



Faktenblatt

Mittwoch, 24. Oktober 2018

Internationale Biodiversitätskonferenz: Biotechnologie wichtiges Thema für Schweiz

Synthetische Biologie und digitale Sequenzinformationen: Die rasant fortschreitende Entwicklung der Biotechnologie wird an der diesjährigen Vertragsparteienkonferenz der Biodiversität (COP CBD) vom 17. bis 29. November 2018 in Sharm-el-Sheik (Ägypten) ebenfalls ein wichtiges Thema sein.

Synthetische Biologie

Unter diesen Begriff fallen verschiedene Verfahren mit dem Ziel, aus Gensequenzen, Molekülen, Zellen und Organismen neue biologische Systeme oder Produkte zu erzeugen, welche in dieser Form in der Natur nicht vorkommen. Die Schweiz wird sich an der Konferenz dafür einsetzen, dass bei der Bewertung des Umweltrisikos während der Freisetzung dieser Erzeugnisse das Vorsorgeprinzip zum Tragen kommt. So sollen nicht nur Menschen, sondern die gesamte biologische Vielfalt vor möglichen Gefahren geschützt werden.

Digitale Sequenzinformationen («digital sequence information»)

Aufgrund der technischen Entwicklungen ist es in der Gentechnik und Biotechnologie möglich geworden, neue Erzeugnisse nur noch aufgrund digitaler Geninformationen, also ohne physisch greifbares Material herzustellen und zu verwenden.

Das Prinzip des Zugangs zu genetischen Ressourcen und der ausgewogenen und gerechten Vorteilsaufteilung sieht vor, dass die Entwicklungsländer, die über die meisten genetischen Ressourcen verfügen, vom Nutzen profitieren können, den die Industrienationen dank ihren technologischen Möglichkeiten schaffen.

Staaten mit vielen genetischen Ressourcen möchten den Geltungsbereich des Nagoya Protokolls auch auf die Verwendung von digitalen Sequenzinformationen angewendet wissen. Die Schweiz vertritt die Position, dass eine genetische Ressource als Material verstanden wird, das heisst, dass sie physisch und greifbar ist. Dieses Kriterium erfüllen digitale Sequenzinformationen nicht, weshalb die Schweiz sich gegen eine Ausweitung der

Definition der genetischen Ressourcen ausspricht. Sie ist der Ansicht, dass dies unweigerlich zu Schwierigkeiten bei der «Rückverfolgbarkeit» der digitalen Gensequenzen bis zum ursprünglichen Material, beziehungsweise Lebewesen und dessen Herkunft führen würde.