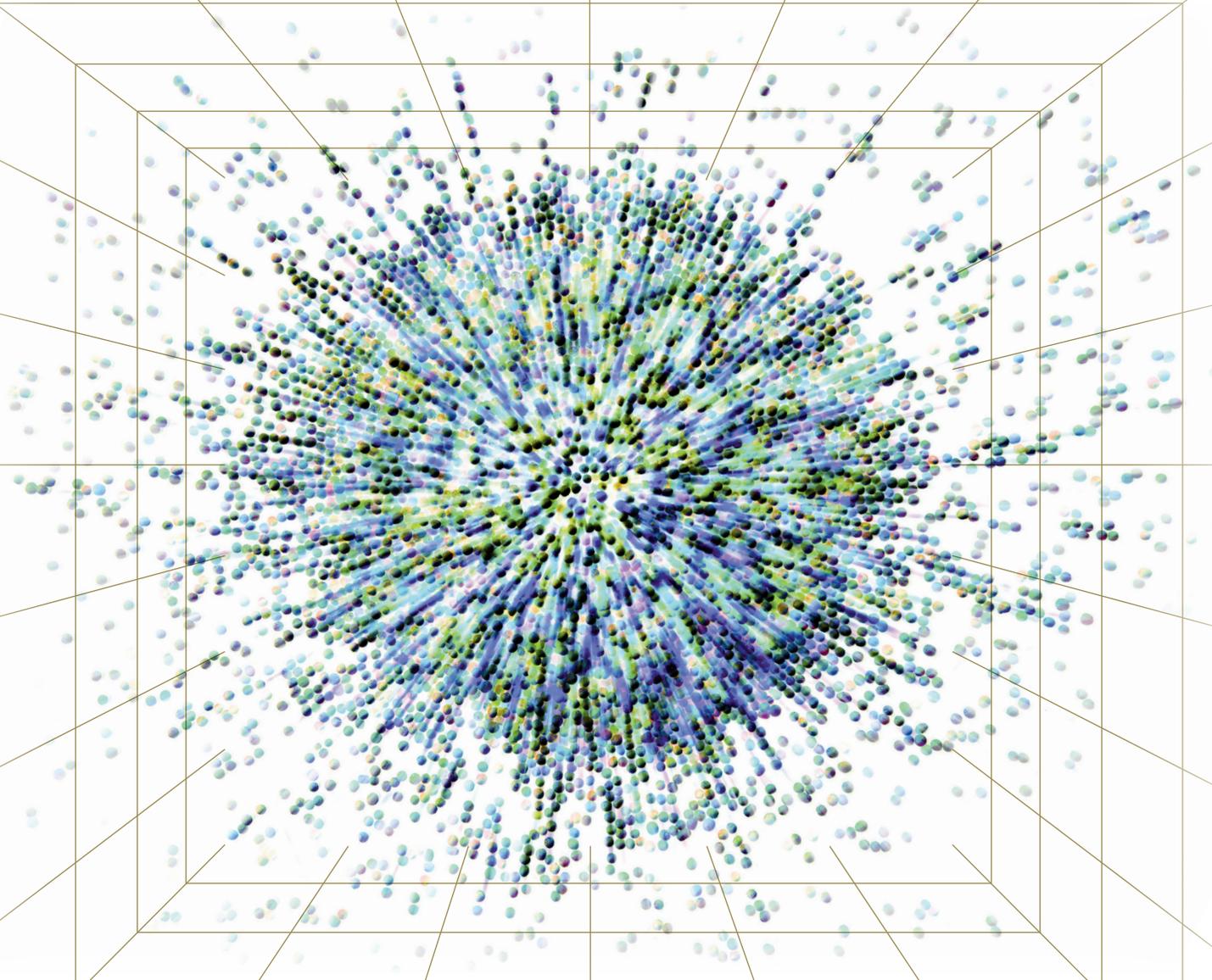




Leopoldina
Nationale Akademie
der Wissenschaften

Zukunftsreport Wissenschaft



Lebenswissenschaften im Umbruch

Herausforderungen der Omics-Technologien für
Deutschlands Infrastrukturen in Forschung und Lehre

Impressum

Herausgeber

Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina e. V.
– Nationale Akademie der Wissenschaften –
Geschäftsstelle: Jägerberg 1, 06108 Halle (Saale)
Berliner Büro: Reinhardtstraße 14, 10117 Berlin
Telefon: + 49 345 47239-867
Telefax: + 49 345 47239-839
Kontakt: politikberatung@leopoldina.org

Redaktion

Dr. Constanze Breuer, Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina
Dr. Johannes Fritsch, Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina

Gestaltung Textteil

unicom Werbeagentur GmbH, Berlin

Titelgestaltung und Satz

Sisters of Design, Halle (Saale)

Druck

druckhaus köthen GmbH & Co. KG
Friedrichstraße 11/12
06366 Köthen (Anhalt)

Auflage: 1. Auflage 2014, Auflagenhöhe: 2500

ISBN: 978-3-8047-3283-4

Zitiervorschlag

Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina, 2014: Zukunftsreport Wissenschaft.
Lebenswissenschaften im Umbruch – Herausforderungen der Omics-Technologien für Deutschlands
Infrastrukturen in Forschung und Lehre. Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina e.V.
Nationale Akademie der Wissenschaften. Halle/Saale, 38 Seiten.

Bibliographische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie,
detaillierte bibliografische Daten sind im Internet unter <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

Zukunftsreport Wissenschaft

Lebenswissenschaften im Umbruch

Herausforderungen der Omics-Technologien für
Deutschlands Infrastrukturen in Forschung und Lehre

Vorwort

Eine der Hauptaufgaben der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina besteht in der wissenschaftsbasierten Beratung von Politik und Öffentlichkeit. Dies schließt thematisch systemische Potenziale und Herausforderungen der Wissenschaftsentwicklung in Deutschland ein. In der neuen Publikationsreihe *Zukunftsreport Wissenschaft* werden Fragen der Wissenschaftsentwicklung in Deutschland behandelt, die mittel- und langfristig für das Verhältnis von Wissenschaft, Politik und Gesellschaft besonders relevant sind. Dies betrifft z.B. Forschungsinfrastrukturen, die Ausbildung von Nachwuchswissenschaftlerinnen und Nachwuchswissenschaftlern oder den Wissenstransfer.

Der erste *Zukunftsreport* der Leopoldina ist den *Lebenswissenschaften im Umbruch* gewidmet. Wie andere Wissenschaftsbereiche verändern sich derzeit auch die Lebenswissenschaften durch den Einsatz neuer Technologien. Mithilfe bioanalytischer Hochdurchsatzverfahren, den sogenannten Omics-Technologien, können in kurzer Zeit große Datenmengen über Lebensprozesse gewonnen werden mit dem Ziel, diese Prozesse mit einer neuen Präzision zu verstehen. Man erhofft sich u.a. weitreichende Erkenntnisse über Ursachen von Erkrankungen und darauf aufbauend die Entwicklung zielgerichteter Therapien, neue Einsichten zur gesunden Ernährung oder Innovationen in der Bioökonomie. Darin liegt ein großes Wertschöpfungspotenzial, z.B. durch den Ausbau wissensintensiver Dienstleistungen und innovativer forschungsbasierter Industriezweige.

Damit sich die in den Omics-Technologien liegenden Potenziale entfalten können, sind in den kommenden Jahren zahlreiche Herausforderungen zu meistern. Dazu gehört insbesondere die Bewältigung der technologiegetriebenen Explosion der Menge an erfassbaren molekularen und physiologischen Daten. Diese Entwicklungen in den Lebenswissenschaften führen zu neuen Anforderungen an die Ausbildung von Nachwuchswissenschaftlerinnen und Nachwuchswissenschaftlern, an die informationstechnische Ausstattung und Vernetzung unserer Universitäten und außeruniversitären Forschungseinrichtungen sowie an eine nachhaltige Infrastrukturförderung.

Dieser von einer Wissenschaftlichen Kommission der Leopoldina erarbeitete *Zukunftsreport Wissenschaft* widmet sich der Frage, wie die Lebenswissenschaften in Deutschland strukturell auf die rasanten Entwicklungen bei den Omics-Technologien vorbereitet werden können, um eine zukunfts- wie konkurrenzfähige Forschung und Ausbildung zu garantieren. Es werden wesentliche Defizite und perspektivische Herausforderungen benannt sowie mögliche Zukunftsszenarien aufgezeigt. Dieser *Zukunftsreport* ist von der Überzeugung getragen, dass die Potenziale der Omics-Technologien nur unter dem Dach einer neuen, nationalen Omics- und IT-Infrastruktur erschlossen werden können.



Prof. Dr. Jörg Hacker

Präsident der Nationalen Akademie
der Wissenschaften Leopoldina

Inhalt

| | | |
|---|---|----|
| | Zusammenfassung..... | 6 |
| 1 | Technologisch bedingter Paradigmenwechsel in den Lebenswissenschaften..... | 9 |
| 2 | Beschreibung der Omics-Technologien | 11 |
| 3 | Bisherige Förderung der neuen Entwicklungen in den Lebenswissenschaften..... | 16 |
| | 3.1 Omics-Technologien und Systembiologie..... | 16 |
| | 3.2 Bioinformatik..... | 18 |
| | 3.3 Fazit | 20 |
| 4 | Strukturelle Herausforderungen in der Organisation der Lebenswissenschaften | 21 |
| | 4.1 Forschungsinfrastrukturen an Universitäten..... | 21 |
| | 4.2 Breiter Zugang zu Omics-Technologien für Universitäten | 21 |
| | 4.3 Aufbau einer starken IT-Infrastruktur | 22 |
| | 4.4 Einbeziehung der Wirtschaft in die lebenswissenschaftliche Forschung | 22 |
| | 4.5 Interdisziplinäre Ausbildung in Omics und Bioinformatik | 22 |
| | 4.6 Karriereoptionen in Lebenswissenschaften und Bioinformatik..... | 24 |
| 5 | Szenarien einer nationalen Omics- und IT-Infrastruktur für Forschung und Lehre | 25 |
| | 5.1 Zukunftsszenarien | 25 |
| | <i>Das DFG-Szenario</i> | 26 |
| | <i>Das Schweizer Szenario</i> | 27 |
| | 5.2 Kernelemente der Zukunftsszenarien | 30 |
| | <i>Zugang</i> | 30 |
| | <i>Finanzierung</i> | 31 |
| | <i>Internationale Anbindung</i> | 31 |
| | <i>Ausbildung</i> | 31 |
| | <i>Karriereoptionen</i> | 32 |

| | |
|--|----|
| Empfehlungen | 33 |
| Referenzen | 34 |
| Zur Entstehung des <i>Zukunftsreports Wissenschaft</i> | 36 |
| An der Entwicklung des <i>Zukunftsreports Wissenschaft</i> beteiligte Personen..... | 37 |

Zusammenfassung

Die Lebenswissenschaften befinden sich zu Beginn des 21. Jahrhunderts im Umbruch. Bahnbrechende Technologien erschließen völlig neue Analysemöglichkeiten von Lebensprozessen. Mittels der Omics-Technologien können unterschiedliche Biomoleküle, z.B. DNA, RNA, Proteine oder Metabolite, in Lebewesen nahezu vollständig erfasst werden. Lebenswissenschaften wie die Molekularbiologie, Biomedizin oder Lebensmitteltechnologie streben dabei zunehmend auf der Basis von Omics-Daten eine computergestützte Betrachtung molekularer Prozesse und damit ein neues Verständnis von Lebensvorgängen an.

Die neuen Technologien erzeugen riesige Datenmengen, von denen derzeit nur Bruchteile ausgewertet werden können. Man spricht hier vom sogenannten *Big-Data-Problem*, denn das Anschwellen der Datenmengen bedeutet nicht automatisch einen höheren Erkenntnisgewinn. Die Herausforderung ist, aus den digitalen Datenbergen die für die jeweilige wissenschaftliche Fragestellung relevanten Informationen zu extrahieren und zu analysieren. Darüber hinaus müssen die Daten und die aus ihnen abgeleiteten Erkenntnisse auch über geeignete Netzwerke der wissenschaftlichen Gemeinschaft zur Verfügung gestellt werden. Hierzu ist eine enge interdisziplinäre Zusammenarbeit der Lebenswissenschaften mit anderen Fächern wie z.B. der Informatik, Mathematik, Physik und den Ingenieurwissenschaften erforderlich.

Dieser *Zukunftsreport Wissenschaft* stellt eine eindeutige Diagnose: Deutschland ist auf die rasanten Entwicklungen

bei den Omics-Technologien, insbesondere die informationstechnischen Anforderungen dieser Technologien, nicht hinreichend vorbereitet. Haben visionäre Forschungsförderprogramme einst zum international sichtbaren und wettbewerbsfähigen Ausbau von Genomics, Bioinformatik und Systembiologie in Deutschland geführt, droht diesen zum Teil sehr kostenintensiven Forschungszweigen mangels langfristiger Finanzierungsstrategien oder nachhaltiger Integration in bestehende Strukturen der Kollaps. Damit kann der Anschluss an die rasanten Entwicklungen in der Forschung und Ausbildung international (z.B. USA, Schweiz, Großbritannien) bald verloren gehen. Eine solche Entwicklung hätte negative Auswirkungen auf die Attraktivität des Wissenschaftsstandorts Deutschland. Auch die moderne Medizin wäre mit Blick auf die sich abzeichnenden Entwicklungen in der klinischen Diagnostik und Therapie in ihrer Wettbewerbsfähigkeit eingeschränkt.

Dieser *Zukunftsreport Wissenschaft* konstatiert folgende strukturell bedingte Defizite in den Lebenswissenschaften:

- Die Entfaltung der großen, in den neuen Technologien liegenden Potenziale wird durch fehlende Übergänge in unserem Wissenschaftssystem, sei es zwischen Institutionen, Ausbildungs- und Karrierestufen oder Universität und Wirtschaft, gebremst. Die gebotene enge Verzahnung von Forschung, Ausbildung und Infrastrukturen zwischen universitären und außeruniversitären Einrichtungen ist zu selten gewährleistet.

- Aufgrund grundgesetzlicher Bestimmungen (Art. 91b GG) können nur außeruniversitäre Einrichtungen dauerhaft vom Bund mitfinanziert werden und haben daher eher die Möglichkeit zum Aufbau und Unterhalt von kostenintensiven Forschungsinfrastrukturen. Diese sind für Universitäten fast nur auf der Basis von spezifischen Projektkooperationen zugänglich.
 - Die Länder können die hohen Kosten für den Erhalt und Ausbau universitärer Infrastrukturen zur adäquaten Anwendung der Omics-Technologien nicht allein tragen. Die Universitäten verlieren den Anschluss an die technischen Entwicklungen, denn sie können sich aufgrund mangelnder Grundfinanzierung die Anschaffung, den kontinuierlichen Betrieb und die der rasanten technologischen Entwicklung angepasste Erneuerung kostenintensiver Großgeräte für Omics-Analysen nicht in ausreichendem Maße leisten. Doch ohne eine Infrastruktur auf dem neuesten Stand der Technik können die Universitäten keine zeitgemäße Forschung und Lehre durchführen.
 - Die heutigen und zukünftigen bioinformatischen Anforderungen der Lebenswissenschaften werden massiv unterschätzt. Daher fehlt es selbst in den großen außeruniversitären Forschungseinrichtungen an ausreichenden informationstechnischen Kapazitäten, um die Menge an gewonnenen Daten bewältigen zu können. Es werden nicht genügend Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker bzw. Lebenswissenschaftlerinnen und Lebenswissenschaftler mit bioinformatischer Expertise ausgebildet. Für den entsprechenden wissenschaftlichen Nachwuchs sind zu wenig attraktive Karrierewege innerhalb der akademischen Forschung vorhanden. Durch die Befristung von Stellen für hoch qualifizierte wissenschaftliche Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter kommt es zum ständigen Verlust von wertvollem Know-how.
 - Es fehlt eine nationale übergeordnete Strategie für die nachhaltige Förderung und Entwicklung des Omics-getriebenen Forschungs- und Technologiesegments in Deutschland.
- Dieser *Zukunftsreport Wissenschaft* empfiehlt, jetzt zu handeln und die Weichen für strukturelle Innovationen zu stellen. Eine Schlüsselrolle kommt dabei der Entwicklung einer nationalen Omics- und IT-Infrastruktur zu. Es werden organisatorische Szenarien skizziert, in denen diese Infrastruktur auf unterschiedlich profilierte Zentren verteilt und durch ein Koordinationsgremium gelenkt wird.
- Das „DFG-Szenario“ basiert auf der Erweiterung des Verantwortungsbereichs dieser Organisation. Die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) könnte den Aufbau einer verteilten nationalen Omics- und IT-Infrastruktur durch die Einrichtung eines DFG-Panels für Omics-Technologien, die Gründung von DFG-unterhaltenen Zentren als Hilfseinrichtungen der Forschung sowie die Gründung einer DFG-Senatskommission für Hochdurchsatztechnologien und Bioinformatik in den Lebenswissenschaften unterstützen. Diese interinstitutionell besetzte Senatskommission würde den Zugang zu diesen Zentren regeln und wäre geeignet, in Abstimmung mit den universitären und außeruniversitären Organisationen die Entwicklung und Koordination der vorgeschlagenen nationalen Omics- und IT-Infrastruktur mit Zentren in unterschiedlicher Trägerschaft zu übernehmen.
- Das „Schweizer Szenario“ ist an der föderativen Organisationsstruktur des Swiss Institute of Bioinformatics (SIB) orientiert. Hier würde der Aufbau der nationalen Omics- und IT-Infrastruktur in die

Hand einer neu zu gründenden, rechtlich und finanziell eigenständigen Organisation gelegt werden, welche die Koordination und Entwicklung langfristig leistet.

Beide Szenarien sind in Teilaspekten miteinander kompatibel, sodass man auch über ihre Kombinierbarkeit zu einer effektiven Gesamtstruktur nachdenken sollte. In beiden Szenarien ist die bedarfsabhängige Einbindung bestehender bzw. der Aufbau großer, technologisch spezialisierter und thematisch fokussierter nationaler Forschungszentren als zusätzliche Option im Rahmen des Zentren-Netzwerks möglich.

Unabhängig vom jeweiligen Szenario sind für die angestrebte Infrastruktur eine nachhaltige Finanzierung sowie ein flexibles Zugangskonzept unabdingbar. Das Ziel dieser nationalen Omics- und IT-Infrastruktur ist es, Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern unabhängig von ihrer institutionellen Zugehörigkeit die Nutzung von Spitzentechnologien und fachlicher Kompetenz in ihrer Region sowie deutschlandweit dauerhaft auf höchstem Niveau zu ermöglichen. Die skizzierten Szenarien sind auf die Situation in Deutschland fokussiert, jedoch nicht losgelöst vom europäischen und internationalen Kontext zu betrachten. Die Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina möchte mit diesem *Zukunftsreport Wissenschaft* eine breite Diskussion über die Zukunftsfähigkeit der lebenswissenschaftlichen Forschung in Deutschland anstoßen.

1 Technologisch bedingter Paradigmenwechsel in den Lebenswissenschaften

Seit der Entdeckung der DNA als der Erbsubstanz sind die Lebenswissenschaften auf dem Weg zu einem neuen Verständnis von Lebensprozessen.¹ Die Entzifferung eines Genoms, d.h. der Gesamtheit der Gene eines Lebewesens, gelang erstmals 1995, als die vollständige Genomsequenz des Bakteriums *Haemophilus influenzae* veröffentlicht wurde. Bereits sechs Jahre später wurde die nahezu vollständige Genomsequenz des Menschen entschlüsselt. Mit der Sequenz aus ca. 3 Milliarden Buchstaben (Nukleotiden) hofften die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler, den lange ersehnten Schlüssel zum Verständnis des komplexen menschlichen Organismus in der Hand zu halten. Schnell wurde jedoch deutlich, dass die Entzifferung der Genomsequenz nur der erste große Schritt war, denn die Ausprägung der Gene hängt von zahlreichen Umweltfaktoren und einem komplexen Wechselspiel der Gene untereinander und mit der Umwelt ab. Zur Aufklärung dieser Interaktionsnetzwerke machen sich Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler verstärkt neu entwickelte bioanalytische Hochdurchsatzverfahren, sogenannte „Omics“, zu Nutze. Mithilfe einer Omics-basierten Systembiologie wird angestrebt, molekulare Prozesse in lebenden Systemen umfassend zu beschreiben und mit einer neuen Präzision verstehen

zu können.² Dieser Paradigmenwechsel in den Lebenswissenschaften vollzieht sich auf mehreren Ebenen: Dazu gehören neuartige Wege der Messbarkeit biologischer Prozessabläufe, eine von Technologie bestimmte Ausrichtung experimenteller Arbeiten und die Erzeugung gewaltiger Datenmengen, die eine zunehmende Mathematisierung der Lebenswissenschaften bedingt.³

Die Hochdurchsatzverfahren generieren umfassende qualitative und quantitative Daten, z.B. von Gensequenzen (Genomics), epigenetischen Modifikationen (Epigenomics), RNA-Transkripten (Transcriptomics), Proteinen (Proteomics) und von Stoffwechselprodukten (Metabolomics). Allerdings können häufig noch nicht alle Moleküle erfasst und quantifiziert werden. Lediglich in den Bereichen Genomics, Epigenomics und Transcriptomics kann heute bereits eine genomweite Abdeckung erzielt werden. In den anderen Bereichen sind sowohl die Analysetechnologien als auch die Datenverarbeitung noch weiterzuentwickeln. So wird bislang nur bei wenig komplexen Mikroorganismen eine nahezu vollständige Darstellung des Proteoms erreicht. Für Bakterien können bereits jetzt genetische Daten umfassend mit weiteren aus den Proteomics oder

¹ Die UNESCO definiert die Lebenswissenschaften folgendermaßen: „Die Lebenswissenschaften (oder Life Sciences) umfassen Biochemie, Bioinformatik, Biologie, Biomedizin, Biophysik, Bio- und Gentechnologie, Ernährungswissenschaften, Lebensmitteltechnologie, Medizin, Medizintechnik, Pharmazie und Pharmakologie, Umweltmanagement und Umwelttechnik“ (siehe www.unesco.de/lebenswissenschaften.html; letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

² Für eine Einführung in die Systembiologie siehe Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 2002. Die neuesten Entwicklungen der Systembiologie werden seit 2010 in der Forschungszeitschrift *systembiologie.de – Das Magazin für systembiologische Forschung in Deutschland* aufbereitet (siehe www.systembiologie.de; letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

³ Mitunter wird für die beschriebene technologische Veränderung der Lebenswissenschaften auch der Begriff „new biology“ gebraucht. Er findet sich programmatisch in der Stellungnahme des US-amerikanischen National Research Council of the National Academies *A New Biology for the 21st Century* aus dem Jahr 2009.

Metabolomics erhaltenen Daten verknüpft werden, was neue Einblicke in den Aufbau und die Funktionsweise zellulärer Netzwerke ermöglicht. Speziell im Bereich der Metabolomics bestehen allerdings noch erhebliche Defizite in der Identifizierung vorhandener Metaboliten und der Erfassung metabolischer Flüsse.

Vorhandene bzw. in Entwicklung befindliche Technologien zielen darauf ab, auf Einzelzellebene Genom-, Epigenom-, Transkriptom-, Proteom- und Metabolomanalysen durchzuführen. Hieraus werden detaillierte Einblicke in zelluläre Differenzierungsprozesse, z.B. bei der Entwicklung von Tumorzellen, erwartet. Die Metagenomics analysiert mittlerweile auf molekular-genetischer Basis ganze Organismengemeinschaften auch in ihrem natürlichen Umfeld. Metagenome und Metatranskriptome erlauben z.B. die Erforschung der sogenannten „Mikrobiome“, die u.a. als individuelle Darmflora für unsere Gesundheit wichtig sind.

Aus all dem wird ersichtlich, dass hier eine noch in den Anfängen steckende Entwicklung der Lebenswissenschaften des 21. Jahrhunderts beschrieben wird, die viele weitere grundlegende Entdeckungen und Innovationen erwarten lässt. Diese technologische Revolution wird die Strukturen der lebenswissenschaftlichen Forschung, Lehre und Infrastrukturen tiefgreifend verändern.

2 Beschreibung der Omics-Technologien

Definition

Die Gesamtheit aller Gene eines Lebewesens nennt man **Genom**, die Gesamtheit epigenetischer Veränderungen **Epigenom**, die Gesamtheit der RNA-Transkripte **Transkriptom**, die der Proteine **Proteom** und die der Stoffwechselprodukte **Metabolom** usw. Spricht man über die Erforschung des jeweiligen „-oms“, wird die Silbe „-ics“ (englisch) oder „-ik“ (deutsch) angehängt: Gen-om-**ics** oder Gen-om-**ik**, wobei die Silbe „-om“ den wissenschaftlichen Anspruch betont, die jeweilige Ebene der Lebensprozesse möglichst vollständig zu erfassen und zu beschreiben.⁴

Die Omics-Technologien sind als bioanalytische Hochdurchsatzanalysetechniken zu unentbehrlichen Instrumenten der heutigen lebenswissenschaftlichen Forschung geworden. Sie erlauben in einem weitgehend automatisierten Prozess in relativ kurzer Zeit die parallele, umfassende Untersuchung von Biomolekülen einer biologischen Probe, wobei in der Regel erst die Kombination unterschiedlicher Omics-Technologien das Bild des zu erforschenden Lebensprozesses vervollständigen kann. Dadurch werden sehr große Mengen an Daten gewonnen, die nur mithilfe leistungsfähiger Computer und der Bioinformatik gefiltert, verarbeitet und integriert ausgewertet werden können.

Genomics

Das Genom bezeichnet die Gesamtheit der Gene, d.h. der vererbaren Informationen eines Lebewesens, die in einer doppelsträngigen Helixstruktur aus Desoxyribonucleinsäure (DNA) niedergelegt sind. Die DNA besteht aus vier unterschiedlichen Nucleotiden, die jeweils eine der vier organischen Basen Adenin, Thymin, Guanin oder Cytosin enthalten. Die Abfolge dieser Basen wird als Sequenz bezeichnet und bestimmt u.a. den Bauplan der Proteine. Die Länge von Genomsequenzen reicht von weniger als einer Million bei bestimmten Bakterien bis zu mehreren Milliarden bei höheren Tieren, Pflanzen und dem Menschen. Diese Sequenzen schnell und vollständig zu erfassen, wurde durch die Entwicklung von Hochdurchsatz-Sequenziermaschinen maßgeblich vereinfacht. Während die erste Entzifferung eines Humangenoms (ca. 3 Milliarden Basenpaare) ein gutes Jahrzehnt in Anspruch nahm und mehrere Milliarden US-Dollar kostete, ermöglichen moderne DNA-Sequenziermaschinen heute die vollständige Entzifferung eines menschlichen Genoms innerhalb weniger Tage zum Preis von wenigen Tausend US-Dollar.⁵ Die Erfassung von vollständigen Genomsequenzen beliebiger Lebewesen stellt heute also in der Regel kein größeres Problem dar. Viel schwieriger ist es aber, die Anordnung von Genen zu bestimmen und deren Funktion zu identifizieren. Dabei muss zwischen Protein-kodierenden und lediglich RNA-kodierenden Genen unterschieden werden. Auch stellt die

⁴ Siehe Lederberg/McCray 2001. Die rasante Verbreitung der „Omics“-Begrifflichkeit wird mittlerweile auch kritisch gesehen (siehe Hotz 2012). Inzwischen differenzieren sich zahlreiche neue Omics-Gebiete heraus, die beispielweise die Modifizierung der Genexpression durch Methylierungen (Epigenomics), die Wechselwirkungen von Biomolekülen in der Zelle (Interactomics), die den Menschen besiedelnden Mikroorganismengemeinschaften (Microbiomics) oder die Abhängigkeit der Wirksamkeit von Medikamenten von der genetischen Ausstattung der Patienten (Pharmacogenomics) untersuchen.

⁵ Siehe www.genome.gov/sequencingcosts/ (letzter Zugriff am 23. Juni 2014). Es wird erwartet, dass die Kosten unter 1000 US-Dollar sinken werden, siehe auch die Ankündigung von Illumina (www.bio-itworld.com/2014/1/14/illumina-announces-thousand-dollar-genome.html; letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

Omics in der Medizin: maßgeschneiderte Diagnostika und Therapien

Umfassende molekulargenetische Analysen spielen schon heute bei der Diagnostik und Behandlung genetisch bedingter Erbkrankheiten, in der Onkologie und bei der Behandlung viraler Erkrankungen wie HIV oder HPV¹ eine entscheidende Rolle. Auch Omics-Technologien wie die Transcriptomics halten bereits Einzug in den klinischen Alltag. Aufgrund sinkender Kosten der Gesamt-Genom-Sequenzierung wird erwartet, dass die Omics-Technologien in der Medizin bald sehr breit eingesetzt werden, insbesondere für Diagnostik und Prädiktion. Durch den Vergleich von Proben gesunder und erkrankter Personen wird in klinischen Forschungsarbeiten die Identifizierung und Entwicklung sogenannter molekularer Biomarker angestrebt. Hierfür sind die exakte Definition von Patientenkollektiven durch eine präzise, reproduzierbare Erhebung des Phänotyps und der Zugang zu einer großen Zahl entsprechender Patientenproben erforderlich. Die Biomarker sollen als objektive Messgrößen zur Beschreibung normaler sowie pathologischer biologischer Prozesse der gezielten Therapiewahl dienen und auch in klinischen Studien eingesetzt werden. In genomweiten Assoziationsstudien werden seit einigen Jahren mittels DNA-Microarray-Technologie statistische Korrelationen zwischen genetischen und phänotypischen krankheitsbezogenen Daten gesucht. Man erhofft dadurch für Krankheiten zunehmend molekulare Ursachen definieren zu können. Dies eröffnet maßgeschneiderte Präventions-, Diagnostik- und Behandlungsverfahren mit hoher Wirksamkeit bei gleichzeitig minimierten Nebenwirkungen, eine Entwicklung, die als „Personalisierte“ oder auch „Individualisierte Medizin“ bezeichnet wird.²

¹ HIV steht für Humanes Immundefizienz-Virus, HPV für Humanes Papillom-Virus.

² Zurzeit erarbeitet eine Akademiengruppe unter Federführung der Leopoldina eine Stellungnahme zu diesem Thema.

Identifizierung von mit der Genregulation assoziierten Sequenzmustern ein vielfach noch ungelöstes Problem dar. Die Analyse von Genomsequenzen erfolgt mithilfe bioinformatischer Methoden. Kleinere mikrobielle Genome können mit ausgefeilten Programmpaketen bereits weitgehend automatisch in wenigen Stunden annotiert, d.h. ausgewertet werden. Sehr viel aufwendiger ist hingegen die Analyse von Genomsequenzen hoch entwickelter Lebewesen wie Pflanzen, Tiere und Menschen.

Transcriptomics

Mithilfe der Transcriptomics wird die Gesamtheit aller Transkripte (Transkriptom) eines definierten Zelltyps zu einem bestimmten Zeitpunkt analysiert. Transkripte sind Ribonukleinsäuren (RNA), die bei der Umschreibung (Transkripti-

on) von Genen entstehen und damit deren Aktivitätszustand widerspiegeln. Das Transkriptom ist hochgradig dynamisch und hängt stark von Umweltfaktoren ab, die auf den jeweiligen Zelltyp einwirken. Eine der Hauptaufgaben von Transcriptomics ist die Aufklärung der Genregulation, also die Erarbeitung der molekularen Regulationsmechanismen, die die Aktivität von Genen steuern. Neben einer Protein-abhängigen Genregulation spielt auch die Genregulation mittels kleiner RNA-Moleküle eine bedeutende Rolle. Bis vor Kurzem wurden Transkripte fast ausschließlich mittels DNA-Mikroarray-Technologie erfasst. Bei dieser Technik erfolgt der spezifische Einzelnachweis unterschiedlicher RNA-Moleküle auf engstem Raum (Chips) mittels sequenzspezifischer Erkennung. In jüngster Zeit gewinnt die RNA-Sequenzie-

nung (RNA-Seq) mehr und mehr an Bedeutung, da mit dieser Technik die Identität und Menge an vorhandenen RNA-Molekülen sehr präzise erfasst sowie neue funktionelle RNA-Klassen identifiziert werden können. Mittels RNA-Seq ist man inzwischen in der Lage, das Transkriptom von Einzelzellen, aber auch das Metatranskriptom komplexer mikrobieller Gemeinschaften zu analysieren.

Eine weitere Art der Genregulation ergibt sich aus epigenomischen Veränderungen. Die Epigenomics untersuchen Unterschiede in der Genexpression, die durch Regulationsmechanismen hervorgerufen werden, die nicht in der eigentlichen DNA-Sequenz liegen. Diese „Programmierung“ der Gene wird durch chemische Modifikationen der DNA selbst (z.B. Methylierung von Cytosin) oder von DNA-bindenden Proteinen bestimmt. Dies eröffnet neue Analyseebenen für die funktionelle Genomforschung. Man erhofft sich dabei u.a. einen neuen Zugang zum Verständnis komplexer Erkrankungen.

Proteomics

Mittels Proteomics wird die Gesamtheit aller Proteine (Proteom) eines Zelltyps zu einem bestimmten Zeitpunkt erfasst. Während das Genom eines Organismus relativ stabil ist, ist das Proteom analog dem Transkriptom hochgradig dynamisch. Den Prozess von der Bereitstellung der Proteine bis hin zur Organisation des fragilen Proteinsupernetzwerks in seiner Struktur, Dynamik und Funktion vollständig zu verstehen, dürfte eine der größten Herausforderungen der molekularen Zellbiologie der kommenden Jahre sein.

Für den enormen Fortschritt der Proteomanalyse in den vergangenen 15 Jahren sind insbesondere zwei Meilensteine zu nennen. Zum einen gelang die Entwicklung hochsensitiver Techniken der Massenspektrometrie, insbesondere die Möglichkeit, mit milden Ionisierungsmethoden Peptide (definierte Proteinfragmente) in die Gasphase zu überführen, um anschließend ihre Molekülmasse exakt zu bestimmen. Zum anderen legten die voll-

Omics in der Biotechnologie:

Entwicklung von maßgeschneiderten bakteriellen Produktionsstämmen

In der Biotechnologie wird das Synthesepotenzial von Mikroorganismen zur Produktion von nützlichen organischen Verbindungen eingesetzt. So produziert *Corynebacterium glutamicum* in großen Mengen die Aminosäure Lysin, die als Futtermittelzusatz verwendet wird. *Xanthomonas campestris* liefert das Verdickungsmittel Xanthan, das bei der Herstellung von Kosmetika, Pharmazeutika und Nahrungsmitteln breite Anwendung findet. *Actinomyceten* produzieren eine Vielzahl von medizinisch wirksamen Substanzen, z. B. Acarbose, ein Wirkstoff, der zur Therapie von Diabetes mellitus Typ 2 eingesetzt wird. Für die Qualität und Wirtschaftlichkeit des Produktionsprozesses sind optimierte Produktionsstämme von großer Bedeutung, die jeweils das gewünschte Produkt bevorzugt in großen Mengen synthetisieren. Produktionsstämme wurden bis vor einigen Jahren ausschließlich über ein Verfahren entwickelt, das auf Mutation und Selektion beruhte. Mittels Omics-Technologien können nun zelluläre Biosynthesevorgänge detailliert analysiert werden, sodass eine gezielte Stammentwicklung möglich wird, bei der Schritte des Biosynthesevorgangs rational optimiert werden. Dieses Verfahren ist unter dem Begriff *metabolic engineering* bekannt. Dieses Feld entwickelt sich derzeit rasant auf der Grundlage einer genombasierten Systembiologie und wird in Zukunft zunehmend durch den Einsatz synthetischer Genbausteine geprägt sein.

Omics in der Pflanzenforschung: Metabolomics für robuste und ertragreiche Pflanzen

Pflanzen enthalten zum einen Primärmetabolite (z. B. Stärke oder Aminosäuren), die erforderlich für Entwicklung und Fortpflanzung sind, und zum anderen Sekundärmetabolite (z. B. Menthol oder Nikotin), die essenziell für Anpassungsprozesse an variable Umweltbedingungen oder die Abwehr von Krankheitserregern und Fressfeinden sind. Sekundärmetabolite unterliegen einer enormen strukturellen und funktionellen Vielfalt. Schätzungen gehen von 4000 bis 20 000 unterschiedlichen Metaboliten pro Pflanzenart aus, und die über 100 000 bisher bekannten pflanzlichen Sekundärmetaboliten stellen wahrscheinlich nur einen Bruchteil der Gesamtzahl dar. Oft sind die Synthesewege dieser Stoffe sowie deren zelluläre Anordnung und zeitliche Erscheinungsmuster sehr komplex. Omics-basierte Forschung hilft bei der Identifizierung beteiligter Gene und Enzyme, um Stoffwechselkarten der Pflanzen zu erstellen. Es wird auch versucht, mithilfe von Omics-Technologien neue Metabolite zu finden und die Interaktion von Nutzpflanzen mit ihrer Umwelt besser zu verstehen. Metabolomanalysen ermöglichen z. B. mittels sogenannter metabolischer Marker die detaillierte Charakterisierung des Erscheinungsbilds (Phänotyps) von gezüchteten oder natürlich vorkommenden Varianten einer Pflanzenart, auf deren Grundlage eine fundierte Auswahl für die weitere Züchtung getroffen werden kann, um z. B. Kartoffelpflanzen widerstandsfähiger gegen Krankheitserreger und abiotische Stressfaktoren wie Trockenheit zu machen oder ihren Nährstoffgehalt zu steigern.

ständige Sequenzierung von Genomen und daraus abgeleitete Aminosäuresequenzen der Proteine die Basis für eine eindeutige Korrelation von Genen und Proteinen. Mittels Massenspektrometrie ist es heute möglich, die Mehrzahl der in einer Bakterien- oder Hefezelle gebildeten Proteine nicht nur zu identifizieren, sondern auch zu quantifizieren. Die ca. 23 000 Proteinkodierenden Gene des Menschen werden in den unterschiedlichen Zelltypen bedarfsabhängig durch Mechanismen wie alternatives Spleißen, Prozessierung und posttranslationale chemische Modifikationen in möglicherweise mehr als eine Million funktionell unterschiedlicher Proteine übersetzt. Deren Erfassung ist derzeit noch nicht umfassend möglich. Aktuelle Arbeiten beschäftigen sich auch mit Methoden zur Etablierung der Proteinausstattung ganzer Organismengemeinschaften (Metaproteom). Von den Ergebnissen der Metaproteomics erhofft man sich u.a. völlig neue Impulse bei der Beantwortung ökologischer oder medizinischer Fragestellungen. Durch große Fortschritte in der Ent-

wicklung hochsensitiver und spezifischer bildgebender Verfahren und ihrer Automatisierung ist die molekulare Bildgebung, mit der Quantität und Position bestimmter Moleküle (insbesondere Proteine) in lebenden Zellen oder Geweben visualisiert und lokalisiert werden können, ein unverzichtbares Element Omics-getriebener Forschung geworden.

Metabolomics

Metabolomics ermöglichen die umfassende quantitative und qualitative Analyse aller Metabolite (Metabolom) eines definierten Zelltyps oder einer Gewebeprobe. Wegen der biochemischen Vielfalt von Zuckern, Fettsäuren, Aminosäuren, Alkoholen usw. und der teils sehr unterschiedlichen Konzentrationen dieser Metaboliten in biologischen Proben sind metabolische Analysen prinzipiell mit hohen bioanalytischen Herausforderungen verknüpft. Dies liegt u.a. auch daran, dass unterschiedliche Methoden zur Detektion, Quantifizierung und Strukturidentifizierung erforderlich sind. Vorwiegend kommen Massenspekt-

rometrie und Kernresonanzspektroskopie (NMR) zum Einsatz. Die Entwicklung zunehmend sensitiver Massenspektrometer und ihre Kopplung mit Gas- oder Flüssigchromatographie haben in den vergangenen Jahren zur signifikanten Weiterentwicklung der Metabolomics geführt. Auch wurden völlig neue bioinformatische Methoden und Datenbanken zur Datenanalyse und -interpretation sowie zur Verknüpfung von Genom-, Transkriptom- und Proteomdaten für systembiologische Ansätze entwickelt. Die größten Herausforderungen auf dem Gebiet der Metabolomics liegen derzeit in der präzisen Identifizierung der jeweils gemessenen Stoffe, der Erfassung metabolischer Flüsse, der Qualitätskontrolle und der Standardisierung von Methoden und Messparametern.

3 Bisherige Förderung der neuen Entwicklungen in den Lebenswissenschaften

3.1 Omics-Technologien und Systembiologie

Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) hat seit Mitte der 1990er-Jahre einen erheblichen Einsatz zum Aufbau von Omics-basierten und systembiologischen Projekten wie Einrichtungen geleistet. Die bisherigen Fördermaßnahmen haben zu einem deutlichen Fortschritt in der deutschen Omics-basierten Forschung und Systembiologie geführt. Die Förderung fand vor allem im Rahmen folgender Projekte statt: das Deutsche Humangenomprojekt (DHGP, 1996–2002), Neue Verfahren für die funktionelle Proteomanalyse (2000–2006), das Nationale Humangenomforschungsnetz (NGFN, 2001–2013), Genomforschung an Mikroorganismen (GENOMIK, 1999–2012), das Pflanzengenomforschungsprogramm (GABI, 1999–2012) und das Tiergenomforschungsprogramm (FUGATO, 2000–2012). Im Rahmen des NGFN wurde das Deutsche Ressourcenzentrum für Genomforschung (RZPD) aufgebaut, welches von 2000 bis 2007 bestand, aber nach Auslaufen der Förderung aufgelöst wurde.⁶ Von 2004 bis 2018 fördert das BMBF insbesondere die Systembiologie, ab 2012 mit gezielten Weiterentwicklungen in den Bereichen Systemmedizin und System-Biotechnologie. Neben nationalen Fördermaßnahmen (z.B. SysMO, MedSys, CancerSys, GeronSys, FORSYS) beteiligt sich das BMBF auch an europäischen (ERASysAPP – ERA-Net Systems Biology Applica-

tions)⁷ und internationalen (z.B. INREMOS im Biotechnologiebereich) Initiativen. Das BMBF hat seit Mitte der 1990er Jahre ca. 1,5 Milliarden Euro in deutsche Forschungsförderprogramme im Bereich der Genomforschung und Systembiologie investiert.⁸ 2012 startete das BMBF das bis 2017 mit 20 Millionen Euro geförderte Deutsche Epigenom Programm (DEEP), das die deutsche Beteiligung am International Human Epigenome Consortium (IHEC) bildet.

Die Genomics sind insbesondere dank dieser BMBF-Initiativen in Deutschland sehr gut entwickelt, allerdings enthalten die BMBF-geförderten Projekte keine finanzielle Grundsicherung und laufen mit Ende der Förderperiode aus, ohne dass z.B. für die aufgebauten Infrastrukturen nachhaltige Finanzierungsstrategien oder eine Integration in bestehende Strukturen sichergestellt sind. Die Sitzländer der jeweiligen universitären Einrichtungen sind selten in der Lage, die finanzielle Grundsicherung zu übernehmen. Das Auslaufen mehrerer nationaler BMBF-geförderter Programme in den Jahren 2012 bzw. 2013 wirft die dringliche Frage auf, wie eine Fortführung der kostenintensiven Technologien für die Omics-Forschung und Systembiologie in Zukunft gewährleistet und vor allem nach Wegbrechen der Finanzierung ein Kollaps der durch das BMBF aufgebauten Strukturen verhindert werden kann.

⁶ Die Arbeit des als gemeinnützige GmbH gegründeten RZPD wurde im Anschluss von zwei privaten Unternehmen, der Imagenes GmbH und der ATLAS Biolabs GmbH, weitergeführt.

⁷ ERASysAPP ist das Nachfolgeprogramm zu den ERANetzen ERASysBIO und ERASysBIO+ (siehe BMBF 2013a).

⁸ Mitteilung des BMBF (Januar 2014).

Bund und Länder fördern die Omics-Technologien und Systembiologie auch mittelbar über die von ihnen gemeinsam grundfinanzierten außeruniversitären Forschungsorganisationen. Die programmorientierte Helmholtz-Gemeinschaft Deutscher Forschungszentren (HGF) besitzt national und international bedeutende Infrastrukturen für Omics-Technologien wie z.B. am Deutschen Krebsforschungszentrum Heidelberg (DKFZ), am Helmholtz Zentrum München – Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (HMGU) oder am Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC). Die HGF hat eine Helmholtz-Allianz *Systembiologie* gegründet, an der universitäre und außeruniversitäre Einrichtungen beteiligt sind. Das Berlin Institute for Medical Systems Biology (BIMSB) widmet sich vollständig diesem Forschungsansatz. Des Weiteren erfolgt in den Deutschen Zentren für Gesundheitsforschung eine deutschlandweite Zusammenarbeit mit der Universitätsmedizin, in der auch bioinformatisch unterstützte Omics-Technologien und systembiologische Ansätze zur Anwendung kommen. In der programmorientierten Förderung gibt es zudem eine Querschnittsinitiative *Personalisierte Medizin* mit gemeinsamer Nutzung von Technologie-Plattformen, einer IT- und Systemmedizin-Plattform und gemeinsamen Ausbildungsaktivitäten. Die Omics-spezifischen Förderstrategien der HGF bestehen in der Stärkung von Kollaborationen, vor allem mit universitären Partnern, der Nachwuchsförderung und der Sicherstellung von Infrastrukturen.

Die Max-Planck-Gesellschaft (MPG) fördert die Entwicklung und Anwendung von Omics sowohl in einzelnen Abteilungen (z.B. Abteilung Proteomics and Signal Transduction am Max-Planck-Institut für Biochemie), in ganzen Max-Planck-Instituten (z.B. Max-Planck-Institut für molekulare Genetik) als auch in zentralen Sequenzierereinrichtungen (z.B. in Berlin und Köln), die von mehreren Max-Planck-In-

stituten genutzt werden. Allerdings erlaubt die Ausrichtung auf eine flexible und freie Grundlagenforschung nicht, innerhalb der MPG über den Eigenbedarf hinaus für die universitäre Forschung in Deutschland nachhaltig Omics-Strukturen aufzubauen und zugänglich zu machen.

Die Forschungsinfrastrukturen und forschungsbasierten Dienstleistungen der Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz (WGL) sind eng verbunden mit Universitätsstandorten. Die Mehrzahl der Einrichtungen nutzen Omics-Technologien, die Systembiologie spielt in den Forschungsverbänden Biodiversität, Nachhaltige Lebensmittelerzeugung und gesunde Ernährung, Gesundes Altern, Interdisziplinäre Wirkstoffforschung und Biotechnologie eine Rolle. An einigen Standorten (z.B. Jena, Braunschweig) gibt es bereits heute eine gemeinsame Nutzung von Omics-Technologien an Leibniz-Einrichtungen und benachbarten Universitäten. Eine Nutzung für universitäre Forschung und Lehre ist im Rahmen von Forschungsverbänden, Wissenschaftscampi und Kooperationen möglich.

Auch die Fraunhofer-Gesellschaft (FhG) ist in den Bereichen Omics-Technologien und Systembiologie aktiv. Im Rahmen des Fraunhofer-Verbunds *Life Sciences* wird z.B. die Medizinische Translationsforschung und Biomedizintechnik gefördert. Wie auch bei anderen außeruniversitären Einrichtungen ist ein Zugang für externe Forscherinnen und Forscher zu den Infrastrukturen vorrangig über Projektkooperationen möglich. Diese bestehen derzeit u.a. in den Bereichen Systembiologie, Onkologie, Immunologie, Biochemie, Mikrobiologie und Bioinformatik.

Der Entwicklungsstand von Omics und Systembiologie an den deutschen Universitäten ist weitaus schwieriger zu erfassen. Die Infrastruktur für Omics-basierte Genomforschung und Systembiologie wurde hier weitgehend aus Dritt-

mitteln (BMBF, DFG, EU u. a.) aufgebaut, wenn auch die Länder diesen Prozess direkt an einigen Universitäten oder indirekt durch Einbeziehung der Universitäten in vorhandene Infrastrukturen fördern. So gibt es in Bayern das Bayerische Genomforschungsnetzwerk (BayGene) und das Bayerische Forschungsnetzwerk für Molekulare Biosysteme (BioSysNet). Die Universitäten können bei vorhandenen Mitteln und entsprechender Profilbildung selbst die Schwerpunktsetzung in diesen Bereichen vorantreiben. Die Ludwig-Maximilians-Universität verfügt über ein Gene Center, an der Technischen Universität München wurde das Bavarian Biomolecular Mass Spectrometry Center (BayBioMS) aufgebaut. Das Land Nordrhein-Westfalen fördert an der Universität Bielefeld das Centrum für Biotechnologie (CeBiTec), das eine Plattform für Omics-Technologien betreibt. In Baden-Württemberg wurde aus den Mitteln der Landesstiftung Baden-Württemberg und der beteiligten Universitäten das Zentrum für Biosystemanalyse (ZBSA) in Freiburg und das Zentrum für quantitative Biologie (Bioquant) in Heidelberg eingerichtet. In Kiel verfügt die medizinische Fakultät über eine große technologische Plattform für Genomics und Systembiologie im klinischen Kontext. Die Universität Göttingen hat das Göttingen Genomics Laboratory gegründet. Die Länder Niedersachsen und Mecklenburg-Vorpommern sind am Norddeutschen Zentrum für Mikrobielle Genomforschung (NZMG) beteiligt, einem von Göttingen und Greifswald initiierten Netzwerk aus verteilten Infrastrukturen, in dem universitäre und außeruniversitäre Einrichtungen (WGL, HGF) alle für Mikroorganismen relevanten Omics-Technologien in Deutschland zur Verfügung stellen sowie gemeinsame Aktivitäten in Forschung und Ausbildung planen und bereits ansatzweise durchführen.

Die gemeinsame Förderung der Omics-Technologien und Systembiologie an Universitäten durch Bund und Länder

erfolgt auch über die DFG. Die größte deutsche Förderorganisation für Forschung an Universitäten verfolgt allerdings bislang keine eigene Strategie für die gezielte Förderung der Omics-Technologien und Systembiologie an Universitäten. Gefördert wurde bislang in Exzellenzclustern, in Sonderforschungsbereichen, im Rahmen von Großgeräteinitiativen und in der Graduiertenausbildung, so z. B. die Graduiertenschule *Quantitative Biowissenschaften* in München oder das Graduiertenkolleg *Computergestützte Systembiologie* in Berlin. Die Förderprogramme der DFG (z. B. Großgeräteinitiative) begünstigen eine dezentrale Infrastruktur mit relativ vielen Standorten. Die DFG unterstützt auch die Einrichtung von Gerätezentren (*core facilities*), deren Öffnung für die externe Mitbenutzung sich in der Praxis oft als schwierig erweist. Ein weiteres Problem ist, dass die Universitäten teilweise nicht in der Lage sind, den Unterhalt einer Forschungsinfrastruktur zu finanzieren, weil die Kosten für den laufenden Betrieb und die Wartung die Kosten der Anschaffung auf Dauer bei Weitem übersteigen können. Damit sind bisher nur wenige Universitäten in der Lage, langfristig größere Omics-Strukturen aufzubauen und zu unterhalten.

3.2 Bioinformatik

Alle Omics-Verfahren bzw. die Auswertung von deren Ergebnissen sind auf starke und kompetente bioinformatische Unterstützung angewiesen. Die Bioinformatik in Deutschland wurde in den 1990er Jahren gezielt gefördert, um sie wettbewerbsfähig zu machen und auf die neuen Omics-getriebenen Forschungsbereiche auszurichten. Das BMBF förderte von 1993–1997 die *Molekulare Bioinformatik* und von 1999–2005 lief das DFG-Schwerpunktprogramm *Informatikmethoden zur Analyse und Interpretation großer genomischer Datenmengen*. Eine DFG-Initiative zur Bioinformatik (2000–2006) hat zum Aufbau ver-

schiedener bioinformatischer Standorte in Bielefeld, München, Leipzig, Saarbrücken und Tübingen beigetragen. Dafür gab es für fünf Jahre insgesamt 25 Millionen Euro an Fördergeldern. Parallel wurden von 2001–2006 sechs Bioinformatik-Zentren durch das BMBF gefördert.⁹ Das BMBF förderte auch ein Helmholtz-Netzwerk für Bioinformatik. Die HGF investiert nun selbstständig weiter in den Bereich Bioinformatik und versucht z.B. am HMGU eine gemeinsame Plattform zur Datenintegration zu schaffen.

Auch die anderen außeruniversitären Einrichtungen sind im Aufbau bioinformatischer Support-Strukturen oder der Erforschung bioinformatischer Probleme engagiert. Das Max-Planck-Institut für Informatik in Saarbrücken besitzt ein Department für Computational Biology and Applied Algorithmics, das Fraunhofer-Institut für Angewandte Informationstechnik (FIT) hat einen Schwerpunkt in der Life Science Informatik. Auf einer allgemeineren Ebene ist das Institut für Informationsinfrastruktur (FIZ) der Leibniz-Gemeinschaft relevant. Es beschäftigt sich allgemein mit dem Aufbau von Informationsinfrastrukturen, was auch den langfristigen Umgang mit großen Mengen an Forschungsdaten in Deutschland einschließt. Unter Federführung der Leibniz-Gemeinschaft, genauer des FIZ, hat im Jahr 2011 die Kommission Zukunft der Informationsinfrastruktur ein *Gesamtkonzept für die Informationsinfrastruktur in Deutschland* erstellt. Aus dieser Studie geht hervor, „dass verschiedene Wissenschaftsorganisationen wie einzelne Leibniz-Institute oder Max-Planck-Institute sowie Helmholtz-Zentren jeweils angetrieben aus unterschiedlichen Fachdisziplinen Datenzentren für ihre Daten aufgebaut haben. Allerdings kann zurzeit nicht davon ausgegangen werden, dass zum Beispiel Daten aus universitärer Forschung in diesen Datenzentren ebenfalls gesichert und

langfristig verfügbar gemacht werden. Daher wäre es ein wichtiger qualitativer Schritt, wenn die GWK diese Einrichtungen darum bitten und mit den entsprechenden Ressourcen ausstatten würde, um die Aufgabe der Datensicherung im nationalen Maßstab wahrzunehmen.“¹⁰ Diese Ausführungen zeigen, dass es derzeit kein deutschlandweit funktionierendes, koordiniertes Datensicherungskonzept gibt.

International renommierte Zentren wie das Joint Genome Institute (JGI)¹¹ und das Broad Institute¹² in den USA, das European Bioinformatics Institute (EBI) in Großbritannien¹³ oder das Beijing Genomics Institute (BGI) in China¹⁴ sind weltweit sichtbare Zentren für die Generierung, Sammlung und bioinformatisch gestützte Auswertung von Omics-Daten. Deutschland hat hier kaum etwas Vergleichbares zu bieten.

Das Science for Life Laboratory in Schweden ist die nationale Forschungseinrichtung für groß angelegte Forschung in Molekularbiologie und Bioinformatik. Die schwedische Wallenberg-Stiftung hat 25 Millionen Euro für das Zentrum bereitgestellt.¹⁵ In Großbritannien werden in den Aufbau eines zentralen Datenzentrums in Oxford ca. 30 Millionen Pfund investiert.¹⁶ In der Schweiz wurde das Swiss Institute of Bioinformatics (SIB) aufgebaut, das de-

¹⁰ Kommission Zukunft der Informationsinfrastruktur 2011, S. 65. GWK steht für die Gemeinsame Wissenschaftskonferenz.

¹¹ Das Joint Genome Institute verfügte in den Jahren 2011 und 2012 über einen Haushalt von ca. 69 Millionen US-Dollar (siehe U.S. Department of Energy – Joint Genome Institute 2011, 2012a).

¹² Das Broad Institute wird gemeinsam von der Universität Harvard und dem Massachusetts Institute of Technology betrieben.

¹³ Für den Aufbau des ELIXIR-Hubs und Knotens werden 117 Millionen Euro investiert, 90 Millionen Euro stammen vom Department for Business, Innovations and Skills' Large Facilities Capital Fund (LFCF) (siehe EMBL-EBI 2012, S. xviii).

¹⁴ Das BGI ist eines der weltweit größten Sequenzierzentren (siehe Ropers 2013). Zahlen zur Finanzierung sind nicht öffentlich zugänglich.

¹⁵ Siehe Karolinska Institutet 2012.

¹⁶ Siehe Gibney 2013.

⁹ Siehe Lengauer 2008, S. 224.

zentral an den Universitäten angesiedelte Forschergruppen mit einem zentralen Management verbindet und Unterstützung für Infrastrukturen und spezialisiertes Personal bietet. Es verfügt auch über Datenzentren wie das Vital-IT-Center in Lausanne, das die Datenauswertung für mehrere Universitäten durchführt. Das SIB wird zu mehr als einem Drittel über Bundesmittel dauerhaft finanziert.

Dagegen wurde seit der letzten Förderinitiative im Jahr 2005 die Bioinformatik in Deutschland nicht gezielt gefördert bzw. den neuen Entwicklungen angepasst. Lokale und nationale Ressourcen zur Förderung einer bioinformatischen Infrastruktur sind in der Regel nicht langfristig angelegt.¹⁷ Die 2013 veröffentlichten BMBF-Initiativen zu Big Data und der Aufruf zum Aufbau eines Deutschen Netzwerks für Bioinformatik-Infrastruktur gehen zwar in die richtige Richtung, doch muss sichergestellt werden, dass das Budget ausreichend ist, um den bestehenden unmittelbaren Bedarf in Deutschland zu decken und Nachhaltigkeit zu erreichen.¹⁸

3.3 Fazit

Auf Bundesebene und in einer Reihe von Ländern hat es bereits eine signifikante Förderung der Omics-Technologien, der Systembiologie und der Bioinformatik gegeben und teilweise besteht diese auch weiterhin. Aufgrund der getätigten Investitionen nimmt die deutsche Genomforschung

im europäischen Vergleich mittlerweile auf einigen Gebieten (z.B. Krebsforschung, Mikrobiologie, Pflanzenforschung) eine Spitzenposition ein. Allerdings sind die hierfür maßgeblichen Förderprogramme des BMBF oder der Exzellenzinitiative ausgelaufen bzw. werden auslaufen, ohne dass nachhaltige Folgekonzepte zur Integration in bestehende Strukturen oder neu aufgelegte Finanzierungsmodalitäten unter Bundesbeteiligung erkennbar sind. Die vorhandenen Einrichtungen der außeruniversitären Forschungsorganisationen sind in der Regel untereinander nicht vernetzt und nur teilweise für externe Nutzerinnen und Nutzer im Rahmen von spezifischen Projektkooperationen zugänglich. Die Position der Universitäten ist in diesen technologieintensiven und sich sehr schnell entwickelnden Forschungsbereichen nur in Ausnahmefällen als international konkurrenzfähig zu bezeichnen. Die Nachhaltigkeit der Forschungsinfrastrukturen ist für Universitäten nur in geringem Maße gesichert, während die außeruniversitären Institutionen unabhängig voneinander Strategien für die Nutzung der Omics-Technologien und den Aufbau bioinformatischer Strukturen entwickeln. Für die Schieflage im deutschen Wissenschaftssystem ist symptomatisch, dass im 2005 veröffentlichten ersten *Gentechnologiebericht* der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften als die fünf leistungsfähigsten Genomforschungszentren, die den Kern des Nationalen Genomforschungsnetzwerks bildeten, nur außeruniversitäre Einrichtungen benannt wurden: vier Institute der Helmholtz-Gemeinschaft (DKFZ, HZI, HMGU, MDC) und ein Institut der Max-Planck-Gesellschaft (MPIMG).¹⁹ Dies verdeutlicht, dass überwiegend außeruniversitäre Einrichtungen aufgrund der grundgesetzlich zulässigen institutionellen Förderung durch den Bund die Voraussetzungen besitzen, in diesem Netzwerk eine prominente Rolle einzunehmen.

¹⁷ 2012 hat bereits der Forschungs- und Technologierat Bioökonomie die gegenwärtigen *Anforderungen an eine Bioinformatik-Infrastruktur in Deutschland zur Durchführung von bioökonomie-relevanter Forschung* dargelegt (siehe BioÖkonomieRat 2012).

¹⁸ Dieses vom BMBF finanzierte Netzwerk soll aus sechs Leistungszentren bestehen und von einer Koordinationsseinheit geleitet werden, welche sich aus Vertretern der Leistungszentren zusammensetzt. Die Koordinationsseinheit hat dabei die Aufgabe, Forschungsinfrastrukturen an Universitäten zu entwickeln, den Zugang zu den Zentren zu regeln, eine interdisziplinäre Ausbildung auf den Weg zu bringen, die Wirtschaft mit einzubeziehen und für eine Anbindung an bestehende nationale und internationale Organisationen zu sorgen. In einem Zeitraum von fünf Jahren sollen ca. 22 Millionen Euro auf die beteiligten Leistungszentren verteilt werden (siehe BMBF 2013b).

¹⁹ Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften (BBAW) (2005).

4 Strukturelle Herausforderungen in der Organisation der Lebenswissenschaften

4.1 Forschungsinfrastrukturen an Universitäten

Das deutsche Wissenschaftssystem weist eine starke Differenzierung auf: Es ist unterteilt in Hochschulen, außeruniversitäre Forschungseinrichtungen und Forschungsförderorganisationen. Bund und Länder fördern gemeinsam die großen außeruniversitären Einrichtungen wie z.B. die Max-Planck-Gesellschaft (MPG), die Fraunhofer-Gesellschaft (FhG), die Helmholtz-Gemeinschaft (HGF) und die Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz (WGL). Mit Bundesgeldern können derzeit keine dauerhaften Institutionen an Hochschulen eingerichtet werden, da dies grundgesetzlich nicht zulässig ist (Art. 91b GG). Dabei vergrößert sich allmählich der technologische Abstand zwischen Universitäten und außeruniversitären Forschungseinrichtungen, weil die Länder häufig nicht die Mittel haben, um für eine ausreichende Grundfinanzierung der Universitäten zu sorgen. Infolgedessen haben die Universitäten massive Probleme, Lehre, Forschung und Infrastruktur angemessen zu finanzieren.²⁰ Damit sind viele Bundesländer mit einer nachhaltigen Finanzierung von Infrastrukturen zur Nutzung der Omics-Technologien überfordert.

Die Infrastrukturfinanzierung über Drittmittelprojekte der DFG, des BMBF oder der EU hat den gravierenden Nachteil, keine nachhaltige Förderung zu sein. Großgeräte werden fast ausschließlich durch Drittmittel in zeitlich befristeten Forschungsprojekten erworben, ohne dass

Betriebskosten in nennenswertem Umfang übernommen werden. Da die Pauschalen für administrative Kosten (Overhead) in der Regel nicht vollständig den Projekten zugeführt, sondern mehr oder weniger für projektfremde Zwecke eingesetzt werden, ist es auch über diese Mittel normalerweise nicht möglich, neu entwickelte Nachfolgegeräte in größerem Umfang anzuschaffen und zu unterhalten. Das Infrastrukturproblem an den Universitäten besteht somit weiter.

4.2 Breiter Zugang zu Omics-Technologien für Universitäten

Universitäten übernehmen die Aufgabe der Ausbildung von Studierenden in einem umfassenden Sinne: vom Bachelor über den Master bis hin zum Doktorat. Ohne den Zugang zu den neuen Technologien ist jedoch keine zeitgemäße grundlegende Ausbildung in den modernen Lebenswissenschaften möglich. Im Ergebnis erlangen sehr viele Bachelor- und Master-Absolventinnen und -Absolventen keine oder nur unzureichende Kenntnisse der Omics-Technologien und Bioinformatik. Wie können zudem vor allem kleine Forschergruppen, deren Universitäten nicht über ausreichend Omics-Infrastrukturen verfügen und auch mittelfristig nicht imstande sind, diese aufzubauen, Zugang zu bestehenden Infrastrukturen erlangen? Bislang erfolgt der Zugang zu solchen Einrichtungen überwiegend auf der Basis von spezifischen Projektkooperationen. Höchst problematisch an dieser Situation ist, dass universitäre Forscherinnen und Forscher mit innovativen Vorhaben darauf angewiesen sind, geeignete oder interes-

²⁰ Siehe das Leopoldina-Diskussionspapier zur Zukunftsfähigkeit des deutschen Wissenschaftssystems (Leopoldina 2013).

sierte Kooperationspartner an außeruniversitären Institutionen zu finden. Dies ist nicht immer möglich, denn gerade im Rahmen der Programmforschung findet die Einzelforschung selten einen Platz. Diese Verhältnisse behindern insbesondere die breite lebenswissenschaftliche Grundlagenforschung an den Universitäten, bei der die mitunter vielseitigen Möglichkeiten einer zukünftigen Anwendung in den seltensten Fällen von Anfang an absehbar sind.

4.3 Aufbau einer starken IT-Infrastruktur und Bioinformatik

Die Bioinformatik ist gegenwärtig eine der größten Herausforderungen für den Ausbau der Omics-Forschung. Forschung auf Grundlage von Omics-Daten benötigt ausreichend bioinformatische Kapazitäten und neue Methoden zur Auswertung der Daten und Vernetzung. Ein grundsätzliches Defizit liegt bereits in nicht ausreichend vorhandenen Speicher-, Analyse- und Transferkapazitäten für die Daten. Lokal erzeugte Rohdaten sind für die vollständige Übertragung im globalen Netzwerk oft zu groß. Die meist an verschiedenen Orten abgelegten Daten und daraus entstandene Wissensmodelle müssen jedoch miteinander verknüpft werden. Es gibt eine Vielzahl unterschiedlich organisierter Datenbanken: Primärdaten, annotierte Daten, themenspezifische Erhebungen etc. Hinzu kommt, dass die Softwareentwicklung zur Auswertung der Daten meist hinter den Fragestellungen und der Technikentwicklung zurückbleibt und die zahlreichen unabhängig voneinander entstandenen Software-Lösungen zur Datenverarbeitung die Vergleichbarkeit der Daten erschweren. Die Vernetzung von Standorten ist zurzeit nicht ausreichend gewährleistet, um von vielerorts erfolgenden Entwicklungen (z.B. Softwareentwicklungen, Datenbankaufbau) zu profitieren. Die gemeinsame Koordinierung und Technologieverbreitung ist daher eine zentrale Aufgabe.

4.4 Einbeziehung der Wirtschaft in die lebenswissenschaftliche Forschung

Die Verfügbarkeit von teils sehr effizienten bioanalytischen Serviceleistungen seitens der Industrie ermöglicht zunehmend die ökonomisch sinnvolle Auslagerung bestimmter Omics-Technologien. Allerdings ist dies derzeit nur für standardisierte und qualitätsgesicherte Verfahren, wie z.B. die DNA- und RNA-Sequenzierung, sinnvoll. Die Kompetenz für die jeweilige Technik muss in den Forschungseinrichtungen stets erhalten bleiben, da dies eine unabdingbare Voraussetzung für die Analyse und Bewertung der eingekauften Leistungen bzw. Daten ist. Weiterhin erfolgt die Entwicklung der für den wissenschaftlichen Fortschritt sehr bedeutsamen Nischenanwendungen, wie beispielsweise die Einzelzell-Sequenzierung, meist in einem akademischen Forschungskontext und würde bei einer vollständigen Auslagerung von Genomics und Transcriptomics in die Industrie wohl ausbleiben. Gerade bei der Proteomics und Metabolomics ist derzeit selbst eine teilweise Auslagerung nicht sinnvoll, denn die gebotene Standardisierung der Probenanalyse in diesen Bereichen ist noch nicht gegeben. Hinzu kommt, dass die Planung der Messung sowie die anschließende Annotation der Daten, z.B. die eindeutige Identifizierung einer chemischen Substanz oder eines Proteins, in der Regel eine sehr hohe Fachkompetenz erfordern, die nicht von technischem Personal allein geleistet werden kann.

4.5 Interdisziplinäre Ausbildung in Omics und Bioinformatik

Die Omics-getriebenen systembiologischen Ansätze erfordern eine breite interdisziplinäre Ausbildung. Doch werden die Studierenden während ihrer Ausbildung ausreichend auf diese anspruchsvollen Aufgaben der technologiegetriebenen Ent-

wicklungen in den Lebenswissenschaften vorbereitet? Und wie soll die Ausbildung an den Universitäten organisiert werden, damit genügend Studierende adäquat ausgebildet und für die Forschung oder anspruchsvolle Aufgaben in der Industrie gewonnen werden?

Um ein repräsentatives Bild der gegenwärtigen Ausbildungssituation in Deutschland zu gewinnen, wurde im Rahmen dieses Reports eine bundesweite Umfrage unter sämtlichen lebenswissenschaftlichen, einschließlich medizinischen Fakultäten zum Thema Omics-Technologien in Lehre, Forschung und Infrastrukturen durchgeführt. Bei der Umfrage unter den Universitäten wurde die Medizin eingebunden, weil die Schnittstelle zwischen Systembiologie und der Medizin in Zukunft an Bedeutung gewinnen wird.²¹

Die Auswertung dieser Umfrage ergab, dass nur eine Minderheit aller lebenswissenschaftlichen Studiengänge einen klaren Fokus auf Omics-Technologien aufweist. Die meisten dieser Module sind Wahlkurse, während in der Mehrzahl der Medizin-Studiengänge sogar überhaupt keine Omics-Module angeboten werden und das wenige Angebotene sich auf theoretische Einführungen beschränkt. Die praktische Omics-Ausbildung ist in den Lebenswissenschaften einschließlich der Medizin gleichermaßen unterrepräsentiert. Ansatzweise wird in der Medizin versucht, diese Inhalte in einigen Master-Studiengängen zu vermitteln, z. B. für Molekulare Medizin.

Bezüglich der Studierendenzahlen lässt sich vor allem in der Bioinformatik ein sehr großes Defizit feststellen. Hier ist die Anzahl der Studierenden so alarmierend niedrig, dass sie keinesfalls den gegenwärtigen und zukünftigen Bedarf in

diesem Bereich abzudecken vermag.²² Dies liegt nicht nur an einem Defizit an vorhandenen Ausbildungskapazitäten, sondern wohl auch daran, dass zu wenig potenzielle Studierende motiviert werden, ein Studium in diesem Bereich aufzunehmen. Die Anzahl der Studierenden in den Lebenswissenschaften scheint in Anbetracht des Bedarfs hingegen ausreichend, allerdings ist die Anzahl der Studierenden mit einer Schwerpunktausbildung in Omics und Bioinformatik zu gering.

Was die Omics-spezifische Intensivierung der Lehre betrifft, so sind sich insbesondere die Medizinerinnen und Mediziner offenbar eines hier bestehenden Mangels bewusst. Allerdings bietet die Medizin aufgrund der bestehenden Approbationsordnungen wenig Möglichkeiten, die Omics-Technologien in die Ausbildung einzubinden. Die Frage nach den Omics-spezifischen Promotionsmöglichkeiten in Medizin und weiteren Lebenswissenschaften ergab, dass der prozentuale Anteil an möglichen Promotionen mit Omics-Bezug in beiden Bereichen fast gleich hoch ist, er liegt bei über 80 Prozent.

Aus den im Rahmen dieses *Zukunftreports* geführten Fachgesprächen ging insbesondere hervor, dass generelle Probleme der Ausbildung in einer mangelnden interdisziplinären Kompetenz der Studierenden und Lehrenden liegen: Die (Bio-)Informatiker werden zu selten an Omics-getriebene lebenswissenschaftliche Fragestellungen herangeführt, die Lebenswissenschaftlerinnen und Lebenswissenschaftler besitzen ihrerseits häufig zu geringe Informatikkenntnisse, und es gibt Defizite in der Kenntnis von Programmen für den Umgang mit Omics-Daten und

²¹ In den Lebenswissenschaften wurden Master-Studiengänge, in der Medizin die Medizin-Studiengänge abgefragt (N=229). Die Rücklaufquote lag insgesamt bei 49 Prozent.

²² Es handelt sich dabei nicht um ein spezifisch deutsches oder auf die Lebenswissenschaften beschränktes Problem. Nach einem Bericht des McKinsey Global Institute werden 2018 allein in den USA 140 000–190 000 Expertinnen und Experten fehlen, um die wachsenden Datenmengen zu analysieren (siehe Manyika [u.a.] 2011, S. 10–11, 104–106). Dies gilt aufgrund des massiven Wachstums der Datenmengen und Datenkomplexität in den Lebenswissenschaften in besonderem Maße für den Bereich Bioinformatik.

-Technologien. Eine entsprechende Ausbildung ist jedoch nicht nur für zahlreiche aktuelle Forschungsbereiche in den Lebenswissenschaften Voraussetzung, sondern gewinnt auch im Bereich industrieller Produktion und Prozesstechnik zunehmend an Bedeutung.

In der medizinischen Lehre treten ähnliche Probleme auf: Es sollen Ärztinnen und Ärzte ausgebildet werden, die vor allem ein praxisorientiertes Handwerk beherrschen. In dieser bereits sehr umfangreichen und anspruchsvollen Ausbildung kommt die Vermittlung molekularbiologischer Grundlagen oft zu kurz. Dies ist insbesondere im Hinblick auf die zunehmende Anwendung der Bioinformatik-gestützten Omics-Technologien in der Gesundheitsversorgung ein Problem, denn schon heute werden Therapieentscheidungen häufig durch Computerprogramme, sogenannte Expertensysteme, unterstützt. Es stellt sich deshalb die Frage, wie man Studierende der Medizin für die Bioinformatik, Systembiologie bzw. Systemmedizin sowie die individualisierte Medizin interessieren und die zugehörige praktische Ausbildung in das Medizinstudium integrieren kann.

4.6 Karriereoptionen in Lebenswissenschaften und Bioinformatik

Es stehen gegenwärtig nicht genügend Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler sowie Nachwuchswissenschaftlerinnen und Nachwuchswissenschaftler im Bereich der bioinformatischen Grundlagenforschung zur Verfügung. Hinzu kommt, dass viele Forscherinnen und Forscher hochattraktive Karrieremöglichkeiten in der Industrie vorfinden. Die Stellenproblematik in den wissenschaftlichen Einrichtungen korreliert mit der Nachhaltigkeitsproblematik: Viele Stellen sind drittmittelfinanziert und demzufolge befristet. Die Einarbeitung von Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern nimmt

viel Zeit in Anspruch und aufgrund der Befristung muss dieser Prozess mit neuen Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern in einem ständigen Wechsel wiederholt werden. Bislang gibt es zudem an Forschungsinstitutionen kaum Karriereoptionen für IT-Spezialistinnen und -Spezialisten, die sich mit dem Auf- und Ausbau der Infrastrukturen auseinandersetzen, diese weiter entwickeln und koordinative Aufgaben übernehmen. Die Anwendung der neuen Omics-Technologien erfordert ein hohes Maß an Interdisziplinarität. Wenn Forscherinnen und Forscher sich an den Grenzgebieten positionieren, besteht derzeit die Gefahr, dass sie keinen Platz im deutschen Karrieresystem finden, wo z.B. im medizinischen Bereich die Arbeitsplätze durch die (weitgehend disziplinär organisierte) Krankenversorgung oder durch die Lehre definiert sind. Mangelnde Transparenz von Studiengängen und Karriereoptionen sowie sprachliche Hürden sind auch hinderlich für den Einstieg ausländischer Studierender in diese Bereiche.

5 Szenarien einer nationalen Omics- und IT-Infrastruktur für Forschung und Lehre

Um den zukünftigen Bedarf abzudecken und international wettbewerbsfähig zu bleiben, sollten ein deutlicher Ausbau sowie die Stärkung der Omics-basierten Forschung und Lehre in den Lebenswissenschaften angestrebt werden, die die Bioinformatik einschließen. Dieser *Zukunftsreport Wissenschaft* schlägt die Entwicklung einer nationalen Omics- und IT-Infrastruktur vor. Diese soll für Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler unabhängig ihrer institutionellen Zugehörigkeit den Zugang zu den Hochdurchsatztechnologien und bioinformatischen Ressourcen sicherstellen. Von besonderer Wichtigkeit ist, das bereits Aufgebaute zu erhalten und in abgestimmter Weise weiterzuentwickeln. Mithilfe dieser nationalen Infrastruktur können die folgenden Herausforderungen angegangen werden:

- technische und informationstechnische Kapazitäten in vorhandenen und neuen Einrichtungen schaffen und vergrößern
- Omics-Forschung strukturell mit der Bioinformatik vernetzen
- neue Nutzungskonzepte und Zugriffsmöglichkeiten auf Technologien, einschließlich Lizenzen für den Zugang zu Datenbanken und Software, schaffen
- die experimentelle Durchführung und anschließende Datenanalyse unterstützen
- Standards für Datenerhebung, -verarbeitung, -qualitätskontrolle und -speicherung für eine bessere Vergleichbarkeit der Daten und Erleichterung des Datenaustauschs entwickeln

- verstärkt Omics-Technologien und Bioinformatik in die Ausbildung einbinden
- neue Personalstrukturen und Karrierewege (z.B. Stärkung der forschungs-basierten Dienstleistungen in den Infrastrukturen) schaffen

Diese Herausforderungen betreffen alle in der Omics-basierten Forschung aktiven universitären wie außeruniversitären Einrichtungen. Daher ist für den Aufbau einer nationalen Infrastruktur ein koordiniertes Vorgehen dieser Einrichtungen unter Berücksichtigung ihrer besonderen Situationen und Struktur unabdingbar. Der Mehrwert einer nationalen Infrastruktur liegt in der gemeinsamen Bewältigung der genannten Herausforderungen, die von keiner bestehenden Organisation allein geleistet werden kann. Insbesondere muss dabei die Organisation und Integration aller Omics-Technologien mit der hierfür essenziellen Bioinformatik bewerkstelligt werden. Da auf BMBF-Initiative gerade ein Deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur²³ aufgebaut wird, sollte die Omics-Infrastruktur in sehr enger Abstimmung mit dem Aufbau dieses bioinformatischen Netzwerkes entwickelt und vor allem die Nachhaltigkeit sichergestellt werden.

5.1 Zukunftsszenarien

Für denkbare Zukunftsszenarien zum Aufbau einer nationalen Omics- und IT-Infrastruktur ist ein Netzwerk bundesweit verteilter, fachlich fokussierter Omics-Zent-

²³ Siehe BMBF 2013b.

ren mit bioinformatischer Kompetenz eine Grundvoraussetzung. Innerhalb dieser verteilten Infrastruktur müssten die teilnehmenden Zentren eigene wissenschaftlich-technologische Profile entwickeln. In einer Kombination aus Forschung und Service sollten sie technologiespezifisch ausgerichtet sein und Fokussierungen thematischer, fachlicher oder gegenstandsbezogener Art (z.B. Stoffklassen) aufweisen, welche den Einsatz und die Weiterentwicklung bestimmter Technologien rechtfertigen. Innerhalb des überregionalen Netzwerkes sind durchaus lokale Unterstrukturen denkbar. So könnten Universitäten und außeruniversitäre Einrichtungen an einem Ort gemeinsam Omics- und IT-Ressourcen bereitstellen und eine enge Zusammenarbeit in Lehre und Forschung entwickeln. Daneben sind auch überregionale Zentren universitärer und außeruniversitärer Einrichtungen sinnvoll, die sich z.B. auf Organismengruppen oder bestimmte Omics-Technologien konzentrieren.

Die Zentren sollten keine reinen Serviceanbieter sein, die Technologien ohne thematischen oder fachlichen Fokus vorhalten, sondern möglichst um wissenschaftlich starke Gruppen herum aufgebaut sein, mit dem Ziel, wissenschaftliche Fragestellungen – auch der Technologieentwicklung – in den Mittelpunkt zu rücken. Dies soll auch sicherstellen, dass der zu leistende wissensintensive Service stets auf dem neuesten technischen und wissenschaftlichen Entwicklungsniveau bleibt. Ungeachtet der notwendigen fachlichen und technologischen Spezifizierung sollten die Zentren im Interesse ihrer eigenen Flexibilität eine Themenoffenheit bewahren. Die Bioinformatik-Kompetenz muss ebenso wie die Omics-Technologien von den Zentren vorgehalten und weiterentwickelt werden.

In Teilbereichen vorhandene Expertise sollte in das Netzwerk eingebunden werden. Bereits bestehende Omics- und IT-Zentren sollten daher mit Blick

auf ihre Qualität und ihren Beitrag zu der angestrebten Infrastruktur evaluiert werden. Falls die Evaluationen ergeben, dass die bestehenden Zentren, auch wenn sie ausgebaut, vernetzt und koordiniert würden, den landesweiten Bedarf an Omics- und IT-Technologien nicht ausreichend absichern können, ist die Einrichtung zusätzlicher Zentren sinnvoll. Universitäten mit medizinischen Fakultäten sollten im Hinblick auf ihr Potenzial für den Auf- und Ausbau von bestehenden oder neuen medizinisch-orientierten Omics-Zentren evaluiert werden.

Das skizzierte Netzwerk sollte die neuesten Technologien bieten und auf dem aktuellsten Stand halten. Auf eine differenzierte Förderung der Technologien sollte dabei geachtet werden, da sich die einzelnen Omics-Technologien bezüglich ihres Investitionsvolumens und der Dynamik der Technologieentwicklung stark unterscheiden. Standardanalysen vor allem im Bereich der Genomics und Transcriptomics könnten in Teilen durch ein Servicemodell abgedeckt werden, z.B. durch Auslagerung an entsprechende Firmen, während Proteomics und Metabolomics sehr viel stärker auf Zentren angewiesen sind und dies wohl auch mittelfristig bleiben werden.

Das DFG-Szenario

Dieses Szenario basiert auf der bewährten DFG-Förderung und schlägt eine Erweiterung des Verantwortungsbereichs dieser Organisation vor. Die DFG könnte den Aufbauprozess einer verteilten nationalen Omics- und IT-Infrastruktur begleiten und folgendermaßen unterstützen:

- (a) Durch die Einrichtung eines DFG-Panels für Omics-Technologien mit eigenem Finanzvolumen für Omics-Infrastrukturen und entsprechende Projekte. In diesem Panel sollten auch Anträge für Einzelprojekte eingereicht werden können, in denen Omics-Ansätze im Vordergrund stehen.

- (b) Durch die Gründung von DFG-unterhaltenen Zentren als Teil der nationalen Omics- und IT-Infrastruktur, die auch die nachhaltige Unterstützung der universitären Forschung sicherstellen. Diese Zentren könnten – analog zu den deutschen Forschungsschiffen *Meteor* und *Maria St. Merian* – als Hilfseinrichtungen für die Forschung gegründet werden (siehe Box 1). Die Finanzierung und der Betrieb dieser Zentren müsste über eine Sonderfinanzierung sichergestellt werden.
- (c) Durch die Gründung einer DFG-Senatskommission für Hochdurchsatztechnologien und Bioinformatik in den Lebenswissenschaften. Diese interinstitutionell besetzte Senatskommission könnte den Zugang zu den Omics-Zentren regeln.
- (d) Die DFG könnte über die Senatskommission in Abstimmung mit den universitären und außeruniversitären Organisationen die Aufgabe eines Koordinations- und Entwicklungsgremiums für die nationale Omics- und IT-Infrastruktur mit Zentren in unterschiedlicher Trägerschaft übernehmen. Sie könnte die Ausschreibung für die Zentren organisieren,²⁴ das Netzwerk in Abstimmung mit den universitären und außeruniversitären Einrichtungen koordinieren sowie vorhandene Kapazitäten der beteiligten Einrichtungen transparent nach außen darstellen. Die Zusammenarbeit der universitären und außeruniversitären Organisationen könnte ähnlich zu derjenigen im Bereich der deutschen Meeresforschung erfolgen (siehe Box 1). Zentren unterschiedlicher Ausrichtung, Größe und Trägerschaft können Teil des Netzwerks werden und ihre Antrags- und Begutachtungsver-

fahren untereinander abstimmen. Der Aufbau des Netzwerks sollte kompetitiv und nach dem „Bottom-up“-Prinzip erfolgen, d.h. über eine Ausschreibung für Zentren, die der nationalen Omics- und IT-Infrastruktur beitreten wollen.

Die DFG fördert bereits Gerätezentren (*core facilities*) an Universitäten. Die durch ihre weitere Förderung erfolgende Stärkung von lebenswissenschaftlichen Forschungsinfrastrukturen an vielen Standorten könnte durch eine nationale Omics- und IT-Infrastruktur effizienter und strategisch schlüssiger gestaltet werden. Im Umkreis der Zentren befindliche kleinere Standorte könnten Expertisen in den Bereichen Datenauswertung, Probenvorbereitung und Bioinformatik aufbauen, müssten jedoch nicht selbst die Technologien und hoch spezialisiertes technisches Personal in einem großen Umfang vorhalten.

Das Schweizer Szenario

Der Aufbau einer nationalen Omics- und IT-Infrastruktur könnte auch in die Verantwortung einer neu zu gründenden, rechtlich und finanziell eigenständigen Organisation gelegt werden. Das Modell für dieses Szenario ist die föderative Organisationsstruktur des Swiss Institute of Bioinformatics (SIB), das bereits seit 1998 die bioinformatische Infrastruktur und Datenanalyse in der Schweiz organisiert (siehe Box 2). Die daran angelehnte Organisation wäre verantwortlich für den organisatorisch, fachlich und technologisch effizienten Aufbau und die Koordination der nationalen Infrastruktur und müsste ein standortübergreifendes Nutzungs- und Personal-konzept entwickeln. Die Mitglieder der Organisation könnten (in Abweichung vom SIB-Modell) alle Institutionen mit entsprechenden Infrastrukturen oder Infrastrukturpotenzial sein. Dieses Szenario ist kompatibel mit den Punkten (a)–(c) des DFG-Szenarios, sodass man auch über eine Kombination beider Ansätze zu einer effektiven Gesamtstruktur nachdenken könnte.

²⁴ Die Bewertung der eingereichten Anträge könnte durch den Wissenschaftsrat erfolgen, der ein wissenschaftsgeleitetes Verfahren für die Bewertung von umfangreichen Forschungsinfrastrukturvorhaben entwickelt und bereits erprobt hat (siehe Wissenschaftsrat 2013).

BOX 1**Hilfseinrichtungen der Forschung – exzellente Infrastrukturen und Serviceeinrichtungen für die Wissenschaft**

Nach Definition der DFG versteht man unter einer Hilfseinrichtung der Forschung „eine Einrichtung von überregionaler Bedeutung, in der hochwertige personelle bzw. apparative Voraussetzungen für wissenschaftliche und wissenschaftlich-technische Dienstleistungen für die Forschung an einem Ort konzentriert sind. Sie ist ein wissenschaftlich wichtiges Instrument zur Stärkung der forschungsrelevanten Infrastruktur der Wissenschaft und bildet damit eine wesentliche Voraussetzung für die Erhaltung und Steigerung der Leistungsfähigkeit der Forschung. Ihrer Aufgabe nach ist die Hilfseinrichtung langfristig angelegt.“¹ Die Hilfseinrichtungen der Forschung sind außeruniversitäre Einrichtungen von überregionaler Bedeutung. Ein nachhaltiges, den Ansprüchen der Omics- und IT-Infrastruktur gerechtes Engagement des Bundes ist im Einklang mit Art. 91b GG möglich.

**Die deutschen Forschungsschiffe –
Forschungsinfrastrukturen für die Meeresforschung**

Die deutschen Forschungsschiffe stellen eine exzellente und international sichtbare Infrastruktur für die deutsche Meeresforschung dar. Die Finanzierung erfolgt nachhaltig, da auch die jährlichen Kosten für Betrieb und technisches Personal gedeckt werden. Zu den wissenschaftlichen Forschungsinfrastrukturen für die Meeresforschung zählen derzeit acht Forschungsschiffe unterschiedlicher Größe und Ausstattung. Die Investitionskosten für diese Schiffe reichen von 11,8 Millionen Euro bis zu 97,3 Millionen Euro.² Investoren sind Bund und Länder, Eigentümer das BMBF, die Länder Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein sowie die RF Forschungsschiffahrt GmbH Bremen. Die jährlichen Betriebskosten werden vom BMBF, einzelnen Ländern, der DFG und der HGF getragen. Betreiber der Schiffe sind die HGF (Alfred-Wegener-Institut, GEOMAR) und die DFG. Die zwei DFG-unterhaltenen Forschungsschiffe *Meteor* und *Maria St. Merian* sind als Hilfseinrichtungen der Forschung eingerichtet.

Der Zugang zu den Forschungsschiffen erfolgt über Anträge, die über das *Portal deutsche Forschungsschiffe* eingereicht werden.³ Für jedes Schiff gibt es eine Stelle, welche den Schiffseinsatz plant, sowie ein Gutachter-Gremium, das über Anträge entscheidet. Forscherinnen und Forscher aus allen akademischen Einrichtungen können Anträge einreichen. Zudem besteht die Möglichkeit, Einsatzzeiten zwischen den Schiffen auszutauschen. Über die Anträge für die Nutzung der DFG-Schiffe befindet die DFG-Senatskommission für Ozeanographie. Die KG Schiff ist ein Koordinationsgremium zur Optimierung der Fahrpläne zur Vermeidung von Transitzeiten.

1 www.dfg.de/geoerderte_projekte/hilfseinrichtungen_forschung (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

2 Siehe Wissenschaftsrat 2010, S. 50, 54.

3 Siehe www.portal-forschungsschiffe.de (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

BOX 2

Das Swiss Institute of Bioinformatics (SIB) – die Organisation für Datenanalyse und -bereitstellung in einem Föderalstaat

Die Koordination der Bioinformatik auf nationaler Ebene wird in der Schweiz als essenziell erachtet. Für diesen Zweck wurde das SIB bereits 1998 als eine private Organisation gegründet. Es übernimmt im Wesentlichen zwei Aufgabenfelder: Im Bereich Infrastruktur und Personal werden bioinformatische Kernressourcen (Pflege lebenswissenschaftlicher Datenbanken, Software, Webplattformen, Services, Hardware, Speicherung) sowie Kompetenzen für die nationale und internationale lebenswissenschaftliche Gemeinschaft bereitgestellt. Im Bereich des Community Building wird die Bioinformatik in der Schweiz koordiniert und repräsentiert sowie Kompetenz in der bioinformatischen Forschung und Lehre aufgebaut.

Renommierte Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker mit Professur an einer Universität, eigener Finanzierung und Tätigkeit in der Bioinformatikforschung können eine Mitgliedschaft im SIB beantragen. Alle weiteren Gruppenmitglieder werden automatisch Mitglieder des SIB. Gegenwärtig gibt es 46 Gruppen an 7 Standorten an 10 Universitäten. Von den derzeit insgesamt 650 Mitgliedern sind 200 Personen direkt beim SIB und 450 bei den Universitäten angestellt. Der Vorteil einer solchen Organisationsstruktur liegt vor allem in der beidseitigen Abdeckung: Es wird für eine landesweite Zusammenarbeit und Koordination gesorgt, während die Mitglieder an den Universitäten forschen und lehren.

Die Datenspeicherung und -analyse wird in der Schweiz auf lokaler und regionaler Ebene gelöst. Das SIB baut in der Schweiz daher Datenanalysezentren auf, wie das Vital-IT-Center in Lausanne. Dieses Zentrum leistet die Datenanalyse für die lebenswissenschaftliche Forschung von fünf Universitäten. Geplant ist weiterhin die Einrichtung des von der Universität Basel und dem SIB getragenen Basel Computation Biology Center, um die Datenfrage auch in anderen Regionen der Schweiz infrastrukturell zu lösen. Die Finanzierung des SIB erfolgt aus verschiedenen Quellen: Etwas mehr als ein Drittel sind Bundesgelder auf Basis von Art. 16 des Bundesgesetzes für Forschung. Ein weiterer Teil des Budgets kommt von externen Forschungsmitteln, die einen eigenen Budgetposten für Datenanalyse in ihren Anträgen vorsehen (sogenannte *bioinformatics consumables*).

In beiden Szenarien ist die bedarfsabhängige Einbindung bestehender bzw. der Aufbau großer, technologisch spezialisierter und thematisch fokussierter, nationaler Forschungszentren – z.B. nach den bekannten internationalen Vorbildern des Joint Genome Institute (JGI) oder des Beijing Genomics Institute (BGI) (siehe Box 3) – als zusätzliche Option im Rahmen des Zentren-Netzwerks möglich. Vermieden werden sollte dabei jedoch eine zentralisierte Entwicklung, die große Ressourcen an einen Standort bindet und auch dem

Prinzip des Föderalismus nicht gerecht wird. Für die Zukunftsfähigkeit der Lebenswissenschaften wird es von entscheidender Bedeutung sein, dass jenseits der Programmforschung effektive Strukturen für die universitäre Einzelforschung und für die Grundlagenforschung geschaffen werden. Ein ausgeglichenes Netzwerk verteilter Zentren erscheint daher am zweckmäßigsten, um deutschlandweit die international wettbewerbsfähige Profilbildung in Forschung und Lehre von verschiedenen Standorten und Regionen zu unterstützen.

BOX 3**Das DOE Joint Genome Institute (JGI)**

Das U.S. Department of Energy Joint Genome Institute wurde 1997 gegründet und ist ein Ressortforschungsinstitut des US-amerikanischen Energieministeriums, das die Aktivitäten dreier Nationallaboratorien (Lawrence Berkeley National Laboratory, Lawrence Livermore National Laboratory, HudsonAlpha Institute for Biotechnology) zusammenführt. Es besitzt einen eigenständigen Campus in Walnut Creek, Californien, und gehört zu den größten und bedeutendsten Genomsequenzierzentren weltweit. Verwaltet wird das Institut von der University of California. Das JGI hat einen bedeutenden Beitrag zum Humanen Genomprojekt geleistet. Der Fokus der Forschung liegt gemäß der Mission des Energieministeriums auf den Bereichen Bioenergie, globaler Kohlenstoffzyklus und Biogeochemie. Das JGI versteht sich als offen für Nutzerinnen und Nutzer aus aller Welt, die Anträge auf den Zugang zu den Sequenzierkapazitäten stellen können. Das JGI will sich aktiv an der Ausbildung von Zentrumsnutzerinnen und -nutzern beteiligen.

Das Beijing Genomics Institute (BGI)

Das BGI gehört zu den größten Genomsequenzierzentren der Welt und wurde 1999 im Rahmen des Humanen Genomprojekts gegründet. An ihm wurden bereits zahlreiche menschliche, pflanzliche und tierische Genome entziffert, um neue Erkenntnisse für die Bereiche Gesundheit, Landwirtschaft und Umwelt zu gewinnen. Das BGI besitzt außerhalb Chinas auch Niederlassungen in den USA und Europa.

5.2 Kernelemente der Zukunftsszenarien

Unabhängig vom letztlich umgesetzten Szenario müssen der Zugang, die Finanzierung, der Anschluss an europäische und internationale Infrastrukturen sowie Ausbildungs- und Karrieremöglichkeiten geklärt werden. Es können sich dabei je nach Szenario im Detail abweichende Lösungen ergeben.

Zugang

Der Zugang zu den technologischen und wissenschaftlichen Ressourcen der nationalen Omics- und IT-Infrastruktur sollte allein auf Basis der wissenschaftlichen Qualität der eingereichten Projekte erfol-

gen.²⁵ Je nach Szenario würde der Begutachtungsprozess unterschiedlich gestaltet werden. Ein schlankes Begutachtungsverfahren sollte entwickelt werden, mit dem Forscherinnen und Forscher Zugang zur Infrastruktur erhalten. Im DFG- und Schweizer Szenario sollten Antrags- und Begutachtungsverfahren im Rahmen der nationalen Infrastruktur vereinheitlicht und die zentrenübergreifende Nutzung geregelt werden. Großprojekte sollten dabei stets einem Review-Prozess unterzogen werden, wie es bereits bei den vor-

²⁵ Dies entspricht auch der Definition von Infrastrukturen, die vom European Strategy Forum on Research Infrastructures (ESFRI) vertreten wird: „In all cases considered for the roadmap, these infrastructures must apply an ‚Open Access‘ policy for basic research, i.e. be open to all interested researchers, based on open competition and selection of the proposals evaluated on the sole scientific excellence by international peer review“ (ESFRI 2011, S. 7).

handenen Technologiezentren (z. B. DESY – Deutsches Elektronen-Synchrotron) mit Erfolg praktiziert wird. Bis die empfohlene nationale Omics- und IT-Infrastruktur aufgebaut ist, sollten bestehende Zentren die Zugänglichkeit für externe Forschergruppen auch außerhalb von Projektoperationen erleichtern.

Finanzierung

Für eine nachhaltige Entwicklung der Omics-Technologien und Bioinformatik ist die langfristige Finanzierung der vorgeschlagenen nationalen Infrastruktur inklusive Wartungs- und Betriebskosten unabdingbar. Daher wäre es sinnvoll, wenn diese Infrastruktur zumindest anteilig dauerhaft vom Bund finanziert würde. Ein weiterer Anteil könnte von den Ländern bzw. den beteiligten Universitäten eingebracht werden. Ein zusätzliches wesentliches Element der Finanzierung sollten Forschungsvorhaben sein, in denen für die in den Zentren durchzuführenden Projekte ein Budget vorgesehen ist, das z. B. über die DFG mit eingeworben wird. In dem DFG-Szenario sollte der DFG und den beteiligten Institutionen eine Sonderfinanzierung zugewiesen werden, die nicht auf Kosten der bestehenden Förderverfahren gehen sollte. Die Investitionen für die Omics-Forschung und Bioinformatik in Deutschland dienen dazu, diese vielversprechenden Gebiete auf einem international konkurrenzfähigen Niveau zu erhalten bzw. die Voraussetzungen weiter zu verbessern.

Internationale Anbindung

Die Anbindung an bestehende europäische oder internationale Infrastrukturen sollte beschleunigt werden. Die für den effizienten Datenaustausch erforderliche Harmonisierung der Daten sollte deutschlandweit vorangetrieben und der Anschluss an laufende internationale und europäische Vorhaben hergestellt werden. Für eine nachhaltige und barrierefreie Datenverwaltung sollte auch ein internationaler Konsens zur Vereinheitlichung angestrebt werden. Im Zuge des Aufbaus einer nationalen Omics-

und IT-Infrastruktur könnte auch ein deutscher Knoten für das ELIXIR-Projekt etabliert werden.²⁶

Ausbildung

Die nationale Infrastruktur sollte auch einen Beitrag zur Aus- und Fortbildung im Omics- und IT-Bereich leisten. Für die anspruchsvolle Lehre in diesen Fächern ist es entscheidend, über qualifiziertes und erfahrenes Personal zu verfügen. Man braucht nicht nur in technologischer, sondern auch in personeller Hinsicht eine kritische Masse, um vielseitige Studiengänge mit hohem Niveau aufzubauen. Es gibt noch nicht genügend Standorte, an denen Studierende in Omics-Technologien mit integrierter Bioinformatik ausgebildet werden können. Eines der größten Defizite ist, dass bestehende Zentren bislang kaum externen Nutzerinnen und Nutzern zugänglich und überwiegend erst auf Doktoratsebene in die Ausbildung von Nachwuchswissenschaftlerinnen und Nachwuchswissenschaftlern einbezogen sind. Daher sollte die nationale Infrastruktur eng mit der Aus- und Weiterbildung von Nachwuchswissenschaftlerinnen und Nachwuchswissenschaftlern verknüpft werden. Nicht jeder Standort kann alle Aspekte der Ausbildung abdecken, daher könnte die Ausbildung über das Netzwerk institutionen- und bundesländerübergreifend effizienter gestaltet werden. Wenn an Universitäten vor Ort die entsprechende Expertise nicht vorhanden ist, z. B. in Metabolomics, könnten diese über die nationale Infrastruktur in der speziellen oder fortgeschrittenen Aus- und Fortbildung koordiniert bzw. gefördert werden. Auch ist die gemeinsame Entwicklung neuer Studiengänge denkbar. Darüber hinaus könnte sich die Gründung von an Zentren angesiedelten Omics-Graduiertenschulen oder überregionalen Graduiertenakade-

²⁶ Das europäische ELIXIR-Projekt erarbeitet die Voraussetzungen für die Schaffung einer nachhaltigen Infrastruktur für Informationen aus Lebenswissenschaften und ihre Translation in Medizin, Umwelt, Industrie und Gesellschaft (siehe www.elixir-europe.org; letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

mien mit offenem Zugang für die Universitäten in der Region als zweckmäßig erweisen. Aufgabe der Infrastruktur könnte auch die Ausbildung hoch spezialisierter Postdoktorandinnen und Postdoktoranden sein, welche die jeweilige Technologie dann an ihren Standorten weiterentwickeln und verbreiten.

In diesem Zusammenhang wird den Universitäten eine stärkere Fokussierung auf Omics-Technologien und Bioinformatik in der lebenswissenschaftlichen Ausbildung bereits in den Bachelor-Studiengängen empfohlen. Denn eine grundlegende Ausbildung in den Omics-Technologien und der Bioinformatik wird derzeit nicht genügend Studierenden zuteil, um den zukünftigen Bedarf an Fachpersonal zu decken. Eine Werbung für diese Fächer sollte möglichst schon während des Abiturs stattfinden. Um die Zahl der Absolventinnen und Absolventen mit Expertise in Omics-Technologien, Systembiologie und Bioinformatik zu erhöhen, sollten insbesondere weitere Master-Studiengänge mit entsprechender Ausrichtung eingerichtet werden. Um die Studierendenzahlen in den Master-Studiengängen zu erhöhen, sollte es fachübergreifende Aufnahmeverfahren geben. Auch sollte über eine Durchlässigkeit für Absolventinnen und Absolventen von Fachhochschulen in die universitären Master-Studiengänge nachgedacht werden. Entscheidend ist, dass die Omics-Kompetenzen bereits bei Beginn eines Doktorats vorliegen sollten. Auch Medizinstudierende sollten mit den technischen Möglichkeiten zur Datengenerierung und ihrer Auswertung zumindest theoretisch, wenn möglich auch praktisch vertraut sein. Dies muss trotz verschulter Approbationsordnung geleistet werden, da Therapieentscheidungen zunehmend auf den Daten beruhen werden, die durch die Omics-Technologien erzeugt werden.

Karrieroptionen

Die Karrieroptionen im Omics- und IT-Bereich sollten ausgebaut werden, vor

allem mit Personalstellen für den Infrastrukturaufbau. Im Rahmen der nationalen Omics- und IT-Infrastruktur empfiehlt es sich, das Expertinnen- und Expertenreservoir für neue Technologien zu stärken. Postdoktorandinnen und Postdoktoranden könnten begleitend zu ihrer Forschung an den Omics-relevanten Geräten arbeiten und einen Teil der Zeit für den Infrastrukturaufbau aufwenden. Da die Technologie und insbesondere die Auswertung der erzeugten Daten sehr komplex ist, sollten diese Stellen nur mit besonders hierfür qualifizierten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern besetzt werden. Für die Forschungsförderung heißt dies, dass eine Finanzierung über längere Zeiträume erforderlich ist, damit mehr ausgewiesene Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler für die Infrastrukturnutzung und deren Auf- und Ausbau gewonnen und gehalten werden können.

In der Bioinformatik und der Omics-Forschung ist die Einführung von Karrieretracks sinnvoll. Der Ausbau der Bioinformatik an den Universitäten erfordert die Einrichtung weiterer Professuren. Bei der Besetzung dieser Professuren ist auf starke Interdisziplinarität zu achten, dabei sollte insbesondere die systembiologiegetriebene Bioinformatik gefördert werden. In der Medizin ist die Verbesserung interdisziplinärer Karriereprofile entscheidend, damit der Nachwuchs einen Platz im System findet und nicht, wie derzeit häufig zu beobachten ist, ins Ausland abwandert.

Die Omics-Technologien und zugehörige Infrastrukturen profitieren von interdisziplinär entwickelten Innovationen, daher sollte vor allem der Wechsel von begabten Forscherinnen und Forschern z. B. aus Physik und Informatik in die Lebenswissenschaften und umgekehrt attraktiver gestaltet und die Fortbildung vereinfacht werden. Dafür sollten Fachgrenzen in Lehre, Forschung und Wissenskommunikation überwunden werden.

Empfehlungen

Die Lebenswissenschaften sind eine der Leitdisziplinen des 21. Jahrhunderts. Der Einsatz von Omics-Technologien hebt die lebenswissenschaftliche Forschung und unser Verständnis von biologischen Prozessen in eine neue Dimension. Aus diesem *Zukunftsreport Wissenschaft* resultieren vor dem Hintergrund der dargelegten Beobachtungen und Analysen folgende Empfehlungen:

1. Nur durch den strategischen Aufbau einer nationalen Omics- und IT-Infrastruktur kann die lebenswissenschaftliche Forschung in Deutschland international wettbewerbsfähig bleiben. Dazu sollte möglichst ein Netzwerk aus bundesweit verteilten Zentren gebildet werden, welches Forschung, Ausbildung und die rasche Translation neuer Erkenntnisse auf der Basis aktueller Spitzentechnologien ermöglicht. Das Netzwerk sollte von einem interinstitutionell besetzten Koordinationsgremium gelenkt werden.
2. An dem Netzwerk teilnehmende Universitäten und außeruniversitäre Einrichtungen sollten mittels dieser Infrastruktur stärker miteinander verknüpft werden, um den Zugang zu den neuen Technologien für Forscherinnen und Forscher sowie Studierende zu erleichtern, Technologiezentren stärker in Ausbildung und Lehre zu integrieren und Fachkompetenzen für interdisziplinäre Forschungsprojekte zu bündeln. Eine effiziente Nutzung von personellen und technischen Ressourcen muss dabei im Vordergrund stehen, das bedeutet die Vermeidung von Know-how-Verlust und eine angemessene Auslastung vorhandener Geräte.
3. Für die adäquate Speicherung, Auswertung und den Transfer der Omics-Daten ist ein massiver Ausbau der IT- und bioinformatischen Infrastruktur sowohl an außeruniversitären Zentren wie auch an den Universitäten in Deutschland dringend notwendig. Im Rahmen der Infrastruktur sollten gemeinsam verbindliche Standards für die Datenerhebung, -verarbeitung, -qualitätskontrolle und -speicherung entwickelt werden. Die Standards sollten möglichst auch auf europäischer und internationaler Ebene etabliert werden.
4. Die Finanzierung der Organisation, die mit der langfristigen Aufgabe betraut wird, die Omics- und IT-Infrastrukturen in Deutschland zu koordinieren und weiterzuentwickeln, muss nachhaltig durch Bundesmittel gesichert werden.
5. Die Ausbildung in den Lebenswissenschaften sollte Schwerpunkte auf Omics-Technologien bereits in einer frühen Phase des Studiums setzen. Die Technologien sollten in den Curricula stärker Berücksichtigung finden. Über die Infrastruktur mit ihrer technischen Exzellenz könnte die Ausbildung institutionen- und länderübergreifend effizienter gestaltet und neue Ausbildungsmodelle entwickelt werden.
6. Um den Personalbedarf für die Omics-Forschung und die zugehörige Bioinformatik zu decken, ist es notwendig, die Karrierewege transparenter und vielfältiger zu gestalten. Zudem sind neue Anreize für IT-Infrastrukturentwicklung nötig.

Referenzen

- Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften (BBAW) (2005): Gentechnologiebericht. Analyse einer Hochtechnologie in Deutschland. München: Elsevier Spektrum Akademischer Verlag, S.61. Herunterladbar unter: <http://edoc.bbaw.de/volltexte/2007/375/pdf/25Go1yDTnpsqk.pdf> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- BioÖkonomieRat (BÖR) (2012): Anforderungen an eine Bioinformatik-Infrastruktur in Deutschland zur Durchführung von bioökonomierelevanter Forschung. Herunterladbar unter: http://www.biooekonomierat.de/fileadmin/templates/publikationen/empfehlungen/boer_broschuere_bioinformatik.pdf (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) (2002): Systeme des Lebens – Systembiologie. Herunterladbar unter: <http://www.mtzstiftung.de/sites/mtzstiftung.de/myzms/content/e191/e863/e868/e930/BroschredesBMBFDownload.pdf> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) (2013a): Bekanntmachung von Förderrichtlinien zum „Transfer systembiologischer Erkenntnisse in die Anwendung“ innerhalb des ERANETs „ERASysAPP – ERA-Net Systems Biology Applications“ vom 8. November 2013. <http://www.bmbf.de/foerderungen/23035.php> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) (2013b): Bekanntmachung von Förderrichtlinien für ein „Deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur“. <http://www.bmbf.de/foerderungen/22291.php> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- European Molecular Biology Laboratory – European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI) (2012): Annual Report 2011–2012. Herunterladbar unter: http://www.embl.de/aboutus/communication_outreach/publications/annual_report/AnnualReport11-12.pdf (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- European Strategy Forum on Research Infrastructures (ESFRI) (2011): Strategy Report on Research Infrastructures – Roadmap 2010. Herunterladbar unter: http://ec.europa.eu/research/infrastructures/pdf/esfri-strategy_report_and_roadmap.pdf (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Gibney, Elizabeth (2013): Oxford big data centre to get £30 million. In: The Times Higher Education, 3. Mai 2013. <http://www.timeshighereducation.co.uk/news/oxford-big-data-centre-to-get-30-million/2003661.article> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Hotz, Robert Lee (2012): Here’s an Omical Tale: Scientists Discover Spreading Suffix. Researchers Develop Lots of New Words That All End Alike. In: The Wall Street Journal, 13. August 2012. <http://online.wsj.com/news/articles/SB10000872396390444840104577551433143153716> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Karolinska Institutet (2012): Historic investment in SciLifeLab welcomed. <http://ki.se/en/news/historic-investment-in-scilifelab-welcomed> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Kommission Zukunft der Informationsinfrastruktur (2011): Gesamtkonzept für die Informationsinfrastruktur in Deutschland. Empfehlungen der Kommission Zukunft der Informationsinfrastruktur im Auftrag der Gemeinsamen Wissenschaftskonferenz des Bundes und der Länder. Herunterladbar unter: http://www.leibniz-gemeinschaft.de/fileadmin/user_upload/downloads/Infrastruktur/KII_Gesamtkonzept.pdf (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Lederberg, Joshua/McCray, Alexa T. (2001): ‘Ome Sweet ‘Omics-- A Genealogical Treasury of Words. In: The Scientist 15 (7), S. 8. <http://www.the-scientist.com/?articles.view/articleNo/13313/title/-Ome-Sweet-Omics---A-Genealogical-Treasury-of-Words/> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Lengauer, Thomas (2008): Strategiekonzept: „Molekulare Bioinformatik“ (1993–1997). In: Reuse, Bernd/Vollmar, Roland (Hrsg.) (2008): Informatikforschung in Deutschland. Berlin [u.a.]: Springer, S. 217–225.
- Leopoldina – Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina (2013): Die Zukunftsfähigkeit des deutschen Wissenschaftssystems. Für die nachhaltige Entwicklung von Forschung, Lehre und Wissenstransfer. Halle (Saale). Herunterladbar unter: http://www.leopoldina.org/uploads/tx_leopublication/2013_Wissenschaftssystem_Diskussionspapier.pdf (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- Manyika, James [u.a.] (2011): Big data: The next frontier for innovation, competition and productivity. The McKinsey Global Institute. Herunterladbar unter: http://www.mckinsey.com/~media/McKinsey/dotcom/Insights%20and%20pubs/MGI/Research/Technology%20and%20Innovation/Big%20Data/MGI_big_data_full_report.aspx (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).
- National Research Council of the National Academies (2009): A New Biology for the 21st Century. Ensuring the United States Leads the Coming Biology Revolution. Washington (DC): National Academies Press (US). <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK32509/> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

Ropers, H.-Hilger (2013): Wer hat die Deutungshoheit über das Genom? Zwischen Kommerz und Patientenfürsorge: Genetische Diagnostik sollte an Unikliniken angebunden werden und nicht Ärzten und Krankenkassen überlassen werden. In: Frankfurter Allgemeine Zeitung, 22. November 2013, S. 7.

U.S. Department of Energy – Joint Genome Institute (JGI) (2011): Joint Genome Institute Progress Report 2011. Herunterladbar unter: http://10fdmq2n8tc36m6i46scovo2e.wpengine.netdna-cdn.com/wp-content/uploads/2013/11/JGI_Progress_Report_Screen_2011.pdf (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

U.S. Department of Energy – Joint Genome Institute (JGI) (2012a): Joint Genome Institute Progress Report 2012. Herunterladbar unter: <http://10fdmq2n8tc36m6i46scovo2e.wpengine.netdna-cdn.com/wp-content/uploads/2013/11/JGI-progress-report-2012.pdf> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

U.S. Department of Energy – Joint Genome Institute (JGI) (2012b): A 10-Year Strategic Vision. Herunterladbar unter: <http://www.jgi.doe.gov/whoweare/10-Year-JGI-Strategic-Vision.pdf> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

Wissenschaftsrat (2010): Empfehlungen zur zukünftigen Entwicklung der deutschen marinen Forschungsflotte, Lübeck. Herunterladbar unter: <http://www.wissenschaftsrat.de/download/archiv/10330-10.pdf> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

Wissenschaftsrat (2013): Bericht zur wissenschaftsgeleiteten Bewertung umfangreicher Forschungsinfrastrukturvorhaben für die Nationale Roadmap (Pilotphase). Herunterladbar unter: <http://www.wissenschaftsrat.de/download/archiv/2841-13.pdf> (letzter Zugriff am 23. Juni 2014).

Zur Entstehung des *Zukunftsreports Wissenschaft*

Die Entstehung der Publikationsreihe *Zukunftsreport Wissenschaft* geht auf den Auftrag der Leopoldina für die wissenschaftsbasierte Politik- und Gesellschaftsberatung zurück. Dies schließt thematisch systemische Potenziale und Herausforderungen der Wissenschaftsentwicklung in Deutschland ein.

Im Oktober 2010 wurde im Präsidium der Leopoldina angeregt, eine Arbeitsgruppe einzurichten, in der auf Herausforderungen der Wissenschaftsentwicklung und entsprechenden Handlungsbedarf reagiert werden sollte. Daraufhin nahm 2011 die Wissenschaftliche Kommission *Zukunftsreport Wissenschaft* ein Thema auf, das zuvor in der Wissenschaftlichen Kommission *Lebenswissenschaften* diskutiert worden war: die Entwicklung des Wissenschaftssystems am Beispiel der Omics-Technologien.

Um den gegenwärtigen Einsatz der Omics-Technologien in der lebenswissenschaftlichen Forschung und Lehre, den Entwicklungsstand und die Zugänglichkeit von Infrastrukturen über die eigene Erfahrung hinaus einschätzen zu können, führte die Wissenschaftliche Kommission zwischen 2012 und 2013 vier Fachgespräche mit Vertreterinnen und Vertretern von außeruniversitären Forschungs- und Forschungsförderorganisationen, von Universitäten und des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF). In den Fachgesprächen wurden auch Erfahrungen mit lebenswissenschaftlichen Forschungsinfrastrukturen im Ausland sowie verfassungsrechtliche Aspekte der Finanzierung von universitären und außeruni-

versitären Infrastrukturen thematisiert. Zudem wurde 2013 eine bundesweite Umfrage unter sämtlichen lebenswissenschaftlichen, einschließlich medizinischen Fakultäten zu Omics-Technologien in Lehre, Forschung und Infrastrukturen durchgeführt. Zwischen März 2012 und Dezember 2013 erarbeitete die Kommission einen Entwurf zum *Zukunftsreport*. Dieser Entwurf wurde im Februar 2014 durch acht Experten aus dem In- und Ausland begutachtet. Die Schlussfassung berücksichtigt die Kommentare und Änderungsvorschläge der Gutachter.

Der erste *Zukunftsreport Wissenschaft* der Leopoldina mit dem Titel *Lebenswissenschaften im Umbruch. Herausforderungen der Omics-Technologien für Deutschlands Infrastrukturen in Forschung und Lehre* wurde am 21. Mai 2014 durch das Präsidium der Leopoldina verabschiedet.

An der Entwicklung des *Zukunftsreports Wissenschaft* beteiligte Personen

Mitglieder der Wissenschaftlichen Kommission:

| | |
|--------------------------------------|---|
| Prof. Dr. Rudolf Amann ML | Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie, Bremen |
| Prof. Dr. Roland Eils | Deutsches Krebsforschungszentrum und Universität Heidelberg |
| Prof. Dr. Michael Hecker ML | Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald, Institut für Mikrobiologie |
| Prof. Dr. Dr. h.c. Regine Kahmann ML | Max-Planck-Institut für terrestrische Mikrobiologie, Marburg (Sprecherin der Kommission) |
| Prof. Dr. Alfred Pühler ML | Universität Bielefeld, Centrum für Biotechnologie |
| Prof. Dr. Dierk Scheel ML | Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle (Saale) |

Begleitung durch das Präsidium:

| | |
|-------------------------------|--------------------------------|
| Prof. Dr. Bärbel Friedrich ML | Vizepräsidentin der Leopoldina |
|-------------------------------|--------------------------------|

Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Geschäftsstelle:

| | |
|-----------------------|---|
| PD Dr. Stefan Artmann | Präsidialbüro, Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina |
| Dr. Constanze Breuer | Abteilung Wissenschaft-Politik-Gesellschaft, Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina |
| Dr. Johannes Fritsch | Präsidialbüro, Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina |
| Franziska Samos | Abteilung Wissenschaft-Politik-Gesellschaft, Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina |

Teilnehmer an Fachgesprächen:

| | |
|---------------------------|--|
| Prof. Dr. Ron Appel | Swiss Institute of Bioinformatics, Schweiz |
| Dr. Peer Bork | European Molecular Biology Laboratory Heidelberg, Biocomputing |
| Bärbel Brumme-Bothe | Bundesministerium für Bildung und Forschung, Abt. 6: Lebenswissenschaften – Forschung für Gesundheit |
| PD Dr. Norbert Hertkorn | Helmholtz Zentrum München – Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt, Abteilung Analytische Biogeochemie |
| Dr. Johannes Janssen | Deutsche Forschungsgemeinschaft, Gruppe Wissenschaftliche Geräte und Informationstechnik |
| Prof. Dr. Stefan Joos | Helmholtz-Gemeinschaft, Geschäftsstellenbereich Forschung |
| PD Dr. Bernd Kammerer | Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Zentrum für Biosystemanalyse |
| Prof. Dr. Bernhard Küster | Technische Universität München, Lehrstuhl für Proteomik und Bioanalytik |
| Prof. Dr. Frank Laplace | Bundesministerium für Bildung und Forschung, Referat 614: Lebenswissenschaftliche Grundlagenforschung |
| Prof. Dr. Wolfgang Löwer | Universität Bonn, Institut für Öffentliches Recht, Abt. Wissenschaftsrecht |
| Prof. Dr. Werner Mewes | Helmholtz Zentrum München – Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt, Institut für Bioinformatik und Systembiologie |
| Prof. Dr. Helmut E. Meyer | Ruhr-Universität Bochum, Medizinisches Proteom-Center am Zentrum für klinische Forschung |

| | |
|--------------------------------|---|
| Prof. Dr. Barend Mons | Netherlands Bioinformatics Center, Leiden University Medical Center, Niederlande |
| Prof. Dr. Jörg Overmann | Leibniz-Institut Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig |
| Prof. Dr. Stefan Schreiber | Universität Kiel, Institut für Klinische Molekularbiologie |
| Prof. Dr. Lothar Willmitzer ML | Max-Planck-Institut für molekulare Pflanzenphysiologie, Golm |
| PD Dr. Matthias Wilmanns ML | European Molecular Biology Laboratory Hamburg – Deutsches Elektronen-Synchrotron, Center for Structural Systems Biology |
| Prof. Dr. Marino Zerial | Max-Planck-Institut für molekulare Zellbiologie und Genetik, Dresden |

Gutachter:

| | |
|-----------------------------|--|
| Dr. Rolf Apweiler | European Molecular Biology Laboratory – European Bioinformatics Institute, Hinxton, Großbritannien |
| Dr. Ivo Gut | Centre Nacional d'Anàlisi Genòmica, Barcelona, Spanien |
| Prof. Dr. Regine Hengge ML | Humboldt-Universität zu Berlin, Mikrobiologie |
| Prof. Dr. Rudolf Jänisch ML | Massachusetts Institute of Technology, Whitehead Institute for Biomedical Research, USA |
| Prof. Dr. Matthias Mann ML | Max-Planck-Institut für Biochemie Martinsried, Proteomics and Signal Transduction |
| Prof. Dr. Nikolaus Rajewsky | Berlin Institute for Medical Systems Biology |
| Prof. Dr. Jörn Walter | Universität des Saarlandes, Zentrum für Human- und Molekularbiologie, Genetik/Epigenetik |
| Prof. Dr. Wolfram Weckwerth | Universität Wien, Ecogenomics and Systems Biology, Österreich |

Die Leopoldina dankt den Mitgliedern der Wissenschaftlichen Kommission, allen Teilnehmern der Fachgespräche sowie der Gutachterin und den Gutachtern für ihre Beiträge. Sie dankt Prof. Dr. Lothar Willmitzer ML (Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm) für seine Mitarbeit am ersten Exposé zu diesem *Zukunftsreport*. Ebenfalls dankt sie allen Fakultäten und Graduiertenkollegs/-schulen, die sich an der Umfrage zu Omics-Technologien in Lehre, Forschung und Infrastrukturen beteiligt haben. Die Deut-

sche Forschungsgemeinschaft (DFG), die Max-Planck-Gesellschaft (MPG), die Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz (WGL), die Helmholtz-Gemeinschaft (HGF), die Fraunhofer-Gesellschaft (FhG) und das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) haben freundlicherweise Informationen zu den von ihnen unterhaltenen bzw. geförderten lebenswissenschaftlichen und bioinformatischen Forschungsinfrastrukturen bereitgestellt.

Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina e.V.
– Nationale Akademie der Wissenschaften –

Jägerberg 1
06108 Halle (Saale)
Tel.: (0345) 472 39-867
Fax: (0345) 472 39-839
E-Mail: politikberatung@leopoldina.org

Berliner Büro:

Reinhardtstraße 14
10117 Berlin

Die Leopoldina ist eine der ältesten Wissenschaftsakademien der Welt. 1652 gegründet, ist sie der freien Wissenschaft zum Wohle der Menschen und der Gestaltung der Zukunft verpflichtet. Mit ihren rund 1500 Mitgliedern versammelt die Leopoldina hervorragende Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus Deutschland, Österreich, der Schweiz und zahlreichen weiteren Ländern.

Als Nationale Akademie Deutschlands vertritt die Leopoldina seit 2008 die deutsche Wissenschaft in internationalen Gremien und nimmt zu wissenschaftlichen Grundlagen politischer und gesellschaftlicher Fragen unabhängig Stellung. In interdisziplinären Expertengruppen erarbeitet die Leopoldina, auch gemeinsam mit anderen deutschen, europäischen und internationalen Akademien, öffentliche Stellungnahmen zu aktuellen Themen. Die Leopoldina fördert die wissenschaftliche und öffentliche Diskussion, sie unterstützt wissenschaftlichen Nachwuchs, verleiht Auszeichnungen, führt Forschungsprojekte durch und setzt sich für die Wahrung der Menschenrechte verfolgter Wissenschaftler ein.