemie?*

**Liane Preußner** » Absolut richtig, unsere Gründer forschen sogar bereits seit über zwanzig Jahren an der mRNA-Technologie. Uğur Şahin und Özlem Türeci haben BioNTech mit dem Ziel gegründet, Therapien gegen Krebs und andere schwere Erkrankungen zu entwickeln, mRNA war einer der ersten Ansätze. Der Vorteil von mRNA als Wirkstoffklasse ist, dass wir diese schnell herstellen und anpassen können. Anfangs war die Technologie allerdings weder potent noch stabil genug für eine Anwendung im Menschen. Das heißt, die wichtigsten Schritte Richtung Therapeutikum waren, dies zu ändern. mRNA ist aber nicht die einzige Wirkstoffklasse, die wir nutzen. In unserer Toolbox befinden sich insgesamt vier Wirkstoffklassen: mRNA, Zell-Therapien, Small Molecules und Antikörper, die wir auch komplementär einsetzen.

*Wenn Sie sagen, dass Sie mRNA schnell anpassen können, ist das in der Onkologie eine Ausrichtung hin zur personalisierten Therapie?*

**Preußner** » Genau, das ist eine unserer mRNA-Plattformen, die wir „iNeST“ nennen. Dies steht für individualisierte Neo-Antigen-spezifische Immuntherapie. Wir haben einen eigenen Prozess entwickelt, um derartige mRNA-basierte Immuntherapien herzustellen: Vom Patienten erhalten wir eine Tumor- und eine Blutprobe und analysieren, welche Neo-Antigene, resultierend aus Mutationen, der Tumor exprimiert. Spezifisch gegen

diese Antigene stellen wir dann eine individualisierte Vakzine her. Dieser ganze Prozess dauert etwa vier bis sechs Wochen.

*Welche Vorteile, abgesehen von der Zeitkomponente bei Anpassung und Herstellung, haben mRNA-basierte Impfstoffe gegenüber Protein-basierten Impfstoffen?*

**Preußner** » Mit der mRNA präsentieren wir dem Körper quasi ein Fahndungsplakat des Virus oder Tumors und sagen dem Immunsystem: Das ist der Feind, so sieht er aus. So war es ja auch beim COVID-19-Impfstoff, wir haben verschiedene Erkennungsmerkmale ausprobiert und sind letztlich beim Spike-Protein gelandet. Wir können passende mRNA-Moleküle schnell und zellfrei synthetisieren, sie werden im Körper – nachdem sie translatiert wurden – komplett abgebaut. Außerdem konnten wir zeigen, dass unsere mRNA-Impfstoffe dort ankommen, wo sie sollen. Das sind bei den Krebs-Impfstoffen vor allem die Milz und dendritische Zellen, die sich in den Lymphknoten befinden. Dort produzieren Kör-

perzellen Antigene nach dem Bauplan des mRNA-Impfstoffs und ahmen so die natürliche Antigen-Präsentation nach, nur deutlich spezifischer. Es muss nicht erst ein komplettes Protein zerlegt und präsentiert werden, wobei zahlreiche dieser Antigene gar keinen Einfluss haben. Über den mRNA-Impfstoff präsentieren wir dem Immunsystem ausschließlich – sagen wir – den Fingerabdruck des Feindes und bekämpfen ihn spezifisch.

*Sie sagten es eben schon, anfangs war das Handling von mRNA schwierig. Das Molekül ist recht instabil. BioNTech verwendet modifizierte Nucleoside wie etwa Pseudo-Uridin, damit sich mRNA-basierte Impfstoffe im Körper besser schlagen. Welche Veränderungen oder Verbesserungen nutzen Sie sonst noch?*

**Preußner** » Für unsere Krebstherapien nutzen wir zum Beispiel optimierte Uridin-basierte mRNA, die für Immunogenität und pharmakologische Aktivität optimiert ist und quasi als immunaktivierender Verstärker dient. RNA-Modifikationen haben nicht nur Einfluss auf die Stabilität, sondern auch die



## Zur Person

**Liane Preußner** arbeitet seit 2019 als Vice President für die Klinische Entwicklung beim Mainzer Biopharma-Unternehmen BioNTech und betreut dort die Entwicklung von Zelltherapien sowie individualisierten Krebsimpfstoffen für verschiedene onkologischen Anwendungen. Zuvor war die Medizinerin bereits bei unterschiedlichen Pharma- und Biotech-Firmen aktiv, zuletzt bei Miltenyi Biotec.

Effizienz der Translation. Das war ein wirklich wichtiger Schritt. Außerdem haben wir verschiedene Möglichkeiten, die mRNA zu verpacken, etwa Lipid-Nanopartikel wie beim COVID-19-Impfstoff oder unsere Lipoplex-Technologie. Diese Lipid-Doppelschichten verwenden wir zum Beispiel bei onkologischen Ansätzen, denn es bringt die mRNA körperweit und zielgerichtet zu dendritischen Zellen in Milz und Lymphknoten. Je nachdem also, welche Modifikation oder auch Verpackung wir für die mRNA wählen, können wir beeinflussen, wie immunogen das Konstrukt ist, welche T- oder B-Zell-Antworten es hervorruft. So haben wir quasi einen Baukasten, aus dem wir für spezifische Fragestellungen die entsprechenden Komponenten auswählen.

*Vielfach wird gesagt: Einen mRNA-Impfstoff gegen Viren zu entwickeln, ist eine leichte Übung, im Gegensatz zu onkologischen Wirkstoffen. Was macht mRNA-Therapeutika gegen Krebs so viel komplizierter?*

**Preußner** » Der Krebs an sich ist individuell wie jeder Patient. Bei Tumorerkrankungen variiert mitunter die Antigen-Expression, es gibt unzählige Mutationen, die – auch wenn es sich um den gleichen Tumortyp handelt – von Patient zu Patient unterschiedlich sein können. Und natürlich hat ein Tumor auch ein bestimmtes Microenvironment, mit dem er sich vor dem Immunsystem schützt. All das macht es so kompliziert, Therapeutika gegen Krebs zu entwickeln.

*»Mit der mRNA präsentieren wir dem Körper quasi ein Fahndungsplakat des Virus oder Tumors.«*

Aus diesem Grund gehen wir den individuellen Aspekt mit unserer iNeST-Plattform an. Wir sequenzieren den gesamten Tumor und schauen mithilfe von Algorithmen, welche Mutationen relevant für die Erkennung des Tumors sind. Aus denen wählen wir bis zu zwanzig Mutationen aus, gegen die wir dann einen entsprechenden Impfstoff herstellen.

Im Vergleich dazu nutzen wir für unsere FixVac-Plattform nicht-mutierte Antigene, die in bestimmten Krebstypen vorkommen, sogenannte Tumor-Associated Antigens, TAAs. Das heißt, wir wissen ganz genau, welchen FixVac-Ansatz wir für Melanome nehmen, welchen für Lungen-Tumore oder Prostata-Krebs.

*Wann kommt der erste Krebs-Impfstoff auf den Markt?*

**Preußner** » Ein Jahr kann ich Ihnen nicht nennen. Am weitesten in der Entwicklung

sind bei uns bisher FixVac-Impfstoffe in Kombination mit Checkpoint-Inhibitoren bei Melanomen. Die Idee dabei ist, dass die Checkpoint-Inhibitoren die T-Zellen unterstützen, indem sie quasi die Bremsen des Immunsystems abschalten. Unser Produktkandidat BNT111 zum Beispiel adressiert vier Melanom-spezifische Antigene und induziert dadurch eine Anti-Tumor-Immunantwort. Dieser mRNA-Impfstoff ist aktuell in der klinischen Phase 2.

In einer weiteren Phase-2-Studie behandeln wir mit unserer iNeST-Plattform Patienten mit kolorektalen Karzinomen, also Krebs in Dick- und Mastdarm. Genauer solche Patienten, die ein sehr hohes Risiko für ein Tumor-Rezidiv aufweisen. In ihrem Blut findet sich ein bestimmter Marker, circulating tumor DNA oder kurz ctDNA. Bei ctDNA-positiven Patienten ist klar, dass dort auch nach einer Operation noch Reste vom Tumor herum schwirren und dadurch die Gefahr eines Rezidivs erhöht ist. Sie erhalten zunächst eine Standard-Chemotherapie und werden anschließend mit iNeST BNT122 therapiert. Der personalisierte mRNA-Impfstoff gegen ihren individuellen Tumortyp soll Rezidive verhindern.

Die Alternative bislang war „Watchful waiting“ und regelmäßige Checks. Die Menschen wissen also, dass sie Hochrisiko-Patienten sind, dass ihr Krebs mit großer Wahrscheinlichkeit zurückkommt. Das ist eine enorme Last. Unser Ziel ist es, mit einer individualisierten Therapie auch die letzten Tumorherde im Körper zu vernichten.

Für diese Studie arbeiten wir in Deutschland mit dem Universitätsklinikum in Bochum zusammen, das das molekulare Colopredict-Register betreut. Dieses vereint Daten aus mehr als 100 Zentren in Deutschland, sodass Hochrisiko-Patienten schnell identifiziert werden können. Ein solches Screening ist bislang einzigartig.

*Sie erwähnten eben bereits Algorithmen. BioNTech arbeitet bei der Entwicklung neuer Therapeutika mit KI-Systemen. Wie kann künstliche Intelligenz – oder Machine Learning – Wirkstoffe besser machen, auch im Hinblick auf personalisierte Medizin?*

**Preußner** » Wir haben Algorithmen entwickelt, die gezielt nach Neo-Antigenen in Tumoren suchen. Dafür mussten wir dem System anfangs beibringen: Ist das eine Krebs-Mutation? Oder, und wir Menschen sind ja nicht mutationsfrei, stammt diese Mutation woanders her? Basierend auf dieser KI-basierten Software wollen wir in Zukunft Krebserkrankungen noch gezielter und schneller behandeln oder sogar die Entwicklung eines Tumors vorhersagen können. Das ist ein wirklich spannendes Projekt.

Außerdem setzen wir KI für sogenannte Advanced Analytics ein. Im Zusammenhang mit etwa Corona untersuchen wir besorgniserregende Virus-Mutationen und konnten so ein Frühwarnsystem etablieren. Dadurch können wir Risikovarianten möglichst früh entdecken und entsprechend reagieren, wie zum Beispiel Untersuchungen starten.

*Insgesamt gelten mRNA-basierte Impfstoffe als nebenwirkungsarm. Dennoch gab es Fälle von Myokarditis und Perikarditis, die auf den Impfstoff von BioNTech zurückgeführt wurden. Wie geht BioNTech als Impfstoff-Entwickler mit solchen Nebenwirkungen um?*

**Preußner** » Sie sprechen einen wichtigen Aspekt an. Wir bei BioNTech nehmen Verdachtsfälle von unerwünschten Ereignissen sehr ernst. Unsere Kollegen aus der Pharmakovigilanz-Abteilung beschäftigen sich sehr genau mit derartigen Fällen. Wir überwachen Verdachtsfälle von unerwünschten Ereignissen und sammeln relevante Informationen, um sie mit den Zulassungsbehörden weltweit zu teilen.

*»Im Zusammenhang mit Corona untersuchen wir besorgniserregende Virus-Mutationen und konnten mithilfe von KI ein Frühwarnsystem etablieren.«*

*Wie erfahren sie denn davon?*

**Preußner** » Über verschiedene Quellen. Eine Option ist das ständige Screenen aktueller Literatur. Zudem können Verdachtsfälle von Ärzten und Kliniken gemeldet werden. Ebenso kann es sein, dass ein Patient anruft und etwas erzählt, auch das wird an die Behörden weitergegeben. Alle Fälle, egal woher sie kommen, werden prozessiert. Wenn nötig, fragen die Pharmakovigilanz-Mitarbeiter nach. Allgemein werden alle Verdachtsfälle von unerwünschten Ereignissen im Zusammenhang mit zugelassenen Arzneien oder Therapien in Europa ohne Einschränkung in die zentrale europäische Datenbank für unerwünschte Arzneimittelwirkungen, die EudraVigilance-Datenbank der Europäischen Arzneimittel-Agentur, eingetragen und damit gemeldet.

*Was genau geschieht, ganz konkret, wenn Sie solche Meldungen von Kliniken oder Gesundheitsbehörden bekommen?*

**Preußner** » Sehr seltene Nebenwirkungen wie Myokarditis und Perikarditis, die Sie nannten, fallen oft erst auf, wenn entsprechend viele Menschen mit dem Impfstoff be-



handelt wurden. Wir screenen also die Fülle an Daten und schauen, wo verdächtige Signale auftauchen, beispielsweise zehn oder fünfzig Fälle eines unerwünschten Ereignisses auf eine Million behandelter Menschen. Uns interessiert: Häufen sich die Fälle in einer bestimmten Patientenpopulation, einer besonderen Altersgruppe, in einem speziellen Land? Wir sprechen mit den Ärzten, die die Patienten behandeln, wir diskutieren intern mit den Entwicklern und Prüf-Teams. Wir versuchen also zu verstehen: Was könnte die Ursache für diese Nebenwirkung sein?

Das war aber natürlich auch vor Corona schon so und ist ein standardisierter Prozess für alle zugelassenen Arzneien oder Therapien. Hier gibt es keine Einschränkung. In den Studien selbst können unerwünschte Ereignisse einfacher beschrieben und dokumentiert werden, sodass wir jederzeit einen Überblick über die Art und Schwere von Nebenwirkungen haben. Denn die Studienteilnehmer stehen unter ständiger Beobachtung. Diese Berichte erhalten die Behörden ebenso wie etwa die Ethikkommission. Aber auch nach der Zulassung evaluieren wir ständig Sicherheit und Effektivität unserer Therapien, nach dem oben genannten Schema. An diesem Prozedere hat sich nichts geändert, außer dass wir als Firma in der Pandemie ein deutlich höheres Volumen an Informationen zu stemmen hatten als vorher. An unserer globalen Phase-2/3-Wirksamkeitsstudie für un-

seren COVID-19-Impfstoff etwa haben mehr als 44.000 Menschen teilgenommen.

*Dennoch ging alles unglaublich schnell. Wenn wir auf den Zulassungssprint der mRNA-Impfstoffe schauen – wir sprechen hier von Monaten im Vergleich zu Jahren, die eine Zulassung sonst gut und gerne dauert –, können die Erfahrungen der vergangenen zwei Jahre eine Blaupause für die Zukunft sein?*

**Preußner** » Nun ja, das war schon eine außergewöhnliche Situation. Die Behörden mussten priorisieren, andere Dinge mussten hinten anstehen. In unserem Fall war es so, dass

*»Das ganze System war auf Effizienz und Tempo getrimmt, ohne dabei Abkürzungen zu nehmen.«*

die Zulassungsbehörden ganz genau wussten, wann sie etwas von uns zu erwarten hatten. So konnten sie entsprechend planen, um die Daten dann sofort durchschauen zu können. Unsere Unterlagen wurden also prioritär behandelt und mussten nicht warten. Ob sich diese Erfahrungen tatsächlich irgendwann in schnelleren Zulassungsverfahren umsetzen lassen, müssen die Behörden beantworten. Aber

ich denke, dass all das von allen Beteiligten einen besonderen Einsatz erfordert hat.

*Vermutlich auch bei BioNTech.*

**Preußner** » Ganz genau. Wir haben extra Schichtsysteme eingeführt. Die Teams haben nicht nur wochentags von 9 bis 5, sondern dann eben auch mal bis Mitternacht und an Wochenenden gearbeitet. Alles, damit die Studien und Tests rund um die Uhr laufen und Daten schnellstmöglich erhoben werden konnten. Viele Schritte, die sonst sequenziell laufen, haben wir parallel durchgeführt, um Wartezeiten zu reduzieren und – wo irgend möglich – Prozesse zu beschleunigen. In die Karten gespielt hat uns hier die Zeitverschiebung zum Standort unseres Kollaborationspartners Pfizer. Wenn wir tagsüber unsere Tests durchgeführt hatten, übergaben wir die Daten abends. Pfizer erhielt sie morgens oder mittags und konnte direkt weitermachen, während wir schlafen gingen. Das ganze System war auf Effizienz und Tempo getrimmt, ob bei der Entwicklung oder Zulassung, ohne dabei Abkürzungen zu nehmen.

Die COVID-19-Impfstoffe sind daher nicht „schlechter“ zugelassen oder weniger geprüft, alles ging nur deutlich schneller, musste deutlich schneller gehen. Das war ein besonderer Kraftakt für das gesamte Team. Aber es war ja auch ein außergewöhnliches Jahr.

*Interview: Sigrid März*



# „Beteiligung an Forschungsförderungen tut auch KMU gut“

IM GESPRÄCH MIT MICHAEL HANNUS, PLANEGG

Die Corona-Pandemie hat RNA in den gesellschaftlichen Fokus geholt, vor allem in Verbindung mit mRNA-Impfstoffen. In der Forschung war das vielseitige Molekül aber stets präsent und scheint nur auf seinen großen Auftritt gewartet zu haben. Ein Streifzug mit siTOOLS-Biotech-Gründer Michael Hannus – durch RNA-Interferenz und siRNAs, turbulente Firmengründungen und Geld aus Gießkannen.

**Laborjournal:** Herr Hannus, dass RNA als Wirkstoff durchaus Potenzial hat, haben wir mit den mRNA-basierten Impfstoffen nun auch in der Corona-Pandemie erlebt. Besinnen sich Forschung, Pharmaindustrie und vielleicht auch Politik wieder darauf, dass es unter den Biomolekülen für die Entwicklung von Therapeutika mehr gibt als DNA und Proteine?

**Michael Hannus** » Das ist natürlich Wasser auf meine Mühlen. Wenn wir RNA mit DNA und Proteinen vergleichen, dann ist es ein deutlich vielseitigeres Molekül. Es kann Informationen speichern und übertragen, etwa als mRNA. Es kann aber auch Strukturen generieren, wie bei den Ribosomen, es kann katalytisch aktiv sein oder zum Beispiel die Proteinexpression regulieren, wie eben bei der RNA-Interferenz. RNA macht all diese Dinge.

**Hat die RNA-Interferenz, kurz RNAi, als Methode zur Genregulierung in Zeiten von CRISPR-Cas noch eine Daseinsberechtigung?**

**Hannus** » Ja, unbedingt, und zwar einfach deshalb, weil RNAi etwas ganz anderes macht. CRISPR-Cas führt in der Regel zur Geneditierung, also zu einer dauerhaften Veränderung des Genoms. RNA-Interferenz hingegen regelt mRNA vorübergehend herunter, etwas, das man eher als Drug-like bezeichnet. Beides hat seine Vor- und Nachteile. Also, ja, ich denke schon, dass RNAi eine Daseinsberechtigung hat. Und wir sehen auch an unseren Umsätzen, dass der Bedarf nicht nachlässt.

**Der ganz große Knall blieb aber aus. Nach dem Nobelpreis im Jahr 2006 gab es einen Hype um RNAi und small interfering RNA, kurz siRNA, und hohe Erwartungen an die Technologie als therapeutisches Wundermittel. Viele dieser Erwartungen konnte RNAi nicht erfüllen, woran lag das?**

**Hannus** » Es gibt immer wieder verschiedene Wellen, die durch die Biotechnologie brausen. Meist sind die Erwartungen schlichtweg zu hoch, vor allem, was die Timelines angeht. Man hat wirklich gedacht, man könne mit RNA-Interferenz alles heilen. Aber man hatte die Schwierigkeit unterschätzt, siRNA überhaupt in die Zellen zu bringen, in denen sie gebraucht wird. Die Lösung dieses Delivery-Problems hat fast zwei Jahrzehnte gebraucht. Deshalb hat es im Endeffekt bis 2018 gedauert, bis mit Onpatro das erste RNAi-Medikament auf den Markt kam, also sehr viel länger, als zunächst gedacht.

**Totgeglaubte leben länger, heißt es. Mit siTOOLS Biotech und der dahinterstehen-**

**den Technologie, komplexen siRNA-Pools für die Grundlagenforschung, hatten Sie ebenfalls Anlaufprobleme, vor allem wegen fehlender Finanzierungen. Bei unserem ersten Gespräch 2019 fassten Sie das so zusammen: „Das klassische Narrativ der Biotechnologie ist: Man hat eine Idee, dann kommt der Investor und der gibt viel Geld, sodass man in den ersten Jahren kein Geld verdienen muss. So wie wir das gemacht haben, also entwickeln und verkaufen, um zu wachsen, ist es eigentlich eine Mission Impossible. [...] Wenn man nicht zufälligerweise an etwas arbeitet, was gerade ein heißes Thema ist, zum Beispiel Immuntherapie, dann springt eben nicht sofort ein Investor auf.“ Gegründet haben Sie siTOOLS Biotech 2013, im kommenden Jahr feiern Sie zehnjähriges Bestehen. Irgendetwas haben Sie also offensichtlich doch richtig gemacht.**

**Hannus** » In der Tat, und das liegt daran, dass wir immer wieder Geld auftreiben konnten. Nach einem EXIST-Gründungsstipendium haben wir spannenderweise einen EU-Grant quasi geerbt, von der Firma, für die ich vorher gearbeitet hatte. Die Cenix Bioscience in Dresden schloss 2015 ihre Tore, da lagen noch 400.000 Euro im Grant. Davon konnten wir die ersten Jahre Gehälter bezahlen. Gleichzeitig

hatten wir das Glück, einen Business Angel zu finden. Sven Diederichs ist selbst Biochemiker und leitet zwei Arbeitsgruppen, eine am Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ) in Heidelberg und eine am Uniklinikum Freiburg. Er fand unser Konzept



## Zur Person

**Michael Hannus** hat 2013 das Planegger Biotech-Start-up siTOOLS Biotech gegründet.



spannend und hatte den Mut, bei siTOOLS Biotech einzusteigen.

Die Firma siTOOLS Biotech ist aber auch das Ergebnis von viel Mühe, viel Verzicht. Andere hätten die Idee möglicherweise deutlich schneller ad acta gelegt. Wir wachsen organisch, Jahr für Jahr, und seit zwei Jahren arbeiten wir profitabel. Dass es uns heute noch gibt, ist also eine Mischung aus Glück, Geschick und Selbstausschöpfung. [lacht]

*Das gelingt nicht allen Biotech-Start-ups, woran hapert es oftmals?*

**Hannus** » Nicht alle Firmen produzieren und verkaufen von Anfang an, sie brauchen mehr und länger Unterstützung, als wir es hatten. Das kann gerade zu Beginn so etwas wie kostengünstiger Arbeitsplatz sein, also die nötige Infrastruktur. Oder die Beteiligung an Forschungsförderungen, auch das tut KMUs [Anm. d. Red.: kleinen und mittleren Unternehmen] wahnsinnig gut und wird bisher viel zu wenig umgesetzt.

Der wichtigste Faktor ist und bleibt das Geld, zum Teil aus rein praktischen Gründen. Gründer haben mehr als genug zu tun: Sie forschen, entwickeln, bauen ihr Business auf. Die ständige Suche nach Kapital und Investoren raubt dabei unglaublich viel Zeit.

---

*»Es gibt immer wieder verschiedene Technologie-Hypes, die wie Wellen durch die Biotechnologie brausen – meist sind die Erwartungen schlichtweg zu hoch.«*

---

*Aus Ihrer Perspektive, als KMU: Muss es andere Förderinstrumente oder -ansätze geben, um Biotech-Start-ups mit ihren Ideen effizienter abzuholen?*

**Hannus** » Wenn ich an die Anfänge von siTOOLS Biotech zurückdenke, gab es eine Lücke zwischen den wirklich sehr guten staatlichen EXIST-Programmen und mehr oder weniger großen Anschlussfinanzierungen. Vielleicht lag es bei uns auch am Businessmodell, da siTOOLS Biotech eben Forschungsreagenzien und keine Medikamente herstellt und damit nur einen relativ kleinen Markt bedient. Für Investoren ist so etwas uninteressant und andere Übergangslösungen gibt es kaum.

*Es ist sicherlich kein Zufall, dass etwa BioNTech den Pharmariesen Pfizer an seiner Seite hat oder CureVac erst Boehringer Ingelheim, jetzt GSK. Die Großen haben deutlich mehr Schlagkraft. Können solche*

*Kooperationen unkonventionelle, riskante Ideen gezielter fördern?*

**Hannus** » Das passiert ja durchaus bereits. Ein Bekannter, mit dem ich gemeinsam Forschungsanträge geschrieben habe, hat 2011 Lipocalyx gegründet, eine Firma für Transfektionsreagenzien in Halle an der Saale. 2019 hat BioNTech Lipocalyx übernommen. Gut, das ist jetzt keine klassische Kooperation, aber damit dürften sie zumindest ihre Geldsorgen los sein. Allerdings haben sie auch ihr ursprüngliches Businessmodell eingestellt.

Ich denke, es ist eine Herausforderung, jemanden zu finden, der sich für die eigenen Ideen interessiert. Das Start-up-Modell wird so zu einer Art natürlichem Selektionsprozess. Jedes Jahr entstehen viele kleine Biotechs, nicht alle können überleben. Das ist wie Survival of the fittest.

*Ist das nicht kontraproduktiv? Denken wir an die Grundlagenforschung, dort wird schon lange bemängelt, dass das auf Effizienz getrimmte Wissenschaftssystem risikoreiche Projekte im Keim erstickt. Es geht um möglichst viele Publikationen und Drittmittelanträge, in denen optimalerweise mindestens einmal die Phrase „ultimatives Heilmittel für alle Krankheiten der Welt“ vorkommt. Viele Forscherinnen und Forscher wählen den sicheren Weg und damit Projekte, die kaum scheitern können. Die ganzen kreativen Ideen, unkonventionelle Innovationen, die allein der Grundlagenforschung dienen, haben wenig Chancen. Droht so etwas der Biotech-Industrie nicht auch, wenn das Finanzierungssystem drastisch selektioniert?*

**Hannus** » Bei Start-up-Wettbewerben gibt es immer wieder wirklich sehr innovative Projekte unter den Gewinnern. Dieses sehr frühe Anlegen eines finanziellen Drucks ist einerseits gesund, weil man lernt, zu haushalten. Aber klar, an-

dererseits bringt dieses System Ideen um, die sich später möglicherweise bewährt hätten. Manchmal braucht es Zeit, um die ideale Anwendung für eine neue Technologie zu finden beziehungsweise die Technologie für vorhandene Anforderungen anzupassen. Insofern benötigen Firmen immer eine gewisse Überlebenszeit, in der sie im Idealfall einfach nur existieren. Viele tolle Ideen könnten gerettet werden, wenn man solche Unternehmen früh fördern würde. Ich kann aber schlecht sagen, inwieweit das praktikabel ist. Man kann schlecht das Geld mit der Gießkanne verteilen.



*Das haben Sie just auch wieder erlebt. Mit Alpine Antivirals haben Sie im Zuge der Corona-Pandemie eine weitere Firma gegründet. Um welche Technologie handelt es sich dabei?*

**Hannus** » Die Technologie ist im Grunde das, was wir bei siTOOLS Biotech schon lange machen. Wir nutzen komplexe siRNA-Pools, um gezielt Gene stummzuschalten und gleichzeitig störende Off-Target-Effekte herauszuverdünnen. Das Genom vieler Viren, auch der respiratorischen RNA-Viren wie eben SARS-CoV-2, sind ein natürliches Target von RNAi. Man kann Viren also wirklich gut mit siRNAs bekämpfen, und vielleicht sogar besser als mit anderen Therapien. Warum? Ein großes Problem bei Viren ist die Resistenzbildung. Mit einer komplexen siRNA-Mischung können wir direkt mehrere Targets ansprechen, sowohl im Virus als auch im Wirt. Das macht diesen Ansatz unempfindlich gegen Resistenzen. Auch das ist kein wirklich neuer Gedanke. Bei siTOOLS Biotech bieten wir bislang ausschließlich Forschungsreagenzien an, vor allem, weil Mischungen von irgendetwas immer schwierig bei der Zulassung als Medikament sind. Wir haben gedacht: Vielleicht kommt mal eine historische Gelegenheit, sodass wir das Konzept der siRNA-Pools als antivirales Therapeutikum testen können.

*Eine historische Gelegenheit wie eine Corona-Pandemie zum Beispiel?*

**Hannus** » Genau. [lacht] Aber einfach ist das Ganze trotzdem nicht. SARS-CoV-2 ist ein Erreger der Risikoklasse 3, wir mussten also erst einmal jemanden finden, der das Virus und ein Labor der Sicherheitsstufe 3 hat. Nach etli-

le Genom zu erstellen. Die Forscherinnen und Forscher am Friedrich-Loeffler-Institut transfizierten damit Zellkulturen, die sie vorher oder anschließend mit SARS-CoV-2 infizierten. Auf diese Weise sahen sie, welche Pools gut gegen eine Infektion schützen, aber auch, wo toxische Nebeneffekte auftreten. So stellten wir fest, dass einige Regionen des viralen Genoms extrem anfällig für siRNA-Einflüsse sind, andere hingegen überhaupt nicht. Lustigerweise ist es nicht sonderlich effizient, das S-Gen auszuschalten. Deutlich besser funktioniert das N-Gen. In der zweiten Jahreshälfte von 2020 erstellten wir eine Activity Map des viralen Genoms, meldeten alles zur Patentierung an und dachten, dass wir dann durchstarten können.

*»Unser Ansatz schaltet nachweislich effizient und unglaublich robust Viren aus – Förderungen haben wir trotzdem nicht bekommen.«*

*Sie wollten die Technologie möglichst zügig in klinischen Studien testen?*

**Hannus** » Ja. Wir haben die Firma Alpine Antiviral gegründet und Förderanträge geschrieben, um erst einmal die Finanzierung der Präklinik zu sichern. Kurioserweise sagte eine bayerische Förderinitiative, auf die wir uns zum Jahreswechsel 2020/2021 beworben hatten, unsere Technologie wäre noch nicht weit genug. Bei der BMBF-Initiative SPRIND, die disruptive Technologien oder Sprunginnovationen – wie sie es auch nennen – fördert,

keine KI mehr. Wir dachten einfach, zu diesem Zeitpunkt der Pandemie würde es darum gehen, möglichst schnell Firmen mit praktikablen Methoden zu finanzieren. Und unser Ansatz schaltet effizient und unglaublich robust Viren aus, das haben wir gezeigt. Förderungen haben wir trotzdem nicht bekommen. Dabei hätten wir eigentlich nur 500.000 Euro gebraucht, denn eine Zusage von einem privaten Investor hatten wir sogar schon.

*Alleine wollte der aber nicht?*

**Hannus** » Er war bereit, bis zu einer Million Euro in die Firma zu stecken, aber eben nicht allein. Das ist nicht ungewöhnlich, so lastet das Risiko nicht allein auf einer Schulter. Wie genau eine zweite Investition ausgesehen hätte, war dabei aber relativ egal, das hätte eben auch ein staatlicher Grant sein können. Wir waren überrascht, dass wir es nicht schafften, diese halbe Million aufzutreiben. Obwohl unsere Technologie schon so weit war, obwohl wir dieses großartige und kompetente Team hatten. Das war schon ernüchternd, muss ich sagen. Vor allem wenn man schaut, wofür im Zusammenhang mit Corona sonst Geld ausgegeben wurde.

*In den vergangenen zwei Jahren sind etliche Milliarden an öffentlichen Geldern in die Pharma- und Biotech-Branche geflossen. Hat das Geld nicht die richtigen Stellen erreicht?*

**Hannus** » Darüber erlaube ich mir kein Urteil. Ich denke aber, wenn der Staat Geld ausgibt, muss man akzeptieren, dass nicht alles dort landet, wo es hingehört. Das ist auch nicht anders zu erwarten, denn wir sprechen gerade bei Pharma und Biotech über Hochrisiko-Projekte. Niemand kann vorhersehen, wie sie sich entwickeln.

*Wie geht es mit Alpine Antivirals weiter?*

**Hannus** » Das Friedrich-Loeffler-Institut und siTOOLS Biotech haben die gesamte Entwicklung aus der eigenen Tasche bezahlt. Jetzt werden wir weiteres Geld für Tierstudien zusammenkratzen, um einen Proof of Concept zu erbringen. Natürlich hoffen wir, dass doch noch Geld auftaucht. In München gibt es einen großen Cluster-Antrag für RNA-basierte Therapeutika, bei dem siTOOLS Biotech als Industriepartner teilnimmt. Vielleicht klappt das ja. Wir bleiben dran, es braucht Ausdauer. Möglicherweise ist unser antiviraler siRNA-Pool der Durchbruch. [lacht] Und alle werden nachher sagen: Ja, das ist ein super Reagenz, und was für eine tolle Geschichte. Oder wir machen den Laden irgendwann erschöpft zu und dann war das halt nichts. Aktuell können wir es nicht abschätzen, so ist das eben. *Interview: Sigrid März*

## Der Clou der siRNA-Pools

*Sie enthalten eine Mischung aus bis zu 30 unterschiedlichen siRNA-Molekülen, die alle spezifisch ans Target binden. Allerdings unterscheiden sich die Seed-Sequenzen, eine Basenfolge in den siRNAs, die unerwünschte Off-Target-Effekte begünstigen. Während die Nebeneffekte also zufällig auftreten und sich so herausverdünnen, wird das gewünschte Gen durch die Summe ähnlicher oder identischer Target-Sequenzen spezifisch herunterreguliert – eine Grundvoraussetzung für effiziente, nebenwirkungsarme RNA-Interferenz.*

*Im Jahr 2006 erhielten die US-amerikanischen Forscher Andrew Fire und Craig Mello den Medizin-Nobelpreis für die Entdeckung der RNA-Interferenz.*

chen Anrufen und E-Mails meldete sich Stefan Finke, Institutsleiter am Friedrich-Loeffler-Institut auf der Insel Riems. Die haben dort ja so ziemlich jedes fiese Virus. Schon früh im Jahr 2020 hatten wir begonnen, eine Bibliothek mit siRNA-Pools gegen das gesamte vira-

ließe es hingegen, der Ansatz sei nicht innovativ genug. In unserem Antrag fehlte so etwas wie *Artificial Intelligence*, um die besten siRNAs zu finden. Andere arbeiteten mit künstlicher Intelligenz. Aber wir hatten ja bereits das gesamte Genom durchgescannt, wir brauchten





# BMW statt Biotech: Ohne Imagearbeit wird's schwer für die Laborbranche

VON KLAUS AMBOS, HAMBURG

*Studien zeigen: Viele Schulabgänger denken bei der Berufswahl nicht einmal an die Life-Science-Branche. Und das, obwohl Naturwissenschaften in der Schule hoch im Kurs stehen. Eltern und Bekannte prägen das Berufsbild der Laborbranche ebenso wie die Medien. Wollen wir das Imageproblem lösen, müssen wir endlich neue zielgruppengerechte Bilder und Narrative des abwechslungsreichen Berufs zeichnen – und sichtbar machen.*

Bei den Generationen Z und Alpha, also Personen der Geburtsjahrgänge 1995 beziehungsweise 2010, gehen wir davon aus, dass vor allem die nach den Millennials Geborenen nach Jobs mit viel Sinn streben. Sich selbst verwirklichen oder finden. Die Welt verbessern. Den Menschen und der Umwelt helfen. Die Zukunft sichern. Umso mehr irritiert die jüngste Umfrage des Beratungsunternehmens Trendence Institut unter mehr als 16.000 Akademikerinnen und Akademikern in Deutschland: Unter den Top Ten der beliebtesten Arbeitgeber finden sich in Zeiten der Rohstoffknappheit und des Klimawandels gleich vier Automobilhersteller wieder. Drei davon belegen die ersten Plätze. Life-Science-Unternehmen fehlen. Dafür sind unter den Top Ten Tech-Giganten wie Microsoft oder Google. Und das Auswärtige Amt.

Wer offenkundige Gründe sucht, wird diese schnell finden. Schließlich klingt Arbeit bei BMW nach großem Portemonnaie, Prestige und Produkten, die alle kennen und viele lieben. Und ein Job bei Google? Hier winken Creative Work, Bällebad und eine ebenfalls hohe

Bezahlung. Zumindest haben viele Absolventen ein solches Bild vor Augen. Doch wie steht es mit einer Tätigkeit beim Auswärtigen Amt? Abendessen mit Joe Biden, Emmanuel Macron und Justin Trudeau? Klingt auch spannend!

Ich möchte Auto und Computer in meinem Leben heute nicht missen. Meine Berufswahl und vor allem Branchenwahl habe ich dennoch nie bereut. Wie viele meiner Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter sowie Kolleginnen und Kollegen. Nach 32 Jahren arbeite ich noch immer mit Stolz in dieser sinnstiftenden Branche. Und unterstütze geniale Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen bei ihren bahnbrechenden Arbeiten mit Starlab-Produkten. Zwar nicht mehr als operativer Mitarbeiter oder im Vertrieb und Marketing, aber als Unternehmer und vor allem als People-Manager. Wie auch meine Kolleginnen und Kollegen kann ich also zweifelsohne sagen, dass die Berufe in der Life-Science-Branche alles andere als unattraktiv oder gar langweilig sind. Allerdings scheinen viele Unternehmen unseres Sektors nicht in der Lage, junge Fachkräfte zu inspirieren –

und zu rekrutieren. Nun werden einige richtigerweise erwidern, „den Fachkräftemangel gibt es aktuell überall“. Doch ist er für eine so wichtige und schnell wachsende Branche wie die Life Sciences viel gravierender.

Wenn Autos nicht fahren, dann tun es Züge. Oder Fahrräder. Aber Krankheiten werden nicht einfach verschwinden. Es braucht Menschen, die sie erforschen, und Menschen, die die dafür anfallenden operativen Tätigkeiten übernehmen. Von der Blutabnahme über Rachenabstriche bis zu Urinproben. Inklusive Auswertung. Die Corona-Pandemie hat diesen Umstand eindrucksvoll vor Augen geführt. Zum ersten Mal konnten wir den Menschen ohne Weiteres klarmachen, wie wichtig die meist unsichtbare Arbeit in den Laboren ist. Leider nehmen gerade junge Menschen die Berufe in diesen Sparten nicht als attraktiv wahr. Geschweige denn, dass sie sie überhaupt wahrnehmen. Und genau dort liegt das Problem.

Im Corona-Hochjahr 2021 haben wir von Starlab Laborantinnen und Laboranten sowie

Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler gefragt, wie sie ihre Berufsbilder einschätzen. Das Ergebnis: Gerade mal ein Drittel (32 Prozent) der Befragten denkt, dass die Öffentlichkeit den Beruf des Laboranten als attraktiv bewertet. Spätestens damit war klar: Die Labor- und Life-Science-Branche hat ein Imageproblem.

Gehen wir auf die Suche nach möglichen Ursachen. Image – was heißt das eigentlich? Ursprünglich stammt das Wort aus dem Lateinischen, von „imago“. Das bedeutet so viel wie „Bild“ oder „Bildnis“. Um also zu verstehen, warum die Laborbranche ein Imageproblem hat, müssen wir uns das Bild, aber auch das Bildnis von der Arbeit im Labor vor Augen führen, das andere, allen voran Jugendliche, von den Berufen im Labor haben. Jugendliche gerade deswegen, weil sie die Fachkräfte von morgen sind. Als Teil der Kampagne „Colours of Science“ hat sich Starlab zum Ziel gesetzt, die Berufe im Labor für alle Menschen sichtbar zu machen. In diesem Jahr hat das Unternehmen in einer breit angelegten Studie 1.000 Jugendliche zwischen 16 und 19 Jahren in Deutschland im Auftrag befragen lassen, was sie von den Laborberufen halten. Die Ergebnisse waren sehr eindeutig.

Um das Imageproblem der Branche besser zu begreifen, lohnt zunächst die Unterscheidung zwischen den Begriffen Bildnis und Bild. Laut Duden meint der Begriff Bildnis die „bildliche Darstellung eines Menschen“. Zum Verständnis hilft es, sich ein Porträt, eine Büste oder eine Bildhauerei vorzustellen. Das, was wir sehen, ist kein unmittelbares Bild der abgebildeten Person oder Landschaft. Was wir betrachten, ist die Interpretation des Kunstschaffenden. Sie beeinflusst unsere Wahrnehmung über die dargestellte Landschaft oder Person. Von Kunstschaffenden will ich hier nicht reden, dafür aber von im Labor Schaffenden, Wissen-Schaffenden und deren Bildnissen. Wo kommen diese her? Vor allem bei Jugendlichen? Die Antwort lautet: aus dem

(un-)mittelbaren Umfeld. Eltern, Schule, Freunde und Medien – klassische wie neue. All diese Dinge beeinflussen nicht nur Jugendliche, sondern ebenso Erwachsene nachweislich.

Das Bildnis, das junge Menschen von der Arbeit im Labor haben, scheint völlig klar: An erster Stelle dominiert laut der Erhebung mit 58 Prozent die Analyse von Blut und Urin in einer Arztpraxis, gefolgt von der Analyse von Mikroben im Trinkwasser (49 Prozent). Etwas abgeschlagen, aber dennoch weit vorn folgen dann – dank der Erfolge Modernas oder BioNTechs im Kampf gegen die Corona-Pandemie – die Erfindung des nächsten mRNA-Impf-

*»Fachkräftemangel gibt es aktuell überall – doch ist er für eine so wichtige und schnell wachsende Branche wie die Life Sciences viel gravierender.«*

stoffes (37 Prozent) und anschließend die Heilung von Krebs (27 Prozent). Es sind jene Berufe von Medizinisch-Technischen Assistenten, die Blut- und Urinproben analysieren oder PCR-Tests auswerten; von Wissenschaftlern in Filmen, die nach einer verheerenden Katastrophe Trinkwasserproben untersuchen; von Forschern wie Uğur Şahin und Özlem Türeci, die der Menschheit in der Corona-Pandemie durch ihre Erfindung einen unbezahlbaren Dienst erweisen; oder von Medizinerinnen, die mit Hochdruck daran arbeiten, Krebskrankheiten zu besiegen.

All diese Berufe nimmt die Gesellschaft meist unbewusst oder indirekt wahr. Wir fragen oder denken nicht großartig darüber nach. Geschweige denn, dass wir über sie reden würden. Auch nach zwei Jahren Pandemie nicht. Ein Fehler, wie die eingangs zitierte Studie über Lieblings-Arbeitgeber verdeutlicht. Materielle Arbeitsergebnisse scheinen wichtiger als immaterielle oder das Leben selbst – zumindest für bestimmte Generationen.

Während das Bildnis, das Jugendliche von der Arbeit im Labor besitzen, geprägt ist durch den alltäglichen Arztbesuch sowie Film und Fernsehen – in der Kommunikationswissenschaft als Kultivierungshypothese bezeichnet –, verhält es sich mit dem Bild anders. Ein Bild kann vieles sein. Für die weitere Betrachtung konzentrieren wir uns auf eine wesentliche Definition laut Duden: Vorstellung oder Eindruck. Welchen Eindruck haben also junge Menschen von der Arbeit im Labor? Nach zwei Jahren Corona-Pandemie wissen

sie bestimmt viel mehr, oder? Fehlanzeige. Erorr 404. Bild nicht gefunden. 22 Prozent der von Starlab befragten Teenager geben an, genauso viel über die Arbeit im Labor zu wissen wie vor Corona. Weitere 12 Prozent meinen, überhaupt kein Bild von der Arbeit in den Laboren zu haben. Damit weiß einer von drei Jugendlichen nicht, wie die Arbeit in einem Labor aussieht. Mindestens. Doch warum eigentlich? Zum Vergleich: Seit Beginn des Angriffskriegs Russlands in der Ukraine verzeichnet die Bundeswehr einen unglaublich starken Anstieg der Bewerberzahlen. Das ist gerade erst einige Monate her, und die Nachrichten berichten seitdem über wenig andere Themen. Aber in den vergangenen zwei Jahren wurde crossmedial – in neuen wie in klassischen Medien – jeden Tag ebenfalls prominent über die Corona-Pandemie und ausgelastete Labore und Testkapazitäten berichtet. Anstieg an Bewerberzahlen in der Laborbranche? Erneut Fehlanzeige. Bei der School of Life Science Hamburg beispielsweise, mit der wir bei Starlab eng kooperieren, sind die Bewerberzahlen seit Jahren sogar rückläufig. Mediales Agenda-Setting allein verursacht nicht in jedem Fall eine Verhaltensänderung.

Dabei ist das Bild, das Jugendliche von der Tätigkeit im Labor haben, wenn sie denn eins abrufen, gar kein schlechtes. Sie können sich zwar nicht wirklich etwas unter der Arbeit vorstellen. Aber sie haben erkannt, wie wichtig und sinnhaft diese ist. Eigentlich genau das Richtige für die Generationen Z und Alpha, oder? Satte 75,2 Prozent der jungen Menschen halten laut der von uns durchgeführten Studie die Tätigkeiten im Labor für sinnhaft. Zudem messen 71,4 Prozent den Jobs viel Verantwortung bei. Das Image ist also gar nicht so schlecht wie gedacht. Und ja, auch die tägliche Berichterstattung über Labore oder Impfstoffe während der Corona-Pandemie hat dazu beigetragen.

In den Bewerberzahlen hat sich das bisher nicht widerspiegelt. Und das, obwohl 29 Prozent der Teenager durch Lockdowns, Brancheneinschränkungen und Unsicherheiten eine andere berufliche Präferenz haben als vor der Pandemie. Und weitere 70,9 Prozent der Jugendlichen erklären, dass ihnen die Arbeit im Labor Spaß bereiten würde. Kommen wir also zurück zur Unterscheidung zwischen dem Bild und dem Bildnis von der Arbeit im Labor: Die meisten Jugendlichen wissen nicht, was sie dort erwartet. Sie haben eine Vorstellung von dem, was die Arbeit im Labor ausmacht. Aber sie wissen nicht, wie sie gestaltet ist. Das, was sie darüber glauben zu wissen, haben sie sich aus ihrem Umfeld und aus den Medien angeeignet. Daher lohnt ein weiterer Blick auf genau dieses Umfeld – wenn wir dem Fachkräftemangel in Zukunft wirkungsvoll begegnen wollen.

## Zum Autor

**Klaus Ambos** ist CEO der auf Liquid-Handling-Technologie und Laborprodukte spezialisierten Unternehmensgruppe Starlab International GmbH mit Niederlassungen in Deutschland, Frankreich, Großbritannien und Italien sowie weltweiten Distributoren.





Nicht nur das Interesse für die Berufe im Labor, sondern auch das allgemeine Interesse für das (schulische) Themengebiet MINT (Mathematik, Informatik, Naturwissenschaft, Technik) ist vorhanden. Wider Erwarten (!) hat die Mehrzahl (23,2 Prozent) der von Starlab befragten Teenager angegeben, dass die MINT-Fächer für sie von größtem Interesse in der Schule sind. Von diesen wiederum sind 39,7 Prozent durch die eigene Neigung auf das Gebiet aufmerksam geworden, weitere 28,4 Prozent durch ihre Lehrkräfte, 15,5 Prozent durch die Medien und zuletzt 12,5 Prozent durch Familie und Freunde.

Auch in der Berufswahl zeichnet sich ein ähnliches Bild ab: 70,1 Prozent der Jugendlichen treffen ihre Berufswahl aufgrund persönlicher Interessen und Neigungen. 50,9 Prozent werden durch die Familie beeinflusst. Anschließend folgen Impulse aus der Kindheit in Form von Büchern, Idolen und Spielzeugen (40,7 Prozent) wie auch der Schule (40,3 Prozent).

Wir alle hatten doch diese eine Person, die uns nachhaltig inspiriert und dazu angeregt hat, einen bestimmten Weg einzuschlagen, oder? Gerade für Kinder und Jugendliche ist das sehr wichtig. Die Inspiration findet bereits sehr früh statt. Genderspezifisch tradierte Rollen tun ihr Übriges, wenn Jungen lieber Polizist oder Feuerwehrmann werden möchten. Und Mädchen unbedingt Tierärztin. Umso wichtiger ist es, diese Barrieren abzubauen,

---

*»Einer von drei Jugendlichen weiß nicht, wie die Arbeit in einem Labor aussieht.«*

---

Kinder frühzeitig über mögliche Berufe aufzuklären und im entscheidenden Augenblick der beruflichen Weichenstellung zum Schuljahresende bildhaft in Erscheinung zu treten. Die Aufgabe, Jugendliche über Berufslaufbahnen, Berufe und Möglichkeiten der Ausbildung umfassend zu informieren, kann von niemandem allein getragen werden.

Vielmehr braucht es einen Schulerschluss zwischen dem Bildungssystem, der freien Wirtschaft und den Eltern. Gerade bei Letzteren gilt leider immer noch oft in Bezug auf die Berufswahl des eigenen Kindes: Du bist Anwalt, Arzt, Ingenieur oder gar nichts. Umso mehr benötigen wir Aktionstage wie den „Welttag des Labors“ oder spannende Unternehmenspraktika,



um Eltern wie Jugendliche auf die Berufe und Einsatzmöglichkeiten im Labor aufmerksam zu machen. Die Laborbranche in ihrer ganzen Vielfalt muss auf den Radar gebracht werden. Es braucht Bilder und Narrative, die über das Handling mit Spritzen und Pipetten hinausgehen. Bilder, die zeigen, was Laborarbeit ebenso wie andere Jobs bieten können: Kommunikation, Teamarbeit, Spaß, Bestätigung, gesellschaftliche Anerkennung und ja, auch eine gute Bezahlung.

Auch ein CEO muss sich dann die halbe Stunde Zeit nehmen. Sich frühzeitig um den Praktikanten und die Praktikantin kümmern. Mit ihm und ihr reden. Das Gefühl geben, wahrgenommen zu werden. Sie kennenlernen. Denn: Praktikantinnen und Praktikanten von heute sind die Fachkräfte von morgen. Für Konzerne mag das in unserer Branche eher weniger ein Problem darstellen, da die finanzielle Kraft oft reicht, sich Fachkräfte teuer einzukaufen. Doch für mittelständische Unternehmen ist dieses Erlebnis, diese positive Verknüpfung und Wahrnehmung in den Köpfen junger Menschen umso wichtiger.

Bei Starlab beispielsweise haben wir uns zum Ziel gesetzt, eine Marke zu schaffen, die junge Menschen anspricht. Eine Marke, die Spaß bereitet und zeitgerecht ist. Und positive Verknüpfungen in den Köpfen der jüngeren Zielgruppe schafft. Sie für die Arbeit in Labor und Forschung begeistert. Es war ein langer Prozess. Dabei haben wir festgestellt, dass die Palette der möglichen Instrumente sehr breit und bunt sein kann und auch muss. Vom außergewöhnlichen Produktdesign und modernen Produkten über zielgruppengerechte Kommunikationskanäle bis hin zu inspirieren-

den Storys, die unbedingt erzählt werden müssen. Zum zweiten Mal in Folge haben wir den „Welttag des Labors“ als Anlass genutzt, das Labor als Arbeitsplatz im Rahmen einer Kommunikationskampagne zu promoten. „Colours

---

*»Praktikantinnen und Praktikanten von heute sind die Fachkräfte von morgen.«*

---

of Science“ klärt daher auf. Multi-Channel. Auf Instagram, LinkedIn, in den klassischen Medien und Fachzeitschriften, via Podcasts, auf einer Landingpage mit Videos, Interviews, einem Kunstwerk und vielem mehr.

Es ist ein Anfang. Doch das allein reicht nicht. Wir brauchen eine generelle, übergreifende Sensibilisierung der breiten Öffentlichkeit für alternative Berufsbilder. Teenager werden in ihrer Berufswahl sowohl von Familie und Freunden beeinflusst wie auch von Medien und Influencern. In diesem Jahr hat die Berichterstattung am „Welttag des Labors“ eher mau ausgesehen. Auch ist dieser Tag in Deutschland längst kein Aktionstag mehr. Viele Berufe im Labor bleiben unsichtbar und unpopulär. Es braucht mehr Unternehmen, die mittels öffentlichkeitswirksamer, generationengerechter Kampagnen über alternative Berufsmöglichkeiten aufklären und die Jugendlichen für diese begeistern. Natürlich muss dafür etwas Geld in die Hand genommen werden. Wenn man dieses Geld aber als das ansieht, was es sein soll, ist es gut angelegt: eine Investition in die Zukunft.

# „Der Medizinbetrieb ist zu unbeweglich – sowohl bei personalisierten Therapien als auch in der Corona-Pandemie“

IM GESPRÄCH MIT HANS LEHRACH, BERLIN

Zwanzig Jahre nach dem Humangenomprojekt sprach Laborjournal mit einem seiner Pioniere – Hans Lehrach, Emeritus des Berliner Max-Planck-Instituts für Molekulare Genetik. Als Mitgründer des Krebsdiagnostik-Unternehmens Alacris Theranostics erklärt Lehrach, was die Personalisierung der Medizin aktuell noch behindert.

**Laborjournal:** Das vollständige humane Genom wurde im März 2022 veröffentlicht. Dabei hieß es doch schon vor zwanzig Jahren, es sei „entschlüsselt“. Wofür waren weitere zwei Jahrzehnte nötig?

**Hans Lehrach** » Signifikante Teile des Genoms blieben damals mit der Sanger-Sequenzierung völlig unanalysierbar. Für Regionen mit vielen Repeats, wie zum Beispiel den Millionen Basenpaaren langen Satellitensequenzen nicht-codierender Genomabschnitte, mussten erst Sequenzierungsmethoden entwickelt werden, die Hunderte Kilobasen am Stück durchlesen wie zum Beispiel die Nanoporen-Technologie. Erst dank ihnen sind jetzt einzelne Chromosomen von Ende zu Ende sequenziert.

**Wenn Sie auf das Humangenomprojekt zurückblicken, hätten Sie etwas anders gemacht?**

**Lehrach** » Vieles. [lacht] Zum einen war ich überrascht, dass Genomsequenzierungen schließlich nicht mit neuartigen Techniken und ein paar Doktoranden durchgeführt

»Es reicht nicht aus, nur nach den SNPs häufiger Genvarianten zu schauen.«

wurden, sondern mit recht einfachen Technologien, aber großem personellen und materiellen Aufwand. Vor allem aber habe ich die starke politische Komponente unterschätzt. Als ich 1978 versuchte, das EMBL in Heidelberg zu überzeugen, als erstes Genomzentrum *E. coli* zu sequenzieren, waren die meisten meiner Kollegen nicht interessiert.

**Weshalb Sie 1987 die Leitung der Abteilung Genomanalyse beim Imperial Cancer Research Fund in London übernahmen?**

**Lehrach** » Auch damals wurde in Deutschland die Idee, das menschliche Genom zu sequenzieren, noch immer nur von wenigen dis-

kutiert. Ich dachte, jedem sei klar, dass wir derartige Grundlagendaten brauchen. Ein Großteil der wissenschaftlichen Community sah das aber anders.

**Mit welchen Argumenten?**

**Lehrach** » Als das Genomprojekt in Deutschland vom enorm vorausschauenden BMBF unterstützt wurde, schrieben etliche Spitzenwissenschaftler ans Ministerium und erklärten, das sei nur eine stupide Arbeit. Deutschland solle lieber in intelligente Forschung wie die Zellbiologie investieren. Wenn wir aus politischen Gründen am Humangenomprojekt mitmachen müssten, sollten wir Geld an ein US-Genomzentrum überweisen und uns vom Genomprojekt freikaufen.

**Im Nachhinein ein merkwürdiger Vorschlag gerade in Anbetracht der Corona-Pandemie. Wann erkannten Sie selbst, wie wichtig umfassende Genomdaten sind?**

**Lehrach** » Eigentlich schon Ende der Siebzigerjahre als wir noch die Sequenzierungsmethoden nach Maxam-Gilbert und Sanger einsetzten. Nach der Jahrtausendwende begannen wir dann ernsthaft, Patienten auf Basis ihrer Genom- und Transkriptomdaten zu modellieren. Denn jedes Jahr sterben in Europa fast 200.000 Menschen an Nebenwirkungen ihrer Medikamente, die sich durch eine detaillierte molekulare Analyse voraussagen lassen. Dieses Problem muss die Medizin unbedingt lösen.

**Für derartige Voraussagen sind ja mehr als nur Genomdaten nötig ...**

**Lehrach** » Weshalb ich mit George Church, Marie-Laure Yaspo und anderen in Berlin das Krebsdiagnostik-Unternehmen Alacris Theranostics gegründet habe, das Next-Generation-Sequenzierung mit Systembiologie und modernster Bioinformatik kombiniert. Das Kernprodukt von Alacris ist die meines Wissens umfassendste, kommerziell verfügbare Analyse von Krebspatienten und darauf auf-

bauend ein einzigartiges Computermodell namens ModCell – der erste Schritt zu einem „digitalen Zwilling“ von Patienten.

**Was sicher mehr als eine reine Datenbank ist. Wie funktioniert es?**

**Lehrach** » Abhängig von Krankheitsbereich und Therapieform enthielte ein digitaler Zwilling unterschiedliche Komponenten. Bei Immuntherapien spielen ja immunologisch wirksame Zellpopulationen die entscheidende Rolle, bei neurodegenerativen Erkrankungen Aspekte des Nervensystems, bei Herz-Kreislauf-Erkrankungen die Modellierung des Herzens und der Blutzirkulation. In der Krebstherapie müssen wir wiederum die Reaktion heterogener Tumore auf Medikamente modellieren. Wir müssen charakterisieren, wie ein

»Unser Flaschenhals ist es also, an Trainingsdaten Parameter-sätze zu identifizieren, die Testdaten richtig voraussagen.«

bestimmter Patient Medikamente metabolisiert, ob sie infolge des jeweiligen Genoms überhaupt aktiviert werden oder inakzeptable Nebenwirkungen in wichtigen Zelltypen hervorrufen; und ebenso, wie sein Darmmikrobiom Medikamente modifiziert, abbaut oder aktiviert. Diese biochemischen Daten zu Zellpopulationen und Signalwegen vereinen wir mithilfe objektorientierter Programmiersprachen wie Python zu Modellen aus Differentialgleichungen, die numerisch gelöst werden können, um Voraussagen zu treffen – übrigens nicht nur für schwere Krankheiten wie Krebs, sondern auch um Wege zu entwickeln, Krankheiten zu vermeiden und die gesunde Lebensspanne zu verlängern.

**Schaut sich Alacris dafür Einzelnukleotid-Polymorphismen an oder komplette Genome?**



**Lehrach** » Es reicht nicht aus, nur nach den SNPs häufiger Genvarianten zu schauen. Der Großteil der Krebspatienten hat seltene Änderungen im Genom ihres Tumors, auf die man nur schlecht gezielt testen kann. Zusätzlich kann ein rezessives Tumor-Gen ebenso leicht durch epigenetische Modifikationen wie Methylierungen seines Promotors ausgeschaltet sein. Deshalb sequenzieren wir bei Alacris den gesamten Protein-codierenden Bereich des Tumor-Genoms sowie sein Transkriptom.

*Was sind die wissenschaftlichen Flaschenhälse bei all dem?*

**Lehrach** » Der Mangel an kinetischen Daten. Oftmals sind sie völlig unbekannt oder in Laborexperimenten unter nicht-physiologischen Bedingungen gemessen worden. Wir müssen sie also durch eine Parametrisierungs-Strategie bestimmen, was viele Daten, große Rechenkapazitäten und Zeit braucht. Un-

Voraussage gemacht wird. Schließlich könnten falsche Voraussagen Patienten schaden. Sie sind kausal. Wir können sehen, was sich am Modell ändert, wenn sich zum Beispiel eine Genomsequenz ändert. Und sie sind genügend. Wir brauchen viel weniger Information, um ein Modell zu parametrisieren, als ein Deep Learning Netzwerk zu trainieren.



## Zur Person

**Hans Lehrach** bereitete während seiner Zeit als Postdoc in Harvard (1974-78) sowie als Gruppenleiter am EMBL in Heidelberg (1978-87) den Weg für verschiedene Klonierungstechniken. Von 1994 bis zu seiner Emeritierung (2014) war er Direktor am Max-Planck-Institut für molekulare Genetik in Berlin und fungierte von 1997 bis 2001 als Sprecher des Deutschen Humangenomprojekts. 2008 gründete Lehrach die Firma Alacris Theranostics, die Krebstherapie und Wirkstoffentwicklung mithilfe eines digitalen Zwillingen personalisiert.

ser Flaschenhals ist es also, an Trainingsdaten Parametersätze zu identifizieren, die Testdaten richtig voraussagen.

*Welche maschinellen Lern-Algorithmen setzt Alacris dafür ein?*

**Lehrach** » Maschinelle Lernstrategien suchen meist nur nach Korrelationen. Korrelationen wie die zwischen Storchpopulationen und Geburtenraten existieren, sind aber – außer bei Storchbabys – offensichtlich nicht kausal und daher nicht nützlich. Mechanistische Modelle bringen für die Krebsdiagnostik dagegen drei enorme Vorteile mit sich: Sie sind erklärbar. Wir können sehen, warum eine

*Im Endeffekt individualisiert Alacris also bestimmte Therapien für den Einzelfall. Wie skalierbar ist das?*

**Lehrach** » ModCell soll unter etablierten Therapien die Medikamente mit der besten Wirkung und den geringsten Nebenwirkungen für den jeweiligen digitalen Zwilling finden. Klinische Versuche macht das zwar nicht überflüssig, aber sie können auf einem höheren Niveau einsetzen und zum Beispiel die Behandlungserfolge nach ModCells Voraussagen mit alternativen Behandlungsstrategien vergleichen.

*Wie oft wird derartige personalisierte Medizin bereits am Patientenbett umgesetzt?*

**Lehrach** » Eher schlecht als recht. Eigentlich sollte von jedem Krebspatienten direkt zu Anfang Patienten-Exom, Tumor-Exom und Tumor-Transkriptom analysiert werden, um zu sehen, ob ein Tumor mit mechanistischen Medikamenten nicht effektiver und nebenwirkungsärmer als durch eine Standard-Chemotherapie behandelt werden kann. Leider ist das völlig unüblich. Oft werden nur ein paar Tumor-assoziierte Kandidaten-Gene oder Gen-Panels auf DNA-Niveau auf Mutationen gecheckt. Seltene Genvarianten und epigenetische Effekte berücksichtigt das nicht.

*Warum sind Tiefenanalysen nicht schon längst Routine?*

**Lehrach** » Weil sich die Ökosysteme im Medizinbetrieb nur langsam an technische Neuerungen anpassen. Ärzte fühlen sich von den enormen Mengen an Genominformation überfordert. Stakeholder wollen im Vorfeld wissen, wie sich neue Verfahren finanziell auswirken. Lieber setzen sie weniger leistungsfähige Verfahren ein, nur weil sie schon existieren und sie selbst daran verdienen. Zwar wollen Initiativen wie der „Gesetzeseinsatzwurf zur Weiterentwicklung der Gesundheitsversorgung“ Tumorgewebe regulär mittels Genomsequenzierung analysieren lassen, doch welche Labore diese Analysen finanziert bekommen, wird nicht sachlich anhand von Kosten-Nutzen-Überlegungen, sondern politisch entschieden: Unizentren sollen sie durchführen, die vielleicht weder Erfahrung noch Interesse daran haben.

*Apropos Profit: Sobald Alacris' Computermodell andere als die Standard-Medikamente für bestimmte Indikationen als wirksamer erachtet, resultieren finanzielle Einbußen für die Hersteller ...*

**Lehrach** » Nein, das Gegenteil ist der Fall. Unsere Modellierungsverfahren suchen nicht nur nach optimalen Medikamenten, sondern machen auch die Medikamentenentwicklung selbst schneller und billiger. Anhand von Voraussagen zu möglichen Interaktionspartnern

*»Eigentlich sollte von jedem Krebspatienten direkt zu Anfang Patienten-Exom, Tumor-Exom und Tumor-Transkriptom analysiert werden.«*

sollten sich virtuelle präklinische Versuche an Substanzen durchführen lassen, die noch gar nicht synthetisiert sind. Auch sollte ModCell klinische Studien vorbeugen, die scheitern, weil die Patientenpopulation zu heterogen ist. Spricht zum Beispiel nur jeder zehnte Studienteilnehmer auf ein Medikament an, geht das in den Gesamtdaten unter. Doch identifiziert eine vorherige Modellierung anhand von Biomarkern die Patientengruppe, bei der der Medikamentenkandidat wirkt, reicht vielleicht schon ein gezielter und rascher klinischer Versuch zur Zulassung. Personalisierte Medizin reduziert also Kosten.

*Wäre es nicht zielführender, statt in personalisierte Medizin zu investieren, den Lebensstandard der Bevölkerung zu verbessern? Schließlich sind Risikofaktoren für Volkskrankheiten seit Jahrzehnten bekannt – wie hoher Blutdruck, hoher Nüch-*

*ternblutzucker, Übergewicht, hohe Cholesterin-Werte im Blut, Alkohol, Rauchen, Feinstaub und so weiter...*

**Lehrach** » Das sind doch zwei Paar Schuhe. Klar sollten wir die Umwelt- und Verhaltensinflüsse auf unsere Gesundheit verbessern. Das steht aber nicht im Gegensatz zu einer personalisierten Behandlung von Krebspatienten. Wir behandeln Patienten mit Medikamenten, die nicht wirken oder schaden können, was zu erneuten Krankenhausaufenthalten führen kann. All das verursacht dem Gesundheitssystem Kosten, die wir durch eine weitgehende Personalisierung der Medizin vielleicht halbieren und gleichzeitig seine Qualität verbessern könnten. Durch Werbekampagnen für gesündere Lebensführung lässt sich das nicht erreichen.

*Beispiel Lungenkrebs: Sicher wäre doch mehr Geld gespart, wenn Menschen nicht länger rauchen würden, als wenn für jeden an Lungenkrebs erkrankten Raucher eine personalisierte Medizin zur Verfügung stünde ...*

**Lehrach** » Deutschland blockierte auf EU-Ebene lange Zeit die Versuche, die Zigarettenreklamen der Tabakindustrie einzuschränken. Besteht also politisches Interesse an Ihrem Vorschlag? Ich bezweifle es. Verhaltensänderungen müssen von jedem Einzelnen kommen, zum Beispiel, indem er anhand eines personalisierten Modells vor Augen geführt bekommt, wie jede Zigarette seine Lebenserwartung verkürzt. Auch zur Präventi-

*»Auch zur Prävention wäre eine Personalisierung von Gesundheitsdaten also hilfreich.«*

on wäre eine Personalisierung von Gesundheitsdaten also hilfreich. Im Übrigen haben wir doch gerade erst in der COVID-19-Pandemie erlebt, wie die Interessen von Stakeholdern eine Eindämmung des Virus verhindern konnten.

*Damit spielen Sie auch auf einen Laborjournal-Artikel im September 2020 an, in welchem Sie flächendeckende PCR-Massentests befürworteten, um SARS-CoV-2 in die Knie zu zwingen. Warum haben politische Entscheidungsträger diese Möglichkeit weitestgehend ignoriert?*

**Lehrach** » Weil das Hauptgewicht auf die Impfstoffentwicklung gelegt wurde, ohne das vorhersehbar hohe Risiko der Selektion immunitätsbrechender Varianten zu berücksichtigen, und alternative Strategien ohne dieses Risiko in Betracht zu ziehen. Es gab erstaunlicherweise keinen Plan B. Außerdem existierte

im Bereich der Testung eine starke Lobby derer, die mit Standard-qPCR-Tests Milliarden Euro verdienten, und den Aufbau sensitiver, aber weit billigerer PCR-Tests verhinderten. Stattdessen gab die deutsche Regierung Milliarden für Antigen-Schnelltests aus, die zu spät ansprechen, als dass sie durch Unterbrechung von Infektionsketten den R-Wert reduzieren könnten. Infizierte wurden erst erkannt, wenn sie schon Symptome zeigten und Dritte unwissentlich angesteckt hatten. Die ersten drei Tage von SARS-CoV-2s zehntägiger Inkubationszeit haben wir epidemiologisch vergeudet. Mit populationsweiten Massentests hätten wir uns wahrscheinlich – wie unsere im März 2022 erschienene Publikation in *Nature Scientific Reports* (12: 5618) aufzeigt – neunzig Prozent aller COVID-19-Toten, also die zweite, dritte und vierte Welle sowie monatelange Lockdowns und Hunderte Milliarden Euro Wirtschaftsschäden erspart.

*Im Oktober 2020 veröffentlichte Laborjournal ein Gespräch mit Christian Drost, in dem er erklärte, warum Massentests nur theoretisch machbar sind ...*

**Lehrach** » Sein Hauptargument, dass diagnostische PCR-Tests im großen Maßstab nicht verwendet werden könnten, wurde durch das „Alles Gurgelt“-Programm in Wien widerlegt. Das zugrundeliegende Verständnisproblem könnte sein, dass es das wissenschaftliche Personal in der Virologie im Gegensatz zu jenen in der Genomforschung nicht gewohnt ist, mit Milliarden Probenzahlen umzugehen. Selbst wenn PCR-Massentests nur 50 Prozent sensitiv wären und nur 60 Prozent der Bevölkerung teilgenommen hätten, wissen wir aus unseren rückblickenden, epidemiologischen Modellierungen, dass R-Werte in Deutschland binnen zwei bis drei Monaten unter einen Wert von eins gesunken wären. Mit Antigen-Schnelltests war es dagegen von vornherein unmöglich, die Pandemie zu unterdrücken.

*Auch Herr Drost sah in PCR-Massentests eine Strategie für zukünftige Pandemien ...*

**Lehrach** » Und trotzdem diskutiert die deutsche Regierung Hochdurchsatz-Teststrategien nicht. Uns läuft doch die Zeit weg. Wenn als Nächstes eine SARS-CoV-2-Variante kommt, die die Infektiosität von Omikron mit den Todesraten von Ebola kombiniert, dann wäre die halbe Bevölkerung Deutschlands tot, bevor wir die zur Eindämmung notwendigen Testkapazitäten aufgebaut hätten. Sollte eine rational handelnde Gesellschaft nicht Vorkehrungen treffen, und zwar jetzt im Sommer?

*Scheitern populationsweite Massentestungen nicht schon an der logistischen Mammutaufgabe, täglich Dutzende Millionen Abstrichstäbchen, Pipettenspitzen,*

*Teströhrchen et cetera zur Verfügung zu stellen?*

**Lehrach** » Die Wiener COVID-19-Teststrategie „Alles Gurgelt“ mit zehn Millionen durchgeführten Tests zeigt klar, wie effektiv Nasenabstriche oder Gurgelproben auch in Deutschland im großen Maßstab funktionieren würden. Die Leute registrieren sich online, bekom-

*»Eine Wasserbad-PCR mit 100 x 384 PCR-Platten pro Durchlauf kann täglich 600.000 RT-PCR-Reaktionen durchführen.«*

men Testkits per Post zugeschickt oder holen sie beim nächsten Einkauf ab, testen sich binnen dreißig Sekunden beim Zähneputzen und stecken ihre mit Barcodes versehenen Teströhrchen in Supermärkten, Tankstellen oder Apotheken in Träger für 96 Proben. Die Träger werden einmal oder zweimal pro Tag in zentrale Prozessierlabore transportiert, ihre Barcodes eingelesen, ihre Kappen in einem 30-Sekunden-Arbeitsgang automatisiert entfernt, je vier Mikroliter pro Probe von einer semiautomatischen Pipettiervorrichtung in 384-Well-Platten überführt, die Platten versiegelt, in Wasserbad-PCRs amplifiziert und in Plattenlesegeräten mit Mikroplatten-Staplern ausgelesen. Eine einzige Wasserbad-PCR mit 100 x 384 PCR-Platten pro Durchlauf kann täglich 600.000 RT-PCR-Reaktionen durchführen – also doppelt so viele wie alle momentan vorhandenen qPCR-Testlabors in ganz Deutschland. Testresultate werden dann sofort über eine Nachricht aufs Handy übermittelt.

*Bei 600.000 Proben pro Tag und Wasserbad-Thermocycler wären noch immer Dutzende Standorte deutschlandweit nötig ...*

**Lehrach** » Allein in die Räumlichkeiten von Alacris könnten wir drei solche Maschinen stellen. Die einzige Frage ist, ob mehrere Analysezentren und damit kürzere Transportwege oder ein zentrales Prozessierlabor logistisch vorteilhafter wären.

*Natürlich hängt auch alles von der Bereitschaft der Bevölkerung ab teilzunehmen ...*

**Lehrach** » In den letzten zwei Jahren hätte der Großteil der Deutschen teilgenommen, weil sie vom Einkauf bis hin zu Kulturveranstaltungen negative Testresultate vorweisen mussten. Würden wir die gesamte Population täglich testen, bräuchten wir das nur so lange aufrechtzuerhalten, bis alle Infizierten identifiziert und in Quarantäne wären – bestenfalls also eine Infektionsperiode. Natürlich wird gerade in Europa das Virus immer wieder über Landesgrenzen importiert. Aber die



Pandemie-Peaks mit den höchsten Todesraten und härtesten Lockdowns lassen sich so vermeiden. Testnegative könnten völlig frei leben. Testpositive könnten isoliert und ihre Chance auf einen milden Krankheitsverlauf von Tag eins an maximiert werden.

*Herr Drostens Hauptargument in LJ 10/2020 war nicht die Logistik, sondern dass bei Massen-PCR-Tests Millionen Diagnosen zustande kämen, die eine ärztliche und rechtliche Verantwortung bedeuten. Aus juristischen Gründen funktionierten Massentests also auch nicht...*

**Lehrach** » Etwas, das in Österreich legal kein Problem ist, soll in Deutschland illegal sein? Selbst wenn, hätte das im Rahmen der COVID-19-Gesetze geändert werden können. Der Unterschied liegt wohl eher in den Interessenslagen entsprechender Lobbys. Angenommen wir hätten eine effektive Methode zur bevölkerungsweiten Krebsfrüherkennung, könnten sie aber nicht anwenden, weil Diagnosen ärztliche Tätigkeiten sind. Also lassen wir lieber Zehntausende Leute an unerkanntem Krebs sterben, als sie zu diagnostizieren, nur weil wir unwirksame Schnelltests aus juristischen Gründen bevorzugen? Wenn Regeln idi-

otisch sind, ändert man sie. Außerdem könnten testpositive Menschen ja von Ärzten per qPCR nachgetestet werden. So funktionierte es nach positiven Antigen-Schnelltests in den letzten Monaten ja auch.

*Wie schätzen Sie die Gesamtkosten flächendeckender PCR-Massentests ab?*

**Lehrach** » Die Logistikkosten wären überschaubar, weil alles mit großen Probenmengen passiert. Den Transport haben wir mit dem Apothekengroßhandel besprochen: Aus jeder Apotheke, die Großhändler sowieso täglich anfahren, nähmen sie eine Box mit Hunderten Platten mit Zehntausenden Teströhrchen gegen eine Gebühr von ein paar Euro pro Box mit. Pro Probe kostete das also unter einem Cent. Die Anschaffungskosten für Pipettierroboter und Wasserbad-PCRs in Höhe mehrerer Hunderttausend bis weniger Millionen Euro lägen bei 83 Millionen zu testenden Menschen ebenfalls unter einem Cent pro Probe. Im Vergleich dazu sind qPCR-Maschinen mit Anschaffungskosten von einigen Zehntausend Euro zwar günstiger, weisen aber nur eine Kapazität von ein paar Hundert Proben pro Stunde auf und benötigen geschultes Personal.

*Ihre Personalkosten wären also hoch?*

**Lehrach** » Unsere Pipeline bräuchte wenig Personal, da alle Tests in großen Einheiten prozessiert werden und nur die wenigen, oben geschilderten Stufen durchlaufen. Auch unsere Personalkosten lägen also bei hohem Durchsatz pro Probe im Centbereich. Insgesamt sollten Kosten von etwa einem Euro pro Test oder weniger erreichbar sein – also Größenordnungen unter den Kosten von ähnlich empfindlichen qPCR-Tests.

*Bei einem Euro pro Probe und kompletter Teilnahme seitens der Bevölkerung hätten zwei Wochen Dauertesten den deutschen Staat 1,2 Milliarden Euro gekostet ...*

**Lehrach** » Die bisher durchgeführten 130 Millionen qPCR-Tests, die Testlabore bei Kasernenpatienten mit 43,56 Euro pro Test erstattet bekamen, kosteten Deutschland 5,7 Milliarden Euro; ganz zu schweigen von den 500 Millionen durchgeführten Antigen-Schnelltests, von denen etliche null Prozent Empfindlichkeit aufwiesen, aber 18 Euro pro Stück kosteten, sowie den Wirtschaftseinbußen. Sollten wir für zukünftige Krankheitserreger – und potenziell weit letalere Virusvarianten – nicht daraus lernen?

*Interview: Henrik Müller*

# Ihre NGS Library QC ab 0,35 € pro Analyse

Qsep: BIO-Fragment Analyzer  
Zuverlässige Kontrolle Ihrer fragmentierten DNA.

★★★★★ **Kundenmeinung aus Deutschland:**

„Das Gerät ist absolut Spitze! Auflösung und Sensitivität des Gerätes sind wirklich toll. Wir sind froh, dass wir unsere Libraries endlich auch in-house analysieren können, bevor wir sie zum Sequenzieren verschicken. [...]“

V.L. Gotsmann, Eukaryotengenetik, TU Kaiserslautern



Buchen Sie hier Ihre unverbindliche Demo:  
[www.nippongenetics.eu/ngs-qc](http://www.nippongenetics.eu/ngs-qc)

**Genetics** NIPPON Genetics EUROPE  
INNOVATION FOR YOU

# „Wir haben uns durch die Genomik ein falsches Bild von biologischen Abläufen und Krankheiten angewöhnt“

IM GESRÄCH MIT RUEDI AEBERSOLD, ZÜRICH

*Der Schweizer Zellbiologe Ruedi Aebersold kann auch als Professor emeritus am Institut für Molekulare Systembiologie der ETH Zürich nicht von der Massenspektrometrie lassen. Mit ungebremstem Elan macht er sich für ihre Bedeutung in der personalisierten Medizin stark. Laborjournal sprach mit ihm über die gegenwärtigen Konzepte, Grenzen und Möglichkeiten der Proteomik – nicht nur im Rahmen der Schweizer Tumor Profiler Study.*

**Laborjournal:** Als Pionier der Massenspektrometrie legten Sie Grundsteine für eine personalisierte Medizin. War das stets Ihr Ziel?

**Ruedi Aebersold** » Natürlich war daran nicht nur unsere Arbeitsgruppe beteiligt, sondern eine Handvoll Forschungsstandorte. Im Gegensatz zu anderen versuchten wir aber tatsächlich nie, die höchste Auflösung oder die maximale Sensitivität als Selbstzweck zu erreichen. Unser Ziel war es immer, Methoden für die biomedizinische Anwendung zu entwickeln – also eine ausreichend hohe Sensitivität mit komplexen biologischen Proben zu verwirklichen.

**Was waren für Sie die Meilensteine in Ihrer Methodenentwicklung für die Proteomik?**

**Aebersold** » Die erste Errungenschaft war eine zuverlässige Quantifizierung von Proteinen und ihren Modifikationen. Denn in der biomedizinischen Forschung reicht es ja nicht nur, zu wissen, welche Moleküle in einer Probe vorhanden sind, sondern auch wie sie sich quantitativ unterscheiden, zum Beispiel zwischen krankem und gesundem Gewebe. Die zweite Errungenschaft war Reproduzierbarkeit. Wenn man von Biomarkern auf Krankheitstypen schließen will, braucht man große Patientenkohorten und reproduzierbare Daten. Ansonsten stellt man Assoziationen zu Batch-Effekten oder Hintergrundrauschen her.

»Biomoleküle können wir tatsächlich seit langem reproduzierbar quantifizieren, und zwar mittels Methoden des Selected Reaction Monitoring.«

*Einer weitflächigen klinischen Anwendung massenspektrometrischer Methoden steht also nichts mehr im Weg?*

**Aebersold** » Biomoleküle können wir tatsächlich seit langem reproduzierbar quantifizieren, und zwar mittels Methoden des Selected Reaction Monitoring (SRM). Das ist quasi das massenspektrometrische Äquivalent zum Western Blot. Proben werden mit Trypsin verdaut, flüssigchromatographisch aufgetrennt, ins Tandem-Massenspektrometer injiziert und einzelne Peptid-Ionen dann sequenziell isoliert, fragmentiert und ihre Fragment-Ionen analysiert. Allerdings funktioniert das nur mit bis zu circa einhundert Peptiden pro Injektion. Menschliche Zellen exprimieren aber über zehntausend verschiedene Proteine. Bei einem solchen extrem komplexen Gemisch hat die SRM-Methode Schwierigkeiten, jedes Peptid-Ion sequenziell zu isolieren und zu fragmentieren.

**Aus Gründen der Auflösung und spektralen Überlappung von Peptid-Signalen?**

**Aebersold** » Vor allem aus Zeitgründen. Jeder Analysezyklus dauert zwar nur Millisekunden, bei einer riesigen Anzahl an Peptiden ist aber auch eine Stunde schnell vorbei und die Probe aufgebraucht. Erst Methoden der Data-Independent-Acquisition (DIA), bei denen alle Peptid-Ionen eines bestimmten Masse-Ladungs-Bereichs parallel analysiert werden, erzeugen die hohe Reproduzierbarkeit für zehntausende von Peptiden, die für die klinische Anwendung notwendig ist.

**Diese Parallelisierung in der Massenspektrometrie erinnert an die Methodenentwicklung in der Genomik ...**

**Aebersold** » Genau. Auch dort wurden gereinigte und isolierte DNA-Segmente ursprünglich nacheinander sequenziert. Erst die Illumina-Methoden, die hunderte Millionen DNA-Segmente immobilisieren und parallel sequenzieren, erhöhten den Durchsatz massiv. Mittels Barcoding werden heute ja sogar multiple Genome parallel sequenziert. In der Massenspektrometrie erreichten wir diese Parallelisierung vor etwa zehn Jahren mit einer Technik namens

Sequential Windowed Acquisition of All Theoretical Fragment Ion Mass Spectra (SWATH).

**Wie funktioniert SWATH-MS?**

**Aebersold** » Die von einer Chromatographie-Säule eluierten Peptide kann man anhand ihrer charakteristischen Retention und Masse in einer zweidimensionalen Grafik darstellen. Dieses 2D-Bild brechen wir in Einzelbereiche herunter und fragmentieren die zahlreichen Pep-

»Wie identifizieren wir aus überlagerten Fragmentationsspektren vieler Peptide deren Sequenzen?«

tide jeder dieser Positionen auf einen Schlag. Die entscheidende Frage dabei ist natürlich: Wie identifizieren wir aus überlagerten Fragmentationsspektren vieler Peptide deren Sequenzen? Unsere Lösungsidee besteht aus einer Datenbank aus Referenzspektren aller denkbaren Einzelpeptide, die wir über Monate aufgebaut haben und nach den Fragment-Ionen-Spektren überlagerter Peptidsignale absuchen können. Die Referenzspektren dienen also als Fingerabdrücke, anhand derer wir unbekannte Peptide identifizieren können.

**Wie gut funktioniert das, wenn Proteine – vielleicht auch auf unbekannte Weise – posttranslational modifiziert sind?**

**Aebersold** » Ursprünglich konnten wir tatsächlich nur bekannte Peptide identifizieren. Dann trat aber ein, was überall eintritt, wenn man viele Daten hat: Wir lernten aus ihnen! Und zwar die Regeln, wie ein modifiziertes Peptid im Massenspektrometer fragmentiert. Aus Millionen solcher Korrelationen sagen maschinelle Lernalgorithmen mittlerweile ziemlich gut die Fragmentationsspektren unbekannter Substanzen voraus. Die Gruppen von Bernhard Küster an der Technischen Universität München und meinem früheren Postdoc Alexey Nesvizhskii an



der University of Michigan Medical School sind federführend darin, Datensätze unbekannter Zusammensetzung mit vorausgesagten Fragmentationsspektren abzusuchen.

*Gilt das auch, wenn unterschiedliche Proteoformen eines Proteins in der gleichen Probe vorliegen? Lassen sie sich voneinander unterscheiden?*

**Aebersold** » Modifizierte Proteininstanzen des gleichen Gens sind sicher die nächste große Herausforderung. Noch ist die Proteomik meist auf die Aussage beschränkt, dass Translationsprodukte eines Genlokus in bestimmten Mengen in einer Zelle aktiv sind. Sie kann

*»Aber wir können sagen, mit wie vielen Phosphatgruppen ein Peptid modifiziert ist.«*

aber nicht sagen, wie viel welcher Proteoformen exprimiert wird. Das gilt für posttranslationale Modifikationen genauso wie für Spliceformen. Wir wissen nicht einmal, wie viele Proteoformen der menschliche Körper überhaupt generiert – vielleicht hunderte Millionen, vielleicht Milliarden?

Haben wir aber eine Kohorte kranker Zellen und eine Referenzkohorte, kann SWATH-MS leicht abfragen, welches Exon im Krankheitsfall exprimiert ist oder ob Proteine unterschiedlich modifiziert sind. Die genaue Zuordnung eines modifizierten Aminosäurerests ist zwar manchmal schwierig, wenn zum Beispiel im Fall von Phosphorylierungen mehrere Serine und Threonine aufeinanderfolgen. Aber wir können sagen, mit wie vielen Phosphatgruppen ein Peptid modifiziert ist – auch wenn wir noch keine Aussage darüber treffen können, ob sich die modifizierten Aminosäurereste im identischen Protein befinden.

## Zur Person

**Ruedi Aebersold** legte mit seinen Arbeiten die Grundlagen für die Massenspektrometrie-basierte Proteomik und ihren Einsatz in der personalisierten Medizin. Er erhielt für seine Forschung zahlreiche Preise, zuletzt 2020 den Schweizer Wissenschaftspreis Marcel Benoist. Seit 2020 ist Aebersold Professor emeritus am Institut für Molekulare Systembiologie der ETH Zürich und leitet bis Ende 2023 die Schweizer Tumor Profiler Study.





*Welche MS-Strategien könnten es in Zukunft erlauben, Proteoformen zu unterscheiden?*

**Aebersold** » Es gibt viele Möglichkeiten, funktionell relevante Information aus Proteinen und ihren Komplexen herauszulesen. Zum Beispiel identifiziert die Arbeitsgruppe von Paola Picotti, meiner Nachfolgerin am Institut für Molekulare Systembiologie der ETH Zürich, mittels limitierter Verdauung diejenigen Peptide, die sich in ihrer Strukturkonformation je nach physikochemischem Umfeld unterscheiden. Eine komplementäre Methode ist das von der Arbeitsgruppe um Mikhail Savitski am EM-BL Heidelberg entwickelte Thermal Proteome Profiling, bei dem man Proteine graduell aufheizt und ihre Stabilität massenspektrometrisch analysiert. Beide Methoden erfassen nicht nur die Struktur, sondern auch die Dynamik von Polypeptiden und erlauben somit Rückschlüsse auf unterschiedliche Proteoformen.

Der reinste Ansatz ist natürlich die Top-down-Proteomik, bei der intakte Proteine ohne vorherigen Trypsin-Verdau oder

---

*»Wie keine andere Technik erlaubt es die Massenspektrometrie, zelluläre Phänomene auf ihre biochemischen Ursachen zurückzuverfolgen.«*

---

biophysikalische Manipulation ionisiert und analysiert werden. Die Proteine als molekulare Ionen in ein Massenspektrometer einzubringen und dort zu fragmentieren, ist wegen ihrer extrem diversen Löslichkeit, Größe und Stabilität aber in der Praxis häufig schwierig. Denn oft bleiben denaturierte Proteine nicht in Lösung und können nicht flüssigchromatographisch aufgetrennt und ins Tandem-MS eingespritzt werden.

*Aber charakterisieren Arbeitsgruppen wie die um Carol Robinson an der University of Oxford nicht selbst schon hydrophobe Membranproteine massenspektrometrisch?*

**Aebersold** » Sicher ist sie dort eine der führenden Forscherinnen – nicht nur für einzelne Membranproteine, sondern ganze Proteinkomplexe. Aber jedes ihrer Projekte ist ein Kunstwerk, das auf einer Menge Vorarbeiten beruht, um die richtige Detergenzmischung für jeden Analyten zu finden. Von einer generellen Methodik, jegliches Protein oder ganze Proteome in die Gasphase zu überführen und dort durch Top-down-Methoden zu messen, sind wir weit entfernt.

*Auf welchem Teilgebiet der Proteomik wird Massenspektrometrie für eine personalisierte Medizin den größten Wissensgewinn ermöglichen?*

**Aebersold** » Generell denke ich, dass wir uns durch die Genomik ein falsches Bild von biologischen Abläufen und Krankheiten angewöhnt haben. Wir wurden hierdurch geprägt zu sagen, ausschließlich die genetische Information determiniere, was passiert. Aber Zellen sind Bioreaktoren, in denen tausende Akteure

*in der Genomik. Inwieweit wird die Proteomik in Ihrer Erfahrung schon am Patientenbett eingesetzt?*

**Aebersold** » Eine Sequenzierung von Gen-Panels wird für klinische Entscheidungswege schon verwendet. Vollständige Genom-Sequenzierungen sind dagegen noch ein Patienten-nahes Forschungsgebiet, auf dem Methoden gegenwärtig zertifiziert werden. Ihr Einsatz in der Klinik ist eher ein technisches und regulatorisches Problem. Die entscheidende



– meist Proteine – gleichzeitig aktiv sind. Und gerade in der Klinik dreht sich alles um Krankheitsphänotypen als Ausprägung fehlgeleiteter biochemischer Reaktionen. Wie keine andere Technik erlaubt es die Massenspektrometrie, zelluläre Phänomene auf ihre biochemischen Ursachen zurückzuverfolgen, also näher an den funktionellen Zustand von Zellen heranzugehen. Denn Proteomik kann nicht nur sagen, ob ein Genprodukt präsent ist, sondern auch, ob es im richtigen Komplex in der richtigen Struktur im richtigen Aktivierungszustand vorliegt und mit welchen Interaktionspartnern es wechselwirkt.

*Hans Lehrach, einer der Pioniere des Humangenomprojekts, erklärt auf Seite 66 von LJ 7-8/2022, dass wir von einer echten Personalisierung der Medizin im klinischen Alltag weit entfernt sind – zumindest*

re, konzeptionelle Frage lautet: Inwieweit reichen genomische Daten für klinische Voraussagen aus? Ich glaube, sie reichen nicht. Am weitesten fortgeschritten in der Anwendung genomischer Analysen ist die Onkologie. Dort existieren riesige Datensätze von Gen- und Transkript-Sequenzen ganzer Tumoren bis hin zu Einzelzellen, die eines klarmachen: Die Situation ist unglaublich komplex. Erstens ist die Genom-Sequenz jedes Patienten verschieden. Zweitens verfügen unterschiedliche Tumorzellen über individuelle Mutationen. Daraus eine Krankheits- und Behandlungsprognose abzuleiten, ist oft kompliziert.

*Für präzise klinische Aussagen braucht es also zusätzliche Information ...*

**Aebersold** » Da sich Krankheiten in verschiedenen Patienten auf verschiedenen Ebenen manifestieren – also genomisch, transkrip-



tomisch, proteomisch und metabolomisch – müssen wir für jeden Einzelfall die für ihn zutreffenden molekularen und zellulären Konstellationen in Erfahrung bringen. Wir sollten zum Beispiel bestimmen, ob Tumorzellen im Gewebe von aktiven Immunzellen angegriffen werden, wie Tumorzellen auf Pharmaka reagieren, wie sich therapeutische Antikörper in Neutralisierungs-Komplexen verhalten und so weiter. Sicher ist Proteomik keine klinische Allererlöschung, aber erst die Gesamtheit aller Datenebenen einer Gewebeprobe wird uns die Therapierbarkeit von Tumoren effizient einschätzen lassen können.

*Damit beziehen Sie sich wahrscheinlich auf die Tumor Profiler Study, also ein dreijähriges Pilotprojekt der ETH Zürich. Welchen Stellenwert hat die Proteomik darin?*

**Aebersold** » Für Erstpatienten ist die Genomik am aussagekräftigsten, weil definierte Initialmutationen, zum Beispiel in p53, eine Krankheit auslösen und die Therapie vorgeben. Über die Zeit werden Patienten aber häufig resistent gegen eine Frontline-Chemotherapie, weil die Fähigkeit zur DNA-Reparatur in Tumoren oft beeinträchtigt ist und ihre erhöhte Mutationsrate sie schnell verändert. Die genomische Situation von Rezidivpatienten ist dann häufig so kompliziert, dass eindeutige Therapieentscheidungen schwierig sind und jede zusätzliche Information hilft. Proteomik und funktionelle, zelluläre Parameter gewinnen an Gewicht.

*Welche Informationen werden in der Tumor Profiler Study erhoben und wie?*

**Aebersold** » Biopsie-Gewebe wird enzymatisch in ein Gemisch aus Tumorzellen, Stromazellen und Leukozyten zerlegt und verschiedenen Einzelzelltechniken von DNA- und RNA-Next-Generation-Sequencing bis hin zum Proteotyping per Massenspektrometrie unterzo-

*»Inwieweit reichen genomische Daten für klinische Voraussagen aus? Ich glaube, sie reichen nicht.«*

gen. Außerdem wird für jeden Zelltyp bestimmt, wie er auf welche Therapeutika reagiert. Zusätzlich werden Gewebeschnitte mit Imaging Mass Cytometry (IMC) analysiert. Dafür wird Gewebe gleichzeitig mit bis zu 40 Isotopen-gekoppelten Antikörpern gegen spezifische Oberflächenproteine versetzt und die Antikörper massenspektrometrisch ausgewertet. Aus der Gesamtheit der Daten können wir dann ableiten, ob eine Zelle zum Beispiel ein Lymphozyt ist, ob sie aktiv oder inaktiv ist und – da die Gewebeformation erhalten bleibt – ob sie sich in

unmittelbarer Nähe zu einer Tumorzelle befindet. Das würde darauf hindeuten, dass eine Immuntherapie funktioniert.

*Reichen denn 40 Biomarker für eine fundierte Tumorcharakteristik aus?*

**Aebersold** » Sicher nicht, aber dabei handelt es sich um Oberflächenmarker, die aus der

*»99 Prozent der molekularen, zellulären und phänotypischen Patientendaten können wir nicht von der Grundlagenforschung in die Onkologie vermitteln.«*

Literatur bekannt sind und gegen die Antikörper existieren. Für Blutzellen zum Beispiel sind genug Antikörper gegen CD-Moleküle vorhanden. Für Tumorzellen ist es dagegen schwieriger, spezifische Antikörper zu finden. Die Frage ist, was biotechnologisch möglich ist. Übrigens bewegt sich auch die Bottom-Up-Proteomik, insbesondere Data Independent Acquisition (DIA), schnell in Richtung Einzelzellmessungen. Von größeren Einzelzellen, also zum Beispiel HeLa-Zellen, können schon jetzt circa 2.000 Proteine identifiziert werden.

*Was konnten Sie in den zurückliegenden drei Jahren Tumor Profiler Study lernen?*

**Aebersold** » Entscheidend war, dass wir unser Hauptziel erreicht haben: Wir konnten zeigen, dass binnen zwei Wochen Gewebe entnommen, Daten erhoben und Schussfolgerungen in die Klinik zurückgeführt werden können, und zwar im klinischen Alltag. Unsere größte Lektion war es zu sehen, wie schwierig es ist, neue Erkenntnisse in die Klinik zu bringen, die über den Mutationsstand einzelner Gene hinausgehen. Denn 99 Prozent der molekularen, zellulären und phänotypischen Patientendaten – also etwa ein halbes Terabyte an Information pro Patient – können wir gar nicht von der Grundlagenforschung in die Onkologie vermitteln. Clustergraphen, Hauptkomponentenanalysen und ähnliche Darstellungen sind viel zu komplex, als dass wir sie dem Klinikpersonal routinemäßig binnen einer halben Stunde erklären könnten. Das ist zur Zeit nicht „actionable“.

*Was wäre „actionable“?*

**Aebersold** » Wenn sich die genomischen und proteomischen Biomarker der Patientendaten durch klare Assoziationen einem Therapieansatz zuordnen lassen. Das erreichen wir bisher nur mit einem Prozent der erhobenen Daten. Finden wir mittels einer Multilayer-Analyse eine neue Subgruppe an Patienten, die sich in gewissen molekularen oder zellulären Markern

von anderen Betroffenen unterscheidet, muss die praktische Bedeutung ihrer Markerkonstellation für eine Therapieform erst in einer klinischen Studie ermittelt werden. Das kostet Zeit.

*Die Schwierigkeit besteht also darin, konkrete Schlussfolgerungen aus der Datenmenge zu ziehen?*

**Aebersold** » Genau, und zwar Schlussfolgerungen, die über eine reine Beschreibung einer Beobachtung hinausgehen. Dort stoppen ja die meisten Publikationen – also bevor es für behandelnde Mediziner interessant wird. Entsprechend wird normalerweise bisher nur in die Klinik kommuniziert, wie viel von einem bestimmten Protein zum Beispiel im Blutplasma vorhanden ist. Panels von Markern und deren Gewichtung sind eine große klinische Herausforderung.

*Die bioinformatische Auswertung der restlichen 99 Prozent aller Patientendaten ist also gegenwärtig der größte Flaschenhals?*

**Aebersold** » Absolut. Eigentlich ist es ja eine Errungenschaft analytischer Techniken, wenn die Datenakquisition nur zwei bis drei Wochen dauert, ihre Validierung und Auswertung aber

*»Massenspektrometrie ist in der klinischen Anwendung aufregendes Neuland.«*

Monate bis Jahre in Anspruch nimmt. Der größte Nachholbedarf besteht momentan darin, wie wir bestmöglich fundierte Schlüsse ziehen können – nicht nur in der klinischen Anwendung massenspektrometrischer Analysen, sondern auch in der Grundlagenwissenschaft.

*Existieren überhaupt genug Proteomik-Experten, um konkrete Voraussagen in den Klinikalltag zu kommunizieren?*

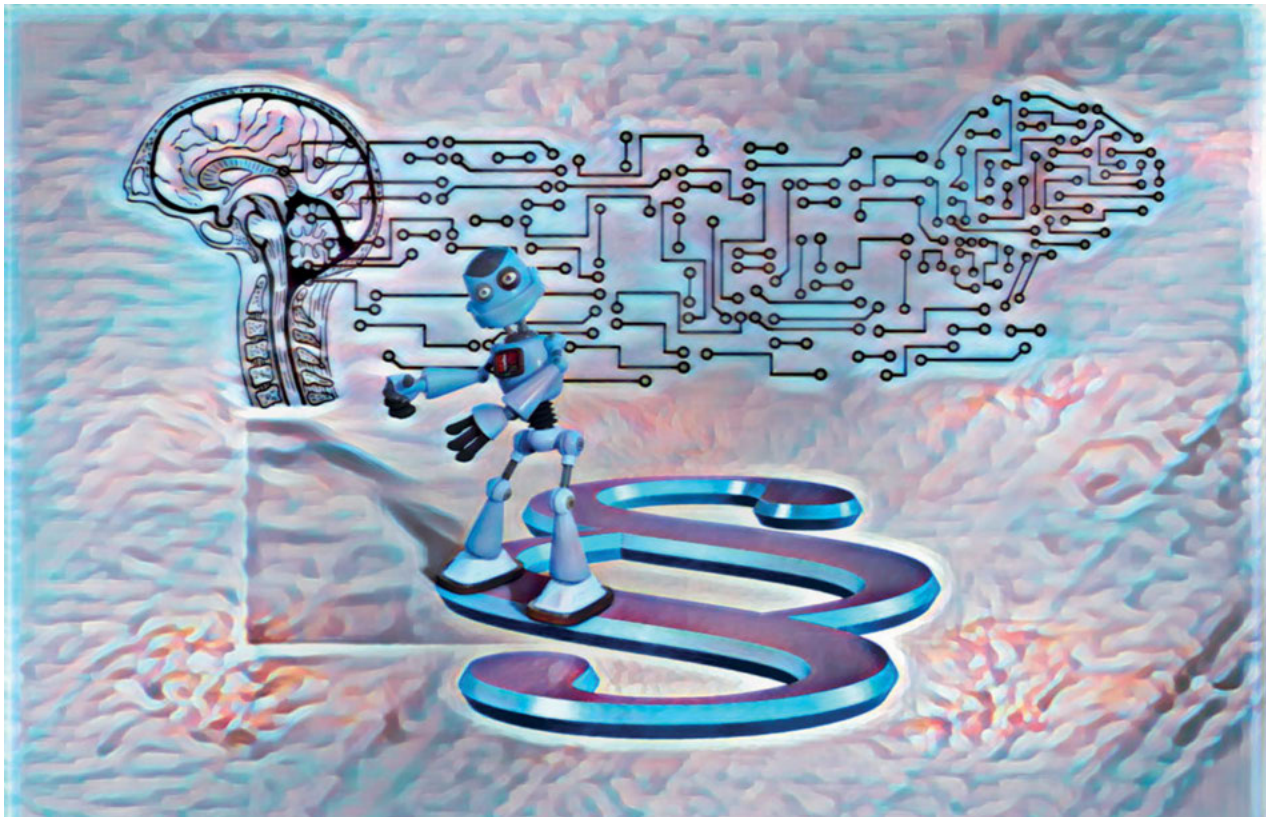
**Aebersold** » Um aus Massenspektrometern in den kommenden Jahren routineanalytische Geräte zu machen, müssen reproduzierbare Marker-Panels unter akkreditierten Bedingungen gemessen und auf ihre klinische Relevanz getestet werden. Die High-Performance-Instrumente der Forschungslabore müssen für den klinischen Alltag robust gemacht werden. Und viele Zulassungsbehörden müssen von der klinischen Relevanz und Zuverlässigkeit Proteomik-basierter Methoden überzeugt werden. All das braucht Spezialisten, die nicht forschungsorientiert sind. Entsprechend werden Studenten bis Postdocs aus Proteomik-Laboren sicher keine Schwierigkeiten bei der Stellensuche haben. Massenspektrometrie ist in der klinischen Anwendung aufregendes Neuland.

*Interview: Henrik Müller*

# Digitalisierung in der Forschung und Urheberrecht: Der Fall AlphaFold

VON CLAUDIA OTTO, FRANKFURT/MAIN

*Die patentrechtlichen Fragen, die das Proteinstrukturvorhersage-Programm AlphaFold aufwirft, sind noch nicht geklärt. Mehr Klarheit herrscht hingegen darüber, inwieweit KI-Systeme wie AlphaFold nach deutschem beziehungsweise europäischem Recht schutzfähig sind und welche Rechte an den vorhergesagten Strukturen bestehen.*



Künstliche Intelligenz (KI) revolutioniert gegenwärtig viele Disziplinen der Biowissenschaften. So soll kürzlich das Proteinfaltungsproblem von dem KI-System AlphaFold gelöst worden sein. AlphaFold dient dazu, die Strukturen noch nicht vollständig erforschter Proteine zu berechnen und vorherzusagen. Entwickelt wurde die Software von der DeepMind Technologies Limited (DeepMind), einer Tochter von Alphabet Inc. Der Quellcode sowie die für das gewünschte Funktionieren erforderlichen Modellparameter von AlphaFold sind auf GitHub zu finden.

Die bislang mittels AlphaFold erstellten Proteinstrukturvorhersagen sind in der AlphaFold Protein Structure Database (AlphaFold DB) für jedermann zum Abruf veröffentlicht worden. An dieser mitgewirkt hat das European Bioinformatics Institute (EBI) als Teil des European Molecular Biology Laboratory (EMBL) in Heidelberg.

AlphaFolds Kern besteht aus neuronalen Netzwerkstrukturen. Diese werden mit Verfahren trainiert, die auf vorhandenem Wissen zu evolutionären, physikalischen und geometrischen Einschränkungen von Proteinstrukturen basieren. Das Programm baut hierbei auf der Arbeit zahlreicher Forscher aus der gan-

---

*»Die Genauigkeit der Strukturvorhersage ist mit den Ergebnissen aus zeitaufwendigen Laborexperimenten vergleichbar.«*

---

zen Welt auf. Konkret greift es auf vorhandene Proteinstruktur-Daten zurück, etwa in der Protein Data Bank (PDB). Die Genauigkeit der Strukturvorhersage ist mit den Ergebnissen aus teuren und zeitaufwendigen Laborexperimenten vergleichbar.

Beim Wissenschaftswettbewerb CASP14 erreichten die mittels AlphaFold erstellten Proteinstrukturvorhersagen bei etwa zwei Dritteln der vorgegebenen 100 Aminosäuresequenzen 90 von 100 Punkten. Über dem Schwellenwert von 90 Punkten gelten verbleibende Unterschiede zu Ergebnissen aus experimentellen Strukturbestimmungen und alternativen Konformationen niedrigerer Energie als klein.

AlphaFold spürt in den zahlreichen vorhandenen Proteinstrukturdaten Zusammenhänge auf, die aufgrund der schieren Masse für Strukturbiologen nicht zu erkennen sind. Die konkrete Natur dieser Zusammenhänge bleibt aber in der Regel im Dunkeln. Auch kann AlphaFold keine Fehlfaltungen oder Proteinstrukturveränderungen im sich dynamisch verändernden Proteom vorhersagen. Man kann also resümieren: AlphaFold hat das Proteinfaltungsproblem nicht gelöst, aber den Weg zur Lösung beschleunigt.



Im Zusammenhang mit der Nutzung von AlphaFold und ähnlicher Forschungssoftware können rechtliche Fragen auftreten. Die wichtigsten sollen im Folgenden beantwortet werden.

### Was ist der Unterschied zwischen Copyright und Urheberrecht?

DeepMind macht an der auf GitHub veröffentlichten AlphaFold-Dokumentation sowie den Daten in der AlphaFold DB ein Copyright geltend. Dem deutschen und kontinentaleuropäischen Recht ist das angloamerikanische Copyright unbekannt. An seiner Bezeichnung „copy-right“ ablesbar ist jedoch, dass es um die Rechte zur Kopie, also Nutzungsrechte am fraglichen Werk geht, die von Rechtsinhabenden eingeräumt werden. Insofern besteht Ähnlichkeit zu „unserem“ Urheberrecht. Das Copyright zielt jedoch auf den Schutz der Interessen an der wirtschaftlichen Verwertung ab, das Urheberrecht hingegen bezweckt den Schutz der Interessen des Urhebers.

Während eine juristische Person Inhaberin eines Copyrights sein kann, kann nach § 7 Urheberrechtsgesetz (UrhG) Urheber nur eine natürliche Person sein, die zu einer geistigen Schöpfung im Sinne des § 2 Abs. 2 UrhG fähig ist. Einer juristischen Person kann der Urheber jedoch ein Nutzungsrecht einräumen.

Ein Copyright-Vermerk in Verbindung mit genannten natürlichen Personen wie hier auf GitHub erleichtert den Beweis der Urheberschaft nach § 10 Abs. 1 UrhG. Hiernach gilt: Wer auf den Vervielfältigungsstücken eines erschienenen Werkes oder auf dem Original eines Werkes der bildenden Künste in der üblichen Weise als Urheber bezeichnet ist, wird bis zum Beweis des Gegenteils als Urheber des Werkes angesehen; dies gilt auch für eine Be-

### »Das Urheberrecht ist dem Copyright gegenüber untrennbar mit dem zur geistigen Schöpfung fähigen Urheber verbunden.«

zeichnung, die als Deckname oder Künstlerzeichen des Urhebers bekannt ist.

Das Urheberrecht ist dem Copyright gegenüber untrennbar mit dem zur geistigen Schöpfung fähigen Urheber verbunden. Es kann unter Lebenden nicht übertragen werden, vgl. § 29 Abs. 1 UrhG.

### Kann an einem Computerprogramm ein Urheberrecht bestehen?

Ja. Ein KI-System wie AlphaFold ist vor allem Software. Diese umfasst alle „weichen“ Komponenten eines Computers wie Computerprogramme und Daten(banken).

Computerprogramme können zum einen in ihrer Gesamtheit urheberrechtlich geschützt sein. Sie sind gemäß § 69a Abs. 1 UrhG Pro-

gramme in jeder Gestalt, einschließlich des Entwurfsmaterials.

Computerprogramme, oder genauer gesagt, ihre Komponenten, können zum anderen als Sprachwerke geschützt sein (vgl. § 2 Abs. 1 Nr. 1 UrhG), wenn sie individuelle Werke in dem Sinne darstellen, dass sie das Ergebnis der eigenen geistigen Schöpfung ihres Urhebers sind (§ 69a Abs. 3 S. 1 UrhG). Ein solches Sprachwerk stellt der Quellcode dar. Urheberrechtlich nicht geschützt sind jedoch die ihm zugrunde liegenden Ideen und mathematischen Konzepte (vgl. § 69a Abs. 2 S. 2 UrhG). Gemäß Art. 2 des Urheberrechtsvertrags der Weltorganisation für geistiges Eigentum (WIPO) erstreckt sich der Urheberrechtsschutz nur auf Ausdrucksformen und nicht auf Gedanken, Verfahren, Methoden oder mathematische Konzepte als solche.

Das bedeutet aber nicht, dass Gedanken, Verfahren, Methoden und ein mathematische Konzepte erläuternder Beitrag, wie der zu Al-

### »Die erlaubte Nutzung ergibt sich stets aus der zur Software gehörenden Lizenz.«

phaFold in *Nature* (596: 583-9) erschienene, ungeschützt sind. Vielmehr stellt dieser Text ein eigenes Ergebnis geistiger Schöpfung dar und ist als Sprachwerk im Sinne des § 2 Abs. 1 Nr. 1 UrhG geschützt.

### Wie kann ich frei verfügbare Forschungssoftware verwenden?

Die erlaubte Nutzung ergibt sich stets aus der zur Software gehörenden Lizenz. Hierin wurden die Bedingungen der Nutzung durch den Urheber beziehungsweise Copyright-Inhaber festgelegt.

Forschungssoftware können Rechteinhabende unter verschiedenen Lizenzen für freie Inhalte bereit stellen. Eine Lizenzübersicht mit Erläuterungen kann auf der Website des Instituts für Rechtsfragen der Freien und Open Source Software abgerufen werden ([www.ifROSS.org](http://www.ifROSS.org)).

Der AlphaFold-Quellcode wird zum Beispiel unter der Apache Licence (2.0) bereitgestellt. Dabei handelt es sich um eine Lizenz ohne sogenannte Copyleft-Effekte. Das bedeutet, dass es keine Einschränkungen für Modifikationen, Weiterentwicklung und Neukombination gibt. Der Lizenznehmer kann veränderte Versionen der Software unter beliebigen Lizenzbedingungen weiterverbreiten und kann sie auch in proprietäre Software überführen.

### Können Urheberrechte an (Trainings-) Daten bestehen?

Nein. Der urheberrechtliche Schutz erstreckt sich nach § 2 Abs. 2 UrhG nur auf geistig-schöpferische Ausdrucksformen, das heißt

nicht auf ihren Informationsinhalt, wie etwa wissenschaftliche Erkenntnisse, Trainings- oder Messwerte. Darüber hinaus ist die allgemeine Freiheit von Daten und damit von Inhal-

### »Den entdeckenden Personen steht aber kein Recht zur Schaffung eines Informationsmonopols zu, das die Grundlage einer freien Wissenschaft und Forschung beschneidet.«

ten, Fakten und Informationen notwendige Voraussetzung für eine freie Wissenschaft und Forschung. Urheberrechtlicher Schutz an Forschungsmaterialien kann daher zum Beispiel nur an der konkreten sprachlichen (§ 2 Abs. 1 Nr. 1 UrhG), lichtbildlichen (§ 2 Abs. 1 Nr. 5 UrhG) und wissenschaftlichen Darstellung, etwa in Zeichnungen, Skizzen, Tabellen und plastischen Darstellungen (vgl. § 2 Abs. 1 Nr. 7 UrhG) bestehen.

Wo an reinen Informationen keine Urheberrechte Dritter bestehen können, existieren keine urheberrechtlichen Einschränkungen bei der Nutzung. Davon unberührt bleibt jedoch das berechtigte Interesse an der Nennung der entdeckenden Person(en). Dieses wird etwa durch die Prinzipien der „guten wissenschaftlichen Praxis“, Promotionsordnungen oder auch ungeschriebene soziale Normen gewahrt. Den entdeckenden Personen steht aber kein Recht zur Schaffung eines Informationsmonopols zu, das die Grundlage einer freien Wissenschaft und Forschung beschneidet.

### Können Urheberrechte an Datenbanken bestehen?

Ja. Das ist der Fall bei sogenannten Datenbankwerken (§ 4 Abs. 2 UrhG). Ein Datenbankwerk im Sinne des Urheberrechtsgesetzes ist ein Sammelwerk, dessen Elemente systematisch oder methodisch angeordnet und einzeln mit Hilfe elektronischer Mittel oder auf andere Weise zugänglich sind. Die Auswahl oder Anordnung der Daten oder sonstigen Elementen bedarf auch hier einer persönlichen geistigen Schöpfung gemäß § 2 Abs. 2 UrhG, so explizit § 4 Abs. 1 i.V.m. Abs. 2 UrhG. Schutzgegenstand ist auch hier nicht der Inhalt, sondern nur die Struktur, in der die persönliche geistige Schöpfung zum Ausdruck kommt.

Im Hinblick auf Datenbanken ohne schöpferische Prägung, aus denen Informationen beispielsweise zur Nutzung von AlphaFold bezogen werden, kommt zudem ein verwandtes Schutzrecht, das sogenannte Leistungsschutzrecht der Datenbankhersteller, in Betracht. Eine solche einfache Datenbank ist gemäß § 87a Abs. 1 S. 1 UrhG eine Sammlung von Werken, Daten oder anderen unabhängi-



gen Elementen, die systematisch oder methodisch angeordnet und einzeln mithilfe elektronischer Mittel oder auf andere Weise zugänglich sind und deren Beschaffung, Überprüfung oder Darstellung eine nach Art oder Umfang wesentliche Investition erfordert. „Wesentlich“ bedeutet: Die Investition darf nicht unbedeutenden Umfangs sein. Datenbankhersteller ist gemäß § 87a Abs. 2 UrhG derjenige, der diese Investition vorgenommen hat. Nur der Datenbankhersteller hat nach § 87b Abs. 1 UrhG das ausschließliche Recht, die Datenbank insgesamt oder einen nach Art oder Umfang wesentlichen Teil der Datenbank zu vervielfältigen, zu verbreiten und öffentlich wiederzugeben. Das bedeutet wiederum, der Datenbankhersteller ist vor der Vervielfältigung,

*»Das Datenbankherstellerrecht schützt erkennbar nicht die einzelnen Daten oder die Investition in ihre Erzeugung.«*

Verbreitung und öffentlichen Wiedergabe der Datenbank als Gesamtheit oder eines wesentlichen Teils durch Dritte geschützt.

Das Datenbankherstellerrecht schützt erkennbar nicht die einzelnen Daten oder die Investition in ihre Erzeugung. Die Entnahme und Nutzung einzelner Daten, soweit sie nicht in Gesamtheit einen nach Art oder Umfang wesentlichen Teil ausmachen, ist daher ohne Rechteeinräumung zulässig. § 87c Abs. 1 Nr. 2 und 5 UrhG gestatten zudem die Vervielfältigung eines nach Art und Umfang wesentlichen Teils der Datenbank für Zwecke der wissenschaftlichen Forschung gemäß § 60c UrhG und für sogenanntes Text- und Data-Mining für Zwecke der wissenschaftlichen Forschung gemäß § 60d UrhG.

**Habe ich Rechte an den von mir mittels AlphaFold erstellten Proteinstrukturvorhersagen?**

Nach dem aktuellen Kenntnisstand: Nein. An der Darstellung einer Proteinstruktur(-vorhersage) kann grundsätzlich ein Urheberrecht bestehen: Eine Darstellung wissenschaftlicher oder technischer Art im Sinne des § 2 Abs. 1 Nr. 7 UrhG muss dann, mit dem Ausdrucksmittel der grafischen oder plastischen Darstellung, der Vermittlung von belehrenden oder unterrichtenden Informationen über den dargestellten Gegenstand dienen. Dabei muss eine individuelle, sich vom alltäglichen Schaffen im betroffenen Bereich abhebende Geistestätigkeit erkennbar sein, mag auch das Maß der geistigen Leistung und individuellen Prägung gering sein.

In einer mithilfe von AlphaFold generierten, grafisch ausgedrückten dreidimensionalen Proteinstrukturvorhersage liegt zunächst eine Darstellung wissenschaftlicher Art, denn sie dient der Vermittlung von unterrichtenden Informationen über den dargestellten Gegenstand: die mögliche Faltung des Proteins. Dass die Proteinstrukturvorhersage wie jede wissenschaftliche These einer wissenschaftlichen Validierung durch menschliche Fachleute bedarf, ändert hieran nichts. Eine individuelle, sich vom alltäglichen Schaf-

fen in der Bioinformatik oder theoretischen Chemie abhebende Geistestätigkeit liegt in der grafischen Darstellung mittels AlphaFold

*»An der Darstellung einer Proteinstruktur(-vorhersage) kann grundsätzlich ein Urheberrecht bestehen.«*

allerdings nicht. Vielmehr folgt die Darstellung der errechneten Proteinstrukturdaten wissenschaftlichen Standards – hier der Darstellung in einem zwei- oder dreidimensionalen Ko-

ordinatensystem. Auch in der farblichen Kennzeichnung der Konfidenz von Teilstrukturen ist keine individuelle Geistestätigkeit zu erkennen; sie dient nicht dem individuellen Ausdruck, sondern der Vermittlung von Informationen über die Genauigkeit der Proteinstrukturvorhersage.

Auch im Hinblick auf die Begleitinformationen zu einer Proteinstrukturvorhersage ist die Frage nach einem Recht an ihnen abschlägig zu beurteilen: Daten als solche und damit Inhalte, Fakten und Informationen sind als notwendige Voraussetzung für Wissenschaft und Forschung frei. Sie sind als Schaffensgrundlage gemeinfrei.



**Zur Autorin**

**Claudia Otto** ist Rechtsanwältin und gründete 2016 die auf neue Technologien und Biotechnologie spezialisierte Kanzlei COT Legal. Seit 2017 ist Otto Herausgeberin der Zeitschrift Recht innovativ (Ri).



# Kongresse, Tagungen, Symposia

## 2022

29.7.–31.7. Hamburg  
**Wissen schafft Nachhaltigkeit – Sommersymposium 2022 der Junior-GBM** | Info: <https://sommersymposium.gbm-online.de>

1.8.–5.8. München  
**World Congress of Malacology (WCM 2022)** | Info: [www.wcm2022.bio.lmu.de](http://www.wcm2022.bio.lmu.de)

8.8.–12.8. Wien (AT)  
**5th International Congress on Invertebrate Morphology (ICIM 5)** | Info: <https://icim5-2020.univie.ac.at>

14.8.–19.8. Lausanne (CH)  
**18th International Symposium on Microbial Ecology** | Info: <https://isme18.isme-microbes.org>

22.8.–26.8. Frankfurt/M.  
**Achema 2022 – Weltforum und Internationale Leitmesse der Prozessindustrie** | Info: [www.chema.de](http://www.chema.de)

25.8.–29.8. Bern (CH)  
**18th European Meeting on Complement in Human Disease** | Info: [www.emchd2021.com](http://www.emchd2021.com)

27.8.–30.8. Heidelberg/Online  
**EMBL Conference: Transcription and Chromatin** | Info: [www.embl.de/training/events/2022/TRM22-01](http://www.embl.de/training/events/2022/TRM22-01)

28.8.–1.9. Bonn  
**Botanik-Tagung: International Conference of the German Society for Plant Sciences (DBG)** | Info: [www.botanik-tagung.de](http://www.botanik-tagung.de)

28.8.–1.9. Hamburg  
**10th International Congress on Biocatalysis** | Info: [www.biocat-conference.de](http://www.biocat-conference.de)

28.8.–2.9. Ascona (CH)  
**Gut-brain Communication in Metabolic Control and the Regulation of Energy Homeostasis** | Info: [www.gut-brain-2020.uzh.ch/en.html](http://www.gut-brain-2020.uzh.ch/en.html)

29.8. Freiburg  
**Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Metabolomforschung (DGMet)** | Info: <https://dgmnet.de/event>

29.8.–2.9. Online  
**9th Aging Research and Drug Discovery Meeting** | Info: <http://agingpharma.org>

30.8.–2.9. Freiburg  
**Genetics Meets Environment – Annual Symposium of the Society for the Study of Inborn Errors of Metabolism (SSIEM)** | Info: <https://ssiem2022.org>

1.9. Düsseldorf  
**Genomic Structural Variants – Meeting 2022 des Biologisch-Medizinischen Forschungszentrums (BMFZ)** | Info: <https://bmfz.hhu.de>

2.9.–4.9. Münster  
**8th International Influenza Meeting** | Info: [www.medicin.uni-muenster.de/fluresearchnet/events.html](http://www.medicin.uni-muenster.de/fluresearchnet/events.html)

3.9.–7.9. Magdeburg  
**7th International Conference on Auditory Cortex (ICAC2021)** | Info: <http://icac2020.de>

5.9.–7.9. Berlin  
**74. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Hygiene und Mikrobiologie (DGHM)** | Info: [www.dghm-kongress.de](http://www.dghm-kongress.de)

6.9.–8.9. Halle  
**German Conference on Bioinformatics (GCB 2022) – International Conference Devoted to all Areas of Bioinformatics** | Info: <http://gcb2022.de>

7.9.–9.9. Kaiserslautern  
**Molecular Biology of Fungi 2022 – 14th Symposium of the VAAM Special Group „Biology and Biotechnology of Fungi“ and 2nd Joint Meeting with the GeneAG „Fungal Genetics“ of the German Genetics Society** | Info: [https://vaam.de/media/1\\_ankuendigung\\_symp\\_mobiofun\\_sept22\\_en.pdf](https://vaam.de/media/1_ankuendigung_symp_mobiofun_sept22_en.pdf)



## Announcement



### BMFZ Meeting in Düsseldorf

September 01, 2022

## “Genomic Structural Variants“

### Speakers

#### Evan Eichler

University of Washington  
 Department of Genome Sciences  
 Seattle, WA, USA

#### Karen Miga

Genomics Institute  
 University of California  
 Santa Cruz, CA, USA

#### Hufsah Ashraf

Institute for Medical Biometry and Bioinformatics  
 Düsseldorf

#### Ben Raphael

Lewis Sigler Institute for Integrative Genomics,  
 Computer Science Department  
 Princeton, NJ, USA

#### Fritz Sedlazeck

Baylor College of Medicine,  
 Human Genome Sequencing Center  
 Houston, TX, USA

#### Arndt Borkhardt

Clinic for Pediatric Oncology,  
 Hematology and Clinical Immunology  
 Düsseldorf

#### Christine R. Beck

Department of Genetics and Genome Sciences,  
 University of Connecticut Health Center & The Jackson Laboratory for Genomic Medicine,  
 Farmington, CT, USA

#### Korbinian Schneeberger

Institute of Genetics  
 University of Munich (LMU)  
 Martinsried

### Public Lecture

#### Carsten Watzl

Leibniz Research Centre for Working Environment and Human Factors  
 TU Dortmund

**Location** Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf, Building 23.01, Level U1, Lecture Hall 3C  
**Time** September 01, 2022: 09.15 h – 19.00 h  
**Chairs** Gunnar Klau, Tobias Marschall, Andreas Reichert  
**Organisation** Cornelia Höner

**Address** Biologisch-Medizinisches Forschungszentrum (BMFZ) Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf  
 Universitätsstr. 1, Building 22.07.U1  
 D-40225 Düsseldorf  
 Please register before August 20, 2022, under: [www.bmfz.de](http://www.bmfz.de) (see BMFZ-Meeting 2022) – (no registration fee)

## TÜBINGEN

Montag, 25. Juli, 17:00 Uhr, Vortrag  
 Institutskolloquium, Interfakultäres Institut für Biochemie (IFIB), Auf der Morgenstelle 34, Hörsaal 2T26  
**Andrea Rentmeister (Münster): Investigating and controlling mRNA via chemo-enzymatic modifications**



Eukaryontische mRNA ist durch eine 5'-Kappe vor dem Abbau durch Exoribonukleasen geschützt. Mit der Kappe interagieren aber auch verschiedene Proteine, die zum Beispiel den Umsatz der mRNAs oder deren Export vom Kern in das Cytoplasma steuern. Biowissenschaftler nutzen die 5'-Kappe als dankbares Ziel für Modifikationen, mit denen sie die mRNAs analysieren können. Häufig schmuggeln sie dazu kleine funktionelle Gruppen in die Kappe ein, die als Ausgangspunkt für bioorthogonale Reaktionen dienen. Wie man mRNAs auf diese Weise via Klick-Chemie mit Fluoreszenz-Labeln versehen kann, erklärt **Andrea Rentmeister am 25. Juli in Tübingen.**

Mehr Infos, Vorträge, Seminare, Kolloquia: [www.laborjournal.de/termine](http://www.laborjournal.de/termine)

7.9.–9.9. Marburg  
**Neurobiology of the Major Psychosis – International Leopoldina Conference of the DFG Research Unit 2107** |  
 Info: [www.leopoldina.org](http://www.leopoldina.org)

7.9.–10.9. Hannover/Online  
**Basic Meets Clinical Immunology – Joint Meeting of the German Society of Immunology & the Austrian Society for Allergy & Immunology** |  
 Info: [www.immunology-conference.de](http://www.immunology-conference.de)

8.9.–10.9. Berlin  
**3rd International Conference „Innate Immunity of the Lung – Improving Pneumonia Outcome“** |  
 Info: [www.sfb-tr84.de/conference](http://www.sfb-tr84.de/conference)



## Termine 2022

22.07., 19:00 Uhr: Ludwigsburg  
 (Central Filmtheater)  
 10.08., 20:00 Uhr: Berlin  
 (Zeiss-Großplanetarium)  
 06.09., 19:30 Uhr: Wilhelmshaven  
 (Kulturzentrum Pumpwerk)  
 14.09., 20:30 Uhr: Hamburg  
 (Uebel & Gefährlich)  
 14.09., 20:00 Uhr: Berlin  
 (Zeiss-Großplanetarium)  
 Mehr Infos: [www.scienceslam.de](http://www.scienceslam.de)

9.9.–11.9. Wien (AT)  
**19th European Skeptics Congress** |  
 Info: [www.ecso.org/esc2022](http://www.ecso.org/esc2022)

11.9.–14.9. Kiel  
**3rd International Symposium of the DFG funded CRC877 „Protease World in Health and Disease“** | Info: [www.uni-kiel.de/Protease-World-Kiel-22](http://www.uni-kiel.de/Protease-World-Kiel-22)

11.9.–16.9. Ascona (CH)  
**Molecular Mechanisms of Muscle Wasting During Aging and Disease – International Conference on Muscle Wasting** | Info: [www.musclewasting.ch](http://www.musclewasting.ch)

12.9.–14.9. Düsseldorf/Online  
**Breeding Plants for Tomorrow's World: Challenges and Solutions – Main Conference of the German Society for Plant Breeding (GPZ)** |  
 Info: <https://gpz-online.de/gpz-haupttagung/index.php>

12.9.–14.9. Graz (AT)  
**29. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Immunogenetik (DGI)** |  
 Info: [www.dgi-jahrestagung.de2](http://www.dgi-jahrestagung.de2)

12.9.–14.9. Wien (AT)  
**56. Wissenschaftliche Tagung der Deutschsprachigen Mykologischen Gesellschaft & der Österreichischen Gesellschaft für Medizinische Mykologie** | Info: [www.dmykg-kongress.de](http://www.dmykg-kongress.de)

12.9.–15.9. Aachen  
**(Bio)Process Engineering: A Key to Sustainable Development – Joint Event of ProcessNet and DECHEMA-BioTechNet** | Info: <https://dechema.de/JT2022-p-20192953.html>

13.9.–16.9. Heidelberg/Online  
**EMBO | EMBL Symposium: Reconstructing the Human Past – Using Ancient and Modern Genomics** | Info: [www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events/ees22-09](http://www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events/ees22-09)

13.9.–16.9. Münster  
**10th German Stem Cell Network (GSCN) & 20 Years Stem Cell Network NRW** | Info: <https://gscn-conferences.org>

14.9.–15.9. Oberschleißheim  
**9. Fachtagung Gentechnik des Bayerischen Landesamts für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL)** |  
 Info: [www.lgl.bayern.de/fort\\_weiterbildung/veranstaltungen/index.htm?dfxid=17280](http://www.lgl.bayern.de/fort_weiterbildung/veranstaltungen/index.htm?dfxid=17280)

14.9.–16.9. Düsseldorf  
**Molecular Basis of Life – Fall Conference of the German Society for Biochemistry and Molecular Biology (GBM)** | Info: <https://molecular-basis-of-life.org/herbsttagung-2022.html>

15.9. Online  
**15th Plant Science Seminar – EPSO (European Plant Science Organisation)** | Info: <https://epsoweb.org/all-events/epso-15th-plant-science-seminar>

18.9.–23.9. Ascona (CH)  
**Conference of the International Society on Oxygen Transport to Tissue (ISOTT 2022)** |  
 Info: [www.physio.wzw.tum.de/immunologicalsymposium2020](http://www.physio.wzw.tum.de/immunologicalsymposium2020)

## Workshops

## 2022

27.7.–29.7. Goslar  
**Virus Species Determinants and Transmission – 1st Workshop of the GFV study group „One Health and Zoonotic Viruses“** | Info: [www.zoonosen.net/veranstaltungen/aktuelle-veranstaltungen](http://www.zoonosen.net/veranstaltungen/aktuelle-veranstaltungen)

1.8.–4.8. Frankfurt/M.  
**EMBO Workshop: Molecular Biology of Archaea** | Info: <https://meetings.embo.org/event/20-archaea>

15.8.–18.8. Bad Herrenalb  
**Summer School Biotransformations 2022** | Info: <https://dechema-dfi.de/Biotransformations2022.html>

17.8.–21.8. Engelberg (CH)  
**EMBO Workshop: Ribosome Synthesis** | Info: <https://meetings.embo.org/event/22-ribosome-synthesis>

22.8.–26.8. Arolla (CH)  
**EMBO Workshop: Cell & Developmental Systems** | Info: <https://meetings.embo.org/event/21-dev-systems>

25.8. Berlin/Online  
**BBB-Workshop „Grundlagen der Fallzahlplanung“ – Workshop des Biotechnologieverbands Berlin-Brandenburg** | Info: <https://biotech-verbund.de/veranstaltungen/bbb-workshop-grundlagen-der-fallzahlplanung>

31.8.–3.9. Berlin  
**From Target to Market – The GLA (Akademie Gläsernes Labor) Biotech and Pharma Summer School** | Info: [www.glaesernes-labor-akademie.de/de/biotech-pharma](http://www.glaesernes-labor-akademie.de/de/biotech-pharma)

5.9.–8.9. Heidelberg/Online  
**EMBO Workshop: Chemical Biology 2022** | Info: [www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events](http://www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events)

7.9.–9.9. Dortmund  
**VAAM Workshop: Biology of Microorganisms Producing Natural Products** | Info: <https://bio.bci.tu-dortmund.de/veranstaltungen-1/vaam-tagung>

7.9.–9.9. Mainz  
**Gutenberg Workshop in the Life Sciences: Stem Cell Systems in Development, Disease and Regeneration** | Info: <https://gutenberg-workshops.uni-mainz.de/stemcellsystems2021>

7.9.–11.9. Blossin (bei Berlin)  
**Ecological Immunology Workshop 2022: Resistance, Tolerance and Symbionts** | Info: [www.bcp.fu-berlin.de/en/biologie/arbeitsgruppen/zoologie/ag\\_armitage/index.html](http://www.bcp.fu-berlin.de/en/biologie/arbeitsgruppen/zoologie/ag_armitage/index.html)

11.9.–16.9. Seefeld (AT)  
**EMBO Workshop: Modularity of Signaling Proteins and Networks** | Info: <https://meetings.embo.org/event/22-modularity-signaling>



# Fortbildungen, Kurse

## BIOCHEMIE

5.9.–12.9. Hamburg  
**EMBO Practical Course: Membrane Protein Expression, Purification and Characterization (mPEPC2)** |  
 Info: <https://meetings.embo.org/event/20-mpepc2>

11.9.–18.9. Heidelberg  
**EMBO Practical Course: Synthetic Biology in Action – Beyond Standard Metabolism** | Info: [www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events/syn22-01](http://www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events/syn22-01)

## BIOTECHNOLOGIE

7.9.–15.9. Berlin  
**Akademie Gläsernes Labor: GMP (Good Manufacturing Praxis) Basic Course Biotechnology (English) & ATMPs** | Info: [www.glaesernes-labor-akademie.de/de/gmp\\_english](http://www.glaesernes-labor-akademie.de/de/gmp_english)

## CHROMATOGRAPHIE UND SPEKTROMETRIE

5.8.–12.8. Basel (CH)  
**EMBO Practical Course: Structure, Dynamics and Function of Biological Macromolecules by NMR** | Info: <https://coming-soon.embo.org/pc21-22>

19.9.–21.9. Köln  
**GDCh-Präsenzkurs: Grundlagen der Massenspektrometrie – Messtechnik und Interpretation von Massenspektren** |  
 Info: <https://gdch.academy/c/319/22>

27.9.–29.9. Mainz  
**GDCh-Präsenzkurs: Grundlagen der praktischen NMR-Spektroskopie für technische Beschäftigte** |  
 Info: <https://gdch.academy/c/334/22>

## IMMUNOLOGIE

30.8. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: ELISA I – Technologie und Optimierung** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

31.8. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: ELISA II – Assaydesign, Auswertung und Validierung** | Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

## IMMUNOLOGIE

6.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Immunologie I – Grundlagen** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

7.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Immunologie II – Vertiefung** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

8.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Immunologie III – Mechanismen** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

12.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Western Blot – Optimierung und Qualitätssicherung** | Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

## IN SILICO

12.9.–16.9. Heidelberg  
**EMBO Practical Course: Mathematics of Life – Modelling Molecular Mechanisms** | Info: [www.ebi.ac.uk/training/events/mathematics-life-modelling-molecular-mechanisms-2022](http://www.ebi.ac.uk/training/events/mathematics-life-modelling-molecular-mechanisms-2022)

26.9.–30.9. Heidelberg  
**EMBL-EBI Course: Bioinformatics and Functional Genomics in Zebrafish** | Info: [www.ebi.ac.uk/training/events/bioinformatics-and-functional-genomics-zebrafish-2022](http://www.ebi.ac.uk/training/events/bioinformatics-and-functional-genomics-zebrafish-2022)

26.9.–28.9. Online  
**EcSeq-Kurs: A Practical Introduction to NGS Data Analysis** |  
 Info: [www.ecseq.com/workshops/ngs-data-analysis-courses](http://www.ecseq.com/workshops/ngs-data-analysis-courses)

## KARRIERE

23.8. Online  
**DHV-Online-Seminar: Wissenschaftliche Karriere und Selbstpräsentation** | Info: [www.dhvseminare.de/naechste\\_termine](http://www.dhvseminare.de/naechste_termine)

1.9. Online  
**DHV-Online-Seminar: Berufung an Hochschulen für Angewandte Wissenschaften** |  
 Info: [www.dhvseminare.de/naechste\\_termine](http://www.dhvseminare.de/naechste_termine)

## KARRIERE

5.9. Online  
**DHV-Online-Seminar: Antragstellung für EU-Forschungsprojekte** |  
 Info: [www.dhvseminare.de/naechste\\_termine](http://www.dhvseminare.de/naechste_termine)

5.9.–6.9. Online  
**MPIPZ-Fortbildung: Disputationstraining** |  
 Info: [www.mpipz.mpg.de/aktuelles/veranstaltungskalender](http://www.mpipz.mpg.de/aktuelles/veranstaltungskalender)

13.9. Online  
**DHV-Online-Seminar: Wissenschaftliche Integrität: Grundsätze und Verfahren an Hochschulen** |  
 Info: [www.dhvseminare.de/naechste\\_termine](http://www.dhvseminare.de/naechste_termine)

15.9. Online  
**DHV-Online-Seminar: Bewerbung auf eine Professur an Medizinischen Fakultäten** |  
 Info: [www.dhvseminare.de/naechste\\_termine](http://www.dhvseminare.de/naechste_termine)

## KARRIERE

26.9.–27.9. Online  
**MPIPZ-Fortbildung: Gute wissenschaftl. Praxis** | Info: [www.mpipz.mpg.de/aktuelles/veranstaltungskalender](http://www.mpipz.mpg.de/aktuelles/veranstaltungskalender)

## LABOR-MANAGEMENT

30.8.–2.9. Heidelberg  
**EMBO Laboratory Management Course: Laboratory Leadership for Group Leaders** | Info: <https://lab-management.embo.org>

6.9.–7.9. Online  
**EMBO Laboratory Management Course: How to Review a Scientific Paper** | Info: <https://lab-management.embo.org/dates/review>

20.9.–23.9. Heidelberg  
**EMBO Laboratory Management Course: Laboratory Leadership for Group Leaders** | Info: <https://lab-management.embo.org>

**VON DER IDEE ZUM PRODUKT**

**BERUFSBEGLEITENDE WEITERBILDUNG  
 „TRANSLATIONALE FORSCHUNG UND MEDIZIN“**

für Fachkräfte in Medizin, Wissenschaft, Industrie & Behörden  
 Umfang ca. 250 Stunden • Laufzeit 24 Monate

**ONLINE INFORMIEREN & BEWERBEN!**

 **TRAIN** Academy



LABOR-MANAGEMENT

20.9.–22.11. Online  
**Hox-Academy-Webinar: Projektmanagement für Naturwissenschaftler\*innen (10 Wochen, je 2 h)** |  
 Info: [www.hox.de/fuer\\_bewerber#Fortbildung](http://www.hox.de/fuer_bewerber#Fortbildung)

21.9.–22.9. Online  
**EMBO Laboratory Management Course: Communicating Research – Paper Writing & Short Presentations** |  
 Info: <https://lab-management.embo.org/dates/comm-research>

28.9.–30.9. Online  
**EMBO Laboratory Management Course: Laboratory Leadership for Postdocs** | Info: <https://lab-management.embo.org/dates/pd-2022-online>

28.9.–30.9. Online  
**EMBO Laboratory Management Course: Project Management for Scientists** | Info: <https://lab-management.embo.org/dates/pd-2022-online>

MIKROBIOLOGIE

29.7.–19.8. Online  
**Lab-Academy-Kurs: Fachkompetenz Mikrobiologie (4 Tage, immer freitags)** | Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

1.8. Online  
**Springer-Zertifikatskurs: Allgemeine und Medizinische Mikrobiologie für Laborfachkräfte (3 Mon./10-15h/Woche)** | Info: [www.springernature.com/de/springer-campus/zertifikatskurse](http://www.springernature.com/de/springer-campus/zertifikatskurse)

MIKROSKOPIE

21.8.–29.8. Heidelberg  
**EMBL Practical Course: Advances in Cryo-Electron Microscopy and 3D Image Processing** |  
 Info: [www.embl.org/events](http://www.embl.org/events)

19.9.–24.9. Heidelberg  
**EMBL Course: Imaging Down to Single-Molecule Resolution – STED and MINIFLUX Nanoscopy** |  
 Info: [www.embl.org/events](http://www.embl.org/events)

MOLEKULARBIOLOGIE

26.8.–26.9. Online  
**Lab-Academy-Kurs: Fachkompetenz Molekularbiologie (4 Tage, immer freitags)** | Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

15.9.–16.9. Berlin  
**Akademie Gläsernes Labor: Auswertung und Analyse von Proteinen mit Western Blot** | Info: [www.glaesernes-labor-akademie.de/de/analyse-von-proteinen](http://www.glaesernes-labor-akademie.de/de/analyse-von-proteinen)

16.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Genome Editing mit CRISPR** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

22.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Molekularbiologie I – Grundlagen** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

23.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Molekularbiologie II – Methoden** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

MOLEKULARBIOLOGIE

26.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Klonierungstechniken** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

27.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Sequenzierungstechniken** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

28.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Sequenzanalyse** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

NEUROBIOLOGIE

25.7.–29.7. Mainz  
**Transcranial Brain Stimulation in Research and Clinic: Best Practice – Methodenkurs der Neurowissenschaftlichen Gesellschaft (NWG)** | Info: [https://nwg-info.de/aktivitaeten/kurse\\_workshops/2022](https://nwg-info.de/aktivitaeten/kurse_workshops/2022)

Wir sind **HOX LIFE SCIENCE GmbH**

„Scientists supporting Scientists“

Mit unseren HOX Academy Kursen zeigen wir Euch

- welche Jobs es in Pharma und Biotech überhaupt gibt
- wie genau der Arbeitsalltag in den verschiedenen Positionen aussieht
- unterstützen Euch bei der Evaluation, welcher Job und welches Unternehmen zu Euch passen könnte
- vermitteln Euch wichtiges Grundlagenwissen aus BWL- und Projektmanagement
- wir optimieren gemeinsam Euren CV und trainieren zusammen für das Bewerbungsgespräch

BWL für den Einstieg in die Pharma- & Biotechbranche

Unsere Webinare



Was macht die BWL überhaupt?



Medical Affairs, Marketing & Sales



Marketing & Produktmanagement



Klinische Studien



Welche Jobs gibt es entlang der Wertschöpfungskette von Pharma und Biotech?



Distributoren- & Channelmanagement



Rechnungswesen & Bilanz



Vertriebssteuerung & Vertriebscontrolling



- 12 Einheiten über 12 Wochen à 120 Minuten für 240€
- Inklusive Karriereberatung und CV-Optimierung
- Nächster Start: 22. September 2022



## NEUROBIOLOGIE

26.9.–30.9. Magdeburg  
**Imaging Techniques in Neuroscience**  
 – Methodenkurs der Neurowissenschaftlichen Gesellschaft (NWG) |  
 Info: [https://nwg-info.de/aktivitaeten/kurse\\_workshops/2022](https://nwg-info.de/aktivitaeten/kurse_workshops/2022)

## PCR

22.8.–23.8. Berlin  
**Akademie Gläsernes Labor:**  
**RealTime PCR und Digital PCR Kurs** |  
 Info: [www.glaesernes-labor-akademie.de/de/pcr](http://www.glaesernes-labor-akademie.de/de/pcr)

15.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: PCR** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

## ZELLEN UND GEWEBE

4.9.–13.9. Heidelberg  
**EMBO Practical Course: Current Methods in Cell Biology** | Info:  
[www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events/cbb22-01](http://www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events/cbb22-01)

## ZELLEN UND GEWEBE

15.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Zellkultur** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

20.9.–23.9. Heidelberg  
**EMBO Practical Course: Integrative Analysis of Multi-omics Data** |  
 Info: [www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events/mmd22-01](http://www.embl.org/about/info/course-and-conference-office/events/mmd22-01)

21.9. Online  
**Lab-Academy-Kurs: Zellkultur – Qualitätssicherung und Troubleshooting** | Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

27.9.–28.9. Online  
**Lab-Academy-Grundkurs: Zellkultur** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

30.9.–21.10. Online  
**Lab-Academy-Kurs: Fachkompetenz Zellkultur (4 Tage, immer freitags)** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

## SONSTIGES

1.8. Online  
**Springer-Zertifikatskurs: Tierphysiologie, Teil 2, & Versuchstierkunde für Laborfachkräfte (3 Monate/10-15h/Woche)** | Info: [www.springernature.com/de/springer-campus/zertifikatskurse](http://www.springernature.com/de/springer-campus/zertifikatskurse)

14.9. Lahr  
**Klinkner-Fortbildung: Exakt pipettieren und Pipetten richtig prüfen** |  
 Info: <https://buchung.klinkner.de>

22.9.–8.12. Online  
**BWL für den Einstieg in die Pharma- und Biotechbranche (12 Wochen, je 2 h)** | Info: [www.hox.de/fuer\\_bewerber#Fortbildung](http://www.hox.de/fuer_bewerber#Fortbildung)

22.9. Gießen  
**Klinkner-Fortbildung: Exakt wägen und Waagen richtig prüfen** |  
 Info: <https://buchung.klinkner.de>

22.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Statistik für Einsteiger** | Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

## SONSTIGES

29.9. Online  
**Lab-Academy-Crashkurs: Statistik für die Methodvalidierung** |  
 Info: [www.lab-academy.de](http://www.lab-academy.de)

29.9.–30.9. Freiburg  
**Systematische Übersichtsarbeiten prognostischer Studien** | Info:  
[www.cochrane.de/workshops\\_events](http://www.cochrane.de/workshops_events)

## RANDGEBIETE

20.9.–22.9. Frankfurt/M.  
**Dechema-Kurs: Elektrochemie für Naturwissenschaftler, Ingenieure und Techniker** | Info: <https://dechemadfi.de/Elektrochemie2022.html>

Weitere Kongresse, Tagungen, Kurse, Fortbildungen etc. finden Sie auf unserer Homepage im Verzeichnis „Termine“. Kurze Veranstaltungshinweise in unserem Serviceteil sind kostenlos. Schicken Sie uns Ihre Ankündigungen oder einen Link zu Ihrer Website. So erreichen Sie uns: E-Mail: [verlag@laborjournal.de](mailto:verlag@laborjournal.de)

Wir sind naturwissenschaftlicher Karrierebegleiter und Human-Relations-Agentur.

## Jobs, Jobs, Jobs:

Wir unterstützen eine Vielzahl an Pharma- und Biotechunternehmen in ihrem Recruiting-Prozess. Vielleicht haben wir auch Euren Traumjob für Euch parat. Bewirbt Euch einfach und wir finden gemeinsam den Job-Einstieg in die Industrie für Euch. Unsere Stellenanzeigen findet Ihr unter: [www.hox.de/stellenliste](http://www.hox.de/stellenliste) oder Ihr meldet Euch direkt bei Marta oder Michael [marta.lee@hox.de](mailto:marta.lee@hox.de) und [michael.merli@hox.de](mailto:michael.merli@hox.de)

## in Life

## Sciences | Projektmanagement für Naturwissenschaftler\*innen

Real World

TRAINING

- 10 Einheiten über 10 Wochen
- à 120 Minuten für 240€
- Nächster Start: 20. September 2022

## Kursinhalte:

- Einführung in das Projektmanagement
- Erklärung der operativen Grundlagen
- Einführung in **Microsoft Project**
  - MS Project wird für jeden Teilnehmer zur Verfügung gestellt
- Planung von 3 realen Projekten aus der Biotech- und Pharma-Branche mittels **MS Project**
- Erstellung eines Businessplans zur Gründung eines eigenen Unternehmens



## Eure Dozentinnen:



**Michael**  
 Promovierter Biologe & Manager Sales Solutions von HOX



**Morna**  
 Promovierte Biologin & Geschäftsführerin von HOX



**Marta**  
 Promovierte Biologin & Manager Marketing Solutions von HOX

# Stellenanzeigen

**BIOLOGE\*IN /  
MOLEKULARMEDIZINER\*IN**

**in Vollzeit  
unbefristet**

Sie haben Interesse an dieser Stelle? Dann bewerben Sie sich bis spätestens zum **31.07.2022** online unter: [www.klinikum-karlsruhe.de/beruf-karriere](http://www.klinikum-karlsruhe.de/beruf-karriere)



Für nähere Informationen steht Ihnen Frau Dr. Fauth über das Sekretariat von Herrn Prof. Dr. Rüger unter ☎ 0721/974-1851 gerne zur Verfügung.



**Städtisches Klinikum Karlsruhe**

**JUSTUS-LIEBIG-  
UNIVERSITÄT  
GIESSEN**

Unterstützen Sie uns am **Institut für Virologie**, Fachbereich Veterinärmedizin ab 01.11.2022 **unbefristet** in einer von zwei Stellen in **Vollzeit oder Teilzeit** (50 %) als

**Technische/r Assistent/in (m/w/d)**  
**(MTA, MTLA, BTA, CTA)**  
Vergütung E 9a TV-H

Zu Ihren **Aufgaben** gehören: Durchführung von zellbiologischen und virologischen Arbeiten unter BSL2-Bedingungen (Passagieren von Gewebekulturzellen, Virusanzucht, Virusisolierung, Virustitration), Zellkultur und Transfektion, Auftauen und Einlagern von Zellen aus flüssigem Stickstoff, Infektion von Zellen, Präparation von Nukleinsäuren (DNA und RNA), PCR und real-time-PCR, Sequenzierungen, cDNA-Klonierung, Genexpression, Serumneutralisationstests, Immunfluoreszenzanalyse, Expression und Reinigung von Proteinen, Southern-, Western- und Northern Blot sowie organisatorische Mitarbeit, Mitarbeit bei der Akkreditierung, Bestellung von Laborchemikalien und Verbrauchsmaterialien, Führen von Lagerlisten, Entsorgung von Autoklaviergut, Glaswaren und Spülgut, Bearbeitung von Post- und Wareneingang

**Referenznummer: 363/10; Bewerbungsende: 12.08.2022**

Mehr über Ihre Karriere an der Justus-Liebig-Universität Gießen erfahren Sie auf [www.uni-giessen.de/karriere](http://www.uni-giessen.de/karriere).



**UNIVERSITÄT  
LEIPZIG**  
Medizinische Fakultät

Die Medizinische Fakultät der Universität Leipzig gehört mit ihrer über 600jährigen Tradition zu den größten Forschungseinrichtungen der Region Leipzig. Mit über 1.200 Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern ist sie die größte von insgesamt 14 Fakultäten der Universität Leipzig und dient als Ausbildungsstätte für ca. 3.200 Studierende der Human- und Zahnmedizin sowie der Pharmazie.

**Wissenschaftlicher Mitarbeiter (m/w/d)**  
**(7742) Klinik und Poliklinik für Mund-, Kiefer- und  
Plastische Gesichtschirurgie – Forschungslabor**  
**in Teilzeit 26 Stunden/Woche, befristet auf 3 Jahre (Drittmittel)**  
**TV-L EG 13**  
**Eintrittstermin: zum nächstmöglichen Zeitpunkt**

Das Forschungslabor der Klinik und Poliklinik für Mund- Kiefer- und Plastische Gesichtschirurgie sucht einen wissenschaftlichen Mitarbeiter (m/w/d) zur Untersuchung des angiogenen Einflusses der Tumorstammzellen in vitro und im Mausmodell. Wenn Sie sich gern vorstellen können, in einem wachsenden Forschungsfeld und in einer enthusiastischen, dynamischen Umgebung zu arbeiten, freuen wir uns auf Ihre Bewerbung.

**Die Herausforderungen**

- Etablierung von Primärkulturen der Tumorstammzellen, Charakterisierung
- Untersuchung des Einflusses von Tumorstammzellen auf Angiogenese in vitro und in vivo (Mausmodell)
- quantitative Analysen von neoangiogenen Netzwerken
- statistische Auswertungen
- Vorbereitung der Ergebnisse für Publikationen und Forschungsanträge

**Profil**

- Hochschulabschluss (M. Sc., Biologie, Biochemie, Humanmedizin, Veterinärmedizin oder relevantes)
- Grund Laborkenntnisse, Stammzellbiologie und Tumorbologie Kenntnisse, Primärkultur von Tumoren und Tumorstammzellen
- histologische Kenntnisse, Genexpression, Proteinuntersuchungen, Angiogenese
- EDV-Kenntnisse Microsoft Office, Quantitative Bildanalysen, statistische Auswertung
- überdurchschnittliche Einsatzbereitschaft, sehr gute Kommunikationsfähigkeit, sicherer und freundlicher Umgang mit den Mitarbeitern
- Englisch in Wort und Schrift

Sie können sich bis zum **25.07.2022** auf diese Stelle **online-bewerben**. Bewerbungen werden ausschließlich über das Bewerberportal entgegengenommen. Mit dem Absenden Ihrer Bewerbung willigen Sie ein, dass Ihre im Rahmen der Bewerbung bereitgestellten personenbezogenen Daten zum Zweck der Bewerbung verarbeitet werden. Die Informationen zur Erhebung und Verarbeitung personenbezogener Daten für Bewerber:innen finden Sie hier.

Auskünfte zum Bewerbungsverfahren erteilt **Professor Dr. Bernd Lethaus** unter 0341/97-21100 bzw. [Bernd.Lethaus@uniklinik-leipzig.de](mailto:Bernd.Lethaus@uniklinik-leipzig.de)

Schwerbehinderte Bewerber/-innen werden bei gleicher Eignung bevorzugt berücksichtigt. Bitte fügen Sie Ihrer Bewerbung entsprechende Nachweise bei.

## PREISE FÜR ANZEIGEN IM SERVICETEIL DER PRINTAUSGABE (Stellenanzeigen, Kongresse, Kurse)

Format (Breite x Höhe in mm)	s/w	farbig
1/1 Seite (185 x 260)	€ 2.250,-	€ 2.990,-
1/2 Seite (90 x 260 oder 185 x 130)	€ 1.200,-	€ 1.690,-
1/3 Seite (90 x 195)	€ 950,-	€ 1.390,-
1/4 Seite (90 x 130)	€ 680,-	€ 1.010,-
1/8 Seite (90 x 65)	€ 460,-	€ 670,-
Millimeterpreis	s/w	farbig
90 mm breit	€ 7,10	€ 10,40
185 mm breit	€ 14,20	€ 20,80

Alle Preise zuzüglich der gesetzlichen Mehrwertsteuer.

Eine Veröffentlichung auf unserem Online-Stellenmarkt (Laufzeit: 1 Monat) ist bei Printanzeigen inklusive. Auf Wunsch gestalten wir die Anzeigen nach Ihren Vorgaben. Dieser Service ist im Preis inbegriffen. Bei Rückfrage erreichen Sie uns unter der Telefonnummer +49(0)761/292 5885 oder unter der E-Mail-Adresse [stellen@laborjournal.de](mailto:stellen@laborjournal.de).

### ANZEIGENSCHLUSSTERMINE SERVICETEIL

	Anzeigenschluss
Ausgabe 9-2022 (erscheint am 6.9.2022)	<b>22.08.2022</b>
Ausgabe 10-2022 (erscheint am 7.10.2022)	<b>22.09.2022</b>
Ausgabe 11-2022 (erscheint am 9.11.2022)	<b>24.10.2022</b>



Die Abteilung für **Entwicklungsbiologie von Vertebraten** am Institut für Zellbiologie und Neurowissenschaften des **Fachbereichs Biowissenschaften** an der Goethe-Universität Frankfurt am Main ist frühestens zum **01.10.2022** die Stelle für eine\*n

### Technische\*n Assistent\*in (BTA/MTA) (m/w/d) (E9B TV-G-U)

unbefristet zu besetzen. Die Eingruppierung richtet sich nach den Tätigkeitsmerkmalen des für die Goethe-Universität geltenden Tarifvertrags (TV-G-U). Sollten die tariflichen Anforderungen an die persönliche Qualifikation nicht erfüllt werden, erfolgt gemäß EGO TV-G-U die Eingruppierung in die nächst niedrigere Entgeltgruppe.

**Wir suchen** hoch motivierte und forschungsinteressierte Bewerber\*innen, die sich mit Begeisterung und Flexibilität in ein internationales Team einbringen. Voraussetzung ist eine abgeschlossene Berufsausbildung als biologisch-technische\*r Assistent\*in mit staatlicher Anerkennung und Spezialisierung im Bereich Molekular- oder Zellbiologie. Gute Grundkenntnisse der englischen Sprache werden benötigt. Ein solides Verständnis der theoretischen Grundlagen der Molekularbiologie, Zellbiologie und Histologie sind wünschenswert. Ebenso werden praktische Erfahrungen in klassischen Methoden der Nukleinsäuren- und Proteinpräparation und deren Analyse, Immunfärbung und Aufreinigungsmethoden erwartet. Insbesondere werden solide Klonierungskenntnisse vorausgesetzt und sollten in der Bewerbung besondere Erwähnung finden. Die Bereitschaft zu tierexperimentellen Arbeiten mit Zebrafischen muss vorhanden sein. Vorkenntnisse der Mikroskopie oder zu Zebrafischen sind sehr vorteilhaft. Selbstständiges Arbeiten ist ausdrücklich erwünscht und wird gefördert.

**Wir bieten** eine vielseitige, abwechslungsreiche und interessante Tätigkeit mit einem freundlichen Arbeitsklima. Nähere Informationen finden Sie auf unserer Homepage: [https://www.bio.uni-frankfurt.de/43968045/Abt\\_Lecaudey](https://www.bio.uni-frankfurt.de/43968045/Abt_Lecaudey).

Sie sind flexibel, teamfähig, zuverlässig, lernbereit und kommunikativ, dann freuen wir uns auf Ihre Bewerbung!

Die Universität tritt für die Gleichberechtigung von Frauen und Männern ein und fordert deshalb nachdrücklich Frauen zur Bewerbung auf. Menschen mit Behinderungen werden bei gleicher Qualifikation vorrangig berücksichtigt.

Bitte senden Sie Ihre ausführlichen Bewerbungsunterlagen als PDF-Dokument, gerne mit Kontaktadressen Ihrer Referenzen, **bis zum 30.08.2022** an Prof. Dr. Lecaudey, E-Mail: [lecaudey@bio.uni-frankfurt.de](mailto:lecaudey@bio.uni-frankfurt.de)

## SCHREIBEN SIE IHRE GESCHICHTE MIT UNS!

Rentschler Biopharma ist ein führendes Auftragsentwicklungs- und Produktionsunternehmen (CDMO) für Biopharmazeutika. Unsere Stärke: Die Bioprozessentwicklung und die Herstellung hochwertiger Biopharmazeutika sowie damit verbundene Beratungsleistungen einschließlich Projektplanung und regulatorische Unterstützung.

Was uns vereint, ist die Leidenschaft für das was wir tun:  
Nachhaltig Nutzen stiften.

#### WIR STELLEN EIN:

BTA / CTA / UTA / Biotechnologen / Chemiker,  
aber auch Quereinsteiger wie Brauer / Mälzer /  
Lebensmitteltechnologien.

#### BEWERBEN SIE SICH JETZT, UM UNSER TEAM ZU VERSTÄRKEN:

[WWW.RENTSCHLER-BIOPHARMA.COM](http://WWW.RENTSCHLER-BIOPHARMA.COM)



**Rentschler Biopharma SE**

Erwin-Rentschler-Str. 21 · 88471 Laupheim · [www.rentschler-biopharma.com](http://www.rentschler-biopharma.com)

## Weitere Stellenangebote finden Sie auf unserem **Online-Stellenmarkt**

Wie in der Printausgabe können Sie auch dort  
gestaltete Anzeigen im PDF-Format aufgeben.  
Oder Sie schicken uns eine HTML-Datei.



### DIE PREISE

**Online Premium (PDF-, HTML-Format): € 660,-/Monat\***

Platzierung im Stellenmarkt auf den ersten vier Positionen während der gesamten Laufzeit, Teaser auf der Startseite [www.laborjournal.de](http://www.laborjournal.de) (monatlich ca. 7.000 Page Impression); maximal 4 Premium-Anzeigen pro Monat.

**Online Classic (PDF-, HTML-Format): € 460,-/Monat**

Die Dateien im PDF-Format sollten nicht größer als 250 kB sein.  
Senden Sie die Dateien bitte per E-Mail an [stellen@laborjournal.de](mailto:stellen@laborjournal.de).  
Geben Sie bitte die gewünschte Laufzeit (Mindestlaufzeit 1 Monat)  
an und Ihre Rechnungsadresse. Die Gestaltung ist im Preis  
inbegriffen, d.h. es genügt, wenn Sie uns eine Textdatei zuschicken.

Alle Preise verstehen sich zuzüglich der gesetzlichen Mehrwertsteuer.

**Noch Fragen?** Tel. +49 761 2925885 oder E-Mail: [stellen@laborjournal.de](mailto:stellen@laborjournal.de)

\* Bitte vor Beauftragung anfragen, ob ein Premium-Platz frei ist.

Kennen Sie schon unseren  
Stellenmarkt-Newsletter?  
Alle zwei Wochen – alle neuen Jobs auf  
LJ-online. Direkt klickbar.

### LABOR JOURNAL newsletter Stellen

Lieber Leser, liebe Leserin,

hier die aktuellen Job-Angebote aus dem Laborjournal-Stellenmarkt. Alle Angebote wurden nach dem 18.06.2022 eingegeben:



#### Professur Experimentelle Pathologie (open-rank)

Aufgaben: Sie sind als Leiter/in verantwortlich für den Fachbereich System-Molekularpathologie oder für einen neu zu schaffenden Fachbereich Digitale Pathologie. Sie sind zuständig für den Aufbau und die Leitung einer international kompetitiven Forschungsgruppe im Gebiet der Digitalen Pathologie oder der System-Molekularpathologie. Sie stehen für herausragende Lehre und Forschung in der Medizinischen Fakultät und beteiligen sich aktiv in der Nachwuchsförderung... **mehr**

Universität Basel, Medizinische Fakultät  
Basel 30.06.2022



#### Technische Assistenz (BTA, CTA, MTA) (m/w/d)

Aufgaben: Wöchentliche und regelmäßige Wartung der Geräte / Schulung der Nutzer in der praktischen Bedienung der Geräte, den Grundlagen der Bildanalyse und den Richtlinien der Einrichtung / Tätigkeit als Laserschutzbeauftragter (m/w/d) in unserer Abteilung / Selbstständige Durchführung von Projekten und Dokumentation nach intensiver Einarbeitung / Allgemeine Laborunterstützung... **mehr**

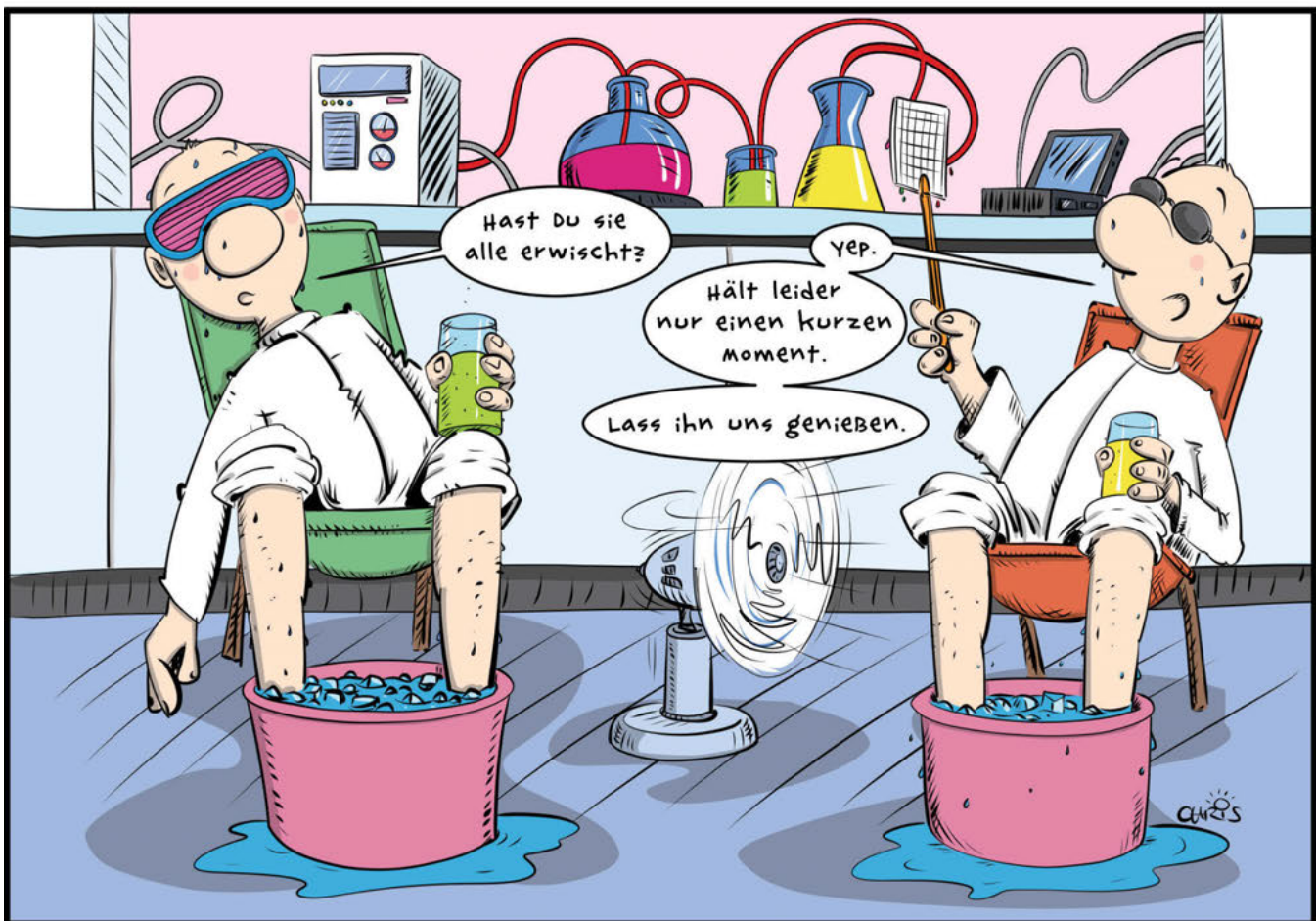
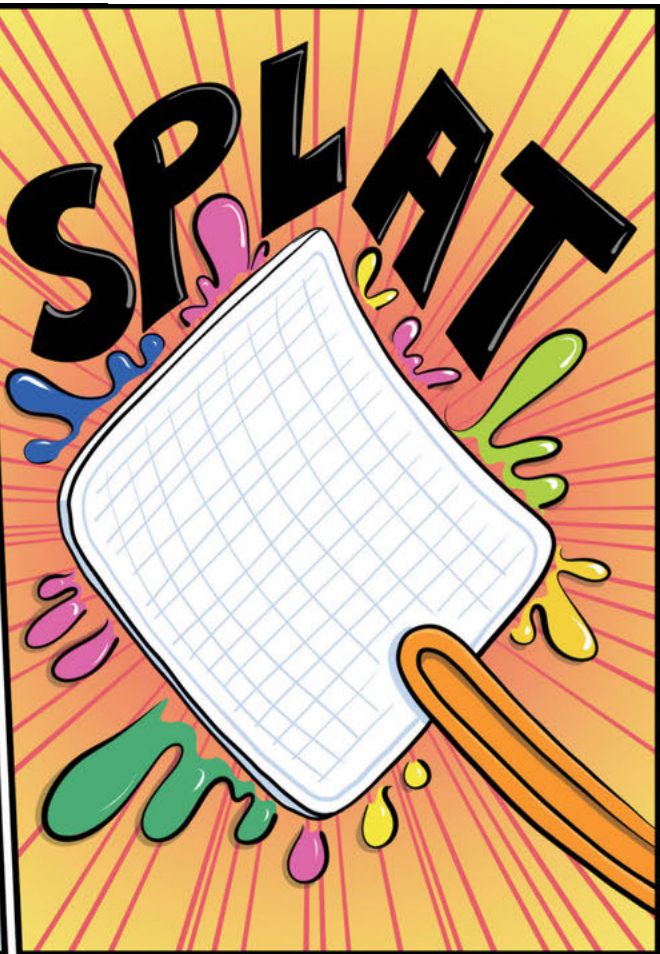
Max-Planck-Institut für Immunbiologie und Epigenetik  
Freiburg 29.06.2022



#### BTA / CTA / UTA / Biotechnologen / Chemiker & Quereinsteiger wie Brauer / Mälzer / Lebensmitteltechnologien

Rentschler Biopharma ist ein führendes Auftragsentwicklungs- und Produktionsunternehmen (CDMO) für Biopharmazeutika. Unsere Stärke: Die Bioprozessentwicklung und die Herstellung hochwertiger Biopharmazeutika sowie damit verbundene







# Code im Sack



20 €

[laborjournal.de](https://laborjournal.de) ⇨ service ⇨ shop



# Extreme Fidelity in PCR.

## Q5<sup>®</sup> High-Fidelity DNA Polymerase

NEBs Q5 High-Fidelity DNA Polymerase setzt den Industriestandard in der PCR und verbindet extreme Genauigkeit (>280× genauer als *Taq*) mit höchster Zuverlässigkeit! Im einzigartigen Reaktionspuffer zeigt Q5 eine exzellente Performance unabhängig vom GC-Gehalt des Templates sowie auf Amplikons bis 20 kb Länge. Dank besonders kurzer Elongationszeiten und PCR-Protokolle sparen Sie mit der Q5 Polymerase wertvolle Laborzeit. Auch erhältlich als praktische Master Mix- und Hot Start-Formulierung bietet Ihnen die Q5 DNA Polymerase „fidelity at its finest“!

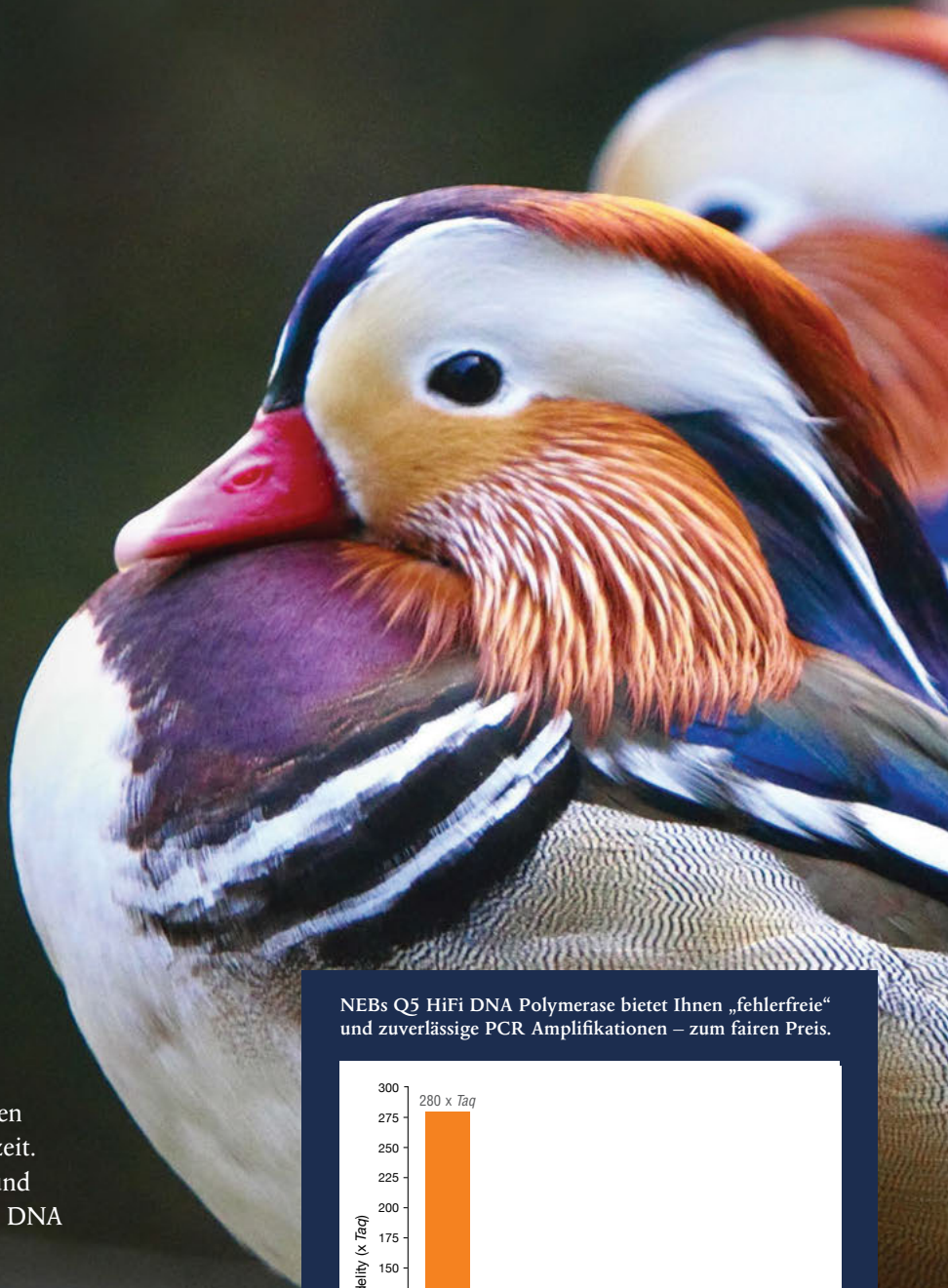


Alle Produktdetails, die Vorteile für Ihre Forschung sowie ein kostenfreies Testmuster\* erhalten Sie unter:

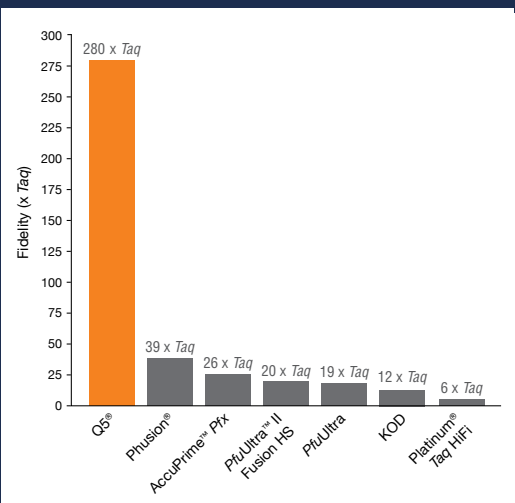
[www.neb-online.de/Q5](http://www.neb-online.de/Q5)

\* So lange der Vorrat reicht. Angebot ist begrenzt.

NEW ENGLAND BIOLABS<sup>®</sup>, NEB<sup>®</sup> and Q5<sup>®</sup> are registered trademarks of New England Biolabs, Inc. PHUSION<sup>®</sup> is a registered trademark and property of Thermo Fisher Scientific. Phusion<sup>®</sup> DNA Polymerase was developed by Finnzymes Oy, now a part of Thermo Fisher Scientific. PFUULTRA<sup>™</sup> is a trademark of Agilent Technologies, Inc. PLATINUM<sup>®</sup> is a registered trademark of Life Technologies, Inc. ACCUPRIME<sup>™</sup> is a trademark of Life Technologies, Inc.



NEBs Q5 HiFi DNA Polymerase bietet Ihnen „fehlerfreie“ und zuverlässige PCR Amplifikationen – zum fairen Preis.



Q5 Polymerase ist >280 mal genauer als Taq DNA Polymerase. Warum sollten Sie sich mit weniger zufriedenen geben?

Die Mandarinente (*Aix galericulata*) ist in der chinesischen Kunst ein gebräuchliches Symbol für Treue und Genauigkeit (engl. „fidelity“).