

KOOPERATIVE KONKURRENZ IN BIG BIOLOGY: DIE ANFÄNGE DES HUMAN GENOME PROJECT IM LABOR LABOR, CA. 1990-2001

Inaugural-Dissertation
zur Erlangung des Doktorgrades der Philosophie
an der Ludwig-Maximilians-Universität München

Vorgelegt von
Marina Schütz

2025

Referentin: Prof. Dr. Kärin Nickelsen
Koreferentin: Prof. Dr. Christina Brandt
Tag der mündlichen Prüfung: 23.10.2024

Inhaltsverzeichnis	1
Kooperation und Konkurrenz im USA HGP	3
Forschungsstand.....	9
Methodik und Begriffe	13
Kooperation und Konkurrenz zusammengedacht.....	13
Konkurrenz	18
Kooperation	22
Quellen	26
Archivalien	26
Naturwissenschaftliche Publikationen	28
Gremien und Evaluationsberichte.....	28
Interviews	29
Thesen und Aufbau.....	30
Prolog	33
1 Eine Kooperation im Wandel der Zeit	39
Geschichte der <i>C. elegans</i> Forschung.....	41
Kartierungsprojekte.....	45
Von der physischen Karte zur Sequenz	58
Zwischenfazit.....	69
Einwerbung der Gelder	70
1 Fazit	79
2 Kooperative Auseinandersetzung mit Konkurrenz.....	81
Unterscheidung in gute und schlechte Konkurrenz.....	83
Autorschaft.....	89
Latente Konkurrenz	99
2 Fazit	108
3 Konkurrenz mit Craig Venter Teil 1	112
Geschichte der cDNA-Diskussion	112
cDNA- und EST-Fragmente an <i>C. elegans</i>	121
Die epistemischen Effekte von Konkurrenz	127
3 Fazit	132
4 Konkurrenz mit Craig Venter Teil 2	135
Das Ende der Pilotphase und die Suche nach Fördergeldern	138
The Friendly Face of Imperialism (1994-1998).....	149
Aktion – Reaktion (Ende 1997-2001)	155
Pressekonferenz im Weißen Haus.....	168
Parallele Publikation der Entwürfe	170

4 Fazit	172
Konstruktion von Kooperation und Konkurrenz im USA HGP	176
Geschichte der Kooperation.....	176
Kooperation und Konkurrenz.....	179
Stabilisierung	179
Konstituierung	182
Semantik der Eile	184
Gemeinsame Teilhabe an Ressourcen.....	185
Verzeichnis	189
Abbildungsverzeichnis.....	189
Quellenverzeichnis	189
Bodleian Library Oxford.....	189
The National Archives, London.....	189
Wellcome Collection, London.....	189
Andere	190
Interviews	190
Internetquellen	191
Literaturverzeichnis.....	192

Kooperation und Konkurrenz im USA HGP

Gegenwärtig ist die Sequenzierung von Genomen in vielen Forschungsfeldern nicht mehr wegzudenken. Die breitere Bevölkerung wurde damit spätestens während der Corona-Pandemie bekannt, als weltweit immer neue Varianten von SARS-Covid-19 voneinander unterschieden und die Informationen darüber veröffentlicht wurden. Und auch die Amplifizierung von Virusmaterial bei der Durchführung von PCR-Tests wurde zu einem vertrauten Prozedere. Beides, die Amplifizierung biologischer Materialien durch die sog. Polymerase Chain Reaction¹ (PCR) sowie die routinierte und computergestützte Sequenzierung von Genomen, waren Technologien, die Ende des letzten Millenniums im Zuge des Humangenomprojekts entwickelt wurden. Unter dem Humangenomprojekt versteht man gemeinhin den weltweit koordinierten und kooperativen Forschungsverbund, durch dessen Arbeit von ca. 1990-2003 die gesamte menschliche DNA² kartiert sowie die Abfolge aller Basenpaare in der Doppelhelix der DNA ausgelesen, i.e. sequenziert, wurde. Das Humangenomprojekt war gleichermaßen Signum tiefgreifender Veränderungen in den biologischen, biomedizinischen und molekularbiologischen/-genetischen Disziplinen als auch wiederum Auslöser weiterer Transformationsprozesse. Die computergestützte Sammlung, Aufbewahrung und Auswertung von immens großen Mengen an Forschungsdaten setzte sich im Zuge dieser Entwicklungen als neue Praxis in den Lebenswissenschaften durch. Labore der Lebenswissenschaften sind nun häufig in „wet labs“ (die klassischen Bereiche des Labors für die Experimente mit biologischen Materialien) und „dry labs“ (Räume mit Computern, an denen die generierten Daten untersucht, visualisiert und ausgewertet werden) unterteilt.

Diese Veränderungen wurden durch die wachsende Rechnerleistung, die Ende des ausgehenden 20. Jahrhunderts zur Verfügung stand, möglich gemacht und sie tragen weiter dazu bei, die Funktionsweisen der Lebenswissenschaften zu verändern und den Fokus auf Datensammlung und -auswertung zu verstärken. Ein weiteres Novum für die beteiligten Disziplinen war die koordinierte und zielgerichtete Vorgehensweise bei einem internationalen Forschungsprojekt diesen Umfangs. Kooperation war auf allen Ebenen notwendig, nicht nur zwischen Forschenden verschiedenster Disziplinen wie der Biologie, der Genetik, der Computerwissenschaft und der Mathematik, um nur einige Beispiele zu nennen, sondern auch zwischen einer großen Menge an Laboren weltweit. Doch wie gingen diese immensen Transformationen vor sich? Wie genau funktionierte die Koordinierung internationaler Zusammenarbeit in diesem Ausmaß? Woher kam das Interesse an einer solchen Forschungsinitiative? Und weshalb interessierte man sich so für die Abfolge von mehr als drei Milliarden Basenpaaren des menschlichen Genoms? Die Technologien und Methoden waren Mitte der 1980er eigentlich noch gar nicht geeignet, ein so großes und komplexes Genom wie das menschliche zu kartieren und zu sequenzieren. Sie mussten erst in erforderlichem Maße weiterentwickelt werden, um mit derart großen Mengen an biologischem Material und Information umzugehen. Dennoch wurde bereits Mitte/Ende der 1980er der Plan gefasst, auf die umfassende Sequenzierung des gesamten menschlichen Genoms abzuzielen. Für die Dauer der

¹ Polymerase Chain Reaction (PCR; Polymerase-Kettenreaktion) steht für Prozesse der Amplifizierung von DNA als Ausgangsmaterial für Untersuchungen im Labor unter Rückgriff auf unterschiedliche Methoden, eine davon die Verwendung des Enzyms DNA-Polymerase.

² Die Abkürzung DNA steht für Deoxyribonucleic Acid. Aufgrund der Geläufigkeit des englischen Ausdrucks und der dazugehörigen Abkürzung sehe ich davon ab, das deutsche „DNS“ zu verwenden.

vorliegenden Untersuchung wollen wir diese Sachverhalte nicht als gegeben voraussetzen, sondern sie hinterfragen und in ihrer historischen Gewordenheit betrachten.

Mitte der 1980er wurden in der angelsächsischen Welt, in Europa, aber auch in Russland, Japan und Israel Rufe laut, die gesamte DNA des menschlichen Genoms zu kartieren und zu sequenzieren. Das Interesse an der Verortung von Genen sowie an der genaueren Zusammensetzung ihrer Basenpaare in der Doppelhelix kam dabei aus unterschiedlichen Forschungsfeldern mit unterschiedlichen übergeordneten Erkenntnisinteressen. Humangenetiker waren auf der Suche nach Genen, die für zentrale menschliche biologische Eigenschaften und Charakteristika (mit-)verantwortlich waren. In der medizinischen Genetik interessierte man sich spezifisch für die genetischen Ursachen von erblichen Krankheiten, während man in der Zytogenetik den Aufbau von Zellen und die Prozesse der Vererbung näher kennenlernen wollte. Doch nicht nur in der biomedizinischen und genetischen Forschung am Menschen stieg das Interesse an Genkarten, Genomkarten und Sequenzen. Auch in der molekularbiologischen und -genetischen Forschung an einfachsten Modellorganismen und Modellsystemen wurden seit den frühen 1970ern DNA-Abschnitte sequenziert, etwa an Viren (Bakteriophagen) und Bakterien. Später kamen andere Modellsysteme hinzu wie Hefe, Fadenwürmer, Fruchtfliegen und Pflanzen.

Das Interesse an der Kartierung und Sequenzierung einzelner DNA-Abschnitte oder einzelner Gene war Mitte der 1980er also nicht neu. Neu war hingegen das Nachdenken über eine koordinierte Initiative oder ein Großforschungsprojekt zur umfassenden Kartierung und Sequenzierung gesamter Genome oder größerer Abschnitte davon. Durch die gezielte Bewerbung einer solchen Initiative durch einflussreiche Personen der angelsächsischen und europäischen Wissenschaftslandschaft und Institutionen wurden die Öffentlichkeit und die Politik davon überzeugt, sie zu unterstützen. Ende der 1980er und Anfang der 1990er liefen weltweit Forschungsinitiativen zur Erforschung von Genomen an. An den Kartierungs- und Sequenzierungsprojekten waren Labore, die aus staatlichen Geldern oder von Stiftungen finanziert wurden, sowie privatwirtschaftliche Partner aus der Industrie beteiligt. Ursprünglich vereinte der internationale Projektverbund nicht nur Labore aus USA und UK, sondern auch aus Japan, Deutschland, Frankreich, Italien, Griechenland, Israel und Russland – die Ausgangslage unter Beteiligung vieler Nationen und kleinerer und größerer Labore war also recht vielfältig.

Doch zügig begann eine Auswahl angelsächsischer Labore das Projekt und dessen Außenwirkung zu dominieren, so dass letztlich die gesamte DNA des menschlichen Genoms von einer Hand voll riesiger Genomsequenzierungszentren sequenziert wurde. In der Regel sind es diese fünf Genomsequenzierungszentren, die sich selbst treffenderweise als ‚Great Five‘ bezeichneten, an die wir denken, wenn vom Humangenomprojekt die Rede ist. Die vorliegende Arbeit versucht diese Gemengelage nuanciert wiederzugeben, indem die nationalen Genominitiativen in den USA und im UK als solche bezeichnet werden: das US-amerikanische Humangenomprojekt (USA HGP) und das Human Genome Mapping Project im United Kingdom (UK HGMP). Geht es um den Zusammenschluss der internationalen Labore, so spreche ich vom internationalen Forschungsverbund oder vom internationalen Konsortium.

Die Entschlüsselung der gesamten DNA des Menschen sollte die biologische und biomedizinische Forschung revolutionieren und die umfassende Weiterentwicklung der Technologien sollte Sequenzierung

zukünftig zu einer einfachen und kostengünstigen Praxis machen. Die Daten zur Position und Abfolge von biologischen Markern und Genen (Kartierung), sowie der Abfolge der Basenpaare der DNA (Sequenzierung) sollten die Grundlage für die biologische und biomedizinische Forschung der nächsten Jahrzehnte bilden und das Verständnis von Zusammensetzung und Funktion des Erbgutes, der Genregulation und Proteinsynthese, aber auch der vergleichenden Evolutionsforschung vorantreiben. Ebenso erhoffte man sich fundamentale Erkenntnisse über die erblichen Krankheiten des Menschen, die durch Gene (mit-)verursacht werden, und somit Möglichkeiten zur Entwicklung von Therapien und Medikation. Ein wesentlicher Bestandteil der nationalen Genominitiative in den USA war die Weiterentwicklung und Automatisierung der Sequenzierungstechnologien, denn von den heutigen Hochdurchsatzverfahren war man Ende der 1980er und Anfang der 1990er noch weit entfernt. Dies sollte anhand einer Menge an Pilotprojekten geleistet werden, im Zuge derer die kleineren und weniger komplexen Genome von Modellorganismen sequenziert wurden; beispielsweise das von *Caenorhabditis elegans*, das von *Saccharomyces cerevisiae* oder auch das von *Drosophila melanogaster*.

Die Kartierungs- und Sequenzierungsarbeit wurde unter Rückgriff auf immer stärker computerisierte und automatisierte Methoden durchgeführt, weshalb interdisziplinäre Kooperationen gezielt ermutigt wurden. Zudem befasste sich eine Komponente der Genominitiative mit der Schaffung von digitalen Infrastrukturen, wie etwa Datenbanken zur Sammlung, Aufbewahrung und Verbreitung von Kartierungs- und Sequenzierungsdaten. Zu guter Letzt gab es noch eine geisteswissenschaftliche Projektkomponente, die die Konsequenzen von DNA-Sequenzierung für Gesellschaft, Medizin und Recht aus ethischer Perspektive reflektierte. Das USA HGP ist demnach als Konglomerat aus vielen verschiedenen Projektkomponenten zu verstehen, die in Teilen bereits existierten, die jedoch durch die koordinierte Initiative unter einem Dach vereint und in besonderem Maße gefördert wurden. Aufgrund dieser Charakteristika befand sich das US-amerikanische Humangenomprojekt an der Schnittstelle zentraler Transformationsprozesse der Lebenswissenschaften im ausgehenden 20. Jahrhundert.

In ihren retrospektiven Erzählungen betonten die beteiligten Naturwissenschaftler³ das hohe Maß an Kooperation, das für die Durchführung der Kartierung und Sequenzierung des menschlichen Genoms notwendig gewesen sei. Im Zentrum der betreffenden Narrative stehen die guten Kooperationsbeziehungen innerhalb des aus öffentlichen Geldern finanzierten internationalen Forschungsverbunds sowie die Einigung der Konsortiumslabore, die Sequenzierungsdaten, die Forschungsprotokolle und die biologischen Materialien zügig und frei verfügbar zu machen. Dies wurde in

³ An der Bearbeitung des Humangenomprojekts waren auch weibliche Forschende und Mitarbeitende beteiligt, vor allem in den Reihen der technischen Angestellten, aber auch unter den Promovierenden und Post-Docs. Dabei gilt: je weiter fortgeschritten die Karrierestufe, desto weniger Frauen sind vertreten. In der Führungsriege der Professoren, die das Humangenomprojekt und den öffentlichen und historiografischen Diskurs darum maßgeblich geprägt haben, waren keine Frauen beteiligt, so dass in diesem Fall eine entgederte Schreibweise nicht notwendig ist. Dort, wo sich der vorliegende Text auf diesen Personenkreis und das Wirken der Laborleitungen John Sulston und Robert Waterston konzentriert, wird mit dem generischen Maskulin gearbeitet. Doch dort, wo es um die Arbeit in den von Sulston und Waterston geleiteten Arbeitsgruppen geht, greife ich auf eine entgederte Schreibweise zurück, denn in den Gruppen ergibt sich unter der Ebene der Postdocs ein diverseres Bild. Vgl. hierzu exemplarisch Wellcome Collection, PP/SUL/A/5/1/2 C. Elegans Meeting 7 sowie PP/SUL/B/1/1/5/2 Staff Code. Eine weitere Ausnahme sind die Abschnitte, in denen ich zur Klärung meiner Analysebegriffe über Wissenschaftler:innen im Allgemeinen spreche.

den sogenannten *Bermuda Principles* festgelegt. Diese Entscheidung war insbesondere vor dem Hintergrund der Bedeutungszunahme von Patenten brisant: von den Forschungsergebnissen wurden hohe wirtschaftliche Gewinne erwartet, da sie für die Entwicklung von medizinischen Therapien oder pharmazeutischen Mitteln relevant sein würden. Das intellektuelle Eigentum an den erarbeiteten Sequenzierungsdaten war deshalb heiß umkämpft. Durch die *Bermuda Principles* verpflichteten sich die Labore dazu, die Sequenzierungsdaten ohne Verzögerung innerhalb von 24 Stunden in die (forschungs-)öffentlichen zugänglichen Datenbanken hochzuladen. Diese Selbstverpflichtung galt vielen damals wie heute als eines der größten Verdienste des Humangenomprojekts. Durch sie sollte die Geheimhaltung ausgehebelt werden, die normalerweise eine Folge der Konkurrenz um wissenschaftliches Prestige und Anerkennung sowie der zunehmenden wirtschaftlichen Verwertung von naturwissenschaftlicher Forschung ist.

Gleichzeitig ist das HGP der breiteren Öffentlichkeit insbesondere durch die intensive Konkurrenz gegen Ende seiner Projektlaufzeit bekannt.⁴ In der zweiten Hälfte der 1990er kam es zu einer intensiven Konkurrenz zwischen dem international agierenden Forschungskonsortium und dem privatwirtschaftlichen Unternehmen Celera der Biologen Craig Venter und Michael Hunkapiller. Die beiden Parteien konkurrierten unter Rückgriff auf unterschiedliche Methoden darum, wer das menschliche Genom schneller, besser und kostengünstiger sequenzieren könnte. Die Konkurrenzpartei, die die menschliche Sequenz zuerst entschlüsselte, wäre in der Lage, prägenden Einfluss darauf zu nehmen, wie mit dem intellektuellen Eigentum an den Daten umgegangen werden sollte. Die hohe wirtschaftliche Relevanz solcher Präzedenzlegung erhöhte den Druck und der Wettlauf zur Erstellung der gesamten menschlichen Sequenz wurde bereits zeitgenössisch in hohem Maße medial rezipiert und begleitet. Durch diese massenmediale Begleitung hebt sich die Konkurrenzsituation des Humangenomprojekts von den bis dahin üblichen Konkurrenzsituationen in den Naturwissenschaften ab. In der Folge nimmt sie auch in der wissenschaftssoziologischen und -historischen Forschung eine zentrale Rolle ein.

Gemeinhin kristallisierte sich ein Narrativ als tonangebend heraus: die moralisch hochwertige Verpflichtung zu Kooperation und Offenheit des internationalen Forschungsverbundes wurde von außen durch die wirtschaftlichen und kompetitiven Bestrebungen der Privatwirtschaft bedroht. Der britische Biologe John Sulston, ab 1993 Direktor des Sanger Centres in Hinxton und leistungsstärkster Kooperationspartner des US HGP außerhalb der USA, nahm eine führende Rolle bei der Verbreitung dieser Erzählung ein. Er und sein US-amerikanischer Kooperationspartner Robert Waterston von der Washington University in St. Louis argumentierten für die Offenheit der Forschung und die ungehinderte Publikation ihrer Ergebnisse. Sie waren federführend an der Formulierung der *Bermuda Principles* beteiligt und leisteten als führende Labore im Forschungsverbund die nötige Überzeugungsarbeit für ihre Akzeptanz. In den Jahren nach Abschluss des HGP trat insbesondere Sulston als einflussreiche Person des öffentlichen Lebens für die freie Verfügbarkeit von Forschungsergebnissen ein.⁵ Zudem publizierte er eine

⁴ N.N.: Why was There a Race to Sequence The Human Genome? Online verfügbar unter: <https://www.yourgenome.org/stories/why-was-there-a-race-to-sequence-the-human-genome>, 13.06.2016, zuletzt aufgerufen am: 06.04.2020.

⁵ Sulston, John: Staking Claims in the Biotechnology Klondike. In: Bulletin of the World Health Organization, Vol. 84 (2006), No. 5, S. 412-414.

wissenschaftliche Autobiografie und arbeitete an weiteren wissenschaftsjournalistischen Veröffentlichungen mit. Auch viele andere naturwissenschaftliche oder wissenschaftsnahe Akteure, die an den damaligen Entwicklungen beteiligt waren, veröffentlichten zeitnah oder im Nachhinein eigene Darstellungen. So wurde die Geschichte vom immens kooperativen Forschungsverbund, der von den Profitinteressen der Privatwirtschaft bedroht worden war und sich gegen diese durchgesetzt hatte, weiterverbreitet.

Doch die Erzählung von Kooperation auf Seiten des öffentlichen Forschungsverbundes und Konkurrenz auf Seiten der Privatwirtschaft wird der historischen Realität und den dynamischen Entwicklungen innerhalb des Forschungsverbundes nicht gerecht. Genau hierfür ist das Beispiel der Biologen John Sulston und Robert Waterston instruktiv. Denn schließlich gehörten ihre beiden Großlabore zu den G5, sie rangierten auf Platz zwei und drei der leistungsstärksten Labore des Konsortiums. Das zeigt, dass sie als kompetitiv, strategisch und pragmatisch handelnde Akteure wahrgenommen werden müssen, die sich ihre Führungsrolle durch immense wissenschaftliche, aber auch strategische Leistungsfähigkeit erarbeitet haben. Dies umso mehr, wenn man sich die wissenschaftliche Herkunft der beiden Wissenschaftler vergegenwärtigt. Die Kartierung und Sequenzierung des menschlichen Genoms am Sanger Centre und an der Washington University durch Sulston respektive Waterston hatte sich aus der Kartierung und Sequenzierung des Nematoden *Caenorhabditis elegans* entwickelt. In der Gruppe von Sydney Brenner am Laboratory of Molecular Biology (Cambridge, UK) hatten Sulston und Waterston Einstieg in die Arbeit mit *C. elegans* als neuen Modellorganismus der Molekularbiologie und -genetik gefunden und dort wurden sie wissenschaftlich sozialisiert. Im Zuge der physischen Kartierung des Genoms des Fadenwurms ab Mitte der 1980er begann ihre jahrzehntelange fruchtbare wissenschaftliche Partnerschaft.

Nach Abschluss der physischen Kartierung warben beide Wissenschaftler gemeinsam Gelder für ein Folgeprojekt ein, das sie ab 1989 in einer transatlantischen Kooperation durchführten: die Sequenzierung jedes einzelnen Basenpaares im Genom des Fadenwurms. Die Sequenzierung des Fadenwurms wurde zu einem der Pilotprojekte für das USA HGP und das UK HGMP; am kleineren und weniger komplexen Genom des Fadenwurms wurden die Sequenzierungstechnologien erprobt und weiterentwickelt, die später für das menschliche Genom verwendet wurden. Durch die erfolgreiche Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms positionierten sich Sulston und Waterston als Kandidaten für die anteilige Sequenzierung des menschlichen Genoms und führten diese Arbeit ab ca. 1993 in den jeweils eigens gegründeten Sequenzierungszentren durch. 1992 war die erste Pilotphase der Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms abgeschlossen und beide Labore richteten einen größeren Teil ihrer Aufmerksamkeit auf die Sequenzierung des menschlichen Genoms. In anderen Abteilungen der Labore wurde auch an anderen Organismen geforscht sowie weiterführende Studien zur Funktionalität der Gene durchgeführt. Bei Abschluss der Humangenomsequenzierung im Jahre 2003 gehörten sie dann zu den fünf leistungsstärksten Laboren. Aus dieser Position der Stärke heraus setzten sie sich dafür ein, dass die Sequenzierungsdaten nicht mit Restriktionen versehen werden sollten, sondern dass diese als Gemeingut öffentlich verfügbar bleiben sollten.

Sulston und Waterston begannen ihre wissenschaftliche Laufbahn in der noch relativ jungen molekularbiologischen und molekulargenetischen Forschung an *C. elegans* und beendeten sie als

Direktoren großer Sequenzierungszentren, in denen hochautomatisiert, hochtechnisiert und hochproduktiv DNA sequenziert wurde. Sie warben immer wieder sehr geschickt und erfolgreich Gelder für ihre Kooperation ein, indem sie sich gegen andere Gruppen durchsetzten. Sie kooperierten miteinander, um die gemeinsamen Ziele zu erreichen – versuchten jedoch trotzdem schneller und erfolgreicher zu arbeiten als die jeweils andere Gruppe. Sie wurden wissenschaftlich in einem Umfeld sozialisiert, das in hohem Maße von Kooperation und Kommunikation geprägt war, und setzten sich dennoch in internationalen Konkurrenzkämpfen durch, bis sie schließlich zu den leistungsstärksten Beitragenden der internationalen Genomprojekte gehörten. Bei der Durchsetzung der *Bermuda Principles* nahmen sie eine Führungsrolle ein und bewegten kleinere Labore mit abweichenden Positionen zum Einlenken. Sie nutzten ihre einflussreiche und prominente Stellung dazu, Normen von Kooperation und Offenheit autoritativ gegen Skeptiker und Kritiker durchzusetzen und in Form der *Bermuda Principles* für den Forschungsverbund des Humangenomprojekts verbindlich zu machen.

Dieser Facettenreichtum macht die Geschichte ihrer Kooperation so interessant. Bereits an diesem skizzenhaften Problemaufriss zeigt sich, dass die kompetitiven und kooperativen Elemente gleichermaßen in die Analyse miteinbezogen werden müssen, will man zu einer nuancierten historischen Einschätzung der Humangenomsequenzierung gelangen. Kooperation und Konkurrenz in den Wissenschaften schließen einander nicht aus, sondern existieren in spannungsvoller Gleichzeitigkeit und dies zeigt sich am Humangenomprojekt in besonders augenfälliger Weise. Dass in den Wissenschaften Kooperation und Konkurrenz koexistieren und sich vielschichtig überlagern, sind die grundlegenden Prämissen der DFG-geförderten Forschungsgruppe “Kooperation und Konkurrenz in den Wissenschaften”, deren Teil das vorliegende Projekt ist.

Entsprechend soll im Folgenden nicht nur einer der beiden Handlungsmodi in den Blick genommen werden, so wie das in der bisherigen wissenschaftshistorischen, -soziologischen und -philosophischen Forschung hauptsächlich geschehen ist, sondern beide sollen in ihrer Gleichzeitigkeit und in ihrer Relation zueinander untersucht werden. Dabei begreife ich sowohl Kooperation als auch Konkurrenz als sog. *verhältnisgestaltende Handlungsmodi*, durch die das Verhältnis von Individuen oder/und Gruppen zueinander ausgestaltet wird. Als Analysekategorien stehen sie im Zentrum dieser historischen Untersuchung von Interaktionsdynamiken in den Naturwissenschaften und mit ihrer Hilfe werden Geschichte und Entwicklung der Zusammenarbeit von Sulston und Waterston untersucht. Anhand der Geschichte ihrer Zusammenarbeit soll folgende Forschungsfrage beantwortet werden: in welchem Verhältnis standen das Betreiben wissenschaftlicher Kooperationsprojekte und kooperatives, offenes Verhalten auf der einen Seite und das strategische Eintreten in Konkurrenzverhältnisse auf der anderen Seite? Streckenweise nehme ich auch die Zusammenarbeit der Laborgruppen, die von Sulston und Waterston ab Beginn der 1990er geleitet wurden, in den Blick. Durch den Fokus auf die Interaktionsdynamiken zwischen zwei international kooperierenden Gruppen sind sowohl Entwicklungen in den USA als auch im UK relevant – ohne dass sich die vorliegende Arbeit zu sehr auf die Besonderheiten der einzelnen nationalen Kontexte beschränken würde.

Forschungsstand

In der bisherigen wissenschaftshistorischen Forschung standen die prägenden Karriereabschnitte, die Sulston und Waterston am Laboratory of Molecular Biology in Cambridge verbracht hatten, im Fokus. Sie gehörten zur ersten Generation der Schüler von Sydney Brenner, der am LMB die molekularbiologische und molekulargenetische Forschung an *Caenorhabditis elegans* begründet hatte. Die Erschließung des Nematoden als Modellorganismus für molekularbiologische Forschungsfragen und die Geschichte des LMB als weltweit renommiertem Labor sind intensiv beforschte Episoden aus der Geschichte der neueren Molekularbiologie. Die spezifisch am LMB praktizierte Mischung aus Biochemie, Röntgenkristallografie und molekularbiologischer Modellorganismusforschung, sowie die Kultur der Kommunikation und Zusammenarbeit prägten die Disziplinen der Molekularbiologie und der Molekulargenetik weltweit.⁶

In ihren Arbeiten zur Geschichte der entwicklungsbiologischen und molekularbiologischen Forschung an *C. Elegans* untersuchten Soraya de Chadarevian und Rachel Ankeny auch das Forschungsprofil von John Sulston: wie entwickelte sich das Interesse an der Kartierung und Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms aus dem wissenschaftlichen Umfeld, das durch Brenner und das LMB inhaltlich und methodisch bereitet wurde? Welche Forschungsprojekte führten Sulston und Waterston vor ihrer Arbeit am Genom des Fadenwurms durch, welche übergeordneten Erkenntnisinteressen verfolgten sie?⁷ De Chadarevian und Ankeny erklärten Sulstons Hinwendung zur umfassenden Kartierung und Sequenzierung damit, dass große, umfassende Katalogisierungsprojekte mit starker technischer Komponente seinem wissenschaftlichen Profil entsprachen.⁸ In der folgenden Arbeit soll erweiternd nachgezeichnet werden, welche übergeordneten Erkenntnisinteressen Waterston zur Kartierung und Sequenzierung gesamter Genome führten, welche wissenschaftlichen Positionen er vertrat und wie er sich strategisch und moralisch verhielt.

⁶ Insb. de Chadarevian, Soraya: Sequences, Conformation, Information: Biochemists and Molecular Biologists in the 1950s. In: *Journal of the History of Biology* Vol. 29 (1996), No. 3, S. 361-386; Dies.: Of Worms and Programmes: *Caenorhabditis Elegans* and the Study of Development. In: *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* Vol. 29 (1998), No. 1, S. 81-105; dies.: Mapping Development or How Molecular is Molecular Biology? In: *History and Philosophy of the Life Sciences* Vol. 22 (2000), No. 3, S. 381-396; dies.: Designs for Life: Molecular Biology After World War II. Cambridge, 2002; Ankeny, Rachel A.: The Natural History of *Caenorhabditis Elegans* Research. In: *Nature Genetics* Vol. 2 (2001), S. 474-479.

⁷ De Chadarevian, Soraya: Mapping the Worm's Genome. Tools, Networks, Patronage. In: Gaudillière, Jean-Paul; Rheinberger, Hans-Jörg: From Molecular Genetics to Genomics. The Mapping Cultures of Twentieth-Century Genetics. London, 2004, S. 95-110.

⁸ Anhand von *C. elegans* wurde sehr gründlich untersucht, wie ein Organismus zu einem Modellorganismus gemacht wurde: die Erschließung und Katalogisierung des ganzen Organismus bildete die Basis für die Untersuchung seines biologischen und genetischen Verhaltens in typischen und in besonderen Fällen; vgl. de Chadarevian 1998, Of Worms and Programmes, S. 100; dies. 2000, Mapping Development, S. 387; Ankeny 2001, Natural History, S. 474-479; Dies.: Sequencing the Genome from Nematode to Human: Changing Methods, Changing Science. In: *Endeavour* Vol. 27 (2003), No. 2, S. 87-92; Dies. und Leonelli, Sabina: Model Organisms. In: Ramsey, Grant und Ruse, Michael (Hrsg.): Cambridge Elements, Elements in the Philosophy of Biology, Cambridge, 2020. Online verfügbar unter: <https://www.cambridge.org/core>; heruntergeladen am 25.06.2021; sowie auch Maxson Jones, Kathryn; Cook-Deegan, Robert; Ankeny, Rachel (15.11.2011): Interview mit Robert Waterston und John Sulston. Durham, S. 16. Online verfügbar unter <https://hdl.handle.net/10161/7692>, zuletzt aufgerufen am 09.03.2021, S. 17 des Transkripts; Maxson Jones, Kathryn; Ankeny, Rachel A. und Cook-Deegan, Robert M.: The Bermuda Triangle: The Pragmatics, Policies, and Principles for Data Sharing in the History of the Human Genome Project. In: *Journal of the History of Biology* Vol. 51 (2018), S. 693-805.

Der freie Austausch von Informationen und Materialien unter Rückgriff auf Datenbanken, zentrale Repositorien und Newsletter waren unumstößliche Eckpfeiler von Sulstons und Waterstons Arbeit. Diese Normen wurden bisher unter Rückgriff auf Kohlers Begriff der „moral economy“ verstanden. Das betrifft zum einen die vielen historischen Arbeiten zur Rolle von Modellorganismen in den Lebenswissenschaften, zum anderen aber auch die Forschung zur Rolle der Datenbanken in der Röntgenkristallografie, der Molekularbiologie und der Genomik.⁹ Die aus der Wirtschaftsgeschichte stammende Metapher hebt auf den engen Zusammenhang von Angebot, Nachfrage und sozialer Verschaltung in der gegenwärtigen Wirtschaftsordnung ab, und ist als solche prinzipiell geeignet, Austauschprozesse zu veranschaulichen. Sie rückt die Funktionsweise der Wissenschaft in die Nähe eines Marktplatzes, auf dem Informationen und Materialien in einem nie enden wollenden Austauschprozess hin und her gereicht werden. So rückte die Ebene der Materialien, der Instrumente und der alltäglichen Austauschprozesse in den Blick der wissenschaftshistorischen Forschung.¹⁰ Doch in der vorliegenden Arbeit sollen die sozialen Verhältnisse und interpersonellen Dynamiken nicht nur mithilfe einer Metapher beschrieben werden, sondern unter Rekurs auf Kooperation und Konkurrenz als soziale Formen und als verhältnisgestaltende Handlungsmodi erklärt und analytisch aufgeschlüsselt werden. Hierfür ist es unerlässlich, sich die Zielsetzungen der Akteure auf der epistemischen Ebene anzusehen.

Der Fokus auf die epistemischen Ziele eines kooperativen Gespanns bedeutet denn auch, dass die Perspektive auf die internationale Genomforschung und die beiden Genominitiativen in den USA und im UK eine andere sein muss. In der vorliegenden Arbeit soll der Charakter des US-amerikanischen Humangenomprojekts als Konglomerat unterschiedlicher Projekte und Komponenten hervorgehoben werden.¹¹ Während dies in der wissenschaftshistorischen Forschung an einigen Stellen zwar zumindest erwähnt wurde, so wurde daraus selten ein konsequenter historiografischer Standpunkt abgeleitet. Eine Ausnahme stellt die rezent veröffentlichte Monografie von Miguel García-Sancho und James Lowe dar.¹² Sie betonen den vielfältigen und heterogenen Charakter der internationalen Genomforschung, um zu einem nuancierten Bild der Geschichte der Genomik zu gelangen und um die historiografische Dominanz

⁹ Generell ist die Forschung zu Modellorganismen in den biologischen und angrenzenden Wissenschaften sehr stark geprägt von Robert Kohlers wegweisender Monographie: Kohler, Robert: *Lords of the Fly. Drosophila Genetics and the Experimental Life*. Chicago/London, 1994. Beispiele für die Verwendung des Begriffs sind etwa: Leonelli, Sabina: *Growing Weed, Producing Knowledge. An Epistemic History of Arabidopsis Thaliana*. In: *History and Philosophy of the Life Sciences* Vol. 29 (2007), No. 2, S. 193-223; Leonelli, Sabina und Ankeny, Rachel A.: *Re-Thinking Organisms: The Impact of Databases on Model Organism Biology*. In: *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* Vol. 43 (2012), S. 29-36; Ankeny/Leonelli 2020, *Model Organisms*; Strasser, Bruno J.: *The Experimenter's Museum: GenBank, Natural History, and the Moral Economies of Biomedicine*. In: *Isis*, Vol. 102 (2011), No. 1, S. 60-96; Bangham, Jenny: *Living Collections: Care and Curation at Drosophila Stock Centres*. In: *British Journal for the History of Science Themes* Vol. 4 (2019), S. 123-147.

¹⁰ Kohler 1994, *Lords of the Fly*, S. 1-6.

¹¹ Das wesentliche Merkmal, das die Rede vom USA HGP rechtfertigt, ist die Tatsache, dass gesonderte Gelder für die Genomforschung bewilligt wurden. Dies wurde von den US-amerikanischen Forschungsförderungsinstitutionen als „ring-fenced funding“ bezeichnet. Vgl. etwa das Schreiben von Diane J. McLaren (MRC) an Dr. M. Guyer (NCHGR NIH) vom 24.06.1991. Wellcome Collection PP/SUL/A/5/24 Sequence Funding Meeting.

¹² García-Sancho, Miguel und Lowe, James: *A History of Genomics Across Species, Communities and Projects*. Manchester, 2023. Open Access über Springer Link.

US-amerikanischer Akteure und Narrative anzufechten.¹³ Stattdessen konstatieren sie, dass in der Geschichte der internationalen Genomforschung bisher das Large-Scale Sequencing des menschlichen Genoms überbewertet wurde.¹⁴

Die wissenschaftshistorische Forschung schloss die Geschichte des USA HGP an vorherige biologische Disziplinen an, indem sie die technologischen Komponente der Sequenzierung und die Rolle von Computerprogrammen, Datenbanken und Software in den Blick nahm. Soraya de Chadarevian befasste sich mit der Geschichte der Sequenzierungstechnologien als lokale Forschungspraxis am LMB, die sich aus der Sequenzierung von Proteinen, durchgeführt von Frederick Sanger, entwickelt hatte.¹⁵ In der Folge untersuchte auch García-Sancho die Sequenzierungstechnologien und kam zu dem Schluss, dass es auch bei der Automatisierung der Sequenzierungstechnologien lokale Besonderheiten und Traditionen gab und die Geschichte der internationalen Genomforschung vielfältig und heterogen sei.¹⁶

All diese Untersuchungen arbeiteten sich letztlich an der Frage ab, welche Nation, welche Laborgruppen, welche Forschungsfelder und welche Technologien einen besonders prägenden Einfluss auf das USA Humangenomprojekt, bzw. auf die internationale Genomforschung hatten. Mit der Kritik an der Überbetonung der US-amerikanischen Entwicklungen ging einher, dass andere nationale Kontexte historisch in den Fokus genommen wurden. Aus der Kritik der Überbetonung der Rolle der Humangenetik oder des Large-Scale Sequencing resultierte, dass die Relevanz anderer Disziplinen betont wurde.¹⁷

¹³ Eine Ausnahme von der Dominanz der US-amerikanischen Entwicklungen stellten hierbei die Arbeiten von Brian Balmer dar: Balmer, Brian: *Mutations in the Research System? The Human Genome Mapping Project as Science Policy*. Dissertation an der University of Sussex, 1993; ders.: *Managing Mapping in the Human Genome Project*, in: *Social Studies of Science* Vol. 26 (1996), S. 531-573; ders.: *Transitional Science and the Human Genome Mapping Project Resource Centre*. In: Glasner, Peter und Rothman, Harry (Hrsg.): *Genetic Imaginations: Ethical, Legal and Social Issues in Human Genome Research*. Aldershot/Brookfield, 1998, S. 7-20.

¹⁴ García-Sancho/Lowe 2023, *History of Genomics*, S. 4 ff. Edna Suárez-Díaz diagnostizierte im Hinblick auf die Geschichte der Genomik eine narrative Verknappung, die durch personelle Überschneidungen zwischen der Genomik und der Molekulargenetik verstärkt worden sei. Suárez-Díaz, Edna: *Making Room for New Faces: Evolution, Genomics and the Growth of Bioinformatics*. In: *History and Philosophy of the Life Sciences* Vol. 32 (2010), S. 65-90, S. 68. Für eine kritische Untersuchung der Narrative von Molekularbiologen vgl. Abir-Am, Pnina: *Themes, Genres and Orders of Legitimation in the Consolidation of New Scientific Disciplines: Deconstructing the Historiography of Molecular Biology*, in: *History of Science* Vol. 23 (1985), No. 1, S. 73-117.

¹⁵ García-Sancho, Miguel: *Biology, Computing, and the History of Molecular Sequencing. From Proteins to DNA, 1945-2000*. Basingstoke/New York, 2012, S. 5 f. Für eine Untersuchung der Proteineinsequenzierung Frederick Sangers und der zentralen Rolle dieser Forschung bei der Gründung des Laboratory of Molecular Biology in Cambridge siehe de Chadarevian 1996, *Sequences, Conformation, Information*; sowie dies. 2002, *Designs for Life*, insb. Kapitel 4.

¹⁶ García-Sancho, Miguel: *From the Genetic to the Computer Program: The Historicity of 'Data' and 'Computation' in the Investigations on the Nematode Worm C. elegans (1963-1998)*. In: *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* Vol. 43 (2012), S. 16-28; ders. 2012, *History of Molecular Sequencing*. Es kritisierte auch Michael Fortun, dass die Entwicklungen in der Sequenzierungstechnologie nicht notwendigerweise zu einem Humangenomprojekt geführt hätten, dies ging sogar so weit, dass er pointiert die Existenz eines HGP bestritt und auf die dezentrale Organisationsform der Genomprojekte hinwies. Fortun Michael A.: "The Human Genome Project Does not Exist." *Projecting Speed Genomics*. In: Ders. und Mendelsohn, Everett (Hrsg.): *The Practices of Human Genetics*. Dordrecht. 1999, S. 25-48, S. 26.

¹⁷ De Chadarevian argumentierte, dass die zytogenetische Forschung an Chromosomen und ihre Bevölkerungsstudien von vererblichen Krankheiten als weiterer Ursprung für die Kartierung von Genen zu sehen sind und für eine Geschichte der Genomforschung unerlässlich sind, siehe de Chadarevian, Soraya: *Whose Turn? Chromosome Research and the Study of the Human Genome*. In: *Journal of the History of Biology* Vol. 51 (2018), No. 4, S. 631-655, sowie dies.: *Heredity under the Microscope: Chromosomes and the Study of the Human Genome*, Chicago, 2020.

Doch es genügt nicht, die konkurrierenden Narrative gegeneinander auszuspielen und somit ein Gegengewicht zu den Erzählungen der dominanten Forschungsgruppen zu bilden. Auch die Geschichte des Aufstiegs von Sulston und Waterston muss *als solche* kritisch beleuchtet werden und die zentralen Narrative der bisherigen Historiografie müssen *aus sich selbst heraus* einer geschichtswissenschaftlichen Kritik unterzogen werden. Auf diese Weise kann untersucht werden, wie die Dominanz ihrer Labore zustande kam; ihre Forschung ist im Kontext von Monopolisierung zu sehen, die auf dem Ausschluss und der Überholung kleinerer Labore gründete. Im Zuge dieser Überlegungen werden auch die *Bermuda Principles* in einem neuen Licht erscheinen, die in der bisherigen wissenschaftshistorischen Forschung unumwunden als großes Verdienst von Sulston und Waterston dargestellt wurden – auch hier wurde die Erzählung der Forschenden übernommen.¹⁸

Gerade John Sulston trat während und nach der Projektlaufzeit als Advokat für die freie Verfügbarmachung von Forschungsergebnissen ein und zeichnete ein gewisses Bild von sich und den Entwicklungen – greifbare kompetitive Realitäten des Wissenschaftsbetriebs seien für ihn nicht handlungsleitend gewesen, sondern die moralischen Erfordernisse eines wissenschaftlichen Universalismus.¹⁹ Dass im Forschungsstand der vorliegenden Arbeit auch eine Auseinandersetzung mit Akteursdarstellungen angekündigt wird, hat einen einfachen Grund: sie waren sehr prägend für die Historiografie und für erste wissenschaftshistorische Aufarbeitungen der Genomprojekte. Der erste Versuch, die Geschichte der *Bermuda Principles* zu schreiben, wurde in einem umfassenden Artikel geleistet, der in enger Zusammenarbeit mit historischen Akteuren verfasst wurde. Sulston und Waterston fungierten als Interviewpartner und stellten historisches Quellenmaterial zur Verfügung. Ko-Autor wurde Robert Cook-Deegan, der als Experte für Wissenschaftspolitik in Washington prägend an der Konzeption des USA HGP beteiligt gewesen war. Aufgrund der Nähe seiner mitwirkenden Personen zu den tatsächlichen historischen Ereignissen bildet der Artikel jedoch eher einen ersten historiografischen Aufschlag. Die Funktion und die Auswirkungen, die die *Principles* auf die Zusammensetzung des Forschungskonsortiums hatten, wurden hingegen noch nicht zufriedenstellend untersucht und die Selbstdarstellung von (insbesondere) John Sulston wurde noch keiner kritischen Prüfung unterzogen.

Auch in Bezug auf die Konkurrenz zwischen dem internationalen Konsortium und Craig Venters privatwirtschaftlichem Unternehmen prägen Akteursdarstellungen und journalistische Aufbereitungen die Überlieferung. Wissenschaftshistorisch wurde die Konkurrenzepisode bisher unter Rückgriff auf die Patentdebatte erklärt und diese wurde in der bisherigen Forschung hauptsächlich unter philosophischen Gesichtspunkten untersucht.²⁰ Entweder wurde nachgezeichnet, wie die Sequenzen als zu patentierende Entitäten konstruiert wurden, oder es wurde ethisch darauf reflektiert, inwieweit die Patentierung von Sequenzen moralisch vertretbar sei. In den Hintergrund trat dabei jedoch, dass die Ablehnung von Patentierungen nicht nur auf moralischen Positionen gründete, sondern dass auch kompetitive – ja sogar

¹⁸ Vgl. etwa: Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*; Maxson Jones, Kathryn und Cook-Deegan, Robert M.: *An Ethos of Rapid Data Sharing, More Relevant Than Ever*. In: *Complicated Legacies: The Human Genome at 20*, *Science* Vol. 371 (2021), No. 6529, S. 564-569.

¹⁹ Vgl. Sulston, John und Ferry, Georgina: *The Common Thread. A Story of Science, Politics, Ethics and the Human Genome*. Washington, D.C., 2002.

²⁰ Cook-Deegan, Robert M.: *The Gene Wars. Science, Politics, and the Human Genome*. New York, 1994.

kommerzielle – Absichten eine Rolle spielten.²¹ Die Geschichte des aus öffentlichen Geldern finanzierten Forschungsverbundes²², in dem sich Wissenschaftlerinnen für die Freiheit der Wissenschaften eingesetzt haben, muss dringend einer kritischen Prüfung unterzogen werden und der Fokus auf Kooperation und Konkurrenz bietet dafür einen sehr gut geeigneten Ausgangspunkt.

Methodik und Begriffe

Kooperation und Konkurrenz zusammengedacht

Kooperation und Konkurrenz schließen einander nicht aus, sondern koexistieren in spannungsvoller Gleichzeitigkeit. Sie sind auch keine Antonyme; Akteure, die nicht kooperieren, konkurrieren nicht automatisch und vice versa.²³ Von diesen Prämissen ausgehend begann die DFG-geförderte Forschungsgruppe „Kooperation und Konkurrenz in der Wissenschaft“ 2017 ihre Arbeit.²⁴ In der vorliegenden Untersuchung werden Kooperation und Konkurrenz als zwei verhältnisgestaltende Handlungsmodi zusammengedacht. Es ist mir dabei ein Anliegen, nicht nur darüber zu sprechen, dass beides koexistieren und sich überlagern kann. Stattdessen sollen die Zusammenhänge beider Modi auf der analytischen Ebene erhellt werden. Denn diese sind gegeben und ihre Untersuchung trägt zum Verständnis der komplexen und ausdifferenzierten wissensbasierten Gesellschaft um die Jahrtausendwende bei.

Hierfür werden sowohl Kooperation als auch Konkurrenz in ein gemeinsames, dreieckförmiges Schema eingesetzt, welches sich durch drei Schwerpunktlegungen auszeichnet:

- 1) Akteure, ihre Ziele und ihre auf das Ziel ausgerichteten Handlungen
- 2) Die Verhältnisse der Akteure zueinander und ihrer Ziele zueinander
- 3) Der Blick auf die Handlungen und Äußerungen, die von den Akteuren in Bezug auf die Rahmenbedingungen vorgenommen werden und durch die diese verändert werden (= Prozessualität).

Während ich mich bei der näheren Betrachtung von Kooperation oder Konkurrenz auf die bereits geleistete historische, soziologische und philosophische Forschung stützen werde (s.u.), so war es für das

²¹ Hilgartner, Stephen: Data Access Policy in Genome Research. In: Thackray, Arnold (Hrsg.): *Private Science: Biotechnology and the Rise of the Molecular Sciences*, Philadelphia 1998, S. 202-218; Radick, Gregory: *Discovering and Patenting Human Genes*. In: Bainham, Andrew; Slater, Shelley Day; Richards, Martin (Hrsg.): *Body Lore and Laws. Essays on Law and the Human Body*, Oxford/Portland 2002, S. 63-78.

²² Die Formulierung „publicly funded“ findet sich in vielen Untersuchungen, darunter etwa de Chadarevian 2004, *Mapping the Worm’s Genome*, S. 107; García-Sancho 2012, *History of Molecular Sequencing*, S. 5; Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*, S. 696; oder in akteursnahen Darstellungen: Sulston/Ferry 2002, *Common Thread*, passim; sowie Brown, Andrew: *In the Beginning was the Worm. Finding the Secrets of Life in a Tiny Hermaphrodite*. New York, 2003, S. 205 ff. Sulston, Waterston und Kollegen empfingen ihre Fördergelder zwar zunächst hauptsächlich von den Forschungsförderungsinstitutionen der öffentlichen Hand, doch viele Projekte und Projektkomponenten enthielten ihre Gelder aus anderen Quellen. Die Rolle von Stiftungen (Wellcome Trust) und Pharmaunternehmen ist dabei zentral, das wird Gegenstand des vierten Hauptkapitels sein.

²³ Nickelsen, Kärin: Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften. In: Jessen, Ralph (Hrsg.): *Konkurrenz in der Geschichte. Praktiken, Werte, Institutionalisierungen*. Frankfurt/New York 2014, S. 353-379, S. 355.

²⁴ FOR 2553; Projektnummer 316001474.

Zusammendenken beider Modi notwendig, einen verbindenden analytischen Zugang zu finden. Durch diesen sollten die Gemeinsamkeiten, die Unterschiede und die Zusammenhänge zwischen beiden Modi erhellt werden. Die bisherige soziologische Forschung zu den Genomforschungsprojekten im UK und in den USA nahm organisationssoziologische Fragen in Bezug auf die Administration und Organisation von Wissenschaften oder die Ko-Produktion von Wissen und sozialer Ordnung in den Blick. Dementsprechend war es eine bewusste Entscheidung, Akteure, Ziele und Handlungen ins Zentrum der Analyse zu stellen. Durch diesen ganz grundlegenden Ansatz rücken die Gegebenheiten auf einer historisch-soziologischen Ebene in den Blick und gleichzeitig wird eine Perspektive auf größere Zusammenhänge eröffnet.

Ziele und Handlungen

Bereits Graßhoff und May erkannten die analytische Produktivität der Fokussierung auf die Schnittstelle von Zielen und Handlungen, als sie Mitte der 1990er computergestützt "eine historisch adäquate Modellierung eines komplexen wissenschaftlichen Entdeckungsprozesses" – der Beschreibung der Harnstoffsynthese durch Hans Krebs und seinen Assistenten Kurt Henseleit zu Beginn der 1930er – vornahmen.²⁵ Sie beschrieben das Verhältnis von Zielen und Handlungen wie folgt: eine Person führt eine Handlung durch, um ein Ziel zu erreichen, da sie denkt, dass diese Handlung geeignet ist, um das Ziel zu erreichen. Obendrein muss die Person qua Fähigkeiten und Ressourcen dazu in der Lage sein, die Handlung durchzuführen.²⁶ Ziele und Handlungen werden aufgrund der epistemischen Normen eines Forschungsfeldes gewählt. Wissenschaftler:innen interessieren sich für ein bestimmtes wissenschaftliches Problem, da es im Kontext ihres Feldes als interessant und bearbeitbar gilt und sie in ihrem Feld verortet sind, mitunter sogar sozialisiert wurden. Der wissenschaftliche Entdeckungsprozess unterliegt Normen und Theorien und von diesen Rahmungen werde ich mich leiten lassen, während ich nachzeichne, wie der wissenschaftliche Prozess von Kooperation und Konkurrenz geprägt ist.

Das Schema ist von Nutzen, um zu beschreiben, wie Wissenschaftler:innen planen, bei der Erforschung eines Problems vorzugehen und – eng damit verknüpft – aus welchen Gründen sie sich für einen Handlungsmodus entscheiden, einen anderen aber ablehnen. Akteure haben Ziele, die sie erreichen wollen, und wählen deshalb zwischen Handlungen, die sie dafür unternehmen müssen und entscheiden, ob sie dies kooperativ oder kompetitiv tun wollen. So weit, so idealtypisch. Doch bei näherer Betrachtung gestaltet sich die Sachlage keineswegs so eindeutig. An einer Kooperation oder einer Konkurrenz waren mindestens zwei unterschiedliche Personen oder Parteien beteiligt und die Existenz eines der beiden Modi schließt keineswegs die Valenz des anderen aus. Die Vermittlung zwischen gegebenenfalls abweichenden Zielen innerhalb einer Gruppe oder zwischen Gruppen war immer wieder Gegenstand komplexer Aushandlungsprozesse. Diese Prozesse können und müssen selbstverständlich auch Gegenstand der (wissenschafts-)historischen Analyse sein. Ein zentrales Caveat ist zudem, dass die Entscheidungen, die von Akteuren über Ziele, Handlungen und Handlungsmodi getroffen werden, nicht immer auf der größtmöglichen Übersicht über komplexe historische Konfigurationen basieren. Die Einschätzung von Entwicklungen und Entscheidungen, die ex post von einer Historikerin angestellt werden, unterscheidet

²⁵ Graßhoff, Gerd und May, Michael: Methodische Analyse wissenschaftlichen Entdeckens. In: Kognitionswissenschaft Vol. 5 (1995), S. 51-67, S. 53. Für diesen Hinweis danke ich Caterina Schürch.

²⁶ Graßhoff/May 1995, Wissenschaftliches Entdecken, S. 58.

sich notwendigerweise von den Entscheidungsprozessen, die von den Akteuren selbst durchgeführt wurden.

Gleichzeitig müssen die Wissenschaftler:innen als rational handelnde Akteure ernst genommen werden, die größtenteils strategisch vorgenommen. Es ist besonders wichtig, dies zu betonen, weil Geisteswissenschaftler:innen der letzten Dekaden sehr gerne das Streben nach Macht und Geld, durch das die Handlungen von Wissenschaftler:innen geprägt seien, in das Zentrum ihrer Betrachtungen stellten.²⁷ Dies hatte durchaus seine Berechtigung, als es noch gegen den Idealismus der frühen Wissenschaftssoziologie im Stile Robert K. Mertons anzuschreiben galt. Doch in der Zwischenzeit hat sich die Sachlage verändert und Historiker:innen (und andere Geisteswissenschaftler:innen) müssen nun darauf achten, den Wissenschaftler:innen nicht ihre grundlegenden Motive wie ehrliches Erkenntnisinteresse abzusprechen. Letztlich schließen sich diese beiden Gewichtungen aber nicht aus, wie wir sehen werden, denn auch ehrliches Erkenntnisinteresse und Entscheidungen über die Bereitstellung von Forschungsdaten für Kolleg:innen sind facettenreich und im Kontext kompetitiver und kooperativer Dynamiken zu lesen. Die Balance zu halten und gleichzeitig etwas über die einenden und trennenden Faktoren zwischen Kooperation und Konkurrenz herauszufinden, ist die zentrale Aufgabe dieser Arbeit.

Verhältnis

Durch die Schematisierung des Handelns der historischen Akteure in Bezug auf ihre Ziele gelingt es zudem, ihr Verhältnis zueinander zu erhellen. Auf welche Weise strebten die Akteure ihre Ziele an? Kamen sie sich dabei in die Quere und führten sie unkollegiale Handlungen durch? Unterstützten sie sich dabei und verhielten sich kollegial? Im Zuge dieser Überlegungen werden Kooperation und Konkurrenz als verhältnisgestaltende Handlungsmodi verstanden, da sie das Verhältnis von Individuen oder Gruppen zueinander konfigurieren und Entscheidungen über Handlungen, die für das Erreichen eines Ziels unternommen werden sollen, prägen. Doch um die interpersonellen Verhältnisse zu untersuchen, müssen nicht nur die Handlungen und Äußerungen der Akteure in Bezug auf ihre Ziele in den Blick genommen werden, sondern auch das Verhältnis ihrer Ziele zueinander. Denn die Frage, ob verschiedene Akteure gemeinschaftlich oder kompetitiv auf ein Ziel hinarbeiten, stellt sich überhaupt nur, wenn sich ihre Ziele überschneiden – wenn also die angestrebte Erkenntnis oder Problemlösung denen der anderen Partei ausreichend ähnelt. Erst, wenn die beteiligten Parteien dasselbe oder ausreichend Ähnliches wollen, verspricht eine Zusammenarbeit Früchte zu tragen oder wird eine Konkurrenz wahrscheinlicher.

Sich überschneidende Ziele können entweder kooperativ und gemeinsam angestrebt werden oder kompetitiv und gegeneinander. Es ist natürlich prinzipiell möglich, sich überschneidende Ziele unabhängig voneinander zu bearbeiten, ohne in Kooperation oder Konkurrenz zu treten. Doch dies würde bedeuten, dass kein gemeinsamer Kontext, keine Bekanntschaft oder kein Kontakt zwischen Individuen oder Gruppen vorliegt. Derlei Fälle sind aufgrund der mangelnden Interaktion zwischen den Akteuren für die vorliegende

²⁷ Bourdieu, Pierre: The Specificity of the Scientific Field and the Social Conditions of the Progress of Reason. In: Social Science Information Vol. 14 (1975), S. 19-47; Latour, Bruno und Woolgar, Steve: Laboratory Life: The Social Construction of Scientific Facts. Beverly Hills, 1979.

Untersuchung uninteressant. Erst eine Überschneidung der Ziele, die sich aus einem gemeinsamen Forschungsfeld oder Arbeitskontext ergibt, sorgt für die Notwendigkeit, sich über die näheren Modalitäten dieser Überschneidung zu verständigen. Diese Verständigung und Aushandlung führt schlussendlich auch dazu, dass eine positive oder negative (Inter-)Dependenz betont oder herbeigeführt wird. Eine Überschneidung ist der (Inter-)Dependenz also analytisch vorgeordnet; während die Überschneidung auf der Ebene der angestrebten Ziele zu verorten ist, so ist die (Inter-)Dependenz eine Frage der tatsächlichen Arbeitsebene der Akteure.

Folgende Zusammenstellung soll initial aufzeigen, welche Möglichkeiten insgesamt denkbar sind; die einzelnen Modi sind in sich weiter auszudifferenzieren.

—	Konvergenz der Ziele	keine Konvergenz der Ziele
Aufeinander bezogenes, kollegiales Verhalten	Kooperation	Kooperatives Verhalten
Aufeinander bezogenes, kompetitives Verhalten	Konkurrenz	Wetteifer/sportlich-spielerische Konkurrenz
Distanziert; kein aufeinander bezogenes Verhalten	Latente Konkurrenz	Analytisch irrelevant für die vorliegende Untersuchung

Interdependenz und Prozessualität

Falls sich die Ziele von Akteuren überschneiden, ergibt sich daraus nicht zwangsläufig eine einseitige oder wechselseitige Abhängigkeit. Eine solche liegt nicht einfach automatisch oder objektiv vor. Vielmehr sind auch die wechsel- oder einseitigen Abhängigkeiten zwischen den Zielen und Handlungen der Akteure Gegenstand von Konstituierungsprozessen. Einseitige oder wechselseitige Abhängigkeiten müssen oft erst gezielt herbeigeführt werden, um sich auf den Weg der Konstituierung einer Kooperation oder einer Konkurrenz zu begeben. Kooperation und Konkurrenz sind dementsprechend Ergebnisse von sozialen Prozessen, die deutlich zur Herausbildung geraten sind. Deshalb sind für diese Untersuchung auch die Handlungen und Äußerungen zentral, die von den Akteuren getätigten werden, um ein gewünschtes interpersonelles Verhältnis herbeizuführen. Beispielsweise wird das Bestehen einer Kooperation aufgegelistet, indem sich Forschende über ihre epistemischen Ziele und übergeordnete Erkenntnisinteressen verständigen und das Projekt auf eine Weise zu planen beginnen, die den Beitrag unterschiedlicher Kooperationspartner ermöglicht oder erfordert. Oder aber Wissenschaftler:innen versuchen, die Bedeutungszunahme kompetitiver Dynamiken zu verhindern, indem sie das Gelingen ihrer Kooperation betont nach außen tragen und auf den integrativen Charakter ihrer Arbeit hinweisen.

Gezielte Handlungen und Äußerungen können aber auch dazu führen, dass Konkurrenzen überhaupt erst entstehen und richtig virulent werden – so können sich Forschende zueinander etwa als direkte Konkurrenten positionieren, indem sie ihre Arbeit als einander ausschließende Alternativen darstellen. In der Folge des Bielefelder Soziologen Tobias Werron soll insbesondere der möglichen Offenheit zwischen beiden Modi analytisch Rechnung getragen und kein zu eindeutiges “entweder - oder” konstatiert werden.

Hierdurch rückt das Prozesshafte stärker in den Fokus und indem sowohl die Herbeiführung als auch die Durchführung eines der beiden verhältnisgestaltenden Handlungsmodi den Fokus der vorliegenden Arbeit bilden, bezieht diese einen dezidiert sozialkonstruktivistischen Standpunkt. In den Arbeiten von Kärin Nickelsen klang dies in den Begrifflichkeiten der „Instabilität“ oder der „Prekarität“ an; schließlich kann der Übergang oder Umschwung vom einen in den anderen Modus in wenigen Momenten geschehen und durch einige wenige Äußerungen und Handlungen herbeigeführt werden.²⁸ Eben dieses Instabile, leicht Formbare und Prozesshafte machen Kooperation und Konkurrenz zu einem herausfordernden und lohnenden Untersuchungsgegenstand der soziologisch inspirierten Wissenschaftsgeschichte.

Der Fokus auf Kooperation und Konkurrenz, auf Akteure, Ziele und Handlungen ermöglicht eine facettenreiche Untersuchung des historischen Gegenstandes – doch dadurch wird auch eine situative Verengung und Fokussierung des Blicks notwendig. Beide verhältnisgestaltenden Handlungsmodi liegen auf der Ebene von Individuen und Gruppen, sowie auf der Ebene von Institutionen, gesellschaftlichen Sektoren und Nationen vor; nicht nur Individuen und Gruppen können kooperieren oder konkurrieren, sondern auch ganze Labore, Forschungsförderungsinstitutionen und Nationalstaaten. Kooperation oder Konkurrenz können zwischen den Exponenten einer dieser Ebenen bestehen, beispielsweise zwischen (inter) einzelnen Laboren und Nationen. Doch auch *innerhalb* (intra) eines Labors oder einer Nation kann dies der Fall sein. Ich übernehme diese Unterscheidung von J. Sylvan Katz und Ben R. Martin, die in einem grundlegenden Artikel der Science Policy Studies Bedingungen für das Bestehen von Kooperation – und demnach auch Eingrenzungen für die Analyse – herausarbeiten.²⁹

Im Zentrum der vorliegenden Arbeit steht die Interaktion zwischen zwei Akteuren (Sulston und Waterston) und ihren immer größer werdenden Laborgruppen. Um ihre Ziele, ihr Handeln und ihre Äußerungen zu untersuchen, werden auch die Bedingungen untersucht, unter denen sie ihre Arbeit durchführten und unter denen sie handelten und sich äußerten. Trotz ihrer transatlantischen Kooperation waren sie weiterhin in nationale Förderkontakte eingebettet, und die Beschaffenheit dieser Kontexte gab ihnen bestimmte Bedingungen, Regeln und Handlungsoptionen vor. Dasselbe galt später für ihr Wirken im internationalen Projektverbund des HGP unter US-amerikanischer Führung: die dortigen Konfigurationen gaben Rahmenbedingungen vor, innerhalb derer Sulston und Waterston und ihre Kollegen handelten. Da die Positionen, Handlungen und Äußerungen der Wissenschaftler:innen von Aspekten aus anderen Kontexten beeinflusst und geprägt wurden, sind die verschiedenen Ebenen und Analyserahmen miteinander verwoben und müssen bei einer Untersuchung miteinbezogen werden.

²⁸ Vgl. etwa Nickelsen 2014, Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften, S. 356.

²⁹ Vgl. Katz, Sylvan J. und Martin, Ben R.: What is Research Collaboration? In: Research Policy Vol. 26 (1997), No. 1, S. 1-18, S. 10; sowie Deutsch, Morton: Cooperation and Competition. In: Deutsch, Morton; Coleman, Peter T. und Marcus, Eric C. (Hrsg.): The Handbook of Conflict Resolution: Theory and Practice. San Francisco, 2006. S. 23-42, S. 26.

Konkurrenz

Die vorliegende Untersuchung stützt sich auf die erstmalige soziologische Modellierung von Konkurrenz durch Georg Simmel zu Beginn des 20. Jahrhunderts.³⁰ Simmel beschrieb Konkurrenz als stark regulierte und indirekte soziale Formation – vor allem in Unterscheidung zu Formen des direkten Kampfes, wie etwa dem Konflikt. Das zentrale Charakteristikum von Konkurrenz sei ihre triadische Verfasstheit: die konkurrierenden Parteien – das können Individuen oder Gruppen sein – streben dasselbe Ziel an und stehen deshalb in Konkurrenz zueinander. Mit dem Erreichen des Ziels ist eine Prämie verknüpft, die von einer unabhängigen Partei vergeben wird: der Figur des Dritten. Daher kommt die Bezeichnung der kompetitiven Formation als „triadisch“, wenngleich es natürlich mehr als zwei Parteien und mehr als ein Dritter sein können. Der Dritte ist in seiner Funktion mit einem Schiedsrichter zu vergleichen: er beobachtet das Geschehen, vergleicht die Konkurrenten unter allgemeinen und objektivierbaren Kriterien, achtet auf die Einhaltung des Regelwerks und ist obendrein in der Lage, die Konkurrenz zu beschließen, indem er den Sieger durch die Vergabe der Prämie kürt. Dementsprechend konkurrieren die Parteien um die Gunst dieses Schiedsrichters und richten ihre Handlungen nicht nur auf das Erreichen ihrer Ziele, sondern auch auf das Erreichen dieser Gunst aus. Analytisch voneinander zu trennen sind also:

- 1) das Konkurrenzziel, das die Parteien anstreben – im Falle der vorliegenden Untersuchung sind das häufig epistemische Ziele.
- 2) Die Gunst des Dritten, die errungen werden muss, um ihn zur Vergabe der Prämie zu motivieren. Faktoren, die dazu beitragen, sind im Falle der vorliegenden Untersuchung häufig besonders zufriedenstellende wissenschaftliche Leistungen, die Einhaltung der Regeln und Normen oder aber überzeugende Argumentationen.
- 3) Die Prämie, die mit dem Erreichen des Konkurrenzziels (gekoppelt mit bestimmten Vergabegrundsätzen) verknüpft ist – im Falle der vorliegenden Untersuchung sind das häufig akademische Anerkennung, Priorität oder Fördergelder.³¹

³⁰ Simmel, Georg: Soziologie der Konkurrenz [1903]. In: Simmel Georg: Schriften zur Soziologie, Herausgegeben von Dahme, Heinz-Jürgen und Rammstedt, Otthein. Frankfurt am Main, 1986, S. 173-193.

³¹ Zur Unterscheidung zwischen Ziel und Prämie etwa auch: Edge, David: Competition in Modern Science, in: Frängsmyr, Tore (Hrsg.): Solomon's House Revisited. The Organization and Institutionalization of Science, Canton, 1990, S. 208-232, S. 208.

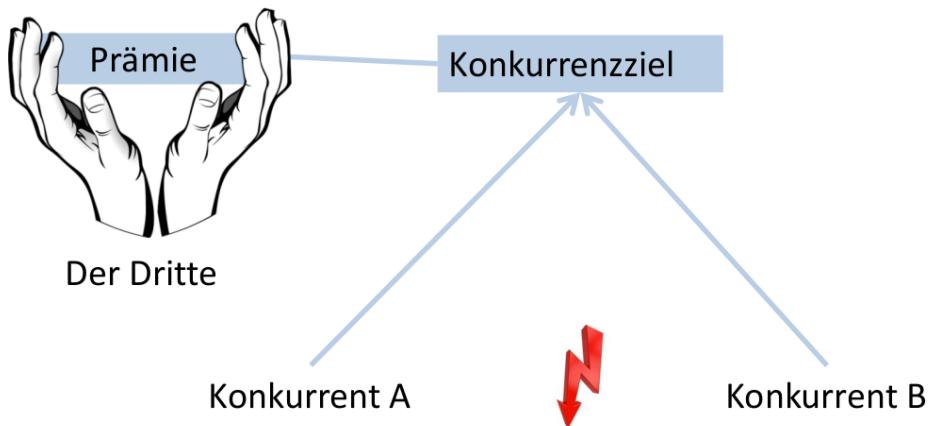


Abb.1: eigene Darstellung.

In diesem eigens erstellten Schaubild sind die wichtigsten Elemente von Konkurrenz visualisiert: die Konkurrenzparteien (Individuen oder Gruppen), davon mindestens zwei; die Handlungen, die sie in Bezug auf das Ziel der Konkurrenz durchführen, im vorliegenden Fall häufig Forschungsarbeit; die Partei des Dritten, der die Prämie in der Hand hält und über sie verfügt. Nicht abgebildet ist die Gunst des Dritten, die aktiviert werden muss. Die Handlungen, die die Akteure unternehmen, um die Gunst des Dritten zu erlangen, können entweder mit den Handlungen in Bezug auf das Konkurrenzziel in eins fallen oder darüber hinausgehen.

Bei Georg Simmels Untersuchungen kann die Gunst des Dritten nur an eine der Konkurrenzparteien vergeben werden, es kann nur ein Sieger gekürt werden. In diesem Punkt unterscheidet sich seine Analyse von nachfolgenden Erweiterungen, schließlich sind Konkurrenzsituationen mit mehr als einem Sieger keine Seltenheit, doch dazu gleich mehr. Aus Simmels Setzung, dass nur ein Sieger gekürt werden kann, ergibt sich eine negative Interdependenz zwischen den konkurrierenden Parteien. Dies legt nahe, dass die Konkurrenten sich obendrein direkt bekämpfen würden, um ihre Chancen, das Ziel zu erreichen, zu vergrößern. Der direkte Kampf beider Parteien gegeneinander spielt für Simmel eine untergeordnete Rolle, er ist kein charakteristisches Merkmal der Konkurrenz. Hierin sah er auch das hauptsächliche Unterscheidungsmerkmal zwischen Konkurrenz und Konflikt – bei ersterer ist das Streben auf die Ziele und die Gunst des Dritten gerichtet, wohingegen die Parteien in einem Konflikt zusätzliche Energie darauf verwenden würden, ihrem Konkurrenten aktiv zu schaden. Indem im Ringen um die Gunst des Dritten versucht wird, die Leistungen des Konkurrenten zu übertrumpfen, hat die Konkurrenz oft eine beschleunigende Funktion, sie gilt also nicht automatisch als etwas zu Vermeidendes.³² Individuelle Interessen werden in die regulierte Wettbewerbssituation eingespannt und führen zur Produktion objektiven Mehrwerts – weshalb Konkurrenz bei Simmel durchaus als förderliches Element der modernen Gesellschaft gilt.³³ Er bezeichnete dies als "inhaltliche Förderung". Aufgrund ihrer triadischen Verfasstheit trägt Konkurrenz zudem zur Vergesellschaftung von Individuen oder Gruppen bei, indem diese zueinander in ein Verhältnis gesetzt werden. Dies bezeichnete Simmel als "soziologische Förderung". Für Merton

³² Simmel 1903, Soziologie der Konkurrenz, S. 173 und S. 176.

³³ Simmel 1903, Soziologie der Konkurrenz, S. 173 und S. 176.

bedeutete das günstige Zusammenwirken von persönlichem Streben nach Erfolg und Belohnung und dem institutionellen Ziel der Wissenschaften, Wissen zu generieren, ein gutes Funktionieren der Institution ("operates effectively").³⁴

Bei Simmel wird also vor allem eine spezifische Konkurrenz untersucht: diejenige Form, bei der es nur einen Sieger geben kann und alle anderen involvierten Parteien verlieren, wenn ein Sieger gekürt wurde. In einer solchen Situation spricht man gemeinhin von einem Zero-Sum Game, einem Nullsummenspiel, das deshalb notwendigerweise auf einer negativen Interdependenz gründet. Regelungen zur Markierung von wissenschaftlicher Priorität und zur Vergabe akademischer Anerkennung sind klassische Beispiele für eine solche Nullsummen-Konkurrenz: eine zentrale Eigenschaft des Vergabesystems von wissenschaftlicher Anerkennung ist es, dass nur diejenige Person belohnt wird, die eine Erkenntnis zuerst publiziert. Eine andere Person, die dasselbe Ergebnis kurz danach publiziert – und sei es nur wenige Tage danach – wird bei dieser Vergabeform schon nicht mehr bedacht. Erreicht eine forschende Person oder ein Team das Ziel zuerst, so ist es für die Vergabe von Prestige und Anerkennung irrelevant, ob es danach noch von weiteren Personen oder Gruppen erreicht wird.³⁵ Die Prämie wird nicht unter den verschiedenen Personen oder Gruppen aufgeteilt, und das, obwohl sie streng genommen nicht in begrenzter Menge vorliegt. Anerkennung für verschiedene Forscher:innen, die dasselbe Ergebnis erreicht haben, wäre prinzipiell vorstellbar.

Die Gremien der Forschungsförderungsinstitutionen entscheiden als der Dritte über die Bewilligung von Anträgen und die Vergabe von Geldern. Diese Peer Review Gremien bestehen aus anderen Wissenschaftlern desselben oder angrenzender Forschungsfelder. Auch im Prozess der Vergabe von Anerkennung, Preisen und Prestige ist der Dritte im Kollegium selbst zu suchen. Das Gleiche gilt für den Prozess des Peer Review bei der Publikation in wissenschaftlichen Zeitschriften. Somit entscheiden die Kolleg:innen, die oftmals auch Konkurrent:innen sind ("compeers"³⁶) über die Förderung von Projekten, die Anerkennung und den Erfolg von Ansätzen und die Annahme von Publikationen. Dies birgt Spannungspotential und fügt dem Verhältnis der Wissenschaftler:innen zueinander eine Ebene an Komplexität hinzu.³⁷ Die Gunst des Dritten, also der entscheidenden Gremien, ist von der Prämie zu unterscheiden: um die Prämie erlangen zu können, ist es notwendig, erst einen positiven Bescheid des Dritten zu erhalten. Entsprechend werden die Parteien dazu motiviert, nicht nur auf die Handlungen und Leistungen des Konkurrenten zu achten, sondern auch dazu, ihre Aufmerksamkeit auf den beobachtenden Dritten und seine Wünsche zu richten, der schließlich als beurteilende und entscheidende Instanz fungiert und in der Lage ist, die angestrebte Prämie zu vergeben. Um diese Gunst zu erlangen, werden bestimmte Handlungen und Äußerungen unternommen, die möglichst dazu führen, sich in der Konkurrenz auf der inhaltlich-sachlichen Ebene durchzusetzen, aber auch solche, die auf die Stimmung und Meinung des

³⁴ Merton, Robert K.: Priorities in Scientific Discovery. A Chapter in the Sociology of Science. In: American Sociological Review Vol. 22 (1957), No. 6, S. 635-659, S. 659.

³⁵ Strevens, Michael: The Role of the Priority Rule in Science. In: The Journal of Philosophy Vol. 100 (2003), No. 2, S. 55-79, S. 57 f. .

³⁶ Merton, Robert K.: The Normative Structure of Science (1942). In: Merton, Robert K.: The Sociology of Science: Theoretical and Empirical Investigations. Chicago, 1973, S. 267-278, S. 273-274.

³⁷ Vgl. Bourdieu 1975, The Specificity of the Scientific Field, S. 23; sowie Nickelsen 2014, Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften, S. 355 f.

Dritten abzielen – beispielsweise ein tadelloses und faires Verhalten an den Tag zu legen oder aber auf argumentativer Ebene für die besondere Eignung der eigenen Arbeit zu werben. Solche Handlungen und Äußerungen werden in der vorliegenden Arbeit als Konkurrenzhandlungen und -äußerungen bezeichnet, da sie auf die Position der Akteure in der Konkurrenzsituation abzielen und zentral für den Vollzug einer Konkurrenz sind.

Das zentrale Verdienst von Werrons Erweiterung ist der Fokus auf die diskursiven Formationen, innerhalb derer und durch diese Konkurrenzsituationen konstituiert werden. Als zentralen Fluchtpunkt führte er dabei die (nicht nur) beobachtende Öffentlichkeit als Dritten ein. Mit Blick auf konstituierende Handlungen oder Äußerungen des Dritten oder der Konkurrenzparteien gilt nicht mehr das Vorhandensein einer Prämie in begrenztem Maße als Bedingung für das Bestehen von Konkurrenz – in der wissenschaftshistorischen Analyse müssen somit keine schwer zu greifenden Güter quantifiziert werden. Wie bereits angedeutet, sind viele Güter, um die konkurriert wird, nicht in begrenztem Maße vorhanden: Gunst und Anerkennung sind dabei die augenfälligsten Beispiele. Stattdessen rücken die sog. "Semantiken der Knappheit" in den Blick, die Werron als konstituierendes Merkmal moderner Konkurrenzen benennt.³⁸ Damit ist gemeint, dass die Knappheit einer Prämie in den seltensten Fällen objektiv vorliegt, sondern dass diese erst konstruiert werden muss, etwa indem ihre Knappheit auf der rhetorischen Ebene behauptet wird. Dieser Blick auf die Konstituierung und Konstruktion von Konkurrenzen durch Semantiken und andere Entscheidungen wird in der vorliegenden Untersuchung übernommen. Die dezidiert sozialkonstruktivistische Perspektive erlaubt es, die Prozessualität der historischen Ereignisse und der sozialen Formationen in den Vordergrund zu stellen.

³⁸ Vgl. Werron, Tobias: Zur sozialen Konstruktion moderner Konkurrenzen. Das Publikum in der "Soziologie der Konkurrenz". In: Tyrell, Hartmann; Rammstedt, Otthein und Meyer, Ingo (Hrsg.): Georg Simmels große "Soziologie". Eine kritische Sichtung nach hundert Jahren. Bielefeld, 2011, S. 227-258; sowie ders.: Werron, Tobias: Form und Typen der Konkurrenz. In: Bürkert, Karin; Engel, Alexander; Heimerdinger, Timo; Tauschek, Markus und Werron, Tobias (Hrsg.): Auf den Spuren der Konkurrenz. Kultur- und sozialwissenschaftliche Perspektiven. Freiburger Studien zur Kulturanthropologie Vol. 2. Münster/New York, 2019, S. 17-44.

Kooperation

Um gesichertes Wissen zu generieren, ist Kooperation notwendig. Dies gilt mehr denn je in Zeiten disziplinärer Ausdifferenzierung, da die Bearbeitung komplexer Forschungsprobleme oft die fachlichen Kompetenzen, oder schlicht die Arbeitskraft, einzelner Personen übersteigt. Auch für die Diskussion und Überprüfung von Ergebnissen ist kooperatives Verhalten in Form von informellem Austausch unter den Kolleg:innen unerlässlich. Diese Prozesse würden durch stetige offene und virulente Konkurrenz in erheblichem Maße behindert werden. Entsprechend versuchen Wissenschaftler:innen in der Regel, offene Konkurrenz oder gar Konflikte gar nicht erst entstehen zu lassen, sondern zu vermeiden. Ebenso wie bei meiner Fassung von Konkurrenz stehen auch bei meiner Fassung von Kooperation die Akteure, ihre Ziele und ihr Handeln im Zentrum. Eine minimale Bedingung für das Bestehen einer wissenschaftlichen Kooperation, auf die sich die Forschung bisher einigen konnte, ist es, dass die Akteure gemeinsam auf ein Ziel, auf die Lösung eines wissenschaftlichen Problems, hinarbeiten müssen.³⁹ Das gemeinsame Ziel steht auch im Fokus der Analysen von Nickelsen und Graßhoff. Bei Kooperationen wird das übergeordnete Forschungsziel in mehrere untergeordnete Ziele (kurz: Subziele von “subordinate goals”) aufgeteilt, die dann von den einzelnen Kooperationspartnern bearbeitet werden.

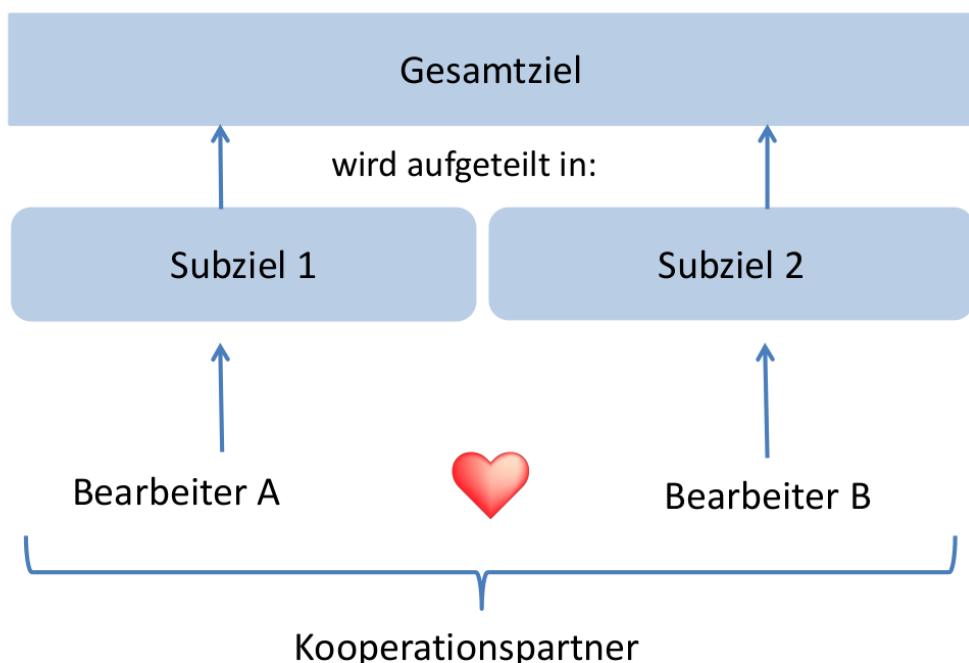


Abb. 2: eigene Darstellung.

³⁹ Maienschein, Jane: Why Collaborate? In: Journal of the History of Biology Vol. 26 (1993), No. 2, S. 167-183, S. 168; Graßhoff, Gerd: Modelling the Astrophysical Object SS433 - Methodology of Model Construction by a Research Collective. In: Philosophia Naturalis: Journal of the Philosophy of Nature Vol. 35 (1998), S. 161-200; Nickelsen, Kärin: Explaining Photosynthesis. Models of Biochemical Mechanisms, 1840-1960. Dordrecht u.a., 2015, S. 9; Shrum, Wesley; Genuth, Joel und Chompalov, Ian: Structures of Scientific Collaboration. Cambridge (MA) / London 2007, S. vii-viii.

Für die einzelnen Subziele sind unterschiedliche Motivationen denkbar, allerdings ist ihr Erreichen der untergeordneten Ziele notwendig, um das Gesamtziel erreichen zu können.⁴⁰ Das bedeutet, dass alle Beteiligten das Gesamtziel im vergleichbaren Maße teilen und ihren Beitrag als Subziel zum Erreichen des Gesamtziels betrachten müssen. Es besteht also eine zumindest kurzfristige Interessenskonvergenz, die fruchtbar gemacht werden kann; die beteiligten Parteien koordinieren ihre Bestrebungen und kommunizieren zu diesem Zwecke; es besteht ein Austausch von Informationen und anderen Ressourcen. Aufgrund dieser Aufteilung besteht eine positive Interdependenz zwischen den kooperierenden Parteien, die unter der Formel "if you swim, I swim" zusammengefasst wird.⁴¹ Wie in den vorausgegangenen Abschnitten betont wurde, muss das Zustandekommen jedweder Form von (Inter-)Dependenz zwischen Akteuren historisiert werden: auch bei Kooperation kann nicht einfach darauf geschlossen werden, dass eine positive Interdependenz vorliegt. Das Ausmaß und die Relevanz der individuellen Beiträge in einer Kooperation können sehr heterogen sein und sind oft nicht eindeutig zu bestimmen, sondern vielmehr eine Frage der analytischen Perspektive. Diese genaueren Bestimmungen des Kooperationsbegriffs werden nun im Folgenden vorgenommen.

Wesley Shrum et al. beschreiben "cooperation" in dezidierter Unterscheidung von "collaboration" als fundamentalen sozialen Prozess, bei dem die Interessen des Gegenübers berücksichtigt werden.⁴² Damit sind Situationen gemeint, in denen Akteure ihren Kolleg:innen etwa biologische Materialien zur Verfügung stellen oder Auskunft gewähren, während sie eigentlich unabhängig voneinander in eigene Projektkontexte eingebunden sind. Das kollegiale Bereitstellen von Informationen oder Materialien bezeichne ich jedoch als kooperatives Verhalten – es ist keine Kooperation im klassischen Sinne, denn für diese ist das "Zusammenwirken von zwei oder mehreren Akteuren (...) in Form bewusst gewählter Handlungen und mit Blick auf ein von allen geteiltes Ziel, das in der Regel im Alleingang nicht oder nur ungleich mühsamer erreicht werden kann" eine notwendige Bedingung.⁴³ Dieses Zusammenwirken jedoch wird bei Shrum et al. als "collaboration" bezeichnet, was in der vorliegenden Arbeit aufgrund eines abweichenden Schwerpunkts sowie gängiger deutscher Sprachgewohnheiten nicht übernommen wird.⁴⁴ Die sehr enge wissenschaftliche Kooperation innerhalb einer Laborgruppe tritt in der vorliegenden Untersuchung gegenüber der transatlantischen Kooperation zweier Laborgruppen in den Hintergrund.

Als Ursachen von Kooperation wird die Menge der folgenden Aspekte festgelegt: 1) es besteht eine zumindest kurzfristige Interessenskonvergenz, die fruchtbar gemacht werden kann; daraus folgend 2) die Unternehmungen der beteiligten Parteien lassen sich auf irgendeine Weise unter Rückgriff auf das Gesamt- und Subzielschema beschreiben; 3) die beteiligten Parteien koordinieren ihre Bestrebungen und

⁴⁰ Nickelsen 2015, Explaining Photosynthesis, S. 9.

⁴¹ Vgl. etwa Nickelsen, Kärin und Krämer, Fabian: Introduction: Cooperation and Competition in the Sciences. In: Special Edition on Collaboration and Competition of NTM Journal of the History of Science, Technology and Medicine Vol. 24 (2016), No. 2, S. 119-123, S. 121.

⁴² Shrum et al. 2007, Structures of Scientific Collaboration, S. vii.

⁴³ Nickelsen 2014, Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften, S. 356.

⁴⁴ Insbesondere Exponent:innen einer angelsächsisch geprägten integrierten Wissenschaftsgeschichte und -philosophie (&HPS) stören sich daran nicht, doch das deutsche Wort "Kollaboration" ist zu sehr mit der Zusammenarbeit mit feindlichen Regimen in Kriegszeiten konnotiert, als dass es ohne Irritation der Autorin verwendet werden könnte.

kommunizieren zu diesem Zwecke; 4) es besteht ein Austausch von Informationen und anderen Ressourcen. Spreche ich über einen dieser Aspekte, so bezeichne ich sie als kooperative Arbeits- oder Verhaltensweisen. Kooperatives Verhalten für sich genommen ist eine der Bedingungen für das Bestehen einer vollwertigen Kooperation, letzteres ist letzterem also analytisch vorgeordnet. Eine vollwertige Kooperation wiederum untergliedert sich auch in verschiedene Ausprägungen. Welche Motivationen haben Akteure für das Eintreten in ein kooperatives Verhältnis? Welche Vorteile ergeben sich aus einer Kooperation? Welche unterschiedlichen Ausprägungen von Kooperation gibt es?

Wissenschaftler:innen können aufgrund eines geteilten Interesses an denselben oder ähnlichen Forschungsproblemen beschließen, zusammenzuarbeiten. Für die Lösung eines komplexen wissenschaftlichen Problems sind oft Expertisen aus verschiedenen Disziplinen und Feldern notwendig. Dabei wird auf Wissensbestände, Expertisen oder Materialsammlungen zurückgegriffen, die in anderen Kontexten geschaffen wurden – oder diese werden im Kontext des aktuellen Projekts geschaffen.⁴⁵ In einem kooperativen Gefüge kann auf die Expertise des anderen zugegriffen werden und sich ergänzende Fähigkeiten werden im Projekt vereint. Zuerst lässt einen dies an interdisziplinäre Kooperationen denken, deren Relevanz in den letzten Dekaden deutlich zugenommen hat, die Genomforschungsprojekte im Untersuchungszeitraum sind dabei keine Ausnahme. Entsprechend rückten diese in den Fokus der integrierten Wissenschaftsgeschichte und -philosophie.

Karin Nickelsen publizierte rezent in Zusammenarbeit mit Josephine Musil-Gutsch und mit Caterina Schürch zur sozialen Epistemologie interdisziplinärer Kooperationen und Dynamiken disziplinenübergreifenden Forschens.⁴⁶ Aufgrund des hohen Maßes an Interdisziplinarität wäre es in Bezug auf das USA HGP und das UK HGMP ohne weiteres möglich – und sehr lohnenswert obendrein – die Funktionsweise der interdisziplinären Forschung zu untersuchen. Doch da der Begriff "interdisziplinäre Kooperation" bei Nickelsen, Schürch und Musil-Gutsch konservativ verstanden wird, ist er für die Zusammenarbeit von Sulston und Waterston aufgrund ihrer fachlichen Nähe zueinander nicht geeignet. Zudem zeichnet sich die vorliegende Untersuchung durch einen Fokus auf die historische Soziologie von Kooperation und Konkurrenz aus – die wissenschaftsphilosophische Untersuchung kooperativer und interdisziplinärer Wissensgenerierung tritt demgegenüber in den Hintergrund.

Wissenschaftler:innen teilen die zu leistende Arbeit auch oft aufgrund ihres großen Umfangs oder ihrer hohen Komplexität in einzelne Schritte auf, um eine effiziente Organisation der Forschungsprozesse zu gewährleisten. Die Arbeit von mehr Teammitgliedern kann auf die Bearbeitung einer Forschungsfrage – oder einem Set an zusammengehörigen Forschungsfragen – ausgerichtet werden, als das ohne Kooperation möglich wäre. Dieser Faktor wurde als "more-heads-(and hands)-are-better-than-one

⁴⁵ Musil-Gutsch, Josephine und Nickelsen, Karin: Ein Botaniker in der Papiergeschichte: Offene und geschlossene Kooperationen in den Wissenschaften um 1900. In: NTM Journal of the History of Science, Technology and Medicine Vol. 28 (2020), No. 1, S. 1-33, S. 4.

⁴⁶ Musil-Gutsch/Nickelsen 2020, Botaniker in der Papiergeschichte; Nickelsen, Karin und Schürch, Caterina: Die Dynamik disziplinenübergreifender Forschungsfelder. In: Jungert, M.; Freyer, A. und Mayr, E. (Hrsg.): Wissenschaftsreflexion. Interdisziplinäre Perspektiven zwischen Philosophie und Praxis. Münster, 2020, S. 163-197; Nickelsen, Karin: Cooperative Division of Cognitive Labour: The Social Epistemology of Photosynthesis Research. In: Journal for General Philosophy of Science Vol. 53 (2022), S. 23-40. Accepted: 8 December 2020 / Published online: 19 March 2021; <https://doi.org/10.1007/s10838-020-09543-1>.

factor”⁴⁷ bezeichnet. Die beiden letztgenannten Faktoren sind nicht immer deutlich voneinander zu trennen – die Expertise von Kolleg:innen wird sowohl benötigt, wenn es um die Integration von Inhalten anders gelagerter Disziplinen geht, als auch dann, wenn Arbeitsschritte unter mehreren Kolleg:innen aufgeteilt werden müssen. Es geht nicht nur um den Zusammenschluss vieler Hände und vieler Köpfe, sondern der Zusammenschluss in einer Kooperation ermöglicht auch den Zugriff auf eine größere Menge an Ressourcen. Unter „Ressourcen“ können in diesem Zusammenhang ganz unterschiedliche Dinge verstanden werden: Arbeitskraft und Wissensbestände oder eben auch die verfügbare Menge an Geld und Fachpublikum. Bei einem Zusammenschluss kann potenziell auf verschiedene geldgebende Institutionen oder auf verschiedene Fachöffentlichkeiten bei der Publikation von Ergebnissen zugegriffen werden.⁴⁸ Die Möglichkeit, auf mehrere geldgebende Institutionen zuzugreifen, begünstigte den Fortbestand von Sulstons und Waterstons Kooperation. Ihr Zusammenschluss war kausal dafür verantwortlich, dass sie Gelder aus den Töpfen des USA HGP und des UK HGMP erhalten konnten (siehe Kapitel 1).

Jane Maienschein unterschied zwischen primären Kooperationen, bei denen Wissenschaftler:innen mit unterschiedlichen Wissensbereichen auf Augenhöhe zusammenarbeiteten, und sekundären Kooperationen, bei denen Forschende (Wissenschaftler:innen, Techniker:innen und nicht-akademische Personen) anderen Forschenden zuarbeiteten, damit diese das von ihnen erdachte Projekt durchführen können. Diese Unterscheidung tätigt sie unter anderem deshalb, um auch Kooperationen in den Blick zu nehmen und würdigen zu können, bei denen nicht nur akademische Wissenschaftler:innen, sondern Forschende und Arbeitskräfte unterschiedlicher Qualifikationsbereiche beteiligt waren. Eine Übertragung ihrer Überlegungen auf die Arbeit in den Laborgruppen von Sulston und Waterston oder auf andere Laborgruppen in den Genominitiativen wäre genau deshalb besonders lohnenswert, da in den großen Genomsequenzierungszentren große Mengen an Personal beschäftigt waren, die nicht im klassisch universitär-akademischen Sinne ausgebildet wurden, sondern im technisch-außerakademischen Sinne. Die Fragen nach beruflicher Qualifikation und die Wertigkeit unterschiedlicher Ausbildungen wurden zeitgenössisch leidenschaftlich diskutiert – und während die einen betonten, dass jeder Affe Sequenzierungsarbeit durchführen könne⁴⁹, so gab es kaum hörbare Stimmen, die darauf hinwiesen, wie zentral die Arbeitskraft außerakademisch ausgebildeter Leute für das Funktionieren der Genomprojekte war. Während die vorliegende Untersuchung von der Überzeugung getragen ist, dass die eingebrachte Arbeit gleichwertig ist, so liegt ihr Fokus dennoch auf der Arbeit von Sulston und Waterston als klassisch akademisch ausgebildeten Naturwissenschaftler:innen. Die transatlantische Kooperation von zwei Forschenden aus unterschiedlichen nationalen Kontexten sowie ihre Einbettung in zwei Projektverbünde, über den Zeitraum von 1989-2001 inklusive der Vor- und Nachgeschichten, sind als Untersuchungsgegenstand umfassend genug.

Musil-Gutsch und Nickelsen unterschieden zwischen offenen und geschlossenen Kooperationen – eine offene Kooperation sei dabei eine Kooperation, in der „beide Parteien die Fragen definieren und geeignete

⁴⁷ Maienschein 1993, Why Collaborate, S. 167

⁴⁸ Katz und Martin 1997, Research Collaboration, S. 15.

⁴⁹ „In what has proved an enduring quip, Watson was reported as saying that, since "virtually any monkey" could run an automated sequencing machine, it made no sense to reward those who generated sequence data in this way with patents“, Radick 2002, Discovering and Patenting Human Genes, S. 68.

Methoden entwickeln“, während in einer geschlossenen Kooperation externe Partner lediglich zuarbeiten würden. In ersterer wird ein besonderes Maß an Integrationsexpertise („interlocking expertise“) benötigt.⁵⁰ Musil-Gutsch und Nickelsen verstehen darunter die Fähigkeit, Wissensbestände geschickt miteinander zu verknüpfen und sinnhafte Ergebnisse von arbeitsteiligen Forschungsprozessen zu generieren. Die auf diese Weise vollzogene Unterscheidung zwischen sog. offenen und geschlossenen Kooperationen eignet sich jedoch nicht für die Untersuchung der unterschiedlichen Phasen von Sulstons und Waterstons Kooperation, da diese überhaupt erst zustande kommt, weil Waterston von Beginn an methodische Vorschläge macht. Das Nachdenken über die Art und Weise der Arbeitsteilung sowie über die Frage nach der Hauptverantwortlichkeit für ein Projekt sind bei der Analyse unterschiedlicher Kooperationsformen jedoch zu leisten, deshalb stellt auch die vorliegende Untersuchung diese Fragen.

Quellen

Archivalien

In der Quellen- und Recherchearbeit nahm die Wellcome Library eine zentrale Rolle ein. Die darin archivierten Sammlungen werden vom Wellcome Trust unterhalten, derjenigen Stiftung, die mit der Gründung und Finanzierung des Sanger Centres einen großen Teil des Beitrags aus dem UK zum HGP finanzierte. Dem thematischen Schwerpunkt der vorliegenden Arbeit entsprechend konzentrierte ich mich auf die Bestände von John Sulston, sowie auf die Vor- und Nachlässe von Richard Durbin und Ian Dunham als Mitarbeiter Sulstons. Die „Sulston Papers“ wurden noch zu seinen Lebzeiten unter seiner aktiven Mitwirkung erstellt und archiviert. Die dort gehobenen Quellen geben vor allem Aufschluss über die Zusammenarbeit und Kommunikation von Sulston und Waterston, über die Organisation ihrer Projekte sowie über die Gründung und den Aufbau des Sanger Centres. Sie lassen sich wie folgt kategorisieren:

- Unterlagen und handschriftliche Notizen von Sulston;
- Kommunikation (via E-Mail, Fax, Brief) zwischen Sulston und Waterston; Kommunikation zwischen diesen und ihren Mitarbeiter:innen und Kollegen; Kommunikation zwischen diesen und Mitarbeiter:innen von Forschungsförderungsinstitutionen und Expertengremien;
- Anträge auf Forschungsförderung und die im Zuge dessen entstandenen Unterlagen;
- Evaluationsberichte von Expertengremien, um die Wissenschaftspolitik zu informieren und zu beraten, oder um Projekte zu konzipieren, sowie die im Zuge dessen entstandenen Unterlagen;
- Jahres- und Tätigkeitsberichte des Sanger Centres;
- Protokolle von Meetings und Konferenzen zwischen Wissenschaftler:innen, Mitarbeiter:innen von Forschungsförderungsinstitutionen, Personen mit administrativen Funktionen, Mitgliedern von Trägerfirmen und Gremien;
- Pressemitteilungen von MRC und Wellcome Trust.

Aus diesen Quellen geht hervor, mit welchen Projekten die Forscher:innen zu welchem Zeitpunkt befasst waren, ihre epistemischen Motivationen, und ihre Pläne für zukünftige Projekte. Die epistemische Ebene

⁵⁰ Musil-Gutsch/Nickelsen 2020, Botaniker in der Papiergeschichte, S. 4.

wurde stets begleitet durch ein großes Korpus an administrativen Dokumenten und Anträgen für Förderungsgelder. Nicht nur hatten zukünftige Projekte geplant und beantragt zu werden, sondern die Forschungsprozesse waren auf lokaler und internationaler Ebene koordiniert und organisiert. Darüber hinaus musste den Geldgebern gegenüber Rechenschaft über die Ergebnisse abgelegt werden. Sowohl hierfür als auch für die Durchführung der Forschung bestand Kommunikation zwischen den Forschern auf nationaler und auf internationaler Ebene. Auch auf Ebene der Forschungsförderungsinstitutionen und Expertengremien wurde eine Menge an Dokumenten und Berichten produziert, die zudem hin und her geschickt wurden.

Die Wellcome Library und damit die Wellcome Collection werden vom Wellcome Trust selbst unterhalten und die Quellen zum Humangenomprojekt im Sanger Centre liegen dort zweifach kuratiert vor. Die erste Auswahl geschah durch die Wissenschaftler bei der Zusammenstellung und Verfügbarmachung der Dokumente und die zweite durch ein internes Gremium des Trusts selbst. Dort wurde geprüft, welche Dokumente unter welchen Bedingungen der Öffentlichkeit verfügbar gemacht werden könnten. Dokumente, denen Informationen über die nähere Geschäftsführung des Trusts zu entnehmen wären, wurden als zu sensibel eingestuft und eine Archivierung wurde verhindert. Die zweifache Kuratierung ist bei der Arbeit mit den Quellen gedanklich miteinzubeziehen. Beispielsweise könnte es durchaus der Fall sein, dass von Wissenschaftlern Dokumente nicht zur Archivierung abgegeben wurden, die der gewünschten Darstellung der Ereignisse zuwiderlaufen würden – ob dies nun bewusst oder unbewusst geschah.

Ebenso rutschen diejenigen Dokumente durch das Raster, die schlicht als unwichtig erachtet wurden, wo doch die Bewertung von Relevanz durch beteiligte Akteure auf der einen Seite und durch Historiker:innen auf der anderen Seite ganz unterschiedlich ausfallen kann. Das limitiert die Verlässlichkeit, mit der Aussagen über die wirtschaftliche Strategie des Trusts oder über die Zusammenhänge mit den wirtschaftlichen Interessen von Glaxo Wellcome plc oder von Glaxo Smith Kline getroffen werden können. Zudem schränkt es ein, wie viel man über die Kontakte zwischen Sulston und dem Wellcome Trust und über die inhäusigen Entscheidungsprozesse und Personalentscheidungen erfahren kann. So gut wie möglich werde ich versuchen, offenzulegen, wie die wirtschaftlichen Strategien multinationaler Pharmazie- und Biotech-Konzerne das Interesse an der Genomsequenzierung förderten.

Die Organisation und Förderung der Genomprojekte fanden im jeweiligen nationalen Rahmen statt. Die Dokumente von Forschungsförderungsinstitutionen und Regierungsgremien sind in national oder institutionell organisierten Archiven aufbewahrt, wenngleich die digitalisierte Aufbewahrung und Bereitstellung eine deutliche Erleichterung für die Recherchearbeit der vorliegenden Untersuchung darstellten. In den National Archives London sah ich Dokumente des Medical Research Council ein, durch den die Kartierung und Sequenzierung des Fadenwurms am LMB und am Sanger Centre gefördert worden war, aber auch des Advisory Council on Science and Technology (ACOST), das die britische Regierung bei Fragen der Wissenschaftspolitik und -förderung beriet. Im Archiv der Bodleian Library (Oxford) suchte ich ergänzend den Nachlass von David Chilton Phillips, dem Vorsitzenden des Advisory Board for the Research Councils (ABRC) auf. Das ABRC war als beratendes Gremium für die Forschungsförderungsinstitutionen im UK zuständig. Die in diesen Archiven gehobenen Quellen gaben in besonderem Maße Aufschluss über die

Forschungsförderung und Wissenschaftspolitik im UK in der Entstehungs- und Frühphase der Genomprojekte von 1986 bis circa 1990.⁵¹

Naturwissenschaftliche Publikationen

Bei der Recherche der naturwissenschaftlichen Publikationen von Sulston, Waterston und ihren Mitarbeiter:innen wurden die folgenden Zeitschriften inkludiert: Nature, Science, Genomics, Genomics Research und die Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America aus den Jahren 1989-2003. Die Genomforschungsprojekte wurden seit ihren Anfängen wissenschaftsjournalistisch begleitet. Vor allem in Nature und Science wurde eine breitere Fachöffentlichkeit über die Entwicklungen informiert. In diesen Zeitschriften wurden auch wissenschaftliche Artikel über die Genomprojekte und ihre Ergebnisse publiziert. Zum einen wollte ich die wissenschaftlichen Debatten, die Sulston und Waterston im Zuge ihrer Konkurrenz mit Craig Venter führten, nachvollziehen, und zum anderen sollte untersucht werden, wie die Forschenden in ihrer Kooperation den Umgang mit der Markierung wissenschaftlicher Leistung aushandelten – und wie sie die Reihung der Autor:innen auf einer Publikation regelten. Die Untersuchung und Kategorisierung der einzelnen Publikationen, bzw. Publikationstypen, wurde ergänzt durch die digitale Kommunikation von Sulston und Waterston in dieser Angelegenheit, denn dort handelten sie die zentralen Fragen aus und besprachen die Dynamiken innerhalb und zwischen ihren Laborgruppen. Schlussendlich entstand im Zuge der weltweiten Genomprojekte eine große Menge an Veröffentlichungen, in denen die Entstehungsgeschichte des Projekts von seinen Befürwortern und leitenden Wissenschaftlern beschrieben wurde.⁵² In den letzten Jahren der Humangenomsequenzierung sowie nach Abschluss der Projekte veröffentlichten einzelne Akteure wissenschaftliche Autobiografien oder Darstellungen ihres eigenen Beitrags. Dadurch trugen die führenden Wissenschaftler selbst dazu bei, die zentralen Narrative des HGP vorzugeben, die die öffentliche Wahrnehmung, aber auch die Forschung der darauffolgenden Jahrzehnte prägen sollten.⁵³

Gremien und Evaluationsberichte

Für die vorliegende Untersuchung erwiesen sich die folgenden US-amerikanischen Dokumente als besonders relevant:

- Bericht des National Research Council (1988), in dem wissenschaftliche Expertengremien der betreffenden Forschungsfelder positiv, abwägend und zur Vorsicht ratend Stellung dazu bezogen, wie eine nationale, konzertierte Genominitiative aussehen könnte.⁵⁴

⁵¹ Da die Schwerpunktlegung der vorliegenden Arbeit nach 2019 erneut präzisiert wurde, reichte ich die dort gehobenen Quellenbestände an meinen Kollegen Johannes Schuckert weiter, dessen Dissertationsprojekt sich mit dem UK HGMP befasst.

⁵² Kevles, Daniel J. und Hood, Leroy (Hrsg): The Code of Codes. Scientific and Social Issues in the Human Genome Project. Cambridge (MA), 1992; Cook-Deegan 1994, Gene Wars.

⁵³ Sulston/Ferry 2002, Common Thread; Brown 2003, In the Beginning; Venter, Craig: A Life Decoded. My Genome, My Life. New York, 2007.

⁵⁴ National Research Council: Mapping and Sequencing the Human Genome, Washington D.C., 1988.

- Bericht des Office of Technology Assessment (1988), in dem die Diskussionen und Sachlagen resümiert und für externe Personenkreise aufbereitet wurden, spezifisch für die US-amerikanische Legislative, um diese in ihren Beschlussfassungen zu informieren und zu unterstützen.⁵⁵
- Fünfjahrespläne, die kooperativ von den National Institutes of Health und dem Department of Energy herausgegeben wurden. Derer gab es insgesamt drei: 1990 der erste, grundlegende; 1993 ein aktualisierter und angepasster; 1998 ein letzter für den Rest der Projektlaufzeit. Diese stellen auch für die späteren Jahre der Projektlaufzeit eine gute Quelle dar.⁵⁶

Auf amerikanischem Boden fanden zudem seit Mitte der 1980er Workshops statt, auf denen Experten aus verschiedenen Nationen über Kartierung und Sequenzierung verschiedener Genome diskutierten – diese sind gleichzeitig die Anfänge der US-amerikanischen Initiative. Zur Koordination der US-amerikanischen Initiative wurden mehrfach aktualisierte Fünfjahrespläne herausgegeben und auch im UK gab es Berichte des MRC Project Managers. Zudem existierte für den internationalen Forschungsverbund der Newsletter Gnome News (später G-String).

Interviews

Um die Herausforderungen, die sich durch die zweifache Kuratierung der Quellen in der Wellcome Collection ergaben, zu umgehen, sollte auf die Expertise der noch lebenden Akteure zurückgegriffen werden. Deshalb wurden Interviews mit Michael Morgan (Wellcome Trust), Jane Rogers (Sanger Centre) und Robert Waterston (Washington University) durchgeführt.⁵⁷ Im Verlaufe der Interviews zeigte sich, dass die befragten Personen in unterschiedlichem Maße dazu neigten, etablierte oder bereits bekannte Narrative wiederzugeben. Mit ihrer steten Aktivität als Interviewpartner:innen für die geschichtswissenschaftliche Forschung sowie durch die Bereitstellung von Dokumenten und anderen Quellen prägten die Akteure den Fokus der bisherigen Forschung. Ihr Engagement war von großem Wert für die Historiografie der internationalen Genomforschung, doch für die vorliegende Untersuchung boten die Interviews nur punktuell einen Mehrwert. Aus diesem Grunde werden sie nur randständig zu Rate gezogen werden. Abseits etablierter Darstellungsmuster wird es besser möglich sein, die Ereignisse in klarem Licht zu untersuchen.

⁵⁵ U.S. Congress, Office of Technology Assessment: *Mapping Our Genes – Genome Projects: How Big? How Fast?* Washington, D.C., 1988

⁵⁶ U.S. Department of Health and Human Services and U.S. Department of Energy: *Understanding our Genetic Inheritance. The U.S. Human Genome Project: The First Five Years: FY 1991-1995*, Springfield, 1990; Collins, Francis S.; Galas, David: *A New Five-Year Plan for the U.S. Human Genome Project*. In: *Science* Vol. 262 (1993), No. 5130, S. 43-46; Collins, Francis S.; Patrinos, Ari; Jordan, Elke; Chakravarti, Aravinda; Gesteland, Raymond; Walters, LeRoy and the Members of the DOE and NIH Planning Groups: *New Goals for the U.S. Human Genome Project: 1998-2003*. In: *Science* Vol. 282 (1998), No. 5389, S. 682-689.

⁵⁷ Die Interviews mit Michael Morgan und Jane Rogers fanden am 22.11.2018 in London statt, das Interview mit Robert Waterston am 22.07. und 26.08.2022 via Zoom.

Thesen und Aufbau

An der wissenschaftlichen Laufbahn von Sulston und Waterston und an der Geschichte ihrer Zusammenarbeit kann gezeigt werden, dass sich das Betreiben wissenschaftlicher Kooperationen und kooperatives, offenes Verhalten auf der einen Seite und das strategische Eintreten in Konkurrenzsituationen auf der anderen Seite nicht gegenseitig ausschließen. Darüber hinaus waren Sulston und Waterston sehr erfolgreich damit, das Geflecht von Kooperation und Konkurrenz geschickt zu navigieren, also beide Handlungsmodi bedienen zu können. Sie sind deshalb ein interessanter Gegenstand für eine Analyse von Kooperation und Konkurrenz im Humangenomprojekt. Doch was bedeutet es, das Geflecht von Kooperation und Konkurrenz geschickt zu navigieren? Ausgangspunkt ist der Befund, dass Sulston und Waterston als Biologen vor allem daran interessiert waren, ihre Forschung, also diejenigen Projekte, für die sie sich zu einem gegebenen Zeitpunkt interessierten, durchführen zu können und dabei erfolgreich zu sein. Sie hatten somit stets ein epistemisches Ziel vor Augen, oft ein geteiltes. Als epistemisches Ziel wird die Absicht bezeichnet, eine bestimmte Forschungsfrage zu beantworten, ein bestimmtes wissenschaftliches Problem zu lösen oder zu dessen Lösung beizutragen.

Ihr jeweiliges epistemisches Ziel war handlungsleitend für Sulston und Waterston. Ausgehend von diesem entschieden sie sich situativ für Handlungsstrategien, die sie für geeignet hielten, dieses zu erreichen. Dabei standen ihnen auch Kooperation und Konkurrenz als Handlungsmodi zur Verfügung. Dort, wo sie vermuteten, dass eine Kooperation am besten geeignet sei, ihr epistemisches Ziel zu erreichen, entschieden sie sich für die Zusammenarbeit. Die beiden Forscher und ihre Teams waren zusammen stärker als getrennt voneinander – durch den Zusammenschluss in einer Kooperation konnten sie sich besonders konkurrenzfähig halten und sich gegen andere Teams durchsetzen. Kooperation war zwischen Sulston und Waterston die Norm, und sie entschieden sich, wenn irgend möglich, dafür. Dies gilt auch für den Kontakt mit anderen Forschungsgruppen. Dennoch lehnten sie es nicht kategorisch ab, sich kompetitiv gegen andere Labore durchzusetzen, wo sie dies für notwendig befanden, und später auch in die intensive Konkurrenz mit Craig Venter einzutreten. Im Gegenteil: ihr kompetitives Handeln darf sogar als sehr pragmatisch und erfolgreich bezeichnet werden. Trotz einer Bevorzugung von Kooperation erachteten sie sowohl Kooperation als auch Konkurrenz als grundsätzlich legitime Handlungsoptionen, die ihnen zur Verfügung standen. Unter welchen Bedingungen sich Sulston und Waterston gegen Kooperation und für kompetitive Strategien entschieden, soll genauer herausgearbeitet werden.

Die Geschichte von Sulstons und Waterstons Zusammenarbeit ist in vier Phasen zu unterteilen: in der ersten Phase (1985-1989) begann die Zusammenarbeit und das Genom des Fadenwurms wurde kooperativ physisch kartiert; in der zweiten Phase (1989-1992) veränderte sich die Kooperation, man hob auf die Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms ab und damit ging die Einbettung in die beiden nationalen Humangenominitiativen einher; in der dritten Phase (1993-1998) wurde die Sequenz des Fadenwurms fertiggestellt und gleichzeitig gingen die Forschenden zur Arbeit am menschlichen Genom über; die vierte Phase (1998-2001/3) war von der intensiven Konkurrenz zwischen den Forschenden des Forschungsverbundes und Craig Venter geprägt, die in der Veröffentlichung zweier Entwurfssequenzen des menschlichen Genoms im Jahre 2001 kulminierte. Im Jahre 2003 fand das USA HGP seinen Abschluss. An diesen Phasen der Zusammenarbeit orientiert sich der Aufbau der vorliegenden Untersuchung, jedoch wird nicht der gesamte Zeitraum von 1985 bis 2003 in chronologischer Weise und in derselben Intensität

abgedeckt. Vielmehr werden einzelne Schlaglichter auf analytisch interessante historische Momente und Entwicklungen geworfen. Nach einer Einleitung in die wichtigsten wissenschaftlichen Diskussionen und Sachverhalte des USA HGP (Prolog) vollzieht sich die Untersuchung in vier Hauptkapiteln, die nicht deckungsgleich mit den vier Phasen der Zusammenarbeit sind, sondern einer thematischen Gliederung folgen.

Kapitel 1

Das erste Kapitel befasst sich mit dem Zustandekommen der Zusammenarbeit von Sulston, Coulson und Waterston und mit den Veränderungen ihrer Zusammenarbeit im Laufe der Zeit. Die Kooperation kam erstmals bei der physischen Kartierung von *C. elegans* zustande, indem Waterston eine zentrale methodische Neuerung für das Projekt von Sulston und Coulson vorschlug und die dafür notwendigen Arbeitsschritte dann durchführte. (1985-1989) Bei der Sequenzierung des Genoms entschieden sich die Forschenden für eine fortlaufende Zusammenarbeit und für die gemeinsame Einwerbung der Gelder bei den Forschungsförderungsinstitutionen. Der Zusammenschluss in einer Kooperation ermöglichte Sulston und Waterston die Einwerbung von Fördergeldern im Zuge der Genominitiativen im UK und in den USA. Die Kartierung und die Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms werden in der vorliegenden Arbeit als zwei Phasen einer Kooperation verstanden. Während in der ersten Phase die Kooperation vor allem aus inhaltlichen Gründen zustande kam, so spielten strategische Überlegungen in der zweiten Phase eine größere Rolle. Zwischen diesen Phasen veränderte sich die genauere Ausgestaltung der Zusammenarbeit von Sulston und Waterston; hier sollen Kontinuitäten und Diskontinuitäten herausgearbeitet werden, um zentrale Aspekte zu identifizieren, anhand derer wissenschaftliche Kooperationen verglichen und analysiert werden können.

Kapitel 2

Das zweite Hauptkapitel nimmt Sulstons und Waterstons Umgang mit Konkurrenz in den Blick. Damit sind nicht nur ihre moralischen und pragmatischen Bewertungen von Kooperation und Konkurrenz als Handlungsoptionen gemeint, sondern auch ihre Strategien in Bezug auf die Dynamiken *innerhalb* der von ihnen geleiteten Laborgruppen. Um das Funktionieren der Kooperation zu gewährleisten, mussten kompetitive Spannungen eingehetzt werden, wie etwa bei der Markierung wissenschaftlicher Leistung durch die Vergabe von Autorschaft und der generellen Konkurrenz um wissenschaftliche Priorität und Anerkennung. Konflikte und Konkurrenzdynamiken innerhalb der Gruppen konnten aufgrund des guten Einvernehmens zwischen Sulston und Waterston relativ unproblematisch gelöst oder gleich ganz vermieden werden. Außerhalb der von ihnen geleiteten Gruppen war die Situation eine andere: zwischen den beitragenden Gruppen im USA HGP bestand eine latente Form der Konkurrenz um Fördergelder und Beteiligung. Im zweiten Teil des Kapitels sollen unterschiedliche Ausprägungen von kompetitiven Konstellationen herausgearbeitet werden.

Kapitel 3

Im dritten Kapitel nimmt eine dieser kompetitiven Konstellationen die zentrale Rolle ein, die von der bisherigen wissenschaftshistorischen Forschung nicht ausreichend zur Kenntnis genommen wurde: Sulston und Waterston waren bereits 1990/1991 von Craig Venter, der zu diesem Zeitpunkt noch von den

NIH gefördert wurde, auf dem Feld der *C. elegans*-Sequenzierung kompetitiv herausgefordert worden. Venters Wechsel in den privatwirtschaftlichen Sektor wurde bisher lediglich unter dem Gesichtspunkt der Patentierungs- und Eigentumsdebatten betrachtet, doch ich werde zeigen, dass er sich bereits zu Beginn der Projektlaufzeit durch die Verwendung von abweichenden Methoden zu profilieren suchte. Indem die Anfänge des Konkurrenzverhältnisses erstmalig einer wissenschaftshistorischen Analyse unterzogen werden, erscheint auch die spätere Phase der Konkurrenz auf dem Felde der Humangenomsequenzierung, die die öffentlichen und geisteswissenschaftlichen Diskurse derart prägte, in einem neuen Licht.

Kapitel 4

Mit dieser Neubewertung befasst sich das vierte und letzte Hauptkapitel. Durch die medial sehr reißerische Darstellung und die Verwendung der Kategorien "public" und "private" wurde die Konkurrenz als erbitterter Kampf zweier Lager, die sich grundsätzlich voneinander unterscheiden würden, missverstanden. So wurde ein nicht adäquates Bild der Genomforschung bzw. wissenschaftlicher Großprojekte um die Jahrtausendwende kolportiert und es ist deshalb dringend notwendig, dass sich die Geschichtswissenschaft der Untersuchung dieser Konkurrenz annimmt. Craig Venters Vorgehensweise orientierte sich an etablierten akademischen Handlungsmustern und die Verflechtungen zwischen Sulston und Waterston und außer-akademischen Geldquellen waren komplexer, als sie es in ihren eigenen Darstellungen vermuten ließen. Durch die Auseinandersetzung mit historiografischen Darstellungen und dem Konnex aus Nationalstaat, Privatwirtschaft und Wissenschaft bildet insbesondere dieses Kapitel einen Beitrag zur klassisch-historischen Einbettung meines Untersuchungsgegenstandes.

Prolog

Um eine gute Grundlage für die vorliegende Untersuchung zu schaffen, soll nun auf den folgenden Seiten eine thematische Einführung in die wichtigsten Aspekte des USA HGP und seiner Historiografie gegeben werden. Die verschiedenen wissenschaftlichen und organisatorischen Zielsetzungen, die Mechanismen zur Vergabe der Fördergelder und die unterschiedlichen wissenschaftlichen Positionen, die im Untersuchungszeitraum eine Rolle spielten, schufen die Grundlage für die Valenz und Relevanz unterschiedlicher Interaktionsdynamiken zwischen den beteiligten Personen und Gruppen. Das UK HMGP wird dabei jedoch eine untergeordnete Rolle spielen, da Sulston – wenngleich er im UK ansässig war und dort einen Teil seiner Fördergelder bezog – aufgrund seiner inhaltlichen und methodischen Ausrichtung eher in Kontakt mit Forschenden der US-amerikanischen Initiative stand. Daran anschließend möchte ich die Narrative und Argumentationslinien skizzieren, die sich in der bisherigen Historiografie und geisteswissenschaftlichen Forschung zum Humangenomprojekt als zentral herauskristallisiert haben. Denn diese sollen im Verlaufe der Untersuchung einer sorgfältigen Kritik unterzogen werden.

Als das Humangenomprojekt als konzertierte Initiative mit eigenen Geldern in den USA – und vergleichbare Programme in anderen Ländern – anlief, existierte bereits eine große Menge an Projekten, die sich mit der Kartierung und Sequenzierung der DNA verschiedener Organismen befassten. Denn das wissenschaftliche Interesse an der Kartierung und Sequenzierung von DNA war Ende der 1980er nicht neu.⁵⁸ Neu war das Nachdenken über eine koordinierte nationale Initiative zur Kartierung und Sequenzierung des *gesamten* menschlichen Genoms. Eine solche Initiative wurde in den USA und im UK von Forschenden aus den Bereichen der Biochemie, Biophysik, Molekularbiologie, Molekulargenetik, Entwicklungsbiologie und Mikrobiologie, Genetik, medizinischen Genetik, und Biomedizin beworben. Sie waren Professoren an Eliteuniversitäten, Direktoren von außeruniversitären Forschungsinstituten und einige wurden früher oder später Gründer, Mitarbeiter und Beratende für biotechnologische Firmen.⁵⁹ Es wurden Workshops und Symposien veranstaltet, auf denen die Sachlage sondiert und darüber diskutiert wurde, auf welche Weise und mit welchen wissenschaftlichen Zielsetzungen ein solches Projekt begonnen werden könnte. Die Ergebnisse oder Zwischenstände der vielfältigen Diskussionen wurden in mehreren Schriftstücken festgehalten, die ich in vorliegender Untersuchung als Evaluationsberichte bezeichne.

In der Konzeptions- und Frühphase des USA HGP sowie in der größeren wissenschaftlichen Forschungsgemeinschaft der betreffenden Forschungsfelder waren die folgenden Aspekte umstritten:

1. **Large-Scale Sequencing vs. cDNA-Strategie?** Sollte das menschliche Genom überhaupt zur Gänze sequenziert werden, oder sollten nur die für Gene kodierenden Abschnitte sequenziert werden? Welche Position man dabei einnahm, hing davon ab, was mit den erarbeiteten Sequenzen erreicht werden sollte. Wollte man Organismen und ihre Funktionsweise zur Gänze erschließen und etwa

⁵⁸ Im Jahre 1988 förderten die US-amerikanischen National Institutes of Health bereits rund 3000 Projekte, die sich mit der Erforschung von Genen und Genomen befassten, das insgesamt verwendete Budget betrug 294 Millionen Dollar. OTA 1988, Genome Projects, S. 93.

⁵⁹ Vgl. etwa Hilgartner 1998, Data Access Policy; sowie ders.: Reordering Life: Knowledge and Control in the Genomics Revolution, Cambridge (MA) 2017.

die Prozesse der Proteinbiosynthese, der Gensteuerung und der Genexpression verstehen, so empfahl sich womöglich die Sequenzierung aller DNA. Wollte man hauptsächlich Gene identifizieren und entschlüsseln, die für Eigenschaften und Krankheiten (mit-)verantwortlich sind, so würde hingegen die Sequenzierung von exprimierter DNA (cDNA als ihr Komplement) genügen. Während der Konzeptions- und Frühphase der Genominitiativen in den USA und im UK war Sydney Brenner, der Begründer der *C. elegans*-Forschung und Sulstons und Waterstons vormaliger Vorgesetzter am LMB, ein lautstarker Verfechter der cDNA-Strategie und Kritiker des High Quality Map-Based Large-Scale Sequencing. Während den ersten Jahren der Projektlaufzeit wurde die Arbeit mit cDNA auch von anderen Akteuren beworben und verfolgt – für all diese Entwicklungen sei auf Kapitel 3 verwiesen.

2. **Evolutionäre oder revolutionäre Technologieentwicklung?**⁶⁰ Falls die gesamte Sequenz des menschlichen Genoms angestrebt werden sollte, auf welche Weise sollte man darauf hinarbeiten? Sollten die existierenden Methoden und Technologien schrittweise weiterentwickelt werden oder sollte man die Entwicklung gänzlich neuer Methoden und Technologien anstreben? Diejenigen Labore, die bereits seit längerem an der Kartierung oder/und Sequenzierung von DNA arbeiteten, befürworteten tendenziell, dass sie selbst die für das HGP relevante Sequenzierungsarbeit durchführen sollten, wenngleich dies erst eine stufenweise Anpassung ihrer Methoden bedurfte. Labore, die in Sachen Kartierung und Sequenzierung nicht auf eine eigene wissenschaftliche Tradition zurückblicken konnten, sondern sich zu neuen Beitragenden des HGP aufschwingen wollten, argumentierten eher dafür, dass neue Innovationen geleistet werden müssten. Eng mit dieser Frage war aber auch das Verständnis von Molekulargenetik und Technologieentwicklung verknüpft, das bei Forschenden vorlag: sollte man überhaupt einen dergestalt prägnanten Fokus auf die Entwicklung von Technologien legen oder sollte man neue Forschungsfragen suchen, die dafür mit den bereits verfügbaren Technologien bearbeitet werden können?
3. **Map-Based Hierarchical Shotgun Sequencing oder Whole Genome Shotgun Sequencing?** Sollte das menschliche Genom auf Basis einer physischen Klon-Karte sequenziert werden oder konnte/sollte man ohne eine solche direkt zur Sequenzierung übergehen? Für diese beiden Alternativen war es einleuchtender Weise von zentraler Relevanz, ob eine Gruppe bereits auf eine physische Klon-Karte oder auf andere Kartentypen zurückgreifen konnte. Wenn ja, dann lag es nahe, dass sie sich von dieser anleiten lassen wollten – wenn brauchbares Kartenmaterial jedoch nicht vorlag, lag es nahe, nach Sequenzierungsmethoden zu suchen, die ohne die Basis einer Karte funktionierten.

⁶⁰ “(...) instead of waiting upon the emergence of still better instrumentation and ingenious genetic tricks.”, Wellcome Collection, PP/SUL/B/1/1/1 GRL Files, Bericht vom 02.03.1992. Der Begriff “revolutionär” fällt hier: “We thus feel that the role of our development group is not necessarily to make revolutionary advances: there are many excellent groups working in this area. Rather, the development group must focus on adapting technologies for production and on automation of repetitive tasks, for we must begin now to deal with the issues associated (sic!) with the larger scale that will be required for the completion of more complex genomes.”, in: Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston vom 20.04.1993.

In diesen Fragen waren die Angehörigen der betreffenden Forschungsfelder gespalten und diskutierten die skizzierten Fragen leidenschaftlich und immer wieder: in Expertengremien, auf Fachtagungen, sowie in wissenschaftlichen Veröffentlichungen. Die zentrale Frage war, was genau im Zuge eines Humangenomprojekts sequenziert werden sollte. Bei der Konzeption des USA HGP versuchte man diese ungeklärten Fragen unter anderem durch die Setzung mehrstufiger und unterschiedlicher epistemischer und organisatorischer Ziele einzufangen. Mit „mehrstufig“ bezeichne ich das aufeinander aufbauende Vorgehen: zuerst sollten verschiedene Gen- oder Genomkarten erstellt werden, ausgehend von diesen Karten sollten probeweise Abschnitte sequenziert werden. Davon ausgehend sollte wiederum der Durchsatz bei der Sequenzierung schrittweise erhöht werden. Dies sollte zuerst an Modellorganismen erprobt und dann am menschlichen Genom fortgeführt werden.⁶¹ Diese Vorgehensweise erlaubte eine stete Evaluierung, und, falls notwendig, eine Anpassung der verfolgten Vorgehensweise.

Zum einen sollten so die am besten geeigneten Methoden und Technologien identifiziert und weiterentwickelt werden. Zum anderen konnte die Arbeit und die Leistungsfähigkeit der beteiligten Gruppen immer wieder evaluiert werden. Dies war notwendig für die stets neue Entscheidung über die fortlaufende Bewilligung der Gelder oder die Beendigung der Förderung. Bei der schlussendlich herausgearbeiteten nationalen Genominitiative in den USA gab es weder eine universelle Gleichberechtigung aller Methoden und Herangehensweisen, noch legte man sich auf eine einzige Methode fest. Im US-amerikanischen HGP (inklusive John Sulstons Labor) bestand prinzipiell Konsens darüber, dass High Quality Map-Based Large-Scale Sequencing betrieben werden sollte: auf Basis einer zuvor erstellten physischen Karte sollte die DNA des gesamten menschlichen Genoms unter Rückgriff auf die Methode des Hierarchical Shotgun Sequencing sequenziert werden. Die anvisierte Sequenz sollte möglichst wenige Lücken und Ambiguitäten aufweisen, sondern von hoher Sicherheit und Qualität sein. Dieser Konsens blieb jedoch nicht unangefochten bestehen. Nicht allen Forschenden war im selben Maße an der Erforschung der Struktur, Organisation, und Funktionsweise eines gesamten Genoms und der Untersuchung zentraler biologischer Lebensprozesse gelegen, wie etwa Sulston und Waterston.

Die Gelder mussten immer wieder aufs Neue eingeworben werden und auch der Zuschnitt des USA HGP wurde immer wieder neu evaluiert. Wenn die Arbeit einer Gruppe in der Frühphase als erfolgreich bewertet wurde, ging damit einher, dass sie in der Folge bei der Einwerbung von Geldern für die Arbeit am menschlichen Genom ebenfalls erfolgreich wären. Es stand somit nicht nur die fortlaufende Anschlussförderung im Raum, sondern es ging auch um die Erweiterung der Forschungsarbeit einer Laborgruppe. Um also auch in darauffolgenden Projektphasen oder Bewilligungsrunden positive Ergebnisse erzielen zu können, mussten die Forschenden und die Gruppen durch wissenschaftlichen Erfolg überzeugen und die verwendete Methode musste bei den verantwortlichen Stellen auch weiterhin als vielversprechend und leistungsfähig gelten. Die verantwortlichen Stellen waren dabei in den Peer Review Gremien der Forschungsförderungsinstitutionen zu suchen, es galt also, die eigenen Fachkollegen und die Beamten und Administratoren der Institutionen zu überzeugen. Forschende strebten durch ihre fachlichen Leistungen nach der Erlangung der Prämien und argumentierten zusätzlich für die Eignung ihrer Methode und ihrer Herangehensweise.

⁶¹ Ankeny 2003, Sequencing the Genome, S. 89.

Bereits zeitgenössisch wurde festgestellt, dass das USA HGP als Konglomerat unterschiedlicher Projektkomponenten zu verstehen ist. 1988 veröffentlichte das Office of Technology Assessment seinen Evaluationsbericht zur Lage der Genomforschung in den USA. Das OTA war eine politiknahe Behörde, durch dessen Untersuchungen und Veröffentlichungen die Mitglieder des Kongresses und andere Entscheidungsträger mit dem nötigen Wissen versorgt werden sollten, um informierte Entscheidungen bei der Bewilligung der Budgets der Forschungsförderungsinstitutionen treffen zu können. In einem Versuch, die komplexe Sachlage nuanciert wiederzugeben, betonte das OTA, dass das Humangenomprojekt in den USA nicht so sehr als monolithisches Großforschungsprojekt zu verstehen sei, sondern dass es eher eine gezielte Verstärkung bereits existierender Forschung darstelle.⁶² In dem Bericht wurde die Vielfalt der bereits laufenden "Genomprojekte" – hier verstanden als Projekte, die im engeren oder weiteren Sinne mit der Erforschung von Genomen befasst waren – hervorgehoben. Es wurde zudem die Relevanz von Komponenten betont, die auch unabhängig von der Sequenzierung gesamter Genome existierten, so etwa die Schaffung und Bereitstellung von geeigneten Infrastrukturen für die Speicherung, Aufbewahrung und Verbreitung von Daten und Materialien.

Mit der Betonung des komplexen und mehrstufigen Aufbaus des USA HGP geht ein gewinnbringender Perspektivenwechsel einher. Es stehen nicht mehr die geplanten und zielgerichteten nationalen Initiativen im Zentrum einer Untersuchung. Stattdessen richtet sich der Fokus auf einzelne Projekte und ihre Bearbeiter:innen. Indem die Inhalte der Projekte und die soziale Organisation ihrer Bearbeiter:innen über den Verlauf der Zeit hinweg verfolgt werden, können Kontinuitäten und Brüche darin aufgezeigt werden.⁶³ Eine wissenschaftshistorische Analyse kann der vielschichtigen Lage in der Frühphase der nationalen Genominitiativen auf diese Weise am besten gerecht werden. Das gilt auch für die Interaktionsdynamiken zwischen Individuen und Gruppen und die unterschiedlichen Handlungsmodi, die den Forschenden zur Verfügung standen. Denn wir blicken auf eine Vielzahl an Akteuren (Individuen und Gruppen), die jeweils eigene epistemische Ziele verfolgten und die durch das USA HGP in einem irgendwie gearteten Verhältnis zueinanderstanden. Die Untersuchung der Verhältnisse zwischen Personen und Gruppen ist das zentrale analytische Interesse der vorliegenden historisch-soziologischen Dissertation. Durch diese historiografische Positionierung lassen sich obendrein Fragen vermeiden, deren Beantwortung im Kontext des vorliegenden Erkenntnisinteresses nicht produktiv möglich ist. Damit beziehe ich mich auf Fragen zum Charakter des USA HGP: ist es als Big Science zu bezeichnen oder nicht?⁶⁴ Ist es als Big Science oder doch eher als Fast Science zu bezeichnen?⁶⁵

⁶² OTA 1988, Genome Projects, S. 4.

⁶³ Eine solche Perspektive nahmen im Hinblick auf die *C. elegans* Community stets auch die Wissenschaftshistorikerinnen de Chadarevian und Ankeny ein.

⁶⁴ Kommt zu keinem eindeutigen Ergebnis: Knorr Cetina, Karin: Wissenskulturen. Ein Vergleich naturwissenschaftlicher Wissensformen. Frankfurt am Main, 2002; den Begriff als Analysekategorie operationalisiert Vermeulen, Niki: Supersizing Science. On Building Large-Scale Research Projects in Biology. Maastricht, 2009; sowie dies.: Big Biology: Supersizing Science During the Emergence of the 21st Century. In: Special Edition on Collaboration and Competition of NTM Journal of the History of Science, Technology and Medicine, Vol. 24, 2 (2016), S. 195-223.

⁶⁵ Fortun 1999, Projecting Speed Genomics, S. 25.

Die historiografische Ausgangslage, mit der sich die vorliegende Untersuchung auseinanderzusetzen hat, zeichnet sich durch ein komplexes Nebeneinander verschiedener Genres und verschiedener Akteursgruppen aus. Bereits zeitgenössisch äußerten sich Naturwissenschaftler und Experten für Wissenschaftspolitik, die an der Konzeption und Durchführung des USA HGP beteiligt waren, publizistisch. In ihren Schriften popularisierten und bewarben sie ihr Projekt gegenüber einer interessierten Öffentlichkeit und gegenüber den politischen Entscheidungsträgern.⁶⁶ Ebenfalls zeitgenössisch wurde das USA HGP begleitet durch beobachtende Soziologen und reflektierende Philosoph:innen und Jurist:innen (im Ethical, Legal and Social Implications Research Program, kurz: ELSI). Im Nachhinein äußerten sich die beteiligten Naturwissenschaftler sehr gerne selbst zu ihrer Rolle in diesem prestigeträchtigen Großprojekt und begannen zeitnah mit der Veröffentlichung wissenschaftlicher Autobiografien.⁶⁷ Auch Experten für Wissenschaftspolitik veröffentlichten eigene Darstellungen über die Entwicklungen. Sodann begannen Wissenschaftshistoriker:innen mit der historiografischen und analytischen Aufarbeitung der Ereignisse.

Ein zentrales Problem an der tradierten Geschichte des USA HGP ist die Überbetonung von Konkurrenz. Das Verhältnis zwischen den zahlreichen, bereits existierenden Genomprojekten wurde großteils als intensive Konkurrenz beschrieben, die ihren Höhepunkt in dem an Intensität kaum noch zu übertreffenden Wettkampf zwischen Craig Venter und dem aus öffentlichen Geldern finanzierten Forschungsverbund zur Erlangung der Sequenz gefunden hätte.⁶⁸ Die hohe Relevanz der Forschung und die wirtschaftlichen Profite, die allgemein erwartet wurden, hätten unvermeidlich zu einem intensiven Kampf aller gegen aller geführt. Dieses Bild vom Humangenomprojekt ist in der breiteren Öffentlichkeit weit verbreitet und die Frage nach dem intellektuellen Eigentum und der Legitimität von Patenten nehmen großen Raum ein. Die konfigurerenden Positionen der Forschungsförderungsinstitutionen, der Wissenschaftler:innen und der privatwirtschaftlichen Entitäten in der Frage nach Patenten hätten im Konkurrenzkampf die historischen Entwicklungen für die nächste Dekade geprägt.⁶⁹

Das prominenteste Beispiel für diesen thematischen Schwerpunkt und dieses Geschichtsbild ist die Veröffentlichung aus dem Jahre 1994 von Robert Cook-Deegan, der Ende der 1980er Analyst beim Office of Technology Assessment gewesen war. Seine Darstellung der Ereignisse trägt den reißerischen Titel "The Gene Wars". Darin wird zunächst eine teleologische Wissenschaftsgeschichte erzählt, in der die wissenschaftlichen und technologischen Errungenschaften Schritt für Schritt – von der Mendelschen Vererbungslehre über die Beschreibung der Doppelhelixstruktur – unweigerlich zu einem US-amerikanischen Humangenomprojekt geführt hätten. Das Narrativ vom US-amerikanischen HGP als "natural outgrowth"⁷⁰ der wissenschaftlich-technologischen Entwicklungen wurde in den letzten Jahren

⁶⁶ Zum Beispiel: Watson, James D. und Cook-Deegan, Robert M.: Origins of the Human Genome Project. In: The Journal of the Federation of American Societies for Experimental Biology Vol. 5 (1991), No. 1, S. 8-11.

⁶⁷ Sulston/Ferry 2002, Common Thread. In den Jahren darauf auch etwa Shreeve, James [2004]: The Genome War. How Craig Venter Tried to Capture the Code of Life and Save the World. New York, 2005; Venter 2007, Life Decoded; Brown 2003, In the Beginning.

⁶⁸ Vgl. etwa Davies, Kevin [2001]: Die Sequenz. Der Wettkampf um das menschliche Genom. Aus dem Englischen übersetzt von Klaus Fritz und Anja Hansen-Schmidt. München, 2003; N.N.: Why was There a Race to Sequence The Human Genome? Online verfügbar unter: <https://www.yourgenome.org/stories/why-was-there-a-race-to-sequence-the-human-genome>, 13.06.2016, zuletzt aufgerufen am: 06.04.2020.

⁶⁹ Letztes Kapitel in Cook-Deegan 1994, Gene Wars: "Exodus: The End of the Beginning.", S. 326-340.

⁷⁰ Cook-Deegan 1994, Gene Wars, S. 9.

vermehrt einer geisteswissenschaftlichen Kritik unterzogen.⁷¹ Darüber hinaus wurde bei Cook-Deegan der Konflikt zwischen den Forschungsförderungsinstitutionen der öffentlichen Hand und den privatwirtschaftlichen Unternehmen ("public vs. private") als vordergründig treibender Faktor der historischen Entwicklungen präsentiert. Das Buch endet mit einem ganzen Kapitel zur Patentfrage, die unter Rückgriff auf den öffentlichen Eklat zwischen der NIH-Direktorin Bernadine Healy und James Watson (Direktor des Cold Spring Harbor Laboratory und Direktor des Office of Human Genome Research innerhalb der NIH) erzählt wird. Auch hier standen Meinungsverschiedenheiten sowie charakterliche und persönliche Unterschiede im Zentrum.

Das in jenem Buch übermittelte Geschichtsbild basiert auf einfachen und dramatisierenden Narrativen und beeinflusste nachfolgende Darstellungen. Cook-Deegan trug mit seiner Veröffentlichung dazu bei, dass der öffentliche Diskurs so deutlich auf Konkurrenz fokussierte. Das alles ist mit seiner facettenreichen Rolle zu erklären. Zunächst war er als Mitarbeiter des Office of Technology Assessment des US-Kongresses federführend an der Abfassung des bereits zitierten Evaluationsberichts (1988) beteiligt gewesen. In der ersten Hälfte der 1990er veröffentlichte er Darstellungen der Ereignisse, die zum USA HGP geführt hatten (1987-1990) und Darstellungen der frühen Jahre des Projektverbundes (ca. 1989-1994). Diese Akteursdarstellungen sind ein erster Beitrag zur Historiografie – Cook-Deegan war zwar an den Entwicklungen beteiligt und hatte auf diese Einfluss genommen, er arbeitete jedoch nicht als Naturwissenschaftler im HGP mit, sondern stellte als Policy-Experte und Berater Beobachtungen aus einer anderen Perspektive an. Sein umfassendes Wissen und seine relative beobachterische Distanz führten dazu, dass er seither als Experte für das USA HGP gilt und als solcher auch besonders häufig zitiert wird. Seine fortlaufende Einflussnahme auf die geschichtswissenschaftliche Aufarbeitung des US-amerikanischen Genomprojekts zeigt sich besonders deutlich daran, dass er 2018 mit Rachel Ankeny und Kathryn Maxson Jones einen sehr umfassenden Artikel zur Entstehung der *Bermuda Principles* veröffentlicht hat. 2021 veröffentlichten er und Maxson Jones anlässlich des 20jährigen Jubiläums der Publikation der Entwurfssequenz zudem einen Tendenzartikel über die Relevanz der öffentlichen Verfügbarkeit naturwissenschaftlicher Daten im Science Magazine.⁷²

Cook-Deegan besitzt aufgrund seiner beruflichen Biografie in der Tat sehr viel Insiderwissen über die damaligen Entwicklungen. Es ist auch nicht per se illegitim, einen historischen Akteur in die wissenschaftshistorische Forschung mit einzubeziehen, zumal dessen Wissensbestände und Dokumentensammlungen von großer Bedeutung für diese sein können. Das Engagement für die freie Verfügbarmachung naturwissenschaftlicher Forschungsdaten stellt ebenfalls kein Ausschlusskriterium dar, sich reflektiert zu historischen Entwicklungen äußern zu können. Doch leider gibt es darüberhinausgehend Schwierigkeiten mit den Narrativen, die Cook-Deegan wiedergibt und dem Geschichtsbild, das aus seinen Publikationen hervortritt. Die Darstellungen sind von seiner Beteiligung an den historischen Entwicklungen geprägt – sie bieten verschiedenen Orts eher eine Innenperspektive als eine distanziert-

⁷¹ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 5 f. Für eine Untersuchung der Proteinsequenzierung Frederick Sangers und der zentralen Rolle dieser Forschung bei der Gründung des Laboratory of Molecular Biology in Cambridge siehe de Chadarevian 1996, Sequences, Conformation, Information; sowie dies. 2002, Designs for Life, insb. Kapitel 4; dies. 2018, Chromosome Research; sowie dies. 2020, Heredity under the Microscope.

⁷² Maxson Jones/Cook-Deegan 2021, Ethos of Rapid Data Sharing.

nuancierte Analyse. Das augenfälligste Beispiel dafür ist der Fokus auf die Wissenschaftspolitik der Forschungsförderungsinstitutionen und die Lobbyarbeit, die gegenüber dem US-Kongress durchgeführt wurde, um ein US HGP zu bewerben. Zudem fanden immer wieder Anhörungen im Kongress oder im Repräsentantenhaus statt, um die Finanzierungs- und Administrationsstrukturen stetig neu zu evaluieren – oder eben im viel betonten Kontext des Patentierens. Aus seiner Tätigkeit als OTA-Analyst gab es eben eine gewisse Nähe zu den Entwicklungen in den USA und in Washington D.C.. Doch die Darstellungen fokussieren zu sehr auf die Interessen der Forschungsförderungsinstitutionen.

Seine journalistische Aufbereitung einer spannungsvollen Konkurrenz mit Fokus auf individuelle Charaktere der Forschungs- und Politikbereiche ist ebenso einer Kritik zu unterziehen. Dies ist notwendig, da Cook-Deegans Darstellungen und Geschichtsbild prägend waren und sind und er eng mit Wissenschaftshistoriker:innen zusammenarbeitet. Um ein Gegengewicht zu diesem Geschichtsbild aufzubauen, soll im Folgenden nicht etwa betont werden, wo die Genomprojekte überall von Kommunikation und Kooperation geprägt waren. Eine solche Herangehensweise würde die Dichotomie zwischen Kooperation und Konkurrenz auf analytischer Ebene reproduzieren. Stattdessen wird untersucht, an welchen Stellen realiter wissenschaftliche Konkurrenz vorlag und wie diese typischerweise ablief. Damit möchte ich dazu beitragen, die Darstellungen der wissenschaftlichen Konkurrenz im USA HGP zu entdramatisieren und den Fokus von individuellem Handeln auf strukturelle Dynamiken zu lenken.

1 Eine Kooperation im Wandel der Zeit

John Sulston und Robert Waterston forschen in den Jahrzehnten vor dem Humangenomprojekt am Fadenwurm *Caenorhabditis elegans*, den Sydney Brenner am Laboratory of Molecular Biology (Cambridge, UK) in den 1960ern als neuen molekularbiologischen Modellorganismus eingeführt hatte.⁷³ Sowohl Sulston als auch Waterston verbrachten prägende Karriereabschnitte in Brenners Abteilung am LMB, dort lernten sie einander kennen und dort begann ihre jahrelange wissenschaftliche Partnerschaft, als sie ab 1986 für die physische Kartierung des gesamten Genoms des Fadenwurms kooperierten. Dieses Projekt soll auf den folgenden Seiten ebenso skizziert werden, wie die wissenschaftlichen, sozialen und institutionellen Rahmenbedingungen, innerhalb derer Sulston und Waterston sozialisiert wurden.⁷⁴ Damit ist vor allem die Art und Weise gemeint, wie sich die Forscher:innen am LMB und in der weltweiten *C. elegans* Forschung begegneten und wie sich ihr Verhältnis zueinander mehrheitlich gestaltete. Sulstons und Waterstons Art, Wissenschaft zu betreiben, sowohl inhaltlich als auch der sozialen Organisation nach, war stark durch die gemeinsame Zeit am LMB geprägt.⁷⁵ Die Forschung an *C. elegans* war vor allem von Kooperativität, Kommunikation und Kooperation bestimmt und dies war von besonderem Vorteil für die Durchführung der Forschung.

⁷³ Vgl. etwa de Chadarevian 1998, *Of Worms and Programmes*; sowie Ankeny 2001, *Natural History*.

⁷⁴ De Chadarevian 2002, *Designs for Life*.

⁷⁵ Vgl. etwa: Ankeny 2003, *Sequencing the Genome*; sowie Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*.

Das Forschungsprofil von Sulston und Waterston wurde stets unter Rückgriff auf ihre spezifische Ausbildung am LMB und die dort vorherrschenden Kulturen des Forschens und des Zusammenarbeitens untersucht. Auch die historisch-philosophische Literatur zur Rolle von Modellorganismen und Modellsystemen in den biologischen Wissenschaften fokussierte zentral auf die Forschung an *C. elegans*, so wie sie durch Sydney Brenner und seine Schüler, allen voran John Sulston, geleistet wurde.⁷⁶ Anhand von *C. elegans* wurde sehr gründlich untersucht, wie ein Organismus zu einem Modellorganismus gemacht wurde: die Erschließung und Katalogisierung des ganzen Organismus bildete die Basis für die Untersuchung seines biologischen und genetischen Verhaltens in typischen und in besonderen Fällen.⁷⁷ Bei diesen Projekten großen Umfangs wurden Teilbereiche des Modellorganismus *C. elegans* zur Gänze erschlossen und die Informationen und Ergebnisse dieser Projekte in großem Stile katalogisiert und in Datenbanken hochgeladen.⁷⁸ Mit der starken technologischen Komponente der *C. elegans* Forschung und der Rolle von Computerprogrammen, Datenbanken und Software befasste sich in der Folge von Soraya de Chadarevian auch Miguel García-Sancho.⁷⁹ Aus dieser Prägung heraus wurde Sulstons Hinwendung zur umfassenden Kartierung und Sequenzierung erklärt: große, umfassende Katalogisierungsprojekte mit starker technischer Komponente entsprachen seinem wissenschaftlichen Profil.⁸⁰ Die Arbeitsweise von Robert Waterston trat in der wissenschaftshistorischen und -philosophischen Forschung ein wenig in den Hintergrund. In diesem Punkt möchte die vorliegende Untersuchung eine Ergänzung leisten und nachzeichnen, welche übergeordneten Erkenntnisinteressen Waterston zur Kartierung und Sequenzierung gesamter Genome führten, welche wissenschaftlichen Positionen er vertrat und wie er sich strategisch und moralisch verhielt. Denn in diesen Punkten unterschied er sich von Sulston.

So kann verstärkt in den Blick rücken, welche Besonderheiten Waterston mit in die Kooperation einbrachte und das Zustandekommen der Kooperation zwischen Sulston und Waterston wird auf diese Weise einer historischen Analyse zugänglich gemacht. Denn die Normen von Kommunikation und Kooperation aus der *C. elegans*-Forschung werden nicht benötigt, um das Zustandekommen der Kooperation zu erklären. Das hat auch den Vorteil, dass die Geschichte der Genomkartierung und -sequenzierung nicht mehr nur unter Rückgriff auf das LMB geschrieben wird, denn zeitlich entfernen wir uns immer weiter von dieser historischen Phase. Zudem lädt diese einfache Erklärung nicht dazu ein, den Entwicklungen tiefergehend nachzuspüren.⁸¹ Anhand eigener Quellenarbeit soll erstmals nachgezeichnet werden, wie die Kooperation zwischen Sulston, Coulson und Waterston bei der physischen Kartierung des Fadenwurms zustande kam.

⁷⁶ Ankeny 2001, *Natural History*; Ankeny 2003, *Sequencing the Genome*; Ankeny/Leonelli 2020, *Model Organisms*.

⁷⁷ De Chadarevian 1998, *Of Worms and Programmes*, S. 100; dies. 2000, *Mapping Development*, S. 387.

⁷⁸ Marcel Weber fasste diese vorbereitende Erschließungs- und Beschreibungsarbeit unter dem Begriff „preparative experimentation“, siehe Weber, Marcel: *Philosophy of Experimental Biology*. Cambridge, 2005, S. 174 ff. Beispiele für diese Art von Projekt sind: die Untersuchung der post-embryonalen Entwicklung von Neuronen, die eine komplette Karte mit der individuellen Herausbildung und Migration jeder einzelner seiner Zellen während seiner Entwicklung zum Ergebnis hatte, und die Rekonstruktion eines „kanonischen Nervensystems“ von *C. elegans*, das *de facto* aus Aufnahmen von Teilen des Nervensystems verschiedener *C. elegans*-Exemplare zusammengesetzt war.

⁷⁹ García-Sancho 2012, *From the Genetic to the Computer Program*; ders. 2012, *History of Molecular Sequencing*.

⁸⁰ Maxson Jones, Cook-Deegan, Ankeny, 15.11.2011: Interview mit Sulston und Waterston, S. 17 des Transkripts; sowie vgl. Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*.

⁸¹ Das zeigt sich auch an den *Bermuda Principles*: die freie Verfügbarmachung der Forschungsdaten und die Einigung auf die *Principles* kann nicht nur durch die Normen erklärt werden, mit denen Sulston und Waterston Jahrzehnte zuvor am LMB sozialisiert wurden.

Denn diese Entwicklungen wurden in der bisherigen wissenschaftshistorischen Forschung nicht untersucht. In den Publikationen von Soraya de Chadarevian und Rachel Ankeny wurde das Zustandekommen der Kooperation als gegeben vorausgesetzt und keine, oder nur sehr ungenaue, Begründungsversuche angestellt.⁸² Doch die Kooperation kam aufgrund aktiver und strategischer Entscheidungen zustande und es bedurfte immer wieder gezielter Anstrengungen, sie zu aktualisieren und ihr Funktionieren zu gewährleisten. Gerade aufgrund ihrer besonderen Anpassungsfähigkeit und Flexibilität ist sie von besonderem Interesse für die vorliegende Arbeit. Neben der Geschichte der Zusammenarbeit selbst können so weitere Themenbereiche der Geschichte der *C. elegans* Forschung erhellt werden: wie vereinten die Wissenschaftler unterschiedliche Expertisen? Wie wurden unterschiedliche übergeordnete Erkenntnisinteressen in ein gemeinsames Projekt integriert? Wie entwickelte sich aus den unterschiedlichen übergeordneten Erkenntnisinteressen das gemeinsame Erkenntnisinteresse, das die Arbeit von Sulston und Waterston für die darauffolgenden zwei Dekaden anleiten sollte?

Geschichte der *C. elegans* Forschung

Bevor John Sulston zusammen mit seinem Kollegen Alan Coulson mit der physischen Kartierung des Genoms begann, war der Fadenwurm in einer Reihe umfassender Projekte grundlegend erschlossen und als Modellorganismus zugänglich gemacht worden. Durch die Arbeit Sydney Brenners ab Ende der 1960er war ein Wildtyp standardisiert worden, dessen natürliche Varianz gut kontrolliert werden konnte. Die große Menge an Mutationen war benannt, katalogisiert und auf einer Genkopplungskarte verortet worden. Ab Ende der 1960er und Anfang der 1970er hatte Brenner Projekte, die die einzelnen Teilbereiche des Fadenwurms wie die Abstammung und Entwicklung jeder individuellen Zelle, die Muskulatur, das Nervensystem und seine Fortpflanzung umfassend erschlossen, an verschiedene Postdocs vergeben.⁸³ Die Ergebnisse dieser Projekte wurden allesamt in Datenbanken hochgeladen. So wuchs der Kreis derjenigen Forschenden, die mit *C. elegans* arbeiteten. John Sulston wurde 1966 an der Universität Cambridge in organischer Chemie promoviert; 1969 kam er für seinen zweiten Postdoc ans LMB in Brenners Abteilung und gehörte zur ersten Kohorte an Post-Docs, denen Brenner Projekte an *C. elegans* zuteilte. Sulstons Forschung zeichnete sich von Beginn an dadurch aus, umfangreiche Projekte durchzuführen, in denen Teilbereiche des Fadenwurms umfassend erschlossen wurden.⁸⁴

Derlei umfassende Forschungsprojekte konnten aufgrund der komfortablen finanziellen Situation am LMB sehr gut durchgeführt werden: die dortigen drei Abteilungen, von denen Sydney Brenner die für Molecular Genetics leitete, waren unabhängig voneinander und neben einem gemeinsamen Budget für das gesamte

⁸² "Coordination between the LMB and Robert Waterston's team, by that point based at Washington University in St. Louis, on the physical map was crucial, a link that solidified from 1985 to 1986 when Waterston spent a sabbatical year in Cambridge", Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*, S. 711-712.

⁸³ Ankeny 2001, *Natural History*.

⁸⁴ Er forschte zunächst in Kooperation mit Bob Horvitz, Brenners erstem US-amerikanischen Post-Doc, zur Zellentwicklung von Neuronen und dann zur Zellentwicklung jeder einzelnen Zelle von *C. elegans*. Durch die erarbeiteten Daten wurden eine deutlich präzisere experimentelle Manipulation des Wurmes sowie die Isolation und Katalogisierung von Mutationen im Bereich der Entwicklung ermöglicht. Siehe de Chadarevian 2000, *Mapping Development*, S. 387.

LMB hatte auch jede Abteilung ihr eigenes Budget.⁸⁵ Dieses stand den Abteilungsleitern flexibel zur Verfügung. Das LMB hatte Sulston über 24 Jahre lang ein gutes Umfeld geboten, in dem er sich über die materiellen Grundlagen seiner Forschung relativ wenig Gedanken machen musste. Auch die Etablierung seiner Karriere stellte trotz der langen Verweildauer – heutzutage kaum denkbar – kein Problem dar.⁸⁶ Der Fadenwurm konnte genau wegen dieser günstigen Bedingungen besonders gründlich erschlossen werden, so dass sein Nutzen und seine Verlässlichkeit als Modellorganismus stetig wuchsen. Am LMB wurden der Dialog und der freie Austausch zwischen den Forscher:innen bewusst kultiviert und dies prägte die Personen, die einzelne Karriereabschnitte am LMB verbrachten.⁸⁷ Viele der Postdocs gründeten nach ihrer Zeit am LMB eigene *C. elegans* Labore weltweit und verbreiteten so die Forschung an *C. elegans*.⁸⁸ Dabei wurden nicht nur die inhaltliche und methodische Ausprägung der Forschung, sondern auch die sozialen Normen der Kooperation und Kommunikation exportiert.⁸⁹

In dieser frühen Phase der Forschung mit *C. elegans* bestand wenig Konkurrenz zwischen den Forschenden oder den Laboren. Dies lag nicht nur daran, dass die junge Community noch auf persönlichen Bekanntschaften beruhte, man sich also kannte und schätzte, sondern auch daran, dass es noch verhältnismäßig wenige Wissenschaftler:innen gab, die sich mithilfe von *C. elegans* auf eine große Menge an möglichen Forschungsfragen und -projekten konzentrierten. Für die Forschenden gab es sehr viele Möglichkeiten, sich wissenschaftlich zu positionieren und zu profilieren. Man konnte sich sehr gut aus dem Weg gehen und Duplikationen vermeiden. Mit zunehmender Prominenz zog die Forschung an *C. elegans* natürlich immer mehr Nachwuchsforscher:innen an. Durch den Anstieg an Personen und Laboren, die mit *C. elegans* arbeiteten, wurde die Schaffung neuer Kommunikationskanäle notwendig, da die Besprechung und Organisation der Forschung nicht mehr nur auf persönlichen Kontakten und Gesprächen beruhen konnten.

Dazu zählte etwa der Newsletter *The Worm Breeders' Gazette* (1975), in dem Informationen zu laufenden Projekten, wissenschaftlichen und technologischen Weiterentwicklungen und vorläufige Ergebnisse bereits vor der endgültigen Publikation in naturwissenschaftlichen Journals verbreitet wurden, aber auch praktische Hinweise zur Haltung, Kultivierung und Bearbeitung des Organismus sowie den verwendeten Technologien, Methoden und Apparaten gegeben wurden. Auch nach der gemeinsamen Zeit am LMB behielten die Forscher:innen die Praxis bei, Daten und Informationen schon vor der endgültigen

⁸⁵ Die Abteilung für Protein Chemistry wurde von Frederick Sanger und die Abteilung für Protein Crystallography/Structural Studies wurde von John Kendrew geleitet, siehe de Chadarevian 2002, *Designs for Life*, S. 270.

⁸⁶ Durch die Spezifität der Finanzierung am LMB standen die Forschenden zudem unter einem geringeren Publikationsdruck; die gebündelte Publikation der Forschungsergebnisse erfolgte in der Regel nach Abschluss eines Projekts. Beispielsweise zeitigte die Kartierung des Nervensystems des Wurmes während der Projektlaufzeit keine Publikationen, führte allerdings nach Abschluss des Projekts zu einem 340 Seiten umfassenden Artikel, der in den *Philosophical Transactions of the Royal Society* veröffentlicht wurde. White, John G.; Southgate, Eileen; Thomson, Nichol und Brenner, Sydney: The Structure of the Nervous System of the Nematode *Caenorhabditis elegans*. In: *Philosophical Transactions of the Royal Society London B* 314 (1986), S. 1-340. Vgl. auch de Chadarevian 2002, *Designs for Life*; Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*.

⁸⁷ De Chadarevian 2002, *Designs for Life*, S. 272 f. und S. 281.

⁸⁸ De Chadarevian 2002, *Designs for Life*, S. 291.

⁸⁹ Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*.

Publikation mit den Kolleg:innen zu teilen. Gleichzeitig trug die Kommunikation via Gazette dazu bei, die Forschung zu organisieren, denn die Zuteilung von Projekten wurde außerhalb des LMB nicht mehr von Brenner dirigiert.⁹⁰ Auch die Sammlung, Kuratierung und Herausgabe der biologischen Materialien wurde den gestiegenen Erfordernissen der gewachsenen Menge an Forschenden angepasst. Ab 1978 wurde mit dem *Caenorhabditis Genetics Center* an der Universität Missouri ein zentrales Sammlungs- und Vergabezentrum für biologische Materialien, wie etwa standardisierte Wildtyp- und Mutantenstämme, isolierte Gene und wichtige Reagenzien, gegründet.

1988 wurde die erste Edition des Handbuchs “The Nematode *Caenorhabditis elegans*” im Verlag des Cold Spring Harbor Laboratory herausgegeben.⁹¹ Es enthält Beiträge von individuellen Forschenden zu einzelnen Aspekten der Erforschung von *C. elegans* sowie Appendices, in denen zentrale historische Dokumente aus der Geschichte des LMBs oder betreffs Brenners Einführung von *C. elegans* abgedruckt waren. Auf dem Cover tritt neben dem Herausgeber William Wood “The *C. elegans* Community” als Kollektivautor auf. Diese Art der Autorennennung legt Zeugnis ab über das Selbstverständnis der *C. elegans* Forschenden als “Community” mit einer gemeinsamen Geschichte und über ihre Bereitschaft, als Kollektivautor aufzutreten. Die Forschenden verband auch nach ihrer gemeinsamen Zeit am LMB und darüberhinausgehend eine gemeinsame Einstellung bezüglich ihres Selbstverständnisses und bezüglich der Art und Weise, wie sie ihre Zusammenarbeit angehen wollten. Sowohl die Naturwissenschaftler:innen selbst als auch die wissenschaftshistorische Forschung betonten, dass die *C. elegans* Gruppen in besonderem Maße Kooperations- und Kommunikationsbereitschaft zeigten. Informationen, Ergebnisse und Materialien mit den Kolleg:innen zu teilen, galt als Norm.

Dies war von besonderem Nutzen für die erfolgreiche Durchführung der Forschung: für die Reduktion von Arbeitsdopplung, für die Verwendung vergleichbarer oder standardisierter Protokolle und Materialien und für den zeitnahen Austausch von Expertise und Forschungsergebnissen. Von der wissenschaftshistorischen Forschung wurden dafür verschiedene Begriffe verwendet, entweder wurde es als verbindender “collaborative research ethos”⁹² oder als “moral economy”⁹³ bezeichnet. Die wissenschaftshistorische Forschung betonte wiederholt, dass die molekularbiologische und -genetische Forschung an *C. elegans* genau aufgrund dieser “moral economy” oder aufgrund dieses “collaborative research ethos” so erfolgreich war. Über die Verwendung der Metapher hinausgehend ist zu konstatieren, dass die Bereitstellung der Ergebnisse, die hohe Bereitschaft zu Kooperation und Kommunikation, sowie die Schaffung von Infrastrukturen zum Austausch von Wissen und Materialien den Nutzen und die

⁹⁰ Ein weiteres Mittel, den Austausch zwischen der gewachsenen Menge an *C. elegans* Forscher:innen zu gewährleisten, waren die *C. elegans*-Konferenzen. Die erste fand im April 1977 in Woods Hole statt und in den darauffolgenden Dekaden fanden alle zwei Jahre Konferenzen statt, bei denen die internationalen *C. elegans* Forscher:innen zusammenkamen. Das zweite dieser Treffen fand im Mai 1979 statt, siehe Sulston, John E. und Hodgkin, Jonathan: A Diet of Worms. In: *Nature* Vol. 279 (1979), No. 5716, S. 758-759, S. 758.

⁹¹ Wood, William B. and the Community of *C. elegans* Researchers (Hrsg.): *The Nematode Caenorhabditis Elegans*. Cold Spring Harbor Laboratory 1988.

⁹² Leonelli/Ankeny 2012, Re-Thinking Organisms.

⁹³ Strasser 2011, Experimenter's Museum; sowie ursprünglich, aber in Bezug auf die *Drosophila*-Gruppen: Kohler 1994, Lords of the Fly.

Verlässlichkeit des Organismus als Modellorganismus immer wieder steigerten.⁹⁴ Die Eigenschaften, die die *C. elegans* Forschung so erfolgreich machten, zeichnen erfolgreiche Modellorganismusgruppen im Allgemeinen aus, nicht nur die *C. elegans* Forscher:innen im Besonderen. Beispielsweise wurden ähnliche Kommunikationskanäle, Infrastrukturen und kooperative Verhältnisse auch für die frühe Drosophila-Forschung, für die Forschung an *Arabidopsis Thaliana* und für Gruppen, die mit *S. cerevisiae* arbeiteten, diagnostiziert.⁹⁵

Das kooperative Selbstverständnis der *C. elegans* Forschenden wurde auch in den Jahren der Vergrößerung und Expansion beibehalten. Nach und nach entstanden verbindende Narrative und ein gemeinsames Selbstverständnis. Die zentrale Rolle, die die geltenden kommunikativen und kooperativen Normen der *C. elegans* Forschung in der bisherigen wissenschaftshistorischen Forschung eingenommen haben, verdunkelte leider auch einen wesentlichen Sachverhalt: wie begann die Zusammenarbeit von Sulston und Waterston überhaupt? Wie kam es zu dieser Jahrzehnte währenden erfolgreichen wissenschaftlichen Partnerschaft und weshalb bestand sie unter immer wieder veränderten Rahmenbedingungen fort? Das Zustandekommen dieser Kooperation wurde von der bisherigen wissenschaftshistorischen Forschung als gegeben vorausgesetzt, oder zumindest nicht weiter thematisiert. Dennoch war es kein Automatismus; die geteilten Normen und das verbindende Selbstverständnis führten nicht zwangsläufig zu einer wissenschaftlichen Kooperation. Vielmehr war die Frage der potenziellen Zusammenarbeit Gegenstand von Aushandlungsprozessen, in denen der zu veranschlagende Zeitraum, die Art der Arbeitsteilung und der Zuschnitt des Projektes besprochen wurden. Im Folgenden werde ich diesen Aushandlungsprozess in den Blick nehmen und für die These argumentieren, dass dabei die erfolgreiche und möglichst effiziente Durchführung der physicalen Kartierung im Zentrum stand und das epistemische Ziel handlungsleitend für die Forschenden war.

Neben dem geringen explanatorischen Wert einer Metapher sehe ich einen zweiten Kritikpunkt darin begründet, dass der Austausch von Informationen und Leistungen als stetes Hin und Her von Gefälligkeiten und als stetes Geben und Nehmen veranschaulicht wird. Dies impliziert eine starke Reziprozität. Zwar fördert kooperatives und kollegiales Verhalten durchaus auch ähnliches Verhalten bei den Kolleg:innen, eine gewisse Ausgeglichenheit ist also zu konstatieren. Doch die Akteure handelten nicht bloß deshalb auf eine bestimmte Weise, um etwas Gleichwertiges zurückzuerhalten. Ihr kollegiales Verhalten geht über kalkulierendes „tit for tat“ hinaus. Akteure zeigen eine erstaunliche Flexibilität, wenn es um die Frage geht, welche Normen in einer gegebenen Situation gelten sollten; im Kontext der vorliegenden Untersuchung konnte kein Wertesystem identifiziert werden, das in allen Situationen das Handeln der Akteure anleitete. Selbst Sulston und Waterston kannten keine Scheu, pragmatisch und kompetitiv aufzutreten und davon sahen sie ihre prinzipielle Bevorzugung von Kommunikation und Kooperation nicht gefährdet. Für die Erklärung von Sulstons und Waterstons Handeln ist es unerlässlich, sich ihre Zielsetzungen auf der epistemischen Ebene anzusehen, denn das Erreichen ihrer wissenschaftlichen Ziele war für sie

⁹⁴ Ankeny 2001, *Natural History*, S. 474; de Chadarevian 2004, *Mapping the Worm's Genome*; Ankeny/Leonelli 2020, *Model Organisms*, etwa S. 8 f.

⁹⁵ Für Drosophila: Kohler 1994, *Lords of the Fly*; Bangham 2019, *Living Collections*; für A. Thaliana: Leonelli 2007, *Growing Weed*; für *S. cerevisiae*: García-Sancho/Lowe 2023, *History of Genomics*, Kapitel 2: “Distributed and Concentrated Strategies in the Sequencing of the Yeast Genome”, S. 41-78.

handlungsleitend. Damit soll ihnen nicht zu großes Kalkül unterstellt werden, aber als Wissenschaftler:innen unternehmen diejenigen epistemischen Schritte, die sie für geeignet halten, um ihre Ziele zu erreichen.

Kartierungsprojekte

Sulston führte langfristige und umfassende Projekte durch, in denen Teilsysteme des Wurmes zur Gänze erschlossen wurden. Dies galt nun auch für das Vorhaben, das gesamte Genom physisch zu kartieren.⁹⁶ Das Projekt begann in Brenners Abteilung unter dessen Leitung und wurde von John Sulston und Alan Coulson in Kooperation mit Jonathan Karn durchgeführt. Coulson hatte zuvor für Frederick Sanger in der Abteilung für Proteinchemie des LMB gearbeitet und dort umfassende Erfahrungen mit der Sequenzierung von Proteinen und DNA gemacht. Diese Expertise brachte er nun in das Projekt zur physischen Kartierung des Fadenwurms ein. Inhaltlich und arbeitspraktisch baute die physische Kartierung auf der zuvor erstellten Genkopplungskarte von *C. elegans* auf. Wie bei anderen *C. elegans* Projekten im LMB machte man auch hier Gebrauch von digitalisierter Bild- und Datenerfassung sowie von der Sammlung, Visualisierung und Verbreitung der Ergebnisse in einer Datenbank. Im Folgenden soll die Genkopplungskarte vorgestellt werden, die von Brenner und seiner Assistentin Muriel Wigby bis 1974 erstellt worden war, um deutlich zu machen, inwieweit die physische Karte darauf aufbaut, und in welchen Punkten sich die beiden Karten unterschieden. Diese Informationen dienen als Grundlage für meine Argumentation, da ich das Zustandekommen der Kooperation unter Berücksichtigung der verwendeten Methoden erklären werde.

Um die Katalogisierung der Mutationen von *C. elegans* zu erleichtern, erstellten Brenner und Wigby eine Genkopplungskarte (“genetic linkage map”) des Genoms des Fadenwurms. Bei der Erstellung einer solchen Karte beobachtete man bei Kreuzungsexperimenten, wie häufig zwei Eigenschaften im Phänotyp gemeinsam vererbt werden. Je häufiger dies geschah, desto näher beieinander mussten die für diese Eigenschaften verantwortlichen Gene auf dem Chromosom liegen. Eine Genkopplungskarte gibt somit nicht die absoluten Positionen der Gene an, sondern die Distanzen zwischen den Genen in Relation zueinander. Die Einheit, mit der die Distanz zwischen den Genen angegeben wird, wurde mit “Centimorgan” nach Thomas H. Morgan benannt.⁹⁷ Denn die Genkopplungskarte wurde in der zweiten Dekade des 20. Jahrhunderts von Arthur Sturtevant und Calvin Bridges aus Morgans Labor am Caltech in der Arbeit mit der Fruchtfliege *Drosophila melanogaster* entwickelt, um der großen Menge an auftretenden Mutationen Herr zu werden, sie also katalogisieren und die dafür verantwortlichen Gene gleichzeitig verorten zu können.⁹⁸ Sie ist damit ein Werkzeug der klassischen experimentellen Genetik.

Dieses Ziel verfolgte auch Brenner mit *C. elegans*. Die Genkopplungskarte teilte das Genom des Wurmes in sechs Gruppen (“linkage groups”) ein und so wurde darauf geschlossen, dass es aus sechs Chromosomen besteht.⁹⁹ Für *C. elegans* waren damit in den Jahren zuvor nicht nur häufig auftretende Mutationen

⁹⁶ De Chadarevian 2004, Mapping the Worm’s Genome; Ankeny 2003, Sequencing the Genome.

⁹⁷ Centimorgan gibt die Wahrscheinlichkeit der Rekombination zwischen zwei Loci in Prozent an.

⁹⁸ Kohler 1994, Lords of the Fly, S. 60 ff.

⁹⁹ Brenner, Sydney: The Genetics of *Caenorhabditis elegans*. In: Genetics Vol. 77 (1974), S. 71-94, S. 88.

benannt, beschrieben und katalogisiert worden, sondern nun waren auch die Gene, die für diese Mutationen (mit-)verantwortlich waren, auf einer Genkopplungskarte in Relation zueinander verortet. In den darauffolgenden Jahren kamen immer wieder Informationen hinzu, etwa konnten neu entdeckte und neu beschriebene Gene auf der Karte verortet werden, oder die Positionierung der Gene wurde verändert oder präzisiert. Ausgehend von der Genkopplungskarte konnten Forscher:innen sich dann neuen, mutmaßlichen Genen oder interessanten DNA-Regionen annähern, die in der Nähe bereits bekannter Gene lagen (mit Hilfe der „Chromosomenwanderung“). Die Genkopplungskarte war demnach ein Werkzeug für die *C. elegans*-Forschenden für die Beschreibung und Verortung, und damit letztlich für die Isolation und Vervielfältigung, neuer Gene. Das Werkzeug wurde gleichermaßen selbst immer wieder angepasst und verändert. Die stete Anpassung und Aktualisierung der Genkopplungskarte wurde bis Ende der 1970er von Bob Horvitz betreut, bis diese Aufgabe vom Caenorhabditis Genetics Center (CGC) an der University of Missouri übernommen wurde.¹⁰⁰

Wie die Genkopplungskarte gab die physische Karte die Verortung von Genen auf dem Genom des Fadenwurms wieder und trug somit zur Erforschung der Struktur und der Organisation des gesamten Genoms bei.¹⁰¹ Anders als die Genkopplungskarte jedoch gab die physische Karte die absolute Position von Genen wieder und bestand aus DNA-Fragmenten, zwischen denen Überlappungen detektiert worden waren und die das Genom repräsentierten. Der Ort eines Gens auf einem Chromosom oder im Genom waren dann nicht mehr eine Frage relationaler Verortung in der Einheit Centimorgan, sondern die Informationen über die absoluten Positionen von DNA-Abschnitten korrespondierten mit real existierenden biologischen Materialien, die sodann der gewünschten Form von Erforschung unterzogen werden konnten. Die Isolation und Vervielfältigung von Genen, die bis dato mühsam unter Rückgriff auf die Genkopplungskarte und Chromosomenwanderung durchgeführt werden mussten, sowie der Zugriff auf die Fragmente sollten durch die Existenz der physischen Karte deutlich vereinfacht werden. Dies war von Interesse für viele *C. elegans*-Forscher:innen weltweit, darunter zum Beispiel Robert Waterston, der an den Genen, die für die Muskulatur und Bewegungsfähigkeit des Wurmes zuständig sind, forschte.¹⁰²

Sulston und Coulson griffen bei der Kartierung im Wesentlichen auf die in den Jahrzehnten zuvor entwickelte DNA-Sequenzierungsmethode Frederick Sangers zurück, wenngleich sich einige Details unterschieden, da das Ziel zunächst ja nicht die vollständige Sequenz der Fragmente war.¹⁰³ Stattdessen suchten die Forscher nach Überlappungen zwischen den Fragmenten, um eine Karte von zusammengehörigen Fragmenten zu erstellen, die das Genom in seiner physischen Realität repräsentierte. Hierfür konnte die Fingerprinting-Strategie verwendet werden, die Überlappungen wurden durch die

¹⁰⁰ De Chadarevian 1998, Of Worms and Programmes, S. 102; de Chadarevian 2004, Mapping the Worm's Genome S. 96.

¹⁰¹ Coulson, Alan; Sulston, John; Brenner, Sydney und Karn, Jonathan: Toward a Physical Map of the Genome of the Nematode *Caenorhabditis elegans*. In: Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States Vol. 83 (1986), No. 20, S. 7821-7825, S. 7825.

¹⁰² De Chadarevian 2004, Mapping the Worm's Genome, S. 101.; sowie: Waterston, Robert: Molecular Genetic Approaches to the Study of Motility in *Caenorhabditis elegans*. In: Cell Motility and the Cytoskeleton Vol. 14 (1989), S. 136-145, S. 138.

¹⁰³ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 5 f.; de Chadarevian 1996, Sequences, Conformation, Information; sowie dies. 2002, Designs for Life, insb. Kapitel 4.

Bestimmung der Endsequenzen der Fragmente detektiert. Ausgangspunkt waren DNA-Fragmente des Fadenwurms. Hierzu wurde die gesamte DNA des Fadenwurms in einzelne Stücke unterteilt und nach Bedarf vervielfältigt (“geklont”, weshalb die vervielfältigten Fragmente auch als “Klone” bezeichnet werden). Diesen ersten Schritt bezeichnet man als Erstellung einer Bibliothek (“library”). Zunächst wurden diese geklonten Abschnitte durch Restriktionsenzyme in noch kleinere Fragmente unterteilt.

Bei der Unterteilung ergaben sich “staggered ends”, das bedeutet, dass eine Sequenz von ein paar Basen am Ende des Fragments einsträngig statt zweisträngig war. Diese wurden unter Hinzugabe von passenden und radioaktiv markierten Nukleotiden gefüllt und durch Polymerase-Reaktionen zweisträngig gemacht. Diese Prozesse wurden mit zwei verschiedenen Restriktionsenzymen durchgeführt, die unterschiedlich lange DNA-Fragmente ergaben.¹⁰⁴ Anschließend wurden die Fragmente durch Gelelektrophorese ihrer Länge nach sortiert. Hierfür wurden die Proben auf eine Gelplatte mit vier Spuren (“lanes”) gegeben und durch das Einschalten von Strom aufgrund ihrer elektrischen Ladung dazu bewegt, an das andere Ende der Gelplatte zu wandern. Kürzere Fragmente reisten dabei weiter als längere.¹⁰⁵ Dabei ergab sich durch die radioaktiven Markierungen ein Muster aus grauen Strichen auf dem Gel, das in einem Autoradiograph abfotografiert wurde.¹⁰⁶ Da die verwendeten Restriktionsenzyme die Fragmente stets an spezifischen und bekannten Sequenzen unterteilten, reisten diejenigen Fragmente, zwischen denen eine Überlappung bestand, auf dem Gel gleich weit, und das trainierte Auge der Forscher:innen konnte die Überlappungen vom Autoradiograph ablesen.¹⁰⁷

Dieser Ableseprozess war ab 1984 halbautomatisiert. Mit Hilfe eines elektronischen Stylus, der die radioaktiven Streifen berührte, wurden die Positionen der jeweiligen Streifen in den Computer hochgeladen. Eine Software, die vom Informatiker Rodger Staden (LMB) für die Sanger-Sequenzierung entwickelt wurde, war in der Lage dazu, aus den aufgenommenen Informationen die Sequenz zu deduzieren. Diese Software wurde eigens für das Kartierungsprojekt am Fadenwurm für die Detektion von Überlappungen zwischen den Fragmenten angepasst.¹⁰⁸ Die resultierenden terminalen Endsequenzen und die Daten zu den Überlappungen zwischen den Fragmenten wurden in die Datenbank ACeDB (A. C. elegans Data Base) hochgeladen und wurden für diejenigen Forscher:innen, die Zugriff darauf wünschten, frei verfügbar gemacht. ACeDB war ab 1989 operativ. Dort wurden alle Informationen, die in den bisherigen Projekten erarbeitet wurden, abgespeichert. Diese konnten durch eine entsprechende Software abgerufen und visualisiert werden. Die Kolleg:innen aus der C. elegans Forschung konnten sich auf Wunsch die benötigten Software auf Disketten zusenden lassen und damit auf ihren jeweiligen Computern auf ACeDB zugreifen.

So waren die Forschungsergebnisse zugänglich für die weltweit Forschenden. Hier zeigen sich die Praktiken und Normen der Offenheit und der freien Verfügbarmachung von Forschungsergebnissen, Protokollen und

¹⁰⁴ Vgl. Coulson et al. 1986, Toward A Physical Map.

¹⁰⁵ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 49 ff.

¹⁰⁶ Der hier beschriebene Fingerprinting Approach wurde nach Aussage Coulsons und Sulstons von Brenner und Karn weiterentwickelt. Vgl.: Coulson, Alan und Sulston, John: Genome Mapping by Restriction Fingerprinting. In: Davies, Kay E. (Hrsg.): Genome Analysis. A Practical Approach, Oxford 1988, S. 19-39, S. 26.

¹⁰⁷ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 123.

¹⁰⁸ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 125.

Software, die in der *C. elegans* Community vorherrschten. Die Verwendung von Computern, Software und Programmen hatte eine lange Tradition am LMB. Bereits bei Brenners Kooperation mit John White (ebf. LMB) zur Erstellung eines kanonischen Nervensystems von *C. elegans* in den 1970ern wurde mit der digitalen Erfassung der Bilder gearbeitet und die Ergebnisse wurden in einer Datenbank gesammelt, wo sie abrufbar waren und grafisch repräsentiert wurden. Die dafür notwendigen Programme wurden von Brenner und White selbst erstellt.¹⁰⁹ Für die Erstellung von ACeDB und der benötigten Software kooperierten John Sulston und Alan Coulson mit Rodger Staden, der zuvor für John Kendrew und Frederick Sanger gearbeitet hatte, und mit Richard Durbin.¹¹⁰ Diese Kontakte ergaben sich durch den internen Kontakt der Forschenden am LMB. Dabei wurde zumindest Expertise ausgetauscht, oft kamen aber auch Kooperationen zustande.¹¹¹

Das Ziel der physischen Kartierung war die lückenlose Abdeckung, die Repräsentation des gesamten Genoms durch sich überlappende Cosmid-Klone. Zwei oder mehr sich überlappende Cosmide wurden als Contigs bezeichnet, da sie benachbart ("contiguous") sind. Diese Herangehensweise stieß allerdings an ihre Grenzen: die Cosmide konnten nicht überall lückenlos miteinander verbunden werden. Ab einem gewissen Zeitpunkt wurden mehr Überlappungen zwischen Contigs entdeckt, als neue Cosmide aneinandergereiht werden konnten.¹¹² Der Grund dafür war, dass bestimmte Abschnitte des Genoms von *C. elegans* nicht so gut in den Lambda-Vektoren geklont werden konnten und daher diejenigen Abschnitte, die gut mit Lambda-Vektoren geklont werden konnten, in den Klon-Bibliotheken überrepräsentiert waren.¹¹³ Dies führte zur Clusterbildung von Contigs auf der Karte und diese Cluster waren unterbrochen von Lücken, die nicht oder nur äußerst selten geschlossen werden konnten. Für die Lösung dieses Problems war ein Vorschlag von Robert Waterston (Washington University School of Medicine, St. Louis) zentral, der sich zwischen 1985 und 1986 für ein Sabbatical am LMB aufhielt.

Erstmals war er nach Beendigung seines PhDs in Medizin/Immunologie im Frühjahr 1972 als Post-Doc zu Brenners Gruppe ans LMB gekommen. Dort erforschte er bis 1976 die genetische Spezifikation der Muskulatur des Wurmes. Um diejenigen Gene, die für Muskelproteine des Wurmes kodieren, isolieren und klonen zu können, untersuchte er Mutationen des Wurmes, in denen die Bewegungsfähigkeit durch Veränderungen der Muskulatur eingeschränkt war. Auf diese Weise suchte er den kausalen Zusammenhang zwischen Genen und Proteinen im Bereich der Muskulatur zu erschließen und sich den Orten der verantwortlichen Gene experimentell anzunähern.¹¹⁴ Genau deshalb war die physische Karte auch für ihn von großem Interesse, denn sie sollte diese Isolationsprozesse vereinfachen. Nach seinem Post-Doc am LMB wurde Waterston Assistant Professor of Anatomy and Neurobiology an der Washington

¹⁰⁹ De Chadarevian 1998, Of Worms and Programmes, S. 90 ff.

¹¹⁰ Vgl. Sulston, John; Mallett, Frank; Staden, Rodger; Durbin, Richard; Horsnell, Terry und Coulson, Alan: Software for Genome Mapping by Fingerprinting Techniques, in: Cabios Vol. 4 (1988), No. 1, S. 125-132; sowie García-Sancho 2012, From the Genetic to the Computer Program, insb. S. 20 ff.

¹¹¹ De Chadarevian 2002, Designs for Life, S. 266 ff.

¹¹² Vgl. Coulson, Alan; Kozono, Yuko; Lutterbach, Bart; Shownkeen, Ratna; Sulston, John und Waterston, Robert: YACs and the *C. elegans* Genome. In: BioEssays Vol. 13 (1991), No. 8, S. 413-417, S. 413.

¹¹³ Schütz, Marina (22.07. und 26.08.2022): Interview mit Robert Waterston, via Zoom.

¹¹⁴ Vgl. zur Übersicht: Waterston 1989, Study of Motility.

University und gründete ein Labor zur molekularisierten Erforschung der Muskulatur im Wurm, mit dem er später an das Department of Genetics umzog.¹¹⁵

Eigentlich plante Waterston in seinem Sabbatical weiter an der Muskulatur von *C. elegans* zu arbeiten. Er saß im selben Raum wie Sulston und Coulson und lernte das Projekt zur physischen Kartierung besser kennen. Dabei hörte er vom Problem der Clusterbildung bei den Contigs und schlug eine zentrale methodische Neuerung vor, mithilfe derer dieses Problem umgangen werden konnte.¹¹⁶ Diese Neuerung betraf eine neue rekombinante DNA-Technologie für das Klonen von DNA-Abschnitten: die Yeast Artificial Chromosomes (YACs).¹¹⁷ Bisher vervielfältigte man DNA unter Rückgriff auf Vektoren und Bakterien, doch damit konnte man nur verhältnismäßig kurze (ca. 40 Kilobasen [kB]) DNA-Fragmente vervielfältigen. Doch durch das Einsetzen von Ziel-DNA in Chromosome von Bäckerhefe (*Saccharomyces cerevisiae*) konnten nun deutlich längere (50-700 kB) Abschnitte vervielfältigt werden.¹¹⁸ Diese Technologie wurde von zwei Post-Docs in Maynard Olsons Labor entwickelt, David T. Burke und Georges F. Carle, die wie Waterston an der Washington University School of Medicine ansässig waren. Olson, seine Kolleg:innen und Waterston waren gut miteinander bekannte Labornachbarn und standen in Austausch über ihre Projekte.¹¹⁹ Denn der Fadenwurm war nicht der einzige Modellorganismus, dessen gesamtes Genom ab Mitte der 1980er physisch kartiert wurde: auch für die Bäckerhefe *Saccharomyces cerevisiae* und das Bakterium *Escherichia coli* existierten ähnlich gelagerte Projekte.¹²⁰ Den Bearbeitenden dieser Projekte waren die korrespondierenden Projekte bekannt und zwischen dem Team um Maynard Olson, das die Hefe kartierte, und dem Team, das *C. elegans* kartierte, kam durch den Kontakt Waterstons engerer Austausch zustande.¹²¹

Im Oktober 1986 veröffentlichten beide Gruppen in den *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* jeweils einen Artikel, in dem sie ihr Projekt zur physischen Kartierung von *C. elegans* respektive *S. cerevisiae* publizierten. Sie nahmen dabei auf die Arbeit der jeweils anderen Gruppe Bezug: sie verglichen ihre Methoden miteinander und zitierten sich gegenseitig. Auch in den Danksagungen erwähnten sie einander. Waterston war an vielen Diskussionen über die Kartierung des Hefegenoms beteiligt gewesen und hatte den Artikel, in dem die vorläufigen Ergebnisse des Projekts präsentiert wurden, gegengelesen. Deshalb wurde er in der Danksagung besonders freundlich erwähnt. Auch bei Sulston und Coulson bedankten sich die Autor:innen für den erfreulichen Austausch von Informationen in

¹¹⁵ N.N.: Giants in Genomics: Robert Waterston. Online verfügbar unter: <https://www.yourgenome.org/stories/giants-in-genomics-robert-waterston>, 13.06.2016, zuletzt aufgerufen am: 29.06.2020.

¹¹⁶ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 54; Brown 2003, In the Beginning, S. 179 ff.; Coulson/Sulston 1988, Genome Mapping by Restriction Fingerprinting, S. 23.

¹¹⁷ Burke, David T.; Carle, Georges F. und Olson, Maynard V.: Cloning of Large Segments of Exogenous DNA Into Yeast by Means of Artificial Chromosome Vectors. In: *Science* Vol. 236 (1987), No. 4803, S. 806-812.

¹¹⁸ Nasmyth, Kim und Sulston, John: High-Altitude Walking with YACs. In: *Nature* Vol. 328 (1987), No. 6129, S. 380-381, S. 380.

¹¹⁹ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 54; Brown 2003, In the Beginning, S. 179 ff.

¹²⁰ Von *Drosophila melanogaster* waren in den Jahren zuvor zumindest Teile des Genoms physisch kartiert worden, wenngleich unter Rückgriff auf eine andere Methode. Vgl.: García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 123.

¹²¹ Burke et al. 1987, Cloning of Large Segments, S. 807; Coulson et al. 1986, Toward a Physical Map, S. 7821; sowie National Archives FD23/3441/MRC/HGMP, Human Genome Meeting im Novotel in Paris am 04. und 05. April 1987.

den vergangenen Jahren.¹²² In ihrem korrespondierenden Artikel bedankten sich wiederum Coulson, Sulston, Brenner und Karn (letzterer ebf. LMB) bei Maynard Olson für anregende Diskussionen und Waterston wurde an prominenter letzter Stelle in den Danksagungen genannt.¹²³ Die beiden Gruppen kannten nicht nur das ähnlich gelagerte Projekt der anderen und nahmen deren Publikationen zur Kenntnis, sondern zwischen den Gruppen bestand der Austausch von Erfahrungen und Expertise. Die Forschenden beider Gruppen zeigten kooperative Verhaltensweisen, ohne im engeren Sinne miteinander zu kooperieren.

Waterston nahm hier eine Brückenfunktion ein und konnte genau deshalb die YAC-Strategie frühzeitig in das *C. elegans* Projekt importieren. Hier zeigt sich, dass Waterston und Sulston begannen, sich an anderen Gruppen zu orientieren, die ebenso an der physischen Kartierung gesamter Genome arbeiteten. Zuvor hatten die *C. elegans*-Forschenden – neben den geteilten Annahmen, Fragestellungen und Methoden – ausgezeichnet, dass sie zuvorderst *untereinander* im Austausch standen. Das bedeutet, es bestand Kommunikation und Zusammenarbeit zwischen Forschenden, die verschiedene Aspekte oder Ebenen des Wurmes bearbeiteten, und demgegenüber stand der Austausch mit Forscher:innen, die dieselben Aspekte an anderen Modellorganismen erforschten, im Hintergrund.¹²⁴ Oder, um es mit den Worten Sulstons zu sagen: "The organism was the discipline."¹²⁵ Ab Mitte der 1980er jedoch begannen Sulston und Waterston, ihren Blick über die *C. elegans* Forschung hinaus zu erheben und sich der Erforschung der Organisation und Struktur gesamter Genome zuzuwenden. Dabei traten sie in Kontakt mit anderen Modellorganismusgruppen, die ihr wissenschaftliches Profil auf eine ähnliche Weise veränderten.

Der Vorschlag von Waterston sowie die Kontaktfunktion zur Gruppe um Olson machten ihn noch nicht automatisch zum Kooperationspartner von Sulston und Coulson. Zunächst war dies eine kooperative Verhaltensweise, wie sie ein freundlicher Kollege an den Tag legte. Um von einer wissenschaftlichen Kooperation sprechen zu können, bedarf es einer wirklichen Zusammenarbeit, die auf das Erreichen eines gemeinsamen Ziels gerichtet ist. Mit der Setzung dieser analytischen Prämisse folge ich Nickelsen et al. sowie dem allgemeinen Sprachgebrauch. Eine solche Zusammenarbeit kam denn auch zustande. Sulston, Coulson und Waterston bekundeten in den ausgetauschten Mails ihren Wunsch zur Zusammenarbeit und wogen ab, unter welchen Bedingungen eine wissenschaftliche Kooperation zustande kommen könnte. Wir können deshalb einen Teil dieser Aushandlungsprozesse mithilfe von Archivalien nachvollziehen. Zunächst soll ein Ausschnitt aus einer E-Mail, die Sulston und Coulson Ende 1985/Anfang 1986 an Waterston sandten, ausführlich wiedergegeben werden:

"Naturally, we shall be delighted to join with you to whatever extent you want to commit yourself. We all need to think carefully about the most efficient way of combining our forces, though. On timing. I think three years is too long for establishing broad linkage of the map. Alan and I have to face the fact that if we fingerprinted lambdas solidly for that length of time, we would probably

¹²² Olson, Maynard V. et al.: Random-Clone Strategy for Genomic Restriction Mapping in Yeast. In: Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA Vol. 83 (1986), S. 7826-7830, S. 7830.

¹²³ Coulson et al. 1986, Toward a Physical Map, S. 7825.

¹²⁴ De Chadarevian 2000, Mapping Development, S. 391 ff.

¹²⁵ Interview with J. Sulston, Hinxton, 20. Januar 1999, zitiert nach de Chadarevian 2000, Mapping Development S. 391.

get most of the linkages and would have a much better map into the bargain. The great virtue of the YACs is that they should be able to give us the linkages relatively fast.”¹²⁶

Waterston hatte zuvor Interesse daran geäußert, an der physischen Kartierung beteiligt zu sein und dabei wohl den Vorschlag gemacht, einen Zeitraum von drei Jahren für das Projekt anzuberaumen.¹²⁷ In Antwort darauf betonten Sulston und Coulson, dass sie eine Kooperation auf jeden Fall begrüßen würden, dass sich das aus ihrer Perspektive jedoch lohnen müsste. Durch eine Kooperation sollten Vorteile entstehen, die andernfalls nicht existieren würden – etwa, indem das Forschungsziel durch die Zusammenarbeit zügiger erreicht werden könnte. Würde man für die gemeinsame Erstellung der Karte einen Bearbeitungszeitraum von drei Jahren veranschlagen, so wäre es durchaus denkbar, dass Sulston und Coulson ohne Waterston und ohne die YAC-Methode zuretzukommen würden. In diesem Fall würden sie weiterhin die Cosmid-Klone dem Fingerprinting unterziehen. Zwar müsste das Problem der Clusterbildung bei den Cosmid-Klonen anderweitig gelöst werden, aber das schienen sie durchaus für möglich zu halten, wenngleich diese Arbeit, so formulieren sie es in der Rückschau (August 1991), “infinitely more laborious to attain without YACs”¹²⁸ gewesen wäre. Mit Waterston in eine Kooperation einzutreten und die YAC-Methode zu integrieren, sollte sich lohnen. Diesen Aspekt bezeichneten sie als die möglichst effiziente Kombination ihrer Kräfte. Das Ziel, die Lücken in der physischen Karte zu schließen, sollte zusammen mit Waterston schneller erreicht werden als unabhängig voneinander. Dies hat nicht zuletzt damit zu tun, dass Sulston und Coulson die erstmalige Verbindung (“linkage”) der Contig-Cluster zügig erreichen wollten, um die Ergebnisse den anderen *C. elegans* Laboren möglichst schnell zur Verfügung zu stellen.¹²⁹

Zu kooperieren war demnach trotz der Prävalenz kooperativer Normen in der *C. elegans* Forschung kein Selbstzweck, sondern die Forschenden wogen zwischen Kosten und Nutzen ab. Handlungsleitend war dabei die möglichst schnelle Erstellung einer brauchbaren physischen Karte. Dieses Ziel übertrumpfte denn auch die andere Alternative: die langsamere Erstellung einer physischen Karte, die dafür detailreicher und in höherer Auflösung vorliegen würde. Es wurde abgewogen zwischen der Genauigkeit der physischen Karte und dem Wunsch, möglichst zeitnah brauchbare Ergebnisse zu erhalten. Die Entscheidung zwischen diesen beiden Alternativen war immer wieder eine Kernfrage für die Forschenden, die auch bei der Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms und bei der Arbeit am menschlichen Genom des Öfteren virulent war. Für Sulston und Coulson waren in diesem Szenario demnach auch andere Vorgehensweisen vorstellbar: etwa eben keine Kooperation zu beginnen, sondern das Projekt weiterhin ohne Waterstons Unterstützung durchzuführen. Im Vordergrund stand für sie, ihre Forschung so durchzuführen, wie es ihren wissenschaftlichen Erwartungen entsprach und wie sie sich Erfolg versprachen.

Die Forschenden kamen zu einer Einigung und begannen fürderhin, gemeinsam auf ihr nun geteiltes Forschungsziel hinzuarbeiten. Zunächst hofften Sulston, Coulson und Waterston, dass sie das Fingerprinting der Cosmid-Klone einfach durch das Fingerprinting der längeren YAC-Fragmente ersetzen

¹²⁶ Wellcome Collection, PP/SUL/A/1/4/16 Waterston, E-Mail von Sulston an Waterston, vor Beginn ihrer Kooperation, zwischen Ende 1985 und Mitte 1986, nähere Datierung nicht möglich.

¹²⁷ Leider liegt mir die Quelle nicht vor, aus der Waterstons Äußerungen direkt hervorgehen.

¹²⁸ Vgl. Coulson et al. 1991, YACs and the *C. elegans* Genome, S. 417.

¹²⁹ PP/SUL/A/1/4/16, E-Mail von Sulston an Waterston, vor Beginn ihrer Kooperation.

könnten, um so die Überlappungen direkt zu detektieren. Doch bei diesen Versuchen erhielten sie keine zufriedenstellenden Ergebnisse, sondern nur äußerst unzuverlässig interpretierbare Musterbildungen aus grauen Strichen. Das Ablesen der Fingerprinting-Ergebnisse funktionierte zwar bei kürzeren YAC-Abschnitten besser, doch damit wäre der zentrale Vorteil der YACs, größere Abschnitte klonen zu können, nicht mehr zum Tragen gekommen.¹³⁰ Sulston, Coulson, Waterston und deren Kolleg:innen Yuji Kohara (LMB, der übrigens zudem an der physischen Kartierung von *E. coli* arbeitete) und Jane Kiff (WASHU) entwickelten deshalb eine andere Methode, die geklonten Abschnitte miteinander zu verbinden und zu einer Karte zusammenzusetzen.

Der Artikel, in dem sie diese Methode erstmals der Fachöffentlichkeit präsentierten, erschien im September 1988 und stellte die erste gemeinsame Veröffentlichung von Coulson, Sulston, und Waterston (samt Kolleg:innen) dar. Auch hier nahmen die Autor:innen in der Danksagung Bezug auf die Kontakte mit Olson, Burke und Carle. Die entwickelte Herangehensweise beruhte auf der Hybridisierung der Cosmide und der YACs. Dazu wurden in einem ersten Schritt Cosmid-Klone ausgewählt, die am Ende eines bestimmten Contigs liegen und ein solcher Cosmid-Klon wurde anschließend dafür verwendet, die YAC-Klone durch Hybridisierung zu untersuchen. Die Cosmid-Klone, die dieselben Sequenz-Abschnitte enthielten wie die betreffenden YAC-Klone, banden entsprechend der biochemischen Spezifität der Basen an die entsprechenden YACs. Nach Abschluss dieses Schritts war demnach bekannt, welcher YAC-Klon ebenfalls am Ende des betreffenden Contigs liegen musste. Dieser YAC-Klon wurde in einem zweiten Schritt verwendet, um die restlichen Cosmid-Klone durch Hybridisierung zu untersuchen. Auch hier band der YAC-Klon entsprechend der biochemischen Spezifität der Basen an die Cosmide. So konnten zum einen die Lücken in der Karte überbrückt werden, auch wenn die YAC-Klone selbst nicht der Fingerprinting-Prozedur unterzogen werden konnten. Zum anderen ergab sich daraus eine Positionierung der YAC-Klone auf der physischen Karte in Relation zu den untersuchten Cosmiden.¹³¹

Waterston fertigte nach seiner Rückkehr in die USA eine Bibliothek aus YAC-Klonen an und sandte diese ans LMB, wo Sulston und Coulson eine Cosmid-Bibliothek erstellten und diese an die WASHU sandten. An beiden Orten wurden dann die Hybridisierungsexperimente durchgeführt, während Sulston und Coulson zusätzlich das Fingerprinting der Cosmide durchführten und die Pflege der Datenbank sowie die Kommunikation mit den anderen *C. elegans* Laboren aufrecht erhielten.¹³² Diese Aufteilung der Arbeit wurde von den Akteuren selbst als "horizontal division" bezeichnet. Sie zogen bei der Planung ihrer Zusammenarbeit für die Kartierung prinzipiell auch eine vertikale Aufteilung der Arbeit in Betracht, also eine Aufteilung, in der jedes Labor jeden Arbeitsschritt übernehmen würde. Sulston und Coulson äußerten in ihrer E-Mail an Waterston, in der die Details ihrer möglichen Zusammenarbeit dargelegt wurden: "I rather get the feeling that you [Waterston, Anm. MS] would prefer a vertical division."¹³³ Denn eine vertikale Aufteilung der Arbeit würde gleichzeitig bedeuten, dass Waterston einen größeren Anteil des Projekts übernehmen und damit auch mehr Verantwortung tragen würde. Jedoch war dabei das Problem,

¹³⁰ Coulson, Alan; Waterston, Robert; Kiff, Jane; Sulston, John und Kohara, Yuji: Genome Linking with Yeast Artificial Chromosomes. In: Nature Vol. 335 (1988), No. 6186, S. 184-186, S. 184.

¹³¹ Coulson et al. 1988, Genome Linking, S. 184.

¹³² García-Sancho 2012, From the Genetic to the Computer Program, S. 23.

¹³³ Wellcome Collection, PP/SUL/A/1/4/16 Waterston, E-Mail von Sulston an Waterston zu Beginn ihrer Kooperation für die physische Kartierung des Fadenwurms, ca. 1985/86, nähere Datierung nicht möglich.

dass den Forschern nicht klar war, "how the data is going to be integrated satisfactorily (...)." ¹³⁴ Sulston und Coulson betonten, dass sie bereit wären, hierfür eine Lösung zu finden, falls Waterston eine vertikale Aufteilung deutlich bevorzugen würde; sie zeigten sich hier demnach gesprächs- und kompromissbereit und zogen die Bedürfnisse ihres Kollegen in Betracht.

In der horizontalen Aufteilung der Arbeit zeigte sich eine positive Interdependenz zwischen den beitragenden Wissenschaftlern: nur, wenn beide Labore die jeweiligen Aufgaben erfolgreich durchführten, konnten die Ergebnisse zu einer physischen Karte zusammengefügt werden. Diese Interdependenz ergab sich aus der Abhängigkeit der beiden Methoden voneinander. Die YAC-Methode konnte die Erstellung einer physischen Karte auf der Grundlage von Cosmid-Klonen nicht einfach ablösen, da die YACs nicht direkt dem Fingerprinting unterzogen werden konnten. Somit waren die YACs zunächst nur im Zusammenspiel mit den bereits geordneten Cosmid-Fragmenten nützlich. Gleichzeitig konnten die Lücken in der Cosmid-Karte nur durch die Hybridisierung der YACs geschlossen werden. Die Cosmid-Klone und die YAC-Klone bildeten somit sich ergänzende Ressourcen, die zu diesem Zeitpunkt beide notwendig für die Erstellung der physischen Karte des Fadenwurms waren. Auf diese Weise kam die positive Interdependenz auf der wissenschaftlichen Ebene zustande. Dass zuerst die Cosmide zu einer Karte geordnet worden waren und *dann* die YACs verwendet wurden, um die Lücken zu schließen, war aufgrund von "historical reasons" ¹³⁵ der Fall – die Cosmid-Karte hatte schließlich bereits existiert, als die YAC-Methode entwickelt wurde. Ob es prinzipiell möglich und gegebenenfalls effizienter sei, eine physische Karte auf Basis der YACs zu beginnen und durch Cosmid-Klone die Lücken zu schließen, konnten die Akteure zu diesem Zeitpunkt nicht beurteilen.

Die physische Karte konnte zu diesem Zeitpunkt und unter Rückgriff auf die gewählten Methoden nur erstellt werden, wenn beide Methoden erfolgreich angewendet und die Ergebnisse integriert wurden. Die einzelnen Arbeitsschritte und Methoden waren demnach inhaltlich und im Hinblick auf das epistemische Ziel sehr eng miteinander verzahnt. Dies schlug sich auch in der horizontalen Aufteilung der Arbeit zwischen den Laboren nieder. Da sich die Forscher für eine Zusammenarbeit entschieden hatten und demnach Waterston mit seinem YAC-Vorschlag ins Projekt integriert wurde, akzeptierten sie die bestehende Interdependenz. Aus den technischen Gegebenheiten ergaben sich demnach die Spezifika der Zusammenarbeit. Die wissenschaftlichen und technischen Realitäten gaben vor, in welchem Raum die Akteure sinnvoll handeln konnten. Die positive Interdependenz war in diesem Fall nicht absolut. Unter den gegebenen technischen Bedingungen und aufgrund der Entscheidung für die zügige Erstellung der Karte war sie etwas, für das sich die Forschenden gezielt und bewusst entschieden. Andernfalls hätten sie unabhängig voneinander versuchen müssen, ihre jeweilige Methode weiterzuentwickeln, so dass ohne die jeweils andere Methode eine Karte erstellt werden könnte. Die Hybridisierung von YACs und Cosmidien zeigte gute Ergebnisse und ermöglichte das zügige Schließen der Lücken in der physischen Karte und deshalb stellte diese Vorgehensweise zu diesem Zeitpunkt die attraktivste Option dar.

Die physische Karte begann schnell, die beabsichtigte Rolle einzunehmen: Coulson und Sulston erhielten immer mehr Anfragen von ihren Kolleg:innen aus der *C. elegans*-Forschung weltweit, zunächst postalisch

¹³⁴ PP/SUL/A/1/4/16, E-Mail von Sulston an Waterston zu Beginn ihrer Kooperation.

¹³⁵ Coulson et al. 1988, Genome Linking, S. 186.

und später auch via E-Mail, in denen die Kolleg:innen Daten zu DNA-Fragmenten einsandten, an denen sie gerade arbeiteten, und nach deren Positionierung auf der physischen Karte fragten. Falls das entsprechende DNA-Fragment via detektiert Überlappungen mit benachbarten Fragmenten bereits auf der physischen Karte verortet worden war, wurden diese Informationen zusammen mit Informationen über die flankierenden Sequenzen oder Cosmide an das inquirierende Labor zurückgesendet.¹³⁶ Während dies eine kollegiale Leistung von Coulson und Sulston war, so war die Einsendung von Klonen doch auch von großer Relevanz für ihre Arbeit. Denn damit die physische Karte aus geordneten Klonfragmenten eine Verankerung in der bereits bekannten Geografie des Genoms hatte, war es notwendig, die neue physische Karte mit der älteren Genkopplungskarte rückzukoppeln, die beiden Karten also zur Korrespondenz zu bringen. Dabei benötigten Sulston und Coulson Klonen, bei denen bekannt war, welches Gen oder welche Gene sie enthielten. Hierfür konnten sie auf die Klonen zurückgreifen, die bei den Anfragen ihrer Kolleg:innen mitgesendet wurden, da bei diesen bekannt war, welche Gene sie enthielten, oder oft auch, welche Gene in der Nähe davon lagen.¹³⁷ Da viele Gene seit Mitte der 1970er auf der Genkopplungskarte verortet worden waren, konnten die beiden Karten an diesen jeweiligen Punkten übereinandergelegt werden.

Die Genkopplungskarte und die Ressourcen (Materialien und Wissen) der Community stellten also wichtige Bausteine für die Überprüfung und für die Nützlichkeit der physischen Karte dar. Indem die relationalen Distanzen zwischen den Genen auf der Genkopplungskarte sukzessive in absolute Distanzangaben umgewandelt wurden, konnten die Genkopplungskarte und die physische Karte immer mehr zur Korrespondenz gebracht werden. Somit wurde auch der Nutzen der Genkopplungskarte gesteigert, von den dort verorteten Genen konnte man nun direkt über die physische Karte auf die entsprechenden oder benachbarten Klonen zugreifen. Die verschiedenen Karten des Genoms bauten zum einen aufeinander auf, zum anderen aber veränderten sich jeweils die Bedeutung oder der Nutzen der jeweils anderen Karte.¹³⁸ Später sollte dann die physische Karte zur Basis für die ultimative Karte werden: die Kartierung jedes einzelnen Nukleotids des Wurmes, sprich die Sequenzierung seines gesamten Genoms.¹³⁹

Die Forschenden erwähnten in ihren Publikationen die Mitarbeit und Kooperation der "C. elegans Community" und betonten, dass die Karte ein "increasingly communal effort"¹⁴⁰ sei. 1991 schrieben Waterston, Coulson, Sulston und Kolleg:innen:

"This alignment [der physischen Karte und der Genkopplungskarte, Anm. MS.] is crucial to the functioning of the map for cloning genes defined through mutation and for positioning molecularly identified fragments on the genetic map and was achieved primarily through the cooperation, and generosity in supplying clones, of the C. elegans research community."¹⁴¹

¹³⁶ García-Sancho 2012, From the Genetic to the Computer Program, S. 23 f.

¹³⁷ Ebd.

¹³⁸ De Chadarevian 2004, Mapping the Worm's Genome, S. 100 ff.

¹³⁹ Vgl. etwa NRC 1988, Mapping and Sequencing the Human Genome, S. 6.

¹⁴⁰ Coulson et al. 1986, Toward a Physical Map, S. 7825.

¹⁴¹ Coulson et al. 1991, YACs and the C. elegans Genome, S. 413.

Die freundliche Erwähnung der *C. elegans* Community und ihrer Einsendung der Klone zeigt, wie das Verhältnis unter den Laboren gehandhabt wurde: selbstverständlich war es der Hauptanreiz für die Labore, die Klone einzusenden, dass sie auf diesem Wege mehr über die physische Verortung ihrer Klone auf dem Genom erfahren würden. Die Einsendung war somit keineswegs selbstlos. Doch es profitierten eben auch die Ersteller der physischen Karte davon, und deshalb wurde dieser Austausch freundlich in den Danksagungen erwähnt. Gleichzeitig mussten die Labore dennoch immer wieder ermutigt werden, ihre Klone verfügbar zu machen. So wies etwa Coulson in der *Worm Breeders' Gazette* darauf hin, dass ihre Laborgruppe zwar die Informationen zur physischen Verortung der Klone als Teil der Karte veröffentlichen wird, dass sie jedoch keine näheren Details über die Genabschnitte selbst herausgeben werden. Betonungen wie diese zeigen, dass auch unter den *C. elegans* Laboren trotz aller Kommunikation und Kooperation Bedenken existierten, die eigenen Forschungsmaterialien herauszugeben. Die unbeschränkte Herausgabe der Klone drohte potenziell nach sich zu ziehen, dass die Labore vor der Publikation zu viel über ihre eigene Forschung bekannt geben könnten und dadurch der kompetitive Vorteil in der wissenschaftlichen Konkurrenz um Originalität und Priorität verloren gehen würde.

Solcherlei Überlegungen versuchte Coulson durch seinen Hinweis vorwegzunehmen und die Labore dazu zu bewegen, auch weiterhin ihre Klone an das LMB zu senden.¹⁴² Der Newsletter WBG stellte dabei das Forum der Kommunikation unter der gewachsenen Menge an *C. elegans* Laboren weltweit dar. Auch Sulston betonte in der Retrospektive, dass das Team am LMB die ihnen vorliegenden Informationen über die Klone nicht zum eigenen kompetitiven Vorteil verwendete und dass dies von Zeit zu Zeit betont werden musste. Indem die Labore ihre Klone und ihre Anfragen dennoch einsendeten, setzten sie Vertrauen in Sulston und Coulson, dass diese ihre Forschungsdaten nicht für den eigenen Vorteil verwendeten. Dieses Vertrauen wurde nicht enttäuscht und es zeigt den verantwortungsbewussten und rücksichtsvollen Umgang der Forscher:innen miteinander. Es gab streng genommen keinen Grund für Sulston und Coulson, die Forschungsdaten ungebührlich zu verwenden, denn sie waren ja mit der physischen Kartierung des gesamten Genoms befasst und nicht mit der Erforschung einzelner Cosmide, Gene oder Proteine. Es soll an dieser Stelle dennoch betont werden, dass das vertrauenswürdige Verhalten von Sulston und Coulson ihre Kolleg:innen dazu ermutigt haben dürfte, das passende vertrauensvolle und kooperative Verhalten an den Tag zu legen.¹⁴³

Sulstons, Coulsons und Waterstons Herangehensweise – aber auch die vieler anderer *C. elegans* Forscher:innen – war geprägt von der Kultur der Kommunikation und der Kooperation, die sie am LMB kennengelernt hatten. Die Forschenden kannten einander häufig und blickten in vielen Fällen auf eine gemeinsame Trainingsperiode im LMB zurück. Das legt eine Erklärung der geteilten Normen nahe, die auf die persönliche Bekanntschaft der Forscher:innen zurückgreift. Doch auch die Erfordernisse der Wissensproduktion ließen sich auf kooperative oder/und konkurrenzvermeidende Weise besonders gut erfüllen.¹⁴⁴ Für die Erstellung der physischen Karte war die Einsendung von Klonen durch die *C. elegans* Labore von zentraler Relevanz. Zum einen konnten so Fragmente des Genoms integriert werden, die

¹⁴² *Worm Breeders' Gazette* Vol. 10, No. 2, zitiert nach Brown 2003, *In the Beginning*, S. 174 sowie Sulston/Ferry 2002, *Common Thread*, S. 54 f.

¹⁴³ Deutsch 2006, *Cooperation and Competition*, S. 30.

¹⁴⁴ Ankeny/Leonelli 2020, *Model Organisms*, S.31 ff.

bereits molekulargenetisch charakterisiert waren, und zum anderen konnte auf diesem Weg die physische Karte mit der Genkopplungskarte verknüpft werden. Als Gegenleistung erhielten die einsendenden Labore Informationen über die eingeschickten Klone, von denen sie ebenso profitierten. Zwischen der Gruppe am LMB, die in Kooperation mit Waterston kartierte, und den übrigen *C. elegans* Gruppen bestand somit ein wechselseitiger Austausch, bei dem alle Beteiligten etwas gaben und etwas erhielten.

Die geteilten Normen von Kooperation und Offenheit in der *C. elegans* Community sind damit nicht mehr nur eine Frage emotionaler und psychischer Prozesse der Forschenden, sondern sie sind auch zweckrational erklärbar. Die Projekte am Fadenwurm wurden *aus gutem Grund* kooperativ oder zumindest nicht kompetitiv durchgeführt, eben weil diese Handlungsmodi für die möglichst ungehinderte und effiziente Durchführung der Forschung von Vorteil waren. Darauf zielte vermutlich auch Soraya de Chadarevian ab, als sie die Kooperation zur physischen Kartierung von *C. elegans* ohne direkte Evidenz als Strategie zur Vermeidung von Konkurrenz bezeichnete: “a decision taken to avoid competition as much as anything else.”¹⁴⁵ Hinweise darauf, dass zwischen Sulston, Coulson und Waterston eine Konkurrenz gedroht hätte, wenn sie sich nicht für eine Kooperation entschieden hätten, lagen in den untersuchten Quellen nicht vor. Ich hoffe stattdessen, gezeigt zu haben, dass bei der Entscheidung das epistemische Ziel und die intellektuelle Bereicherung, generell aber die positiven Folgen des kooperativen Zusammenschlusses, im Vordergrund standen.

Für Sulston und Coulson war es naheliegend, Waterston ins Boot zu holen und seine methodische Weiterentwicklung, das Klonen durch YACs, in das Projekt zu integrieren, da die physische Kartierung so zügiger vollendet werden konnte, als es andernfalls der Fall gewesen wäre. Waterston hatte zwar Interesse an der physischen Kartierung gewonnen, er wäre aber, wenn die Kooperation nicht zustande gekommen wäre, vermutlich einfach zu seinen Muscle and Motility Studies zurückgekehrt. Dies war die hauptsächliche Ausrichtung seines Labors an der Washington University und auf der wissenschaftlichen Ebene seine Motivation für das Interesse an einer physischen Genomkarte, beziehungsweise an einer integrierten Karte des Genoms. Er behielt dieses Forschungsinteresse zunächst bei und gab seine Arbeit daran erst auf, als immer deutlicher wurde, dass die Kartierung und Sequenzierung gesamter Genome immer mehr Raum einnahmen, aber auch immer mehr Erfolg versprachen.¹⁴⁶

Die physische Karte war von Beginn an als Werkzeug für die *C. elegans* Labore gedacht, um die Isolation und Vervielfältigung von Genen zu vereinfachen, so eben auch für Waterston. Aus diesem Grund war es für Sulston, Coulson und Waterston denn auch selbstverständlich, die Karte, die begleitenden Informationen und die betreffenden biologischen Materialien öffentlich zugänglich zu machen. Bei der 1989 in Cold Spring Harbor stattfindenden *C. elegans*-Konferenz wurde die Karte, die zu diesem Zeitpunkt so gut wie fertiggestellt war, ausgedruckt und an die Wand gehängt.¹⁴⁷ Als ACeDB operativ wurde, wurden in dieser Datenbank die Ergebnisse der physischen Kartierung hochgeladen, aber auch die Genkopplungskarte sowie Informationen zu den verwendeten Stämmen und relevanter Literatur.¹⁴⁸ Auch

¹⁴⁵ De Chadarevian 2004, *Mapping the Worm’s Genome*, S. 99.

¹⁴⁶ Schütz, 22.07. und 26.08.2022: Interview mit Waterston.

¹⁴⁷ Vgl. de Chadarevian 2004, *Mapping the Worm’s Genome*, S. 103.

¹⁴⁸ Ebd., S. 106 f.

die physische Kartierung reihte sich somit ein in diejenigen Projekte, die zur fortlaufenden Erschließung des Fadenwurms beitragen und seinen Nutzen als Modellorganismus für biologische, molekularbiologische und molekulargenetische Forschung steigerten. Sie wurde demnach mit großem Interesse von ihren Kolleg:innen angenommen, deren Arbeit an *C. elegans* von der physischen Karte profitierte.

Gegenüber diesen Kolleg:innen behielten Sulston, Coulson und Waterston die etablierten Normen und Konventionen der Zusammenarbeit und der Kommunikation bei. Zudem zeigten sie ein ähnliches Verhalten gegenüber der Gruppe um Maynard Olson, die mit *S. cerevisiae* arbeitete. Für Sulston, Coulson und Waterston war der kommunikative Austausch über die Inhalte der Projekte die naheliegende Handlungsoption und dabei stand die gelungene Durchführung der Forschungsprojekte im Fokus. Der Austausch mit anderen Gruppen, seien dies nun die anderen *C. elegans* Labore oder die Gruppe um Olson, die ebenso mit der physischen Kartierung eines Modellorganismus befasst war, wurde genau deshalb auf kommunikative Art und Weise geführt, da die Projekte von dem Austausch über Methoden und Vorgehensweisen profitierten.¹⁴⁹ Dass Sulston, Coulson und Waterston dies in ihren E-Mails nie explizit besprachen, planten oder gar rechtfertigten, legt nahe, dass diese Verhaltensweisen zumindest in Bezug auf die *C. elegans* Kolleg:innen und Olson et al. selbstverständlich für sie waren.¹⁵⁰

Gleichermaßen wäre es eine immens verkürzende Darstellung, die positiven Kontakte zwischen den Forscher:innen als streng zweckrational oder allein interessengeleitet auszulegen. Sulston, Coulson und Waterston gaben die Informationen nicht nur an die *C. elegans* Labore heraus, weil das Teil eines wechselseitigen Austauschprozesses war. Dieses Bild würde den Wissenschaftler:innen zu großes Kalkül unterstellen, wenngleich ich nicht in Abrede stellen kann oder möchte, dass Wissenschaftler:innen darüber nachdenken, wie sie sich strategisch verhalten können. Stattdessen sei in Erinnerung zu rufen, dass zwischen vielen Forschenden bereits persönliche Bekanntschaften und freundschaftlich-kollegiale Verhältnisse bestanden. Diese führten zudem zu indirekten Kontakten, indem manche Personen über gemeinsame Kolleg:innen zusammenfanden. Doch auch abseits persönlicher Kontakte und kollegialer Zuneigung wurde kommunikatives und kooperatives Verhalten ganz grundlegend von dem Wunsch begünstigt, sich kollegial und freundlich zu verhalten. Insbesondere hier zeigt sich, dass die Erfordernisse einer gut funktionierenden Wissensproduktion und die sozial-emotionalen Bedürfnisse der Forschenden positiv konvergieren und ineinander greifen.

Es lässt sich festhalten, dass gerade in der *C. elegans* Community viele gute Gründe existierten, sich kommunikativ und/oder kooperativ zu verhalten. Auf den vergangenen Seiten schilderte ich zwei Teilbereiche, in denen die Forschenden kooperierten oder sich kooperativ verhielten, um positive Auswirkungen für ihre wissenschaftliche Arbeit zu erreichen – einmal die frisch zustande gekommene Kooperation zwischen Sulston, Coulson und Waterston und zweitens das kooperative Verhalten in der

¹⁴⁹ Derlei Verhalten wird von Edward J. Hackett als „para-collaborative relationship“ bezeichnet, da es eine Vorstufe auf dem Weg zu einer ausgeprägten Kooperation darstellt. Vgl. Hackett, Edward J.: Essential Tensions: Identity, Control, and Risk in Research. In: Social Studies of Science Vol. 35 (2005), No. 5, Special Issue Scientific Collaboration, S. 787-826, S. 792 f.

¹⁵⁰ Zumindest nicht in den E-Mails, die in den Sulston Papers der Wellcome Collection abgelegt sind.

Community in Bezug auf die Ergebnisse der Kartierung und die Einsendung der Klone. Es ging zentral um die Integration unterschiedlicher Expertisen und Wissensbestände zum Vorteil der Wissensproduktion. Sulstons und Waterstons übergeordnete Erkenntnisinteressen waren zwar in diesen frühen Jahren noch verschieden, doch sie führten zu einem auf die physische Kartierung konvergierenden epistemischen Interesse. Aus verschiedenen Bereichen kommend mussten die Forschenden aktiv ausarbeiten, auf welche Weise die Arbeit aufgeteilt und die unterschiedlichen Methoden in einen gemeinsamen Kontext integriert werden konnten. Zu unterscheiden sind dabei insbesondere die Bereiche der Arbeitspraxis und der intellektuellen Inspiration.

Das zeigte sich auch an der ungleichen Verteilung der Verantwortung für das Gelingen des Projekts und das Erreichen des epistemischen Ziels. In den soeben angerissenen Bereichen der Integration, der Arbeitsteilung und der Erkenntnisinteressen veränderte sich die Zusammenarbeit von Sulston, Waterston und Coulson. Zudem brachte sie in den darauffolgenden Jahren noch weitere Vorteile mit sich, die nicht unmittelbar mit epistemischen Fragen zu tun hatten. Darum soll es im Folgenden gehen. Sulston und Waterston interessierten sich nach der physischen Kartierung dafür, nun auch die Basenpaare auf dem Genom von *C. elegans* zu kartieren – also das Genom zu sequenzieren. Sie wollten ihre Zusammenarbeit auch bei diesem neuen Projekt fortführen. Dabei betraten sie das internationale Parkett des USA HGP und UK HGMP und fanden sich somit in einer veränderten Situation wieder. Indem ich in den Blick nehme, wie sie sich in dieser veränderten Situation verhielten und wie sie ihre Zusammenarbeit unter den neuen Bedingungen fortführten, möchte ich dazu beizutragen, das langjährige Gelingen einer stabilen und engen Kooperation zu erforschen.

Von der physischen Karte zur Sequenz

Sulstons und Waterstons Pläne, das Genom des Fadenwurms zu sequenzieren, konvergierten mit der Konzeptionsphase und dem Beginn des britischen Human Genome Mapping Project (UK HGMP¹⁵¹) und des US-amerikanischen Human Genome Project (USA HGP¹⁵²). Im Zuge dieser Initiativen standen umfangreiche und gesonderte Förderungsgelder für Kartierungs- und Sequenzierungsprojekte an den Genomen menschlicher und nichtmenschlicher Organismen bereit. Das machten sich die Forschenden zunutze, als sie zur Sequenzierung übergehen wollten. Der britische Medical Research Council war in der Frühphase (1989 - ca. 1992) der hauptsächliche Förderer der Genomprojekte im UK und die US-amerikanischen

¹⁵¹ Zum UK HGMP: Balmer 1993, *Mutations in the Research System*; Ders. 1996, *Managing Mapping*; Ders. 1998, *Transitional Science and the Human Genome Mapping Project Resource Centre*.

¹⁵² Zum US HGP: Fortun 1999, *Projecting Speed Genomics*, S. 26; Gannett, Lisa: *The Human Genome Project*. In: Zalta, Edward N. (Hrsg.): *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, Summer 2016, <https://plato.stanford.edu/cgi-bin/encyclopedia/archinfo.cgi?entry=human-genome>, zuletzt aufgerufen am 14.04.2023; Hilgartner, Stephen: *The Human Genome Project*. In: Jasanoff, Sheila; Markle, Gerald E.; Petersen, James C. und Pinch, Trevor (Hrsg.): *Handbook of Science and Technology Studies*. London, 1995, S. 302-315; Ders.: *Mapping Systems and Moral Order. Constituting Property in Genome Laboratories*, in: Jasanoff, Sheila (Hrsg.): *States of Knowledge. The Co-Production of Science and Social Order*, London 2004a, S. 131-141; Ders.: *Making Maps and Making Social Order. Governing American Genome Centers, 1988-93*. In: Gaudillière, Jean-Paul und Rheinberger, Hans-Jörg (Hrsg.): *From Molecular Genetics to Genomics. The Mapping Cultures of Twentieth-century Genetics*. New York, 2004b, S. 113-128; Ders.: *Constituting Large-Scale Biology: Building a Regime of Governance in the Early Years of the Human Genome Project*. In: *BioSocieties* Vol. 8 (2013), No. 4, S. 397-416; Ders. 2017, *Reordering Life*.

National Institutes of Health förderten (neben dem Department of Energy) einen beträchtlichen Teil der Genomprojekte in den USA. Sulston und Waterston warben bei diesen Institutionen Gelder für ihre transatlantische Kooperation ein, indem sie die Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms als Pilotprojekt für die Sequenzierung des menschlichen Genoms präsentierten. Die US-amerikanischen NIH finanzierten in der ersten Projektphase, die sich über drei Jahre erstreckte, nicht nur den Anteil Waterstons am Projekt. Im Rahmen einer Kooperationsvereinbarung bezuschussten sie auch die Arbeit Sulstons, so dass der MRC korrespondierend weniger Geld investieren musste.

Das von Sulston und Waterston gemeinsam geplante Sequenzierungsprojekt war in drei Phasen unterteilt, zunächst sollte eine Research and Development Phase (1990-1992) erfolgen, in der die Technologien und Methoden entwickelt werden sollten. Diese Phase soll im Folgenden als Entwicklungsphase bezeichnet werden. Anschließend daran war eine Pilotphase (1993-1996) geplant, in der probeweise Abschnitte des Genoms sequenziert werden; bevor in einer Produktionsphase (bis Herbst 1998) die vollständige Sequenz erstellt werden sollte.¹⁵³ Für jede der drei Projektphasen mussten Sulston und Waterston jeweils erneut Gelder einwerben. In der ersten Projektphase waren Sulston und seine Mitarbeiter noch in Cambridge am LMB ansässig. Im Zuge von Sydney Brenners Abgang im Herbst 1986 wurde Sulston vom neuen Direktor des LMB, Aaron Klug, zum Abteilungsleiter der neu geschaffenen Abteilung "Genome Studies" ernannt. Für die Sequenzierung des Fadenwurms bezogen sie Räume im Gebäude neben dem Hauptgebäude.

Waterston war zunächst nach wie vor an die Washington School of Medicine in St. Louis angebunden. John Sulston zog 1993 an das neu gegründete Sanger Centre in Hinxton in der Nähe von Cambridge um, das von MRC und Wellcome Trust gemeinsam finanziert wurde, und wurde zu dessen Direktor. Alan Coulson verblieb zunächst am LMB, um an der physischen Karte des Fadenwurms weiterzuarbeiten. Auch Robert Waterston erlangte um 1993 einen deutlichen Anstieg der Fördergelder für seinen Anteil des Projekts und wurde zum Direktor des neu geschaffenen Washington University Genome Sequencing Center, für das er und sein Team neue Räumlichkeiten bezogen.¹⁵⁴ 1994 begannen beide Labore zusätzlich mit einer ersten Pilotsequenzierung ausgewählter Abschnitte des menschlichen Genoms und diese Entwicklungen sollen an späterer Stelle untersucht werden. Für die Sequenzierung des Fadenwurms kooperierten Sulston und Waterston mit Thierry Mieg vom CNRS Centre de Recherche en Biologie Cellulaire et Physique-Mathématique in Montpellier. Da dieser jedoch nicht wesentlich am Zustandekommen oder an der Ausgestaltung der Kooperation beteiligt war, spielt er allenfalls eine randständige Rolle in meiner Untersuchung.

Für die Konzeption des Projekts und die Abfassung des gemeinsamen Antrags für die NIH reiste Waterston im Herbst 1990 für ein paar Tage nach Cambridge, wo er mit Sulston das weitere Vorgehen planen konnte.¹⁵⁵ In ihrem Projektantrag legten sie dar, dass es "the common goal" der Antragsteller war, die Sequenz des Wurmes zu erlangen und welche wissenschaftlichen und technologischen Vorteile dies

¹⁵³ Diese Einteilung in drei Phasen geht aus dem Projektantrag hervor, den Sulston in der zweiten Hälfte des Jahres 1989 beim MRC einreichte. Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/3 MRC Grant Application, 1989.

¹⁵⁴ Roberts, Leslie: Genome Center Grants Chosen. In: Science Vol. 249 (1990), No. 4976, S. 1497; Wellcome Collection, PP/SUL/B/1/3/1/2 Strategy, Jahresbericht des Sanger Centre, 04.08.1995, S. 89.

¹⁵⁵ Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston; handschriftliche Notizen von Sulston ca. August 1990, nähere Datierung nicht möglich.

böte.¹⁵⁶ Viele weitere Details zur Vorgehensweise waren zum Zeitpunkt der Antragstellung noch unklar. In einem Unterabschnitt des Antrags nahmen Sulston und Waterston Stellung zur möglichen Aufteilung der Arbeit zwischen den beiden Laboren. Über die genauere Vorgehensweise in diesem Punkt waren sie sich zu diesem Zeitpunkt noch nicht im Klaren. Fest stand nur, dass man in der Entwicklungsphase des Projekts das Genom noch nicht zwischen den Laboren aufteilen müsste, sondern dass dies erst später (in der Produktionsphase) notwendig wäre und dass "the existence of the genome map will make this straightforward."¹⁵⁷

Das erste Jahr des Projekts diente der Sondierung verschiedener Methoden und der Identifikation der am besten geeigneten Herangehensweise. Zunächst hatten Sulston und Waterston vor, Sanger Sequencing unter Rückgriff auf radioaktive Markierung und die Sichtbarmachung durch Autoradiographie durchzuführen, aufbauend auf der vorherigen physischen Kartierung des Fadenwurms sowie auf der wissenschaftlichen Tradition des LMB.¹⁵⁸ Deshalb beantragten sie nur probeweise je einen Sequenzierungsautomaten von den Firmen ABI und Pharmacia.¹⁵⁹ In den darauffolgenden Monaten besuchten sie Labore, die mit der Arbeit mit diesen Maschinen bereits vertraut waren, um diese kennenzulernen und sich die Methoden anzueignen. Dabei stellten sie fest, dass mit dem Automat von ABI besser sequenziert werden konnte, als dies unter Rückgriff auf das Sanger Sequencing möglich gewesen wäre, weshalb sie ihren Forschungsantrag entsprechend veränderten und nunmehr jeweils zwei Sequenatoren beantragten.

Die Entwicklungsphase, in der die Methoden sondiert, geeignete Herangehensweisen identifiziert und die Prozesse der Zusammenarbeit konzipiert werden sollten, konnte denn dementsprechend bei den Forschungsförderungsinstitutionen eingeworben werden. Denn in dieser Projektphase konnten zusätzliche Gelder eingeworben werden, um internationale Expertise zu integrieren. Für Sulston war das nach rund zwanzig Jahren am LMB nach eigener Aussage der erste offizielle Forschungsantrag, den er selbst verfassen und einreichen musste.¹⁶⁰ Anstatt wie im LMB allein durch die Weisung eines Abteilungsleiters auf ein verfügbares Budget zurückgreifen zu können, mussten nun eigene, projektspezifische Gelder eingeworben werden. Und dies geschah unabhängig von Sydney Brenner. Dieser hatte Mitte der 1980er begonnen, bei den britischen Forschungsförderungs- und Regierungsinstitutionen für das konzertierte, nationale Projekt zur Kartierung des menschlichen Genoms zu werben. Bereits im Herbst 1986 trat er als Direktor des LMB zurück und widmete sich in der eigens geschaffenen MRC Molecular Genetics Unit (ebf. Cambridge) der Entwicklungsbiologie von *C. elegans* und der Kartierung des menschlichen Genoms, die ab Ende der 1980er in das UK Human Genome Mapping Project eingebettet war.¹⁶¹ Spätestens ab Herbst 1986 führten Sulston und Coulson (et al.) die physische Kartierung des Fadenwurms demnach alleine durch, bzw. in Kooperation mit Waterston als externem Partner.

¹⁵⁶ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/2 MRC, Additional Information Concerning the *C. elegans* Sequencing Proposal, 1990, nähere Datierung nicht möglich.

¹⁵⁷ PP/SUL/A/2/1/2, Additional Information, 1990.

¹⁵⁸ Vgl. Kapitel 1; Vgl. García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 49 ff. und S. 63; sowie Coulson et al. 1986, Toward A Physical Map; sowie Coulson/Sulston 1988, Genome Mapping by Restriction Fingerprinting.

¹⁵⁹ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/2 MRC, Budget Justification St Louis, 1990, nähere Datierung nicht möglich.

¹⁶⁰ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 69.

¹⁶¹ Anderson, Alun: New Career for Sydney Brenner. In: Nature Vol. 322 (1986), No. 6078, S. 397.

Der Ausgangspunkt der Analyse ist das gemeinsame epistemische Ziel, das in beiden Fällen die Grundlage von Sulstons und Waterstons Zusammenarbeit darstellte. Sulston und Coulson waren zuerst an der physischen Kartierung interessiert und weil er dieses Interesse teilte, trat Waterston als Kooperationspartner hinzu. Anschließend interessierten sich Sulston und Waterston für die Sequenzierung aller Basenpaare auf dem Genom und dieses Forschungsinteresse bildete den Anstoß, gemeinsam ein Projekt zu planen und Gelder einzuwerben. In beiden Fällen war das gemeinsame wissenschaftliche Interesse die allererste Motivation, die Forschung aufzunehmen und in eine Kooperation einzutreten. Dennoch unterschieden sich die beiden Kooperationsprojekte in wesentlichen Aspekten, etwa bei den Finanzierungsstrukturen oder bei der Art und Weise, wie die Arbeit unter den Kooperationspartnern aufgeteilt wurde. Selbst wenn ein gemeinsames epistemisches Ziel besteht, kann die damit verbundene Kooperation in Detailfragen unterschiedlich ausgeprägt sein. Ich werde für folgende These argumentieren: die Kooperation zur physischen Kartierung war auf wissenschaftlicher Ebene enger verzahnt als die Kooperation zur Sequenzierung, auf institutioneller Ebene jedoch war sie weniger formalisiert; sowie vice versa: die Kooperation zur Sequenzierung war auf institutioneller Ebene deutlich formalisierter, die wissenschaftlichen Arbeitsschritte jedoch, die von beiden Laboren durchgeführt wurden, waren nicht so eng voneinander abhängig wie dies noch bei der physischen Kartierung der Fall gewesen war. Es werden drei thematische Aspekte als Prüfsteine für die Analyse von wissenschaftlicher Kooperation vorgeschlagen: die Aufteilung der Arbeit; wechselseitige Abhängigkeiten zwischen den Gruppen und ihren einzelnen Arbeitsschritten; die Verantwortlichkeit für das Projekt.

Der bisherigen Forschung zufolge impliziert die Aufteilung der Arbeit in einer Kooperation das Bestehen einer Interdependenz zwischen den Kooperationspartnern: nur, wenn beide Labore ihre Arbeitsschritte erfolgreich durchführen und dementsprechend ihren Beitrag leisten, kann das gemeinsame epistemische Ziel erreicht werden. Im Falle einer Kooperation scheint damit eine positive Interdependenz zu bestehen: „either we swim together, or we sink together“.¹⁶² Doch was bedeutet dies im historischen Einzelfall? Ist diese Zuordnung „Kooperation = positive Interdependenz“ legitim und adäquat? Für eine Analyse dieses Zusammenhangs muss untersucht werden, auf welche Weise die Kooperationspartner bzw. ihre Arbeitsschritte und ihre Ziele voneinander abhängig waren. Inwiefern hängt das Erreichen des Ziels für die eine Gruppe vom Erreichen des Ziels durch die andere Gruppe ab? Wie eng ist diese Abhängigkeit geartet und wie genau kam sie zustande? Um das untersuchen zu können, reicht es nicht, sich das Bestehen eines gemeinsamen Ziels anzusehen, sondern es muss auch die Art und Weise der kooperativen Arbeitsteilung untersucht werden.

Bei der physischen Kartierung von *C. elegans* betonten die Akteure recht deutlich, dass die Kartierung ohne die Integration von Waterstons methodischer Neuerung – dem Klonen und Kartieren durch YACs – „infinitely more laborious“ gewesen wäre. Sulston betont in einer E-Mail, dass die Erstellung einer physischen Karte auf Basis von Cosmiden, die dem Fingerprinting unterzogen werden, in einem entsprechend längeren Zeitraum prinzipiell möglich wäre. Zu diesem Zeitpunkt bestand noch keine zwingende Abhängigkeit zwischen den Wissenschaftlern, den Arbeitsschritten und ihren Wissensbeständen, das Zustandekommen der Zusammenarbeit war kein Selbstläufer. Es stellte jedoch für

¹⁶² Nickelsen/Krämer 2016, Cooperation and Competition, S. 121.

die Wissenschaftler keine sonderlich attraktive Option dar, die Laufzeit des Projektes in die Länge zu ziehen, wo eine kooperative Erstellung der physischen Karte doch deutlich zügiger Ergebnisse erzielen würde. Sulston und Coulson entschieden sich dafür, Waterstons YAC-Idee als notwendigen Bestandteil des Projektes anzunehmen, um die Erstellung der physischen Karte zügiger zu erreichen. Mit der Entscheidung für die Integration von Waterstons Vorschlag fiel auch die Entscheidung für den Eintritt in eine Kooperation, denn Waterston sollte sich auch arbeitsteilig einbringen – dieser Wunsch hatte beidseitig bestanden.

Hier kam eine wechselseitige positive Dependenz zustande, da auch die YAC-Klone für sich genommen nicht zur Erstellung einer physischen Karte ausreichten. Die YACs konnten nicht einfach dem Fingerprinting unterzogen werden und so mussten YACs und Cosmide durch *in situ* Hybridisierung miteinander verknüpft werden. So konnten einerseits die Lücken in der Cosmid-Karte durch YAC-Klone überbrückt und vice versa die YAC-Klone auf der Cosmid-Karte verankert werden. Die beiden Klon-Arten entfalteten erst im Zusammenspiel miteinander ihren vollen Nutzen und daraus ergab sich denn auch die wechselseitige Abhängigkeit der Labore auf wissenschaftlicher Ebene. Durch den Zusammenschluss auf der wissenschaftlichen Ebene konnte die physische Kartierung schneller vorangetrieben werden als unabhängig voneinander oder gar in Konkurrenz zueinander. Die Entscheidung für die Annahme der positiven Interdependenz markiert den Moment, in dem beide Gruppen in eine Kooperation eingetreten sind. Ihre Ziele und Handlungen waren ab diesem Zeitpunkt miteinander verknüpft und ihre Erfolge abhängig von den Erfolgen des Partners. Die Kooperation kam also nicht zustande, weil eine positive Interdependenz vorgefunden wurde – was auch immer das bedeuten würde – sondern die positive Interdependenz war das Produkt von Konstituierungsdiskursen und bewussten Entscheidungen.

Bei der physischen Kartierung wurden die verschiedenen Arbeitsschritte unter den beiden Laboren aufgeteilt und die Ergebnisse am Ende in eine gemeinsame Karte integriert, die Akteure selbst bezeichneten dies als horizontale Aufteilung der Arbeit.¹⁶³ Doch bei der Sequenzierung des Genoms entschieden sie sich für eine andere Aufteilung der Arbeit: beide Labore teilten das Genom auf Basis der physischen Karte unter sich auf und führten jeweils alle für die Sequenzierung notwendigen Schritte durch.¹⁶⁴ Auf Basis der Karte wurden Cosmid-Klone zur Sequenzierung ausgewählt und die Forschenden konnten sich darüber verständigen, welche Person oder welches Labor welche Klone sequenzieren sollte.¹⁶⁵ Die Methode, die Sulston und Waterston für die Sequenzierung wählten, war das “Hierarchical Shotgun Sequencing”. Auf Basis der physischen Karte wurden in beiden Laboren Cosmide zur Sequenzierung ausgewählt.¹⁶⁶ Diese wurden zunächst in noch kleinere Abschnitte unterteilt, da mit den zu diesem Zeitpunkt verfügbaren automatischen Sequenzierungsmethoden nur Fragmente einer bestimmten

¹⁶³ PP/SUL/A/1/4/16, E-Mail von Sulston an Waterston zu Beginn ihrer Kooperation.

¹⁶⁴ De Chadarevian 1998, Of Worms and Programmes, S. 100.

¹⁶⁵ Die Aufteilung des Genoms geschah mitunter via E-Mail, Waterston wird gefragt, ob er der Sequenzierung eines Cosmids durch eine Kollegin zustimmt. Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, Anfang Januar 1991, da die E-Mail mit “Happy New Year” überschrieben ist.

¹⁶⁶ Es wurde mit Cosmiden gearbeitet, da sich die YAC-Klone nicht zur direkten Sequenzierung eigneten. Die Ziel-DNA wurde beim Einsetzen in die Hefe-DNA durch selbige verunreinigt. Vgl.: The C. elegans Sequencing Consortium: Genome Sequence of the Nematode C. elegans: A Platform for Investigating Biology. In: Science Vol. 282 (1998), No. 5396, S. 2012-2018, S. 2012.

Länge sequenziert werden konnten. Von den Sub-Fragmenten wurden im ersten Schritt zufällige ausgewählt und in mehreren Durchgängen sequenziert (“sequence acquisition from random subclones”). In einem zweiten Schritt, dem sogenannten Finishing, wurde gezielt ausgewählt, an welchen Stellen noch überbrückende Sequenzen fehlten (“directed sequence acquisition to close any remaining gaps and to resolve ambiguities”).¹⁶⁷ Im letzten Schritt, der “assembly”-Phase, mussten die sequenzierten Shotgun-Fragmente mit Hilfe der Karte wieder in die richtige Reihenfolge gebracht werden.

Die Integration der Ergebnisse in die gemeinsame Sequenz-Karte sowie der Upload in die betreffenden Datenbanken wurde in beiden Laboren durchgeführt. Hierfür wurde in beiden Laboren mit der Software von Rodger Staden gearbeitet, die eine Durchsuchung der Fragmente auf Überlappungen hin erlaubte, und die auch bereits für die Kartierung verwendet worden war. Anschließend wurden die sequenzierten Abschnitte in die gemeinsame Datenbank ACeDB hochgeladen und so nicht nur für den Kooperationspartner einsehbar, sondern auch für die gesamte *C. elegans* Community. Diese Aufteilung der Arbeit lässt sich als “vertikal”¹⁶⁸ bezeichnen und sie war aufgrund der Existenz der physischen Karte möglich: sie erlaubte eine koordinierte Aufteilung der Sequenzierungsarbeit durch die Orientierung auf dem Genom, aber auch durch den erleichterten Zugriff auf die Cosmid-Klone. Zugleich bildete sie eine Basis für die Integration und Verankerung der Sequenz. Wir erinnern uns: eine vertikale Aufteilung der Arbeit war für die Akteure während der physischen Kartierung nicht in Frage gekommen, weil sie dann nicht gewusst hätten, “how the data is going to be integrated satisfactorily (...).”¹⁶⁹ Nun hingegen konnte die erarbeitete Sequenz auf Basis der Karte integriert werden.

Die Vorgehensweise auf Basis der physischen Karte wurde immer wieder als effizient bezeichnet.¹⁷⁰ Bei Abschluss des Projektes im Jahre 1998 betonten Sulston und Waterston, dass sie dieselbe Herangehensweise erneut wählen würden, wenn das Projekt nun von neuem begäne, da: “The clone-based physical map was a critical factor in organizing the project between the two sites.”¹⁷¹ Dieses arbeitspraktische Argument für das kartenbasierte Hierarchical Shotgun Sequencing ist sogar noch der Nennung anderer Vorteile der gewählten Herangehensweise vorangestellt, nämlich, dass die Cosmide und die YACs als Elemente der physischen Karte auch für die restlichen *C. elegans* Labore von Bedeutung waren. Sulston und Waterston achteten bei der Rechtfertigung ihrer Methode im Nachhinein also dezidiert darauf, dass die Arbeit unter den Kooperationspartnern aufgeteilt werden musste, und stellten die kartenbasierte Vorgehensweise entsprechend in den Vordergrund. Denn eng verknüpft mit der Rechtfertigung ihrer Methode war auch die Rechtfertigung ihrer Zusammenarbeit, die sie ja beibehalten wollten und die ihnen obendrein die Fördergelder für die erste Projektphase gesichert hatte. Es war deshalb besonders wichtig, dass die Kooperation von Erfolg gekrönt war und sie nachweislich Vorteile gegenüber einem getrennten Vorgehen hatte.

¹⁶⁷ Alle Zitate entnommen aus: The *C. elegans* Sequencing Consortium 1998, Genome Sequence of the Nematode, S. 2012.

¹⁶⁸ “Horizontal division” = Akteursbegriff, bezeichne es deshalb jetzt hier als “vertikal”.

¹⁶⁹ PP/SUL/A/1/4/16, E-Mail von Sulston an Waterston zu Beginn ihrer Kooperation.

¹⁷⁰ Vgl. PP/SUL/A/2/1/2, Additional Information, 1990, Abschnitt 4. Division of Work; sowie PP/SUL/A/2/1/3 MRC Grant Application.

¹⁷¹ The *C. elegans* Sequencing Consortium 1998, Genome Sequence of the Nematode, S. 2016.

Doch die verwendeten Methoden hingen nicht auf die gleiche Weise voneinander ab wie bei der physischen Kartierung. Da jedes Labor alle notwendigen Arbeitsschritte erledigte, war es vorstellbar, dass sie sich wieder voneinander trennten und unabhängig voneinander in ihren Abschnitten des Genoms arbeiteten. Die einzelnen Arbeitsschritte waren auf wissenschaftlicher Ebene zwischen den Laboren nicht so eng miteinander verzahnt. Dies zeigt sich mitunter daran, wie präsent die Auflösung der Kooperation prinzipiell war. Beide Labore arbeiteten mit einer Software, die von Rodger Staden (LMB) entwickelt wurde, um die Sequenzen der Fragmente wieder aneinander zu fügen und in die richtige Reihenfolge zu bringen. In dieser Sache gab es einen Konflikt mit Phil Green aus dem Labor der WASHU, der sich wohl bei der Herausgabe von Informationen nicht so kooperativ verhielt, wie es von Sulston erwartet wurde. Zwar geht aus den Archivquellen hervor, dass sich Sulston damit beschäftigte und eine Lösung dieses Konfliktfalls anstrebte. Leider konnte der genaue Gegenstand des Konflikts nicht identifiziert werden – weder die Archivalien noch das Interview mit Robert Waterston gaben hier Aufschluss. Doch da die Aushandlungen einigen Raum in den E-Mails einnehmen, die zwischen Sulston und Waterston hin und her gesendet wurden, soll zumindest kurz aufgezeigt werden, auf welche Weise das Problem besprochen wurde. Denn es ist einer der wenigen Fälle, in denen kompetitive Spannungen und Interessenskonflikte zwischen den Gruppen überhaupt Niederschlag in den Archivquellen fanden.

Sulston schrieb eine E-Mail an Waterston, in der er sich darüber beklagte und betonte, dass sein Mitarbeiter Staden bei unkooperativem Verhalten Greens verständlicherweise nicht dazu gebracht werden könnte, seine „pre-release software“ an einen Kollegen, der durch mangelndes Kooperationsverhalten zum Konkurrenten geworden war, herauszugeben. In diesem Fall müssten die beiden Gruppen stattdessen mit zwei unterschiedlichen Assembler-Programmen arbeiten. Dies zöge jedoch nach sich, dass dann zwei Versionen von Sequenz vorlägen, die nicht unproblematisch miteinander verbunden werden konnten. Sulston sieht genau in dieser mangelnden Integration der Daten in eine gemeinsame Sequenz-Karte eine Bedrohung der Kooperation:

“One possible, though dismal, solution is to allow the two groups to separate. We are perhaps facing a deep confrontation of the US/British systems. Perhaps our plan is unworkable in its full form, and we should accept the idea of two (or more) groups working amicably but independently in their own areas of the map. Given the parlous state of British funding, it may anyway be impossible to go for production here.”¹⁷²

Das Szenario, das Sulston zeichnet, ist durchaus düster und keineswegs das von ihm angestrebte Ergebnis. Er bringt zum Ausdruck, dass sich die Einwerbung der Gelder im UK für die zweite und dritte Projektphase äußerst schwierig gestaltete, und es womöglich gar nicht möglich sei, so fortzufahren, wie er und Waterston dies anvisierten. Sollte man sich für eine Auflösung der Kooperation entscheiden, würden beide Gruppen freundschaftlich, aber unabhängig voneinander in unterschiedlichen Regionen der Karte arbeiten. Hieran zeigt sich, dass die Aufteilung des Genoms in verschiedene Abschnitte und die vertikale Aufteilung der Arbeit nicht zwangsläufig eine positive Interdependenz nach sich zogen. Schließlich wäre es, so wenig Sulston dies wollte, prinzipiell möglich, unabhängig voneinander zu sequenzieren. Ergebnis

¹⁷² Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Sulston an Waterston, zwischen Ende Januar und Mitte März 1991, nähere Datierung nicht möglich.

wären dann womöglich zwei Teilsequenzen, die mithilfe von unterschiedlichen Assembly-Programmen erstellt wurden.

Sulston weist zudem darauf hin, dass eine Auflösung der Kooperation folgendes Problem nach sich ziehen würde: “(...) it will also go against what we explicitly stated in our subsidiary evidence to the NIH.”¹⁷³ Sulston und Waterston hatten sich für ein kooperatives Projekt entschieden und die Gelder dafür gemeinsam eingeworben. Man war gegenüber den Forschungsförderungsinstitutionen verpflichtet, das durchzuführen, was man eingeworben hatte. Dies gewann zudem dadurch an Bedeutung, dass ein Teil von Sulstons Projekt ja im Rahmen einer Kooperationsvereinbarung durch die US-amerikanischen NIH gefördert war. Aus diesem Grunde kam eine Auflösung der Kooperation nicht in Frage. Beide Gruppen konnten das Projekt nur erfolgreich abschließen und das bedeutete im vorliegenden Fall: auf die eingeworbene Art und Weise und unter Fortbestand der Kooperation. Zudem hing die zukünftige Bewilligung von Geldern davon ab, dass die Kooperation ihr Funktionieren und ihre Leistungsfähigkeit unter Beweis gestellt haben würde. Genau durch diese Zusammenhänge auf der Ebene der Fördergelder waren beide Labore darauf angewiesen, dass die Zusammenarbeit funktionierte und Angehörige beider Teams sich entsprechend verhielten. Im vorliegenden Fall sorgten demnach das gemeinsam eingeworbene Projekt und die gemeinsamen Gelder dafür, dass eine positive Interdependenz zwischen den Gruppen zum Tragen kam.

¹⁷³ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Sulston an Waterston, zwischen Ende Januar und Mitte März 1991.

Die Aufteilung der Arbeit auf Basis der physischen Karte ist auf der Abbildung aus dem Oktober 1994 visualisiert.¹⁷⁴

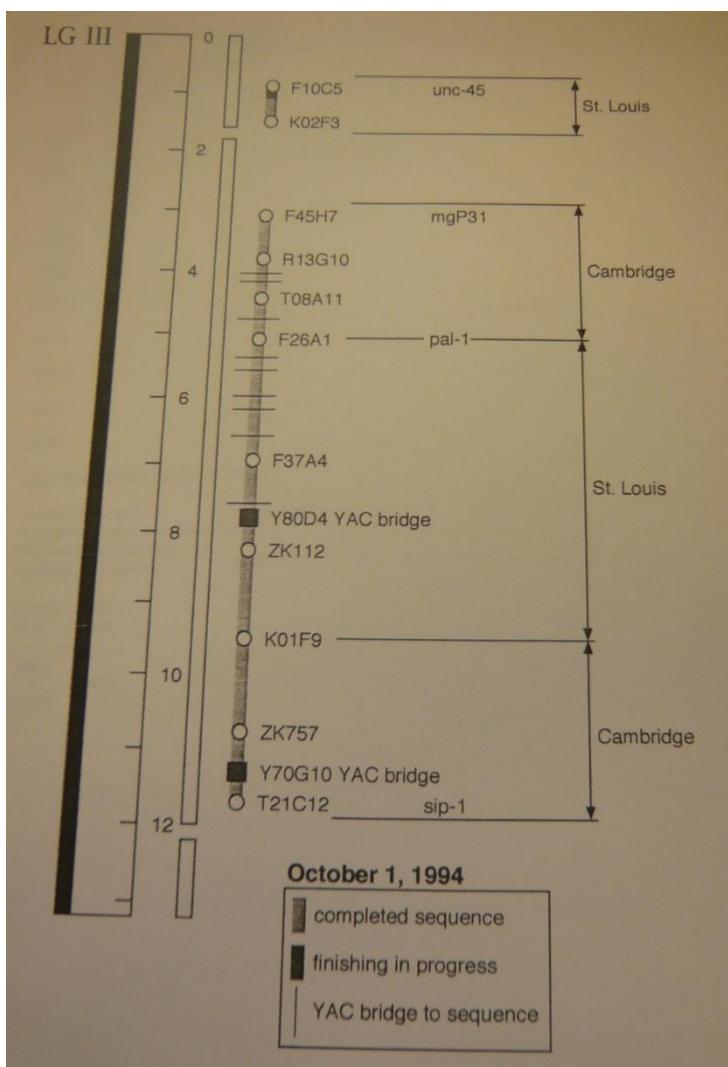


Abb. 3: mit freundlicher Genehmigung bereitgestellt von der Wellcome Collection.

Abgebildet ist die dritte “linkage group” (LG III) des Genoms des Fadenwurms, die mit seinem dritten Chromosom korrespondiert. Eingezeichnet sind die einzelnen Cosmid-Klone mit ihrer Benennung sowie einzelne Gene, die auf diesem Chromosom sitzen. Das Gen mgP31 beispielsweise erstreckt sich von Cosmid F45H7 bis Cosmid F26A1 und wird laut Beschriftung vom Labor in Cambridge sequenziert. Daran schließt das Gen pal-1 an, das sich von letzterem Cosmid bis zu K01F9 erstreckt und von St. Louis bearbeitet wird. Diese abwechselnde Verteilung findet sich auf der ganzen abgebildeten Karte zu LG III. Eingezeichnet sind des Weiteren die Stellen, an denen die Cosmide nicht den ganzen DNA-Abschnitt abdecken, sondern die Lücke in der Karte von einem YAC-Klon überbrückt wird, sowie der Stand der Arbeiten. Bei letzterem wird zwischen fertiggestellter Sequenz und dem laufenden Abschlussprozess (dem “finishing”) unterschieden. Die Sequenz des Chromosoms ist zum Zeitpunkt der Erstellung des Schaubilds fast fertig gestellt. Die

¹⁷⁴ Wellcome Collection, PP/SUL/B/2/1/1 Indecent Proposal, Visualisierung der Arbeitsteilung, 01.10.1994.

Aufteilung der Arbeit durch die physische Karte machte es möglich, koordinierte Startpunkte zu identifizieren. Dabei wurde zunächst darauf geachtet, dass sich die sequenzierten Abschnitte nicht überlappten. Sulston und Waterston starteten etwa am selben Punkt eines Chromosoms und sequenzierten in unterschiedliche Richtungen. Auf diese Weise hatten sie "only one overlap between the labs to worry about per chromosome."¹⁷⁵

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass eine Interdependenz aus unterschiedlichen Gründen vorliegen kann: die Arbeit der beiden Gruppen konnte auf wissenschaftlicher Ebene oder auf der Antrags- und Verantwortlichkeitsebene voneinander abhängen. Auf der wissenschaftlichen Ebene hingen entweder die Methoden und Arbeitsschritte voneinander ab, was ich als enge Interdependenz bezeichne, oder das gemeinsame Projekt als solches führte zur Interdependenz, was ich als grundlegende Interdependenz bezeichne. Eine Abhängigkeit oder Interdependenz auf wissenschaftlicher Ebene hängt also eng zusammen mit den verwendeten Methoden und mit der Form der Arbeitsteilung. Prinzipiell existierte auch bei der Sequenzierung eine positive Interdependenz zwischen den Akteuren, weil man sich für ein gemeinsames Projekt entschieden hatte, bei dem ein gemeinsames Ergebnis produziert werden sollte: die vollständige Sequenz des Fadenwurms. Um dieses Ziel zu erreichen, mussten beide Labore ihren Anteil der aufgeteilten Arbeit erledigen, und die Ergebnisse mussten in ein gemeinsames Ganzes integriert werden.

Die Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms auf diese kooperative Weise durchzuführen, war auch das, was die Wissenschaftler bei den Forschungsförderungsinstitutionen angekündigt hatten und wofür die Gelder bewilligt worden waren. Der Erfolg des Projektes hing somit auf wissenschaftlicher Ebene und finanziell-administrativer Ebene davon ab, dass beide Kooperationspartner ihre Arbeit erfolgreich durchführten. Die Aufteilung der Arbeit und die Beschaffenheit der Arbeit, die die jeweiligen Kooperationspartner einbringen, variieren in verschiedenen Formen der Kooperation. Leistet ein Kooperationspartner Zuarbeit zum Projekt von anderen Forschenden? In diesem Fall liegt die Hauptverantwortung für das Projekt nach wie vor bei demjenigen Partner, der die Zuarbeit zulässt, sowie die Ergebnisse zusammenträgt, synthetisiert und in ihre Endform bringt. Davon zu unterscheiden ist etwa der Fall, dass beide Kooperationspartner im selben Maße für das Projekt verantwortlich sind und die Arbeit zu gleichen (oder: gleichwertigen) Teilen untereinander aufteilen.¹⁷⁶

Bei der physischen Kartierung trat Waterston nach Projektbeginn hinzu, indem er eine wesentliche methodische Neuerung vorschlug. Zuvor hatte er ja nicht mit Sulston und Coulson an der Organisation des gesamten Genoms geforscht, sondern an der Isolation von Genen, die für die Muskulatur und Bewegungsfähigkeit des Fadenwurms (mit-)verantwortlich sind. Die Wissenschaftler entschlossen sich dazu, Waterstons Vorschlag umzusetzen und in eine Kooperation einzutreten. In der darauffolgenden Zeit leistete Waterston Zuarbeit zum Projekt von Sulston und Coulson, indem er die YAC-Bibliothek anfertigte und einen Teil der Hybridisierungsexperimente durchführte, deren Ergebnisse er dann an das LMB sandte. Dort führten Sulston und Coulson ebenso Hybridisierungsexperimente durch und sammelten die Daten und Ergebnisse aus den Hybridisierungsexperimenten beider Labore. Sie führten das Fingerprinting der Cosmide durch und pflegten die Klone, die von den anderen *C. elegans* Forscher:innen eingesendet

¹⁷⁵ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 78.

¹⁷⁶ Maienschein 1993, Why Collaborate; Musil-Gutsch/Nickelsen 2020, Ein Botaniker in der Papiergeschichte.

wurden, sowie die gebündelten Informationen aus allen vorher genannten Schritten in die Karte ein. Zudem integrierten sie die Genkopplungskarte und die physische Karte zu einer sog. Genome Map. Dies war zum einen notwendig, um die physische Karte in der durch die Genkopplungskarte vorgezeichneten Geografie des Genoms zu verankern und zum anderen, um die Ergebnisse bei der Erstellung der physischen Karte zu überprüfen.

Die wissenschaftliche Hauptverantwortung verblieb demnach bei den Forschenden am LMB. Erstens entschieden sie darüber, Waterston als Kooperationspartner aufzunehmen, und unter welchen Bedingungen dies geschehen sollte. Zweitens führten sie eine deutlich umfangreichere Menge an Arbeitsschritten durch und drittens bündelten und integrierten sie die Ergebnisse aller Experimente zur physischen Karte.¹⁷⁷ Wie die Verantwortlichkeit für das Projekt aufgeteilt war, können wir auch sehen, wenn wir uns kurz vorstellen, die Kooperation wäre nicht zustande gekommen oder sie wäre etwa an internen Meinungsverschiedenheiten gescheitert. Sulston und Coulson wären am LMB durchaus in der Lage gewesen, die physische Karte ohne Waterston zu erstellen – sie hätten dafür auf die YAC-Technologie verzichten und eine andere Lösung finden müssen. Dies hielten sie für möglich, wenngleich sie dafür einen entsprechend längeren Zeitraum benötigt hätten. Die Schritte jedoch, die Waterston übernahm, hätten allein nicht in einem sinnvollen Zeitraum zur Erstellung einer physischen Karte geführt, zumal der Fokus von Waterstons Laborgruppe zu diesem Zeitpunkt noch deutlich auf der Erforschung der Muskulatur von *C. elegans* lag.¹⁷⁸

Waterston nahm während seines Aufenthalts am LMB das epistemische Ziel der physischen Kartierung als sein eigenes an und wurde zum Kooperationspartner Sulstons und Coulsons, indem er Zuarbeit zu ihrem Projekt leistete. Auf der Ebene der Förderstrukturen war die Arbeit beider Labore nicht miteinander verknüpft: Sulston und Coulson waren auch nach Abgang Brenners durch die Gelder des LMB finanziert und Waterstons Labor war von den NIH finanziert und vereinte zudem eine Menge anders gelagerter Projekte unter seinem Dach. Für seinen Anteil an der Kartierung warb Waterston dann eigens Gelder ein. Im Unterschied dazu war Waterston bei der Sequenzierung des Genoms bereits an der Konzeption des Projekts und der Einwerbung der Gelder beteiligt. Das epistemische Ziel war von Anfang an das Anliegen beider Forscher. Gleichzeitig übernahm Waterston auch gegenüber den Forschungsförderungsinstitutionen von Beginn an Verantwortung für das Projekt, ja, seine Beteiligung war unabdingbar für die erfolgreiche Einwerbung der Gelder gewesen. Dies kann als Motivation für das Zustandekommen der Kooperation gelesen werden.¹⁷⁹ Auf finanzieller und administrativer Ebene waren die beiden Labore im Zuge der Sequenzierung demnach stärker miteinander verbunden als noch bei der physischen Kartierung. Doch dies bedeutete nicht, dass die Zusammenarbeit korrespondierend damit auch auf wissenschaftlicher Ebene enger geworden war.

¹⁷⁷ Maienschein 1993, Why Collaborate, S. 170 f.

¹⁷⁸ Schütz, 22.07. und 26.08.2022: Interview mit Waterston.

¹⁷⁹ Maienschein 1993, Why Collaborate, S. 167.

Zwischenfazit

Die Veränderungen in der Kooperation zwischen den beiden Fadenwurm-Projekten lassen sich wie folgt resümieren. Bei der physischen Kartierung waren die einzelnen Arbeitsschritte, die Sulston, Coulson und Waterston untereinander aufteilten, voneinander abhängig. Deshalb war die Arbeit der beiden kooperierenden Labore auf der wissenschaftlichen Ebene eng verzahnt, wenngleich es keine gemeinsamen Gelder und keine gemeinsame Administrationsstruktur gab. Bei der Sequenzierung hingegen wurden zwar die Gelder gemeinsam eingeworben, dafür wurde die Arbeit auf eine andere Weise unter den Forscher:innen aufgeteilt und die Arbeit der beiden Labore war auf wissenschaftlicher Ebene nicht so eng verzahnt. Eine der Diskontinuitäten zwischen den beiden Projekten ist somit: auf Ebene der Fördergelder wurde die Zusammenarbeit enger – ja, die Zusammenarbeit machte das erfolgreiche Einwerben der Gelder in besonderem Maße möglich. Auf der wissenschaftlichen Ebene wurde die Zusammenarbeit jedoch nicht in korrespondierendem Maße enger, sondern im Gegenteil: die Arbeitsschritte wurden unabhängiger voneinander durchgeführt. Wie eine Kooperation auf den Ebenen der epistemischen Arbeitsteilung und der finanziell-administrativen Struktur ausgeprägt ist, ist somit nicht voneinander abhängig, sondern in diesen Teilbereichen können die Verhältnisse unterschiedlich ausgestaltet sein, ohne einander zwangsläufig in eine bestimmte Richtung zu beeinflussen.

Doch es bestanden auch Kontinuitäten. Das wird deutlich an der Art und Weise, wie Sulston und Waterston mit Überschneidungen zwischen ihren Arbeitsschritten umgingen: sie versuchten, sie größtenteils zu vermeiden, doch wo dies nicht möglich war, versuchten sie, den größtmöglichen Nutzen für ihr Projekt herauszuschlagen. Auch das Verhältnis zu den anderen *C. elegans* Laboren wurde nach wie vor möglichst fair und kommunikativ geregelt. Bei beiden Projekten stand durchweg die besonders geschickte Durchführung der Forschungsarbeit im Zentrum. Generell ist zu betonen, dass die kooperative Haltung der Forschenden sich wie ein roter Faden durch die Geschehnisse zieht und auch den Umgang mit potenziellen oder virulenten Spannungen prägt. Eine der Kontinuitäten zwischen den beiden Projekten ist: bei beiden Projekten war die intellektuelle Kooperation zur Methodenfindung und Technologieentwicklung besonders relevant; unabhängig davon, wie eng die Arbeitsschritte miteinander verzahnt waren. Die Kooperation von Forschenden auf der intellektuellen Ebene ist somit zu unterscheiden von der Kooperation auf der Ebene der alltäglich zu leistenden Arbeit. Aus diesen Befunden lassen sich denn auch Aussagen über Kooperation als soziologischen Modus ableiten. Kooperation kann auf unterschiedlichen Ebenen stattfinden: auf der wissenschaftlichen Ebene, aber auch im Bereich der Fördergelder und der Administration. Auf der wissenschaftlichen Ebene ist zwischen der intellektuellen Kooperation zur Schaffung von neuen Ideen oder Problemlösungen auf der einen Seite und der arbeitspraktischen Kooperation (i.S.v. Arbeitsteilung) zur Durchführung der Forschungsarbeit zu unterscheiden. Die Abhängigkeiten zwischen den Kooperationspartnern, bzw. ihrer Arbeit und ihren Zielen, können dabei unterschiedlich stark ausgeprägt sein (einseitige Abhängigkeit oder unterschiedlich gewichtete Interdependenz) und auf den soeben genannten Ebenen stattfinden.

Mit dem Projekt zur Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms trugen Sulston und Waterston zur Herausbildung eines neuen Forschungsfeldes bei: der Genomik. Die Genomik fokussierte auf die Sequenzierung gesamter Genome und damit auf die (halb-)automatisierte Erwirtschaftung großer Mengen biologischer Daten, die in Datenbanken gesammelt wurden. Im Zuge dessen verstärkte sich auch die

Zusammenarbeit mit Computeringenieur:innen und Softwareentwickler:innen. Zwischen der Molekularbiologie und -genetik und der Genomik existierten personelle Kontinuitäten, dies zeigt sich eben auch an Sulston und Waterston, die zuvor molekulargenetische Forschung an *C. elegans* betrieben hatten und sich in der zweiten Hälfte der 1980er immer mehr dem Large-Scale Sequencing zuwandten. Auf diese Weise schärften Sulston und Waterston ihr wissenschaftliches Profil gerade auch in Unterscheidung zu ihrem ehemaligen Vorgesetzten Sydney Brenner.¹⁸⁰ Die physische Kartierung des Fadenwurms war noch unter Brenners Leitung initiiert worden, der zentrale methodische Bausteine (die Anpassung des Fingerprints für die Kartierung) beitrag und auf der Publikation von Oktober 1986 als dritter von fünf Ko-Autoren erschien. Die Sequenzierung des Genoms wurde dann jedoch von Sulston und Waterston gemeinsam und unabhängig von Brenner konzipiert, eingeworben und durchgeführt, ihre Kooperation wurde in diesen Jahren enger. Mit der Sequenzierung des gesamten Genoms des Fadenwurms trug Sulston zur Schaffung seines eigenen wissenschaftlichen Profils bei und begann, unabhängig von Sydney Brenner zu agieren.¹⁸¹

Einwerbung der Gelder

Wissenschaftler und Administratoren der britischen und US-amerikanischen Genomprojekte sowie Akteure aus der Politikberatung reflektierten über die Konzeption, den Aufbau und die Durchführung der Projekte. Gerade in der Frühphase der Projektkonzeption sondierten verschiedene Expertengremien die wissenschaftliche Lage, mögliche Vorgehensweisen und publizierten Evaluationsberichte. Dabei zeigt sich das große Interesse, das Regierungsinstitutionen an den Entwicklungen und an der Förderung von Genomprojekten hatten. Beispielsweise waren sowohl im UK als auch in den USA Gremien an den Projektkonzeptionen beteiligt, die die jeweiligen Regierungen in Fragen der Wissenschaftspolitik und Forschungsförderung berieten und besonders zukunftsträchtige Technologien identifizierten. Durch gezielte Förderung sollten Innovationen und wirtschaftliche Verwertungsprozesse angeregt werden, die von großem ökonomischen Interesse sein sollten, aber auch die Profilierung der jeweiligen Nation erreicht werden. Im UK war das das Advisory Council of Science and Technology mit seinem Komitee "Sub-Group on Emerging Technologies" – sowie randständig das Advisory Council on Applied Research and Development und das Advisory Board for the Research Councils. In diesen Kontexten warben Sulston und Waterston gemeinsam die Gelder für die Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms ein. Dabei waren sie aufgrund ihrer Kooperation besonders erfolgreich. Erstens bedeutete ihre Kooperation, dass sie sich in zwei nationalen Kontexten um Fördergelder bewerben konnten. Zweitens konnten sie zudem auf Gelder zugreifen, die gesondert für internationale Kooperationsvereinbarungen bereitgestellt wurden. Drittens beschleunigte die wissenschaftlich-ökonomische Konkurrenz zwischen ihren Herkunftsstaaten die Entwicklungen auf eine positive Weise.

Im Frühjahr 1989 fand die *C. elegans* Konferenz im Cold Spring Harbor Laboratory statt, auf der unter anderem die fast fertiggestellte physische Karte von *C. elegans* präsentiert wurde. Im Umfeld dieser Konferenz fand ein Treffen zwischen Sulston, Waterston, Bob Horvitz und James Watson statt. Watson

¹⁸⁰ Hackett 2005, Essential Tensions, S. 792 ff.

¹⁸¹ Ebd., S. 790.

war zu diesem Zeitpunkt sowohl Direktor des CSHL als auch Direktor des Office for Human Genome Research. Horvitz war weder an der physischen Kartierung noch an der Sequenzierung von *C. elegans* beteiligt, doch bevor er zwischen 1974 und 1978 Postdoc in Brenners Abteilung war, hatte er im Labor von Walter Gilbert und James Watson in Harvard seinen Doktortitel erlangt. Deshalb fungierte er als Kontaktperson zwischen Sulston, Waterston und Watson. Das OHGR war eine eigens gegründete Abteilung innerhalb der National Institutes of Health, von der aus die Konzeption und die Administration des HGP koordiniert und geleitet wurden. Bei dem Treffen mit Watson wurde über die Möglichkeit gesprochen, das Sequenzierungsprojekt am Fadenwurm im Zuge der US-amerikanischen Genominitiative zu fördern. Sulston und Waterston entschieden sich dazu, das Projekt zwischen den Laboren in England und in den USA aufzuteilen und die Sequenzierung kooperativ durchzuführen. Denn von Seiten des OHGR bestand durchaus Interesse, das Projekt als Pilotprojekt in das US HGP zu integrieren, so kommunizierte es ihnen Watson.

Bei diesem Treffen wurde somit der Grundstein der wissenschaftlichen Kooperation von Sulston, Waterston und ihren Teams zur Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms gelegt. In den Monaten darauf begannen die Forschenden damit, die Gelder dafür bei NIH und MRC zu beantragen. Gleichzeitig wurde bei dem Treffen betont, dass sich das Projekt zur Sequenzierung des Fadenwurms kompetitiv gegen andere Gruppen, die die Genome von Modellorganismen sequenzierten, durchsetzen müsste. Nach Abschluss der dreijährigen Entwicklungsphase des Projektes sollte die Bewilligung weiterer Förderungsgelder durch die NIH davon abhängen, inwieweit die Sequenzierung des Fadenwurms weiterhin Erfolg versprach. Horvitz schreibt in den Notizen, die er sich während des Treffens machte: "but that is a decision that will have to wait for us to produce evidence of our capabilities."¹⁸² Die Ergebnisse der Arbeit sollten an den folgenden Parametern gemessen werden: an der Menge der Basen, die sequenziert wurden (sprich am Durchsatz), sowie an den Kosten pro sequenziertener Base.¹⁸³

Dabei ging es dezidiert auch um die Integration von Sulstons Projektanteil. Watson machte den Vorschlag, dass das OHGR als weiterer Förderer zu dem Projekt hinzutreten und die Förderungsgelder aus dem UK oder der Europäischen Gemeinschaft, die noch eingeworben werden mussten, ergänzen könnte.¹⁸⁴ Sulston wandte sich bei seiner Suche nach Finanzierung unter anderem an die Europäische Gemeinschaft und an den Wellcome Trust – in beiden Fällen ohne Erfolg. Der Wellcome Trust lehnte die Förderung der Sequenzierung des Fadenwurms ab, da diese als biologische Grundlagenforschung gewertet wurde, der Trust allerdings "medical research, but not development" finanzierte.¹⁸⁵ Die Sequenzierung des menschlichen Genoms ab 1994 (Einwerbungsprozesse ab 1992/3) wurde dann nicht mehr als entfernte biologische Grundlagenforschung gewertet und die Förderung durch den Wellcome Trust kam zustande. Das wissenschaftliche und wirtschaftliche Interesse an der Sequenz des Menschen für die biomedizinische Forschung und die Entwicklung von Medikamenten galt als unmittelbarer und der Trust hatte in der Zwischenzeit eine deutlich erhöhte Finanzkraft erlangt. Doch diesen Fragen widmet sich ein späterer Teil

¹⁸² Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/2 MRC, Horvitz' Notizen des Treffens zwischen amerikanischen und britischen Wissenschaftlern, Frühjahr 1989.

¹⁸³ PP/SUL/A/2/1/2, Horvitz' Notizen, Frühjahr 1989.

¹⁸⁴ Ebd.

¹⁸⁵ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/8 Wellcome Trust, Schreiben von Michael Morgan, Programme Director Molecular & Cell Science, an John Sulston, 25.10.1989.

der vorliegenden Arbeit. Für die Sequenzierung von *C. elegans* betrachtete sich der Trust sich im Herbst 1989 jedenfalls nicht als der richtige Ansprechpartner und zwischen Sulston und Michael Morgan, dem damaligen Programme Director des Bereichs Molecular & Cell Science, kam keine weitere Besprechung und kein Treffen zustande. Auch im Zuge der europäischen Förderprogramme konnte keine Förderung von Sulstons Anteil am *C. elegans* Projekt erlangt werden.

Eigentlich wäre der Medical Research Council als hauptsächlicher staatlicher Förderer biologischer und biomedizinischer Forschung im UK die erste Anlaufstelle Sulstons gewesen. Doch erst durch die von Watson zugesagte Bereitschaft des US-amerikanischen OHGR, das Projekt am Fadenwurm als Pilotprojekt zu integrieren und den Projektanteil von Sulston finanziell zu unterstützen, konnte der MRC überzeugt werden, die fehlenden Gelder aufzubringen. Dies werde ich im Folgenden nachzeichnen. Zwei Monate nach dem ersten Treffen von Sulston, Waterston und Horvitz mit Watson, also am 21.07.1989, entsandte das OHGR ein Schreiben an den MRC, in dem das Interesse offiziell bekundet wurde.¹⁸⁶ Darin wurde der wissenschaftliche Nutzen der Sequenz des Fadenwurms an sich betont, aber auch die Absicht, mit Hilfe dieses Projekts die Sequenzierungstechnologien weiterzuentwickeln. Besonders hervorgehoben wurden die in dieser Gruppe vorherrschenden Praktiken der Kooperation:

“This is clearly an impressive group of investigators, with an admirable track record of productivity and support of their research community, who provide a model example of collaboration and international interaction.”¹⁸⁷

Alles in allem zeigte sich das OHGR enthusiastisch, das Sequenzierungsprojekt am Fadenwurm in das HGP zu integrieren, die kooperativen Praktiken innerhalb der beiden Laborgruppen und ihr gutes Verhältnis zu den restlichen *C. elegans* Laboren waren dafür ebenso ausschlaggebend wie der wissenschaftliche Nutzen des Projekts und ihre allgemeine Exzellenz.

Ein weiterer Grund für das Interesse des OHGR und damit der NIH waren die Kosteneinsparungen, die im Falle internationaler Kooperationen erwartet wurden. In dem Dokument, in dem die wissenschaftliche und administrative Herangehensweise der ersten fünf Jahre des US-amerikanischen HGP festgelegt wurden, finden sich entsprechende Abschnitte darüber, dass internationale Kooperation aus diesem Grund zu ermutigen sei.¹⁸⁸ Und auch bei der Bewerbung der nationalen Genominitiative gegenüber der Politik wurden die potenziellen Einsparungen besonders hervorgehoben. Bei einer Anhörung des Subcommittee on International Scientific Cooperation des House of Representatives 1989 argumentierte Jim Watson, dass man das Humangenomprojekt zwar durchaus zur Gänze in den USA durchführen könnte, dass es jedoch Sinn machen würde, “to reduce the cost to the American public by some form of sharing.”¹⁸⁹

¹⁸⁶ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/2 MRC, Schreiben von der Direktorin des OHGR der NIH an Beamte des MRC, 21.07.1989.

¹⁸⁷ PP/SUL/A/2/1/2, Schreiben von der Direktorin des OHGR der NIH an Beamte des MRC, 21.07.1989.

¹⁸⁸ McGourty, Christine: Speak Softly or Carry a Big Stick. In: Nature Vol. 341 (1989), No. 6244, S. 679; sowie NIH/DoE 1990, The First Five Years, S. 36.

¹⁸⁹ Vgl. McGourty 1989, Speak Softly, S. 679.

Bei dem internen Treffen mit den *C. elegans* Forschern hatte Watson für den Miteinbezug der USA in ein Projekt argumentiert, das aus wissenschaftlicher Perspektive prinzipiell auch in England durchgeführt werden könnte. Vor dem House of Representatives als Publikum rechtfertigte er dann die Kooperation mit England und verwies auf die finanziellen Vorteile, die diese haben würde. Denn auch in den USA hatte die Stärkung der eigenen Forschenden und ihrer Projekte Priorität, zumal es kritische Stimmen gab, die die Befürchtung ausdrückten, dass die USA durch zu viele internationale Kooperationen die internationale Biotechnologieindustrie subventionieren – und damit den eigenen competitiven Vorteil mindern – würden. Das Subkomitee, vor dem Watson sprach, befasste sich mit dieser Problematik und betonte die Notwendigkeit, eine eigene starke und konkurrenzfähige Biotechnologieindustrie in den USA zu haben.¹⁹⁰ Doch selbstverständlich war es trotzdem ein attraktives Argument, Kosten einzusparen, indem auf die Expertise und Arbeitskraft internationaler Forschender zurückgegriffen werden konnte. Hierbei wurde die Gratwanderung zwischen internationaler Kooperation und Konkurrenz wie selbstverständlich vollzogen.

Aufgrund der wirtschaftlich-kompetitiven Überlegungen konnte die Förderung ausländischer Projekte durch US-amerikanische Forschungsförderungsinstitutionen jedoch nur unter gewissen Bedingungen geschehen. Zum einen mussten auch von der betreffenden Nation Fördergelder bereitstehen, und zum anderen mussten die Kooperationspartner eine “unique contribution that cannot readily be duplicated in the United States”¹⁹¹ einbringen. So betonte Waterston in seinem Forschungsantrag für die NIH die Pionierrolle, die Sulston und Coulson bei der Kartierung des Fadenwurms und bei der Analyse von Genomen im Allgemeinen hatten, und bezeichnete ihre Teilnahme am Projekt als “essential to a successful outcome for the project”¹⁹² Die Unterteilung des Projektes in drei Phasen, von denen erst die letzte die Produktionsphase war, war hier von zentralem Vorteil. Denn so ließ sich argumentieren, dass in der ersten Phase tatsächlich zentrale Expertise vom Team am LMB eingebracht wurde. Nachdem die wissenschaftlichen und technologischen Grundlagen für das Projekt geschaffen wurden, sollte man die Sequenzierungskapazitäten langsam erhöhen und nach einer Pilotsequenzierung zur Sequenzierung des gesamten Genoms übergehen – eine Arbeit, für die man dann nicht mehr unbedingt hochkarätige internationale Expertise benötigte, sondern viele fleißige Hände. Das bedeutete aber auch, dass die Erlangung US-amerikanischer Förderungsgelder für das Team um John Sulston bei Eintritt in die Pilot- und Produktionsphasen problematisch werden würde.¹⁹³

Das Interesse des OHGR war durch das Versenden eines Schreibens an den MRC auf offiziellem Wege bekundet worden. Dies schuf eine gute Argumentationsgrundlage für Sulstons Projektantrag beim MRC in der zweiten Hälfte des Jahres 1989. Darin weist Sulston explizit darauf hin: “Our major reason for contemplating it [the project, Anm. MS] at present is that we have been encouraged to expect extensive support from the U.S. Human Genome Initiative.”¹⁹⁴ Sulston führte die Beteiligung der NIH auf diese Weise an, um den MRC mit zwei Argumenten zu überzeugen. Zum einen stand ein Teil der notwendigen Gelder bereits in Aussicht und die Förderung von Sulstons Projektanteil war entsprechend günstiger geworden.

¹⁹⁰ Vgl. McGourty 1989, Speak Softly, S. 679.

¹⁹¹ NIH/DoE 1990, The First Five Years, S. 36.

¹⁹² Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/5 NIH Grant Application, 1989/1990, nähere Datierung nicht möglich.

¹⁹³ Wellcome Collection PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston und Coulson, 18.05.1991.

¹⁹⁴ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/3 MRC Grant Application.

Zum anderen bedeutete das Interesse der US-amerikanischen NIH, dass der hauptsächliche Konkurrent des UK auf internationalem Parkett Interesse an der Forschung John Sulstons gewonnen hatte. Dieses Argument sollte das Interesse des MRC intensivieren. Durch die Förderung der Sequenzierung des Fadenwurms bestand die Möglichkeit, so Sulstons Argumentation, die Anschlussfähigkeit der britischen Wissenschaft an internationale Spitzenforschung zu sichern und dies sogar verhältnismäßig günstig, da die Finanzlast nicht alleine zu tragen wäre.¹⁹⁵ Jedenfalls ließ sich der MRC davon überzeugen, dass auch von den NIH Gelder erwartet wurden. Dies geht aus einem vertraulichen Schreiben des Direktors Dai Rees an John Sulston vom 06.06.1990 hervor. Darin heißt es:

"I have now had verbal reassurances from NIH that they are going to make an award for the C. elegans work, but the final sum has yet to be agreed. Under these circumstances, the MRC is in a position to make a formal offer with respect to the staff appointments on this grant in order that you will not lose good candidates."¹⁹⁶

Die Zusicherung der NIH, sich an der Förderung des Projektes zu beteiligen, war also positiv wirksamäßig für das Zustandekommen der Förderung des Projektes durch den MRC. Erst nach erhaltener verbaler Bestätigung durch die NIH sagte Rees Sulston die Gelder zu. Dem OHGR wiederum bestätigte Rees die Zusage des MRC in einem offiziellen Schreiben vom 20.07.1990. Darin wies Rees explizit darauf hin, dass es sich der MRC vorbehalte, diese Vereinbarung erneut zu verhandeln, falls man in finanzielle Schwierigkeiten geraten sollte, und gezwungen sei, die Gelder für die Sequenzierung zu kürzen.¹⁹⁷ Der MRC wollte sich nicht für die durchgängige Förderung der Sequenzierung des Fadenwurms verpflichten, sondern sich stattdessen eine Abkehr davon offenhalten.

Auch bei der Konzeption und der Geldereinwerbung für das UK HGMP Ende der 1980er wurde immer wieder betont, wie wichtig die Beteiligung des UK an der internationalen Genomforschung für dessen wissenschaftliche und ökonomische Konkurrenzfähigkeit sei. Wie in den USA sollten auch im UK durch die Förderung von internationaler Kooperation wissenschaftliche Möglichkeiten generiert werden, die inländisch nicht geboten werden konnten. Bei einer Anhörung des House of Lords Select Committee on Science and Technology im November 1990 wurde die Genomforschung am Menschen durch den MRC explizit als Beispiel eines solchen Falles angeführt: "complexity and/or cost" des Projektes machten internationale wissenschaftliche Kooperation aus Perspektive des MRC notwendig.¹⁹⁸ Der Zusammenschluss in internationalen Kooperationen wurde also auf beiden Seiten des Atlantiks als Möglichkeit gesehen, sich unter verringriger Finanzlast an international relevanter Forschung zu beteiligen. Weshalb man sich an bestimmten Projekten beteiligen wollte, war dabei durchaus kompetitiven Erwägungen geschuldet: an einer nationalen Genominitiative hatte die jeweils

¹⁹⁵ National Archives, FD7 2738 HGMPAB, Schreiben von Dai Rees (MRC) an David Phillips, 03.03.1988.

¹⁹⁶ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/1 Sequencing Proposal, Schreiben von Dai Rees (MRC) an Sulston, 06.06.1990.

¹⁹⁷ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/4 NIH, Schreiben von Dai Rees (MRC) an das OHGR der NIH, 20.07.1990. Unterstreichungen im Original.

¹⁹⁸ Bodleian Library, MS. Eng. c. 5503 072 House of Lords Select Committee on Science and Technology, Memorandum by the Medical Research Council, November 1990, S. 206.

konkurrierende Nation Interesse gezeigt. Zudem wurden vom Humangenomprojekt mittel- und langfristig große wirtschaftliche Gewinne erwartet – hier steht eine Bewertung aus der Retrospektive noch aus.¹⁹⁹

Der Direktor des MRC, Dai Rees, wandte sich an den Vorsitzenden des Advisory Board for the Research Councils (ABRC), Sir David Chilton Phillips, um ein Budget für die Förderung der Genomforschung zu akquirieren. Rees betonte in einem Schreiben vom 03.03.1988, dass man sich einig darüber sei: “that it was important for the UK to be active in this field, in order to negotiate from strength in relation to developments overseas (...).”²⁰⁰ Das ABRC war eine Anlaufstelle für Rees’ Argumentation, weil die Körperschaften und Gremien der Forschungsförderung, darunter auch das ABRC, im Rahmen der Public Expenditure Survey (PES) jährlich Gelegenheit hatten, Empfehlungen über Budgetallokationen an die Regierung zu richten. Neben dem ABRC hatte auch das Advisory Council on Science and Technology (ACOST) die Aufgabe, relevante Forschungsfelder zu identifizieren und der Regierung deren Förderung zu empfehlen. Bei beiden Gremien leisteten Forschende (so etwa auch Brenner) und Beamte des MRC Überzeugungsarbeit für die Förderung eines UK HGMP. Dieses Vorgehen zeitigte handfeste Erfolge: im April 1989 standen gesonderte Gelder für das UK HGMP zur Verfügung: insgesamt 11 Millionen Pfund für die ersten drei Jahre, danach sollten circa 4,6 Millionen Pfund pro Jahr bewilligt werden.²⁰¹

Nicht nur Sulston argumentierte gegenüber dem MRC unter Rückgriff auf das internationale Konkurrenzverhältnis, sondern derlei Argumente wurden auch höher in der Hierarchie verwendet, das zeigte der Briefwechsel zwischen Rees und Phillips. Die Forschungsförderungsinstitutionen selbst mussten sich bei den jeweiligen Regierungen und ihren Institutionen um die Allokation ihrer Gelder bewerben. Wissenschaftler und Beamte des MRC bewarben die Genomik (Genetik, Molekularbiologie und Genomforschung) gegenüber ABRC und ACOST als neues Forschungsfeld, das von großem wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Interesse für das UK als führende Industrienation sein würde.²⁰² Die verschiedenen Ressorts der Forschungsförderung standen dabei gewissermaßen in einem Konkurrenzverhältnis zueinander, da auch die insgesamt vergebenen Gelder begrenzt waren und es durchaus um Konjunkturen verschiedener Forschungsfelder und Disziplinen ging.

Die Teilhabe an internationaler Spitzenforschung sollte die Kompetitivität der jeweils eigenen Wissenschaften sichern und gewährleisten, dass einheimische Wissenschaftler:innen mit ihrer Expertise im Land verblieben und nicht abwanderten. Die Abwanderung renommierter Forschender und vielversprechenden wissenschaftlichen Nachwuchses aus dem UK in die USA oder aus der Wissenschaft in die Wirtschaft wurde insbesondere im UK in der zweiten Hälfte der 1980er unter dem Schlagwort “Brain Drain” besprochen.²⁰³ In den archivierten Unterlagen Sulstons finden sich handschriftliche Notizen, in

¹⁹⁹ Eine erfreuliche Bilanz von „finanziellem Aufwand und tatsächlichem Erkenntnisgewinn“ wird bei Nickelsen bereits in Zweifel gezogen. Nickelsen 2014, Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften, S. 372.

²⁰⁰ FD7 2738 HGMPAB, Schreiben von Dai Rees (MRC) an David Phillips, 03.03.1988.

²⁰¹ Cold Spring Harbor Laboratory Archives digitalisiert verfügbar über die Wellcome Collection, JDW/2/9/2/16, Vickers, Tony: MRC Review of the UK Human Genome Mapping Project. Project Manager's Report, 1992, S. 3.

²⁰² Bodleian Library, MS. Eng. c. 5503 072 House of Lords Select Committee on Science and Technology, Memorandum by the Medical Research Council, November 1990.

²⁰³ Vgl. etwa FD7 2738 HGMPAB, Schreiben von Dai Rees (MRC) an David Phillips, 03.03.1988; sowie Pearson, Richard: The Brain Drain is Here Again. In: Nature Vol. 319 (1986), No. 6048, S. 84; sowie Dickson, David: Britain Increases

denen er Argumentationslinien entwarf, die er gegenüber dem MRC anzubringen gedachte. Beispielsweise notierte Sulston, dass er den MRC nur aus einer Art Pflichtgefühl einladen würde, das Projekt zu fördern, da es einfacher und kostengünstiger sei, das Sequenzierungsprojekt zur Gänze in den USA durchzuführen.²⁰⁴ Diese Argumentation zeigt, dass Sulston den MRC zur Förderung bewegen wollte, indem er eine Drohung aussprach, die keineswegs ernst gemeint war – schließlich lag es nicht im Interesse Sulstons, das Sequenzierungsprojekt ohne seine Beteiligung in den USA durchgeführt zu sehen. An anderer Stelle vermerkt Sulston gar, dass er sich nötigenfalls gezwungen sähe, nach Frankreich oder in die USA auszuwandern, um dort an der Sequenzierung von *C. elegans* teilzuhaben, doch dazu sollte es bekanntlich nicht kommen.

Solche Argumentationen geschahen aus einer Position der Stärke: Sulston war sich der Tatsache bewusst, dass dem MRC durchaus daran gelegen war, ihn und seine Forschung an *C. elegans* in führender Position im Lande zu behalten. Davon legt die fortlaufende Förderung des Projekts bis zu dessen Abschluss durch den MRC Zeugnis ab. Denn das Projekt lag abseits vom wissenschaftlichen Schwerpunkt des UK HGMP und wurde gefördert, um zusätzlich alternative Methoden zu erproben. Entsprechend hatte Sulston in seinem Projektantrag für den MRC explizit im Hinblick auf das menschliche Genom argumentiert und betont, dass die beantragten Projektphasen diejenigen Teile des Projekts seien, "that are concerned with methodology, and are therefore expected to be useful for studies on other genomes, in particular of course the human genome."²⁰⁵ Der Fokus des UK HGMP lag nicht auf der Sequenzierung gesamter Genome. Da hierfür die umfangreiche Summe von £1.15 Millionen ausgegeben wurde, war es ein erstaunlicher Schritt, auch diese Herangehensweise pro forma zu erproben. Der MRC bemühte sich, zu betonen, dass die UK-Initiative sich deshalb nicht notwendigerweise auf das Large-Scale Sequencing konzentrieren würde. Eine Forschungsförderungsinstitution gibt nicht einfach mehrere Millionen Pfund aus, um pro forma eine nicht favorisierte wissenschaftliche Methode zu erproben und einen Forscher zu finanzieren, an dessen Verbleib ihr nicht gelegen wäre.

In einem internen Evaluationsbericht, der nach Ablauf der ersten drei Jahre vom MRC-Projektmanager Tony Vickers herausgegeben wurde, heißt es:

"Although large-scale sequencing is not a major focus of the UK project, some investment in that technology – to provide a test-bed to establish what level of performance, and at what cost, could be achieved in practice – was thought important, and the potential biological value was high, although the Committee stressed that the award should imply no commitment to full-length sequencing at a later stage."²⁰⁶

Deshalb wurde der wissenschaftliche Nutzen, den die Sequenz von *C. elegans* an sich hatte, von Sulston und Vickers ebenso hervorgehoben. Die vergangenen Erfolge der Kartierungsprojekte am Fadenwurm und

Science Spending: Concerned About the Brain Drain of Scientists to the U.S. and Elsewhere, Britain's Government is Expanding Support of Research. In: *Science* Vol. 230 (1985), No. 4730, S. 1144-1145.

²⁰⁴ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/1 Sequencing Proposal, Sulstons handschriftliche Notizen, 1989, nähere Datierung nicht möglich.

²⁰⁵ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/1/3 MRC Grant Application.

²⁰⁶ JDW/2/9/2/16, Vickers 1992, Project Manager's Report, S. 12.

sein internationales Renommeé als sehr gut erschlossener Modellorganismus dürften zumindest nahegelegt haben, dass auch die Sequenzierung seines Genoms durch das Spitzenteam an LMB (in Kooperation mit Waterston) wichtige Erfolge erzielen würde, auch für die molekularbiologische und -genetische Forschung abseits der Kartierung und Sequenzierung gesamter Genome.

Von besonderem Interesse für diese Untersuchung ist der explizite Hinweis darauf, dass man sich nicht auf eine weiterführende Förderung der Sequenzierung festlegen wolle. Hier kam es der Evaluation durch die Forschungsförderungsinstitutionen entgegen, dass das Projekt selbst wiederum in mehrere Phasen eingeteilt war – die Förderung der Entwicklungs- und Pilotphasen konnten auch gut als “test-bed” argumentiert werden, aber weiter musste man nicht zwingend gehen. Die Einteilung von Projekten in einzelne Projektphasen mit jeweils begrenzter Förderung stellte ein Mittel zur Evaluation und damit zur sanften Steuerung von Forschungsprozessen dar. So konnten die Forschungsförderungsinstitutionen – und dies gilt im vorliegenden Fall sowohl für den MRC als auch für die NIH – die Qualität der Ergebnisse regelmäßig überprüfen und den Erfolg verschiedener Teams oder verschiedener Methoden beurteilen.

Damit wurde die Konkurrenz um die begrenzten Fördergelder zu jeder Vergaberunde neu aufgerollt und nur der Erfolg (bzw. die positive Beurteilung der bisher geleisteten Forschungsarbeit) der Gruppen qualifizierte für die fortlaufende Förderung. Die Forschungsförderungsinstitutionen hatten dabei die Rolle eines Dritten im Sinne Simmels inne: sie beobachteten die geleistete Arbeit, beurteilten diese unter vergleichbaren, messbaren und nachvollziehbaren Kriterien²⁰⁷, und entschieden durch die Vergabe einer Prämie über die Gewinner der Konkurrenz – also darüber, welche Gruppen und welche Projekte fortlaufend gefördert werden sollten. Konkurrenz wurde dabei von den Forschungsförderungsinstitutionen auf beiden Seiten des Atlantiks bewusst und gezielt eingesetzt, um die Wissenschaftler:innen zu bester Leistung anzuspornen und die Geldvergabe möglichst effizient zu gestalten und Gelder nur an Gruppen zu vergeben, deren Arbeit Erfolg versprach.

Die Wissenschaftler:innen waren in entsprechende Dynamiken eingebettet. Auch die Forschungsförderungsinstitutionen waren in entsprechende Dynamiken eingebettet und die dort angestellten Personen mussten die entsprechenden Rhetoriken verwenden. Diese verweisen auf das Verhältnis der beiden Nationalstaaten, das ebenso von einem vielschichtigen Geflecht aus Kooperation und Konkurrenz geprägt war. Jede Partei, die sich in Konkurrenz zu anderen, vergleichbaren Parteien bei einer Stelle von Autorität um etwas bewirbt, versucht naheliegenderweise zu erahnen, welche Argumente geeignet sind, diesen Dritten zu überzeugen. Das Verhältnis zwischen Wissenschaftler:innen, Forschungsförderungsinstitutionen und Regierungsorganisationen lässt sich als Struktur verschiedener Konkurrenzverhältnisse beschreiben, in der jede Partei wiederum in weitere Konkurrenzverhältnisse

²⁰⁷ Auf welche vergleichbaren, messbaren und nachvollziehbaren Kriterien man sich bei der qualitativen und quantitativen Beurteilung von Sequenzierungsfortschritt stützen würde, war zunächst Gegenstand von Aushandlungsprozessen und Konstituierungsdiskursen. Um die Leistungsfähigkeit einer Gruppe zu beurteilen, orientierte man sich an der Menge der Basen, die sequenziert wurden (sprich am Durchsatz), sowie an den Kosten pro sequenziertener Base. Um die Qualität einer Sequenz zu beschreiben, einigte man sich auf die Zählung von „reads“ (Durchgängen beim Auslesen der Sequenz) unter der Annahme, dass mehr Durchgänge ein gründlicheres Ergebnis nach sich zogen.

eingebunden ist. Durch diese Beschreibung kann sichtbar gemacht werden, in welche Abhängigkeiten, Strukturen und Dynamiken die jeweiligen Akteure und Parteien eingebunden waren.

Ein Befund an dieser Stelle ist es, dass sich Konkurrenzdynamiken über die Ebenen hinweg vererben können. Wissenschaftler:innen müssen deshalb zu antizipieren versuchen, welche Argumente bei ihren übergeordneten Anlaufstellen gehört werden und gut ankommen. Ein weiteres Beispiel dafür ist das Argument der „Augenhöhe“. Der Zusammenschluss in einer Kooperation ermöglichte Sulston und Waterston insbesondere den Einsatz der Figur der „Augenhöhe“: aufgrund des kompetitiven Verhältnisses zwischen UK und USA sei es von besonderer Notwendigkeit, dass beide Labore auf Augenhöhe zueinander agieren und miteinander mithalten können, in Bezug auf die Fördergelder und in Bezug auf den wissenschaftlichen Erfolg. Dies erlaubte ihnen, immer wieder für die fortlaufende Förderung oder sogar die Erhöhung der Fördergelder zu argumentieren, insbesondere dann, wenn beispielsweise ein Kooperationspartner eine Erhöhung der Gelder erreichen konnte und der andere noch nicht.²⁰⁸

Ein Beispiel dafür war die Situation des englischen Anteils der Nematodensequenzierung nach dem Umzug in das 1993 gegründete Sanger Centre. Die Inbetriebnahme eines Großlabors mit mehreren Abteilungen zur Kartierung, Sequenzierung und Informatik sowie die Schaffung großer neuer Arbeitsgruppen zur Arbeit am menschlichen Genom sowie an *S. cerevisiae* band viele Energien, und das erfahrene Personal, das eigentlich mit der Sequenzierung von *C. elegans* befasst war, musste diese Abteilungen aus dem Boden stampfen und das neue Personal ausbilden. Aus diesem Grunde schritt die Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms nach dem Umzug nicht so schnell voran, wie dies ansonsten der Fall gewesen wäre. Sulston betonte an verschiedenen Stellen gegenüber den Geldgebern und gegenüber einflussreichen Persönlichkeiten der Wissenschaftslandschaft des UK, dass dem gegengesteuert werden müsse. Er brachte diese Forderung vor, indem er auf einen Vergleich mit dem US-amerikanischen Anteil des Nematodenprojekts abzielte:

“A way has to be found to propel UK nematode sequencing (debilitated by its heavy contribution to the start-up at Hinxton) at a rate commensurate with that of the US operation. This is vital for the health of the entire sequencing core.”²⁰⁹

Im Jahresbericht des Sanger Centres ein Jahr später wurde ähnlich argumentiert. Die Jahresberichte wurden für die Trägerfirma des Sanger Centre, Genome Research Limited, erstellt und stellten einen direkten und offiziellen Weg der Kommunikation zwischen dem Institut und seinen Geldgebern dar. Dinge, die an dieser Stelle geäußert wurden, dürften im Diskurs etabliert und von hoher Priorität sein. Dort heißt es:

“Meanwhile, however, the world has moved on. In 1993, Washington University Genome Sequencing Centre was awarded a grant of ~ £20M to sequence 50Mb of *C. elegans* in only five

²⁰⁸ Die Quellenzitate stammen zwar aus einer späteren Phase des Sequenzierungsprojektes am Fadenwurm (1993-1995), doch der Anschaulichkeit halber sollen sie dennoch an dieser Stelle angeführt werden.

²⁰⁹ Wellcome Collection, PP/SUL/B/1/1/2/22 GRL Background, The Sanger Centre Scientific Report, Conclusions and Recommendations, 24.06.1993.

years, and in order to achieve this target it will double its rate of sequencing in 1995/6. Continuing at its present pace is no longer an option if the Sanger Centre is to remain a significant partner in this enterprise.”²¹⁰

Hier zeigt sich, dass das Tempo der beiden Forschergruppen eng miteinander verknüpft war. Skalierte die eine Gruppe hoch, so musste dies die andere auch tun, da man sich nicht nur in einem kooperativen Gespann befand, sondern eben auch in einem kompetitiven Verhältnis. Dies war vor allem durch die Notwendigkeit der englischen Partner, sich und ihre Arbeit im Vergleich zum Beitrag der USA zu behaupten, der Fall. Auf Augenhöhe zu stehen oder zumindest so wahrgenommen zu werden, war in diesem Fall zentral.

Die Figur der Augenhöhe als Argument zu verwenden, war deshalb möglich, da zwischen den USA und dem UK eine Konkurrenz auf wissenschaftlicher und auf ökonomischer Ebene bestand. Wie auf den vergangenen Seiten bereits gezeigt, war es Sulston und Waterston gelungen, diese Konkurrenz zu ihrem Vorteil zu nutzen, oder präziser: die Rhetorik der Konkurrenz, die in diesem Punkt allerorts verwendet wurde, geschickt anzuwenden. Die immer wieder zitierte Konkurrenz zwischen UK und USA war nicht wirklich ein Anliegen von Sulston, Waterston und Kolleg:innen. Diese Rhetorik wurde nur für das Einwerben von Geldern verwendet, so wie es auch heute noch durchaus üblich ist, auf Themen von akuter gesellschaftlicher Relevanz zurückzugreifen. Von realer Bedeutung hingegen war in der Tat ihr Bedürfnis, gleichberechtigte Kooperationspartner auf Augenhöhe zu sein und gleichermaßen exzellente Forschung betreiben zu können. In diesem Punkt überschnitten sich also die realen Notwendigkeiten und Anforderungen einer Kooperation mit den rhetorischen Anforderungen, die die Geldereinwerbung nach sich zog.

1 Fazit

Die Forderung nach Augenhöhe und die stete Argumentation für den Vergleich der Menge an verfügbaren Fördergeldern verknüpft die Geschicke beider Gruppen miteinander. Sie sind eingebettet in denselben Vergleichsrahmen und diese Quantifizierungen und die damit einhergehenden Vergleiche und Rankings sind Grundbausteine der Konstituierung von Konkurrenz.²¹¹ Im vorliegenden Fall trug das auch zur Verfestigung des Kooperationsgefüges bei: die finanzielle Situation des Kooperationspartners, i.e. der kooperierenden Gruppe, wurde zur argumentativen und rhetorischen Ressource, die für den Fortbestand oder den Ausbau der Kooperation verwendet werden konnte, indem damit für Fortbestand oder Erhöhung der Fördergelder argumentiert wurde. Die Erschließung von Ressourcen oder die Vergrößerung der Menge an Ressourcen, auf die zugegriffen werden kann – seien diese nun intellektueller, arbeitspraktischer, finanzieller oder rhetorischer Natur – war eine positive und angestrebte Folge der Kooperation. Der Zusammenschluss in einer Kooperation ermöglichte es Sulston und Waterston, die notwendigen Gelder einzuwerben. Den Forschenden kam zugute, dass sie in unterschiedlichen nationalen Kontexten beheimatet waren.

²¹⁰ PP/SUL/B/1/3/1/2, Jahresbericht Sanger Centre, 1995, S. 89.

²¹¹ Brankovic, Jelena; Ringel, Leopold und Werron, Tobias: How Rankings Produce Competition: The Case of Global University Rankings. In: Zeitschrift für Soziologie Vol. 47 (2018), No. 4, S. 270-288.

Das bedeutete, dass Gelder in zwei unterschiedlichen Genominitiativen eingeworben werden konnten (erster Vorteil ihrer Kooperation). Dies vergrößerte ihre Chancen auf die erfolgreiche Einwerbung von Geldern, aber auch die potenzielle Menge des Geldes. Weiters motivierte die Zusicherung der Gelder durch das US-amerikanische OHGR den MRC, auch Gelder beizutragen. Hier konnte ich explizit zeigen, dass das Interesse des MRC durch das Interesse der US-amerikanischen NIH intensiviert wurde (zweiter Vorteil ihrer Kooperation). Drittens konnten Sulston und Waterston Gelder im Rahmen einer Kooperationsvereinbarung einwerben (dritter Vorteil ihrer Kooperation). Kooperationsvereinbarungen wurden seitens des UK und der USA ermutigt, da so internationale Expertise in das Projekt integriert werden konnte oder/und wissenschaftliche Möglichkeiten geboten werden konnten, die vor Ort nicht existierten. Letzteres war besonders für Sulston von Vorteil, der mit seinem Interesse am Large-Scale Sequencing im UK HGMP etwas isoliert war. So konnte der MRC die Beteiligung an internationaler Spitzenforschung sowie die Erprobung alternativer Methoden verhältnismäßig kostengünstig sichern.

Der Zusammenschluss in einer Kooperation machte die beiden Teams auf besondere Weise leistungsfähig und damit besonders konkurrenzfähig im Vergleich zu anderen Teams. Die intellektuelle Kooperation machte es möglich, dass die Expertise und die Ideen von mehr Personen integriert werden konnten und die Kooperation auf alltäglicher Produktionsebene verringerte die Arbeitslast für das einzelne Labor. Doch die Kooperation beinhaltete immer auch den Umgang mit tendenziellen Spannungen, das betrifft beispielsweise Meinungsverschiedenheiten, Fehler, Überschneidungen oder auch mangelndes kooperatives Verhalten. Um diese Themenfelder soll es im folgenden Kapitel gehen.

2 Kooperative Auseinandersetzung mit Konkurrenz

Für die Untersuchung der kompetitiven Dynamiken, mit denen die Forschenden konfrontiert wurden und auf die sie reagierten, werfe ich zwei Perspektiven auf: zum einen die Innenperspektive, also kompetitive Dynamiken oder Spannungsfelder innerhalb ihrer Teams, und zum anderen die breiter gefassten Zusammenhänge, also ihre Einbettung in den US-amerikanischen Forschungsverbund und die Konkurrenzverhältnisse, die damit verbunden waren. Dabei sollen die kritische Prüfung und Einordnung ihres Selbstbildnisses, beziehungsweise ihrer Selbstdarstellung nach außen hin, geleistet werden. Insbesondere Sulston kultiviert in Interviews und in seiner wissenschaftlichen Autobiografie ein bestimmtes Auftreten: idealistische Werte und Wissenschaftlichkeit machten ihn, so die Darstellung, unempfänglich für Konkurrenzsituationen oder weltfremd gegenüber den Notwendigkeiten des Wissenschaftsbetriebs.²¹² Dass Sulston und Waterston Kooperation als Handlungsmodus deutlich bevorzugten, sowohl aus pragmatischen als auch aus moralischen Gründen, bedeutete jedoch nicht, dass sie den handfesten Realitäten des Wissenschaftsbetriebs und den auftretenden Konkurrenzdynamiken hilflos ausgesetzt oder über diese erhaben waren. Schließlich setzten sich die Forschenden auch in der internationalen Genomforschung durch und dazu gehörte notwendigerweise die Fähigkeit, in intensiven Konkurrenzsituationen zu bestehen und das Geflecht aus Kooperation und Konkurrenz geschickt zu navigieren.

In einem ersten Schritt wird untersucht, wie Sulston und Waterston selbst das Bestehen und die Gleichzeitigkeit von Kooperation und Konkurrenz in ihrer Zusammenarbeit und in ihrer Forschung bewerteten. Hierfür greife ich auf Quellen zurück, die im Zusammenhang der Einwerbung der Gelder und bei der Publikation von Methoden und Ergebnissen entstanden sind.²¹³ Denn in diesen Kontexten nahmen die Akteure des Öfteren Stellung zu der Frage, wie sie in ihrer Zusammenarbeit mit kompetitiven Spannungen umzugehen gedachten und rechtfertigten ihre Herangehensweise. Deshalb kann aus diesen Quellen sehr gut herausgearbeitet werden, wie die Akteure die Handlungsmodi Kooperation und Konkurrenz auf pragmatischer und moralischer Ebene bewerteten, bzw. vor allem, wie sie dies nach außen hin verargumentierten. Besonders ins Auge sticht hierbei die Konstruktion eines Raums an legitimen Handlungen: bestimmte Elemente der Konkurrenz galten nicht per se als etwas Abzulehnendes. Deshalb wurden sie rhetorisch von den schlechten Folgen von Konkurrenz getrennt. Bei aller Bevorzugung von Kooperation setzten sich Sulston und Waterston dennoch reflexiv mit Konkurrenz und ihren positiven und negativen Folgen auseinander.

Um auf der anderen Seite zu untersuchen, wie sich Sulston und Waterston verhielten, wenn sie sich innerhalb ihrer Teams mit realen, kompetitiven Dynamiken konfrontiert sahen, werde ich das Beispiel der Verteilung von wissenschaftlicher Anerkennung durch die Vergabe von Autorschaft untersuchen.²¹⁴ Denn

²¹² Vgl. insbesondere Sulston/Ferry 2002, Common Thread; Brown 2003, In the Beginning.

²¹³ Forschungsanträge und anverwandte Dokumente wie etwa aus den Ordern: Wellcome Collection PP/SUL/A/2/1/2, Additional Information, 1990; PP/SUL/B/2/1/4 Proposal Letters; PP/SUL/B/2/1/1 Indecent Proposal; sowie naturwissenschaftliche Publikationen in einschlägigen Fachjournalen, untersucht wurden: Nature; Science; Genomics; Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS).

²¹⁴ Bei den Begriffen „Autorschaft“ und „Erstautorschaft“ wird aus Gründen der Lesbarkeit auf die inklusive Schreibweise mit Doppelpunkt verzichtet.

in der Art und Weise, wie in den Wissenschaften Anerkennung verteilt wird (“Academic Reward System”) ist eine stete latente Konkurrenz bereits angelegt. Dadurch, dass nur diejenigen Forschenden belohnt werden, die ein wissenschaftliches Problem zuerst lösen, besteht eine negative Interdependenz zwischen ihnen: erhält eine Person Prestige und Anerkennung für die Lösung eines Problems, so können die anderen Personen dies nicht mehr erlangen (“if I swim, you sink”). Eng verknüpft mit der Verteilung wissenschaftlicher Anerkennung ist die Markierung von Leistung durch die Vergabe von Autorschaften, insbesondere Erstautorschaften. Diese zu erlangen, war eine Notwendigkeit für die Teammitglieder von Sulston und Waterston und deshalb mussten die Laborleiter zwischen den Erfordernissen ihrer Teammitglieder vermitteln. Wie sie damit umgingen, ist von besonderem Interesse, da wir hier eine langjährige Kooperation von mehreren Personen vorliegen haben. In diesem Fall ist die Vergabe von (Erst-)Autorschaft komplexer als bei der Kooperation einer geringeren Menge an Personen. Es wird sich zeigen, dass Sulston und Waterston versuchten, den manchmal im Widerspruch stehenden Bedürfnissen ihrer Mitarbeitenden gerecht zu werden, gleichzeitig aber ihr Ideal von einer egalitären Wissenschaft umzusetzen suchten.

Die Konkurrenz um prestigeträchtige Erstautorschaften und um wissenschaftliche Anerkennung ist ein beliebter Untersuchungsgegenstand für soziologische, historische und philosophische Studien zu Konkurrenz in den Wissenschaften.²¹⁵ Deren Fokus war bisher allerdings hauptsächlich philosophisch – mit der oft damit einhergehenden Vernachlässigung von Empirie²¹⁶; oder soziologisch ohne besonderen Fokus auf breitere, geschichtliche Zusammenhänge. Es ist jedoch notwendig, die Untersuchung von derlei Dynamiken in der historischen Empirie zu verankern. Auch hierbei sind naturwissenschaftliche Publikationen in einschlägigen Fachjournals geeignete Quellen, da aus den Titularen der Artikel die Reihung der Autor:innen hervorgeht. Dies allein ist jedoch nicht aussagekräftig genug und muss durch andere Quellen ergänzt werden: der engmaschige E-Mail-Verkehr von Sulston und Waterston bietet sich hierfür an.²¹⁷ Der Blick in ihre Kommunikation ist obendrein notwendig, da im vorliegenden Kapitel darauf fokussiert wird, wie die Akteure widerstreitende Interessen innerhalb ihrer Teams zu versöhnen suchten – ein elementarer Bestandteil derjenigen Arbeit, die notwendig ist, um das Funktionieren einer Kooperation zu gewährleisten.²¹⁸ Demgegenüber tritt im vorliegenden Kapitel in den Hintergrund, auf welche Weise die Gruppen die epistemischen Prozesse der kooperativen Wissensgenerierung unter sich aufteilten und durchführten und wie sich dies in der Vergabe der Autorschaft niederschlug. In diesem Punkt unterscheidet sich meine Untersuchung von der sozial-epistemologischen Perspektive, die Graßhoff und Wüthrich in ihrem Sammelband zum CERN-Großforschungsprojekt eingenommen haben.²¹⁹

²¹⁵ Graßhoff, Gerd und Wüthrich, Adrian (Hrsg.): *Metaatlas: Studien zur Generierung, Validierung und Kommunikation von Wissen in einer modernen Forschungskollaboration*. Bern, 2012; Strevens 2003, Priority Rule in Science, S. 57 f.; Zuckerman, Harriet A.: Patterns of Name Ordering Among Authors of Scientific Papers: A Study of Social Symbolism and Its Ambiguity. In: *American Journal of Sociology* Vol. 74 (1968), No. 3, S. 276-291.

²¹⁶ Insb. Strevens 2003, Priority Rule in Science.

²¹⁷ In der grundlegenden Studie von Zuckerman 1968 wird dies nicht geleistet und somit nur die begrenzten Informationen, die sich aus der Reihenfolge der Autorennennung extrahieren lassen, berücksichtigt.

²¹⁸ Katz/Martin 1997, Research Collaboration, S. 14 ff.

²¹⁹ Vgl. Graßhoff, Gerd: Die ATLAS-Collaboration als wissenschaftlicher Autor. In: Graßhoff, Gerd und Wüthrich, Adrian (Hrsg.): *Metaatlas. Studien zur Generierung, Validierung und Kommunikation von Wissen in einer modernen Forschungskollaboration*. Bern, 2012, S. 13-39.

Der dritte Teil des Kapitels wird sich mit der Einbettung von Sulston, Waterston und ihren Teams in die internationalen Verbände zur Kartierung und Sequenzierung des menschlichen Genoms befassen. Denn auf diesem Wege können wir mehr über die nationalen Genominitiativen und über die internationalen Interaktionsdynamiken herausfinden, die etwas prägnanter von Konkurrenz geprägt waren als die Verhältnisse und Beziehungen innerhalb des LMB oder der *C. elegans* Community. Im Verbund des USA HGP war per se eine latente Konkurrenz angelegt; darunter werden Konkurrenzen verstanden, die grundsätzlich als Potentiale in der Konfiguration des Projektverbundes angelegt waren, die aber nicht zu voller Herausbildung gelangten und akut wurden. Die Forschenden konkurrierten miteinander um die Gunst der Geldgeber, da die Fördermittel in begrenztem Maße verfügbar waren und insbesondere, weil fortlaufende und vergrößerte Fördermittel nur an erfolgreiche Teams vergeben wurden. Diese Form von steter Konkurrenz „aller gegen alle“ ist jedoch nicht mit Episoden konkreter wissenschaftlicher Konkurrenz zu vergleichen, bei denen Konkurrenzparteien dasselbe epistemische oder übergeordnete Ziel verfolgen, sich gegenseitig als dahingehend konkurrierend wahrnehmen und einander zeitlich oder qualitativ übertrumpfen wollen. Indem die latente Konkurrenz um Fördergelder in dezidiertter Unterscheidung zu solchen konkreten Konkurrenzen beschrieben wird, wird der Konkurrenzbegriff der vorliegenden Arbeit geschärft und für die Untersuchung im vierten Hauptkapitel operationalisiert.

Unterscheidung in gute und schlechte Konkurrenz

Sulston und Waterston äußerten sich des Öfteren und verschiedentlich zu der Frage, ob in ihren Teams Konkurrenz bestand. Dass diese Frage immer wieder explizit besprochen wurde, hatte unterschiedliche Gründe. Zum einen musste in den Forschungsförderungsanträgen Stellung zur geplanten Form der Zusammenarbeit genommen werden, um für die besondere Leistungsfähigkeit und die Aussicht auf Erfolg zu argumentieren. Dabei spielte die genauere Ausgestaltung ihrer Kooperation eine zentrale Rolle – und auch die Frage danach, wie die Forschenden mit kompetitiven Dynamiken umzugehen gedachten. Zum anderen sahen sich Sulston und Waterston des Öfteren mit Kritikpunkten und Befürchtungen ihrer Kolleg:innen konfrontiert, auf die sie etwa in Publikationen in Fachjournals reagierten. Diese Kritikpunkte bezogen sich meistens auf die Art und Weise, wie Sulstons und Waterstons Kartierungs- und Sequenzierungsarbeit die Zusammensetzung der biologischen Forschung zu verändern drohte – also dieselben Kritikpunkte, wie sie gegenüber dem Humangenomprojekt auch geäußert wurden. Drittens existierte bereits früh ein großes ökonomisches, öffentliches und geisteswissenschaftliches Interesse an der Frage, wer das intellektuelle Eigentum an den erwirtschafteten Sequenzierungsdaten besitzen würde. Demzufolge standen auch die *Bermuda Principles* und die Konkurrenz mit dem privatwirtschaftlichen Unternehmen Vinters immer wieder im Blickpunkt der Öffentlichkeit. Im Zuge dessen, aber auch in der generellen historiografischen Dokumentation des Humangenomprojekts, entstanden viele Selbstbeschreibungen der beteiligten Akteure, etwa in deren wissenschaftlichen Autobiografien, in Interviews oder in Oral History Aufzeichnungen. Quellen aus all diesen Bereichen machen es möglich, herauszuarbeiten, auf welche Weise Sulston und Waterston ihre Zusammenarbeit bewerteten und an welchen Punkten sie Konkurrenz innerhalb ihrer Gruppen oder zwischen diesen wahrnahmen. Ebenso geht daraus hervor, wie sie grundsätzlich das Bestehen von Konkurrenz in den Wissenschaften bewerteten.

Kooperation bedeutet oft das Umschiffen von spannungsreichen Situationen und die erfolgreiche Einhegung von Konkurrenz. In Texten, in denen Sulston und Waterston Selbstreflexionen oder -darstellungen anstellt, nahmen sie oft auch Bezug auf die Frage nach der Konkurrenz in ihren Teams. Dabei grenzten sie sich rhetorisch von einer Form der Konkurrenz ab, die die Wissensgenerierung behindern würde. Somit schufen sie den rhetorischen Rahmen für die Einhegung potenzieller Spannungen. Gleichzeitig jedoch lehnten sie Konkurrenz nicht umfassend ab, sondern betonten, dass sie trotz ihres hohen Maßes an Kooperation dennoch die positiven Effekte einer gesunden Konkurrenz ausnutzen würden. Die Legitimität des jeweiligen Handlungsmodus wurde stets im Hinblick auf die Wissensgenerierung beurteilt, also danach, welche Vorteile Kooperation oder Konkurrenz für die gemeinsame Forschung an *C. elegans* hatten und wie dies am besten fruchtbar gemacht werden konnte. Sulston und Waterston argumentierten immer wieder, dass sie die positiven Effekte von Kooperation sowie von Konkurrenz ausnutzen würden, dass die negativen Effekte beider Handlungsmodi ihre Arbeit jedoch nicht behindern würden. Keiner der beiden Modi erschien den Forschenden als rein positiv oder rein negativ. Dass beide vorlagen, war weder unüblich noch anstößig für sie – stattdessen versuchten sie, diese vielschichtige Lage zum größtmöglichen Vorteil der Wissensproduktion auszunutzen und dies auch nach außen hin zu ihrem Vorteil deutlich zu machen. Die Untersuchung ihrer Positionierungen und Handlungen trägt dazu bei, den Zusammenhang zwischen beiden Handlungsmodi auf der analytischen Ebene im Spiegel der Wahrnehmung der Akteure zu erhellen.

Sulstons und Waterstons Unterscheidung zwischen guter und schlechter Konkurrenz zog sich wie ein roter Faden durch ihre Äußerungen. Immer wieder schilderten sie, dass zwischen ihren Teams Konkurrenz bestand, „particularly over how much sequence each side was producing“²²⁰, dass diese Konkurrenz jedoch keine Folgen nach sich zog, die den kooperativen Prozess der Wissensgenerierung behindert hätten. Als negative Folgen von Konkurrenz identifizierten sie folgende Aspekte:

1. Unproduktive Duplikation von Arbeit²²¹ oder Redundanz²²²
2. Geheimhaltung²²³
3. mangelnde Hilfsbereitschaft²²⁴

Wenngleich Sulston und Waterston rundum negierten, dass ihre Konkurrenz negative Folgen hatte, mussten die kooperative Offenheit und Bereitschaft, Informationen und Materialien zu teilen, zwischen ihren Teams durchaus aktiv hergestellt werden. Das mangelhaft kooperative Verhalten eines Postdocs im Team von Waterston gegenüber einem Team-Mitglied aus Cambridge wurde im vorangegangenen Kapitel bereits erwähnt.²²⁵ Die Postdocs untereinander achteten durchaus auf ihre Profilierung, da sie noch eine unabhängige Karriere etablieren mussten, und dachten deshalb verstärkt darüber nach, welche

²²⁰ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 78-79.

²²¹ PP/SUL/A/2/1/2, Additional Information, 1990.

²²² Wellcome Collection PP/SUL/A/5/25 Sequencing Talks, Material from 1992-1995, handschriftlicher Entwurf für einen Vortrag über den Fortschritt des Sanger Centres bei der Sequenzierung, 1994. Leider kann der Archiviale nicht entnommen werden, wo der Vortrag schlussendlich gehalten wurde.

²²³ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 78-79.

²²⁴ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 79.

²²⁵ Siehe Kapitel 1, Von der physischen Karte zur Sequenz, S. 64.

Informationen sie wann an wen herausgaben. Auf diese Bedürfnisse seines Kollegen und Mitarbeiters nahm Sulston Rücksicht und trat gegenüber Waterston dafür ein, dass diese auch im größeren Zusammenhang beachtet werden mögen.

Diese kurze Episode stellt die einzige greifbare Evidenz für konkrete kompetitive Spannungen innerhalb der Teams dar. Womöglich wurden diese bewusst im persönlichen Gespräch geklärt; nicht nur aus kollegialen Gründen, sondern auch, da so keine schriftlichen Spuren hinterlassen wurden. Denn gegenüber anderen Parteien wie etwa den Forschungsförderungsinstitutionen oder der Öffentlichkeit äußerten sich die Forschenden nicht zu diesen Reibungspunkten. Das Bild in den Quellen ist somit notwendigerweise ein wenig verzerrt. Stattdessen betonten die Forscher folgende Eigenschaften ihrer Kooperation als positive Kontrastfolie zu den oben genannten negativen Folgen von Konkurrenz:

1. intellektuelle Unabhängigkeit; Möglichkeit, eigene Ideen zu verfolgen; Fruchtbarkeit der Zusammenarbeit („hybrid vigour“)²²⁶
2. Kommunikation und Austausch
3. Hilfsbereitschaft und gemeinsame Problemlösungsstrategien

In der Tat brachte die Kooperation den Vorteil, dass die Expertise aus zwei Teams vereint werden konnte (vgl. Kapitel 1). Sowohl bei der physischen Kartierung als auch bei der Sequenzierung halfen sich die beiden Teams bei der Lösung von Problemen. Eine beliebte Episode, anhand derer Sulston und Waterston ihre gelungene Zusammenarbeit veranschaulichen, betrifft eine Phase des Projektes, während derer Waterstons Labor Schwierigkeiten hatte, die Cosmide in die richtige Reihenfolge zu bringen.

“There were huge gaps – it just wasn’t coming together. We eventually worked out it was due to how we were making the libraries – one of the extraction steps was partially melting the DNA. But Cambridge didn’t have the same problem, so we had to work through our protocol with John. It turned out that we weren’t doing it cold enough. We were trying to help each other as much as we could, but still trying to beat each other.”²²⁷

Beim Vergleich der Laborprotokolle konnte der Fehler identifiziert werden. Da die beiden Gruppen dieselben Experimente und Schritte durchführten, konnte hier auf das praktische Wissen des Partnerlabors zurückgegriffen werden. Dass Kooperation und Konkurrenz in ihrem Verhältnis nebeneinander existierten, wird hier nicht als problematisch oder unrealistisch bezeichnet. Es wird lediglich betont, dass man sich dennoch so viel wie möglich helfen würde und nichts verborgen gehalten wurde:

“Problems that were easy to solve and didn’t take too much effort could be tackled by both labs, just as it was worth each lab taking a different approach to solving the really hard ones. Yes, there

²²⁶ PP/SUL/A/2/1/2, Additional Information, 1990.

²²⁷ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 79.

“was competition, particularly over how much sequence each side was producing; but it was a competition in which nothing was kept hidden”²²⁸

Anstatt einer unnötigen und verschwenderischen Dopplung von Arbeit und anstelle von Redundanz habe es eine fruchtbare Überschneidung gegeben, da beide Teams unabhängig voneinander ihren eigenen Ideen nachgehen konnten.²²⁹ Dies zog insbesondere bei der Erprobung unterschiedlicher Methoden positive Folgen nach sich, da beide Gruppen am selben Gegenstand leicht abweichende Methoden anwenden konnten und die Erfahrungen und Ergebnisse vergleichen.²³⁰

Sulston und Waterston beschrieben die Vorteile, die ihre Kooperation für die Wissensgenerierung hatte, wie folgt:

“(…) our past experience shows, that a useful measure of hybrid vigour arises from the sharing of work between two groups each free to act upon its own ideas. Each group brings to the project its own experience of current sequencing technology, and has access to a particular range of local advice and resources. The aim is to combine these potentials in the most effective and economical way.”²³¹

Indem die Kooperationspartner eigene, lokal gebundene Expertise mitbringen, bereichern sie das Gefüge. Durch die Aufteilung der Arbeit würde auch ein nützliches Maß an “hybrid vigour” hervorgerufen. Mit “hybrid vigour”, der englischen Bezeichnung für den Heterosis-Effekt, wird die Beobachtung beschrieben, dass Nachkommen aus hybriden Kreuzungen oftmals leistungsstärker sind als das durchschnittliche Exemplar der Elterngeneration. Kooperation wird parallelisiert mit der Kreuzung von genetisch verschiedenen Pflanzen oder Organismen, aus der sich Nachkommen ergeben. Die Kooperation bringt nun insofern Nachkommen hervor, als unter Rückgriff auf die verschiedenen Potentiale und Fähigkeiten Wissen generiert wird. Aufgrund des metaphorisch verwendeten Heterosis-Effekts ist das Ergebnis der hybriden Züchtung, der Kooperation, leistungsstärker als der Durchschnitt der Elterngeneration – in der Zusammenarbeit wird etwas generiert, das leistungsstärker ist als zuvor. Sulston und Waterston beschreiben ihre Kooperation mit einer Metapher aus der Genetik und verweisen darauf, dass in der Kooperation unter Rückgriff auf die verschiedenen Potentiale und Fähigkeiten der Individuen Wissen generiert wird und dabei etwas entsteht, das besser ist als zuvor und das mehr ist als die Summe der einzelnen Bestandteile.

Diese Wahrnehmung teilen die Akteure auch noch Jahre später. 1995, als die Gruppen von Sulston und Waterston langsam zur Arbeit am menschlichen Genom übergingen, gab es eine Reihe offizieller Schriftstücke, in denen die Kooperationspartner (genauer: die Leiter der Labore, Sulston und Waterston) ihren Willen zur Zusammenarbeit zeremoniell bekundeten. Waterston:

²²⁸ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 78-79.

²²⁹ PP/SUL/A/2/1/2, Additional Information, 1990.

²³⁰ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 78-79.

²³¹ PP/SUL/A/2/1/2, Additional Information, 1990.

“The collaboration with you and your group over the last 10 years has been extremely fruitful. By combining the talents and energies of our two groups, we have accomplished far more than the sum of individual efforts could ever have done. (...) We look forward to applying with you these same attributes to the much larger and challenging human genome.”²³²

Das Verdienst von Kooperation geht in den Augen der Wissenschaftler:innen also über die weiter oben angesprochene gemeinsame ökonomische Verwendung der kombinierten Ressourcen hinaus. Es sei mehr erreicht worden, als die Summe der Einzelbestrebungen es je vermocht hätten. Der Kooperation wird somit großer wissenschaftlicher Wert beigemessen und die Wissenschaftler:innen hofften, auf dieselbe Weise am menschlichen Genom weiterarbeiten zu können. Bemerkenswert ist, dass Sulston und Waterston in ihren Kooperationserklärungen auf dasselbe Vokabular zurückgreifen, wie es auch Katz und Martin in ihrer Veröffentlichung zu Kooperation verwendeten: „Hence, collaboration is greater than the sum of its parts.“²³³ Hier überschneiden sich Akteursbegriffe und Analysebegriffe, und unter Rückgriff auf naturwissenschaftliche Metaphern und Bezeichnungen werden soziale Sachverhalte beschrieben.

Anlässlich der Beendigung der Entwicklungsphase und bei Eintritt in die Pilotphase im Frühjahr 1992 verschickten beide Labore eine offizielle Kooperationserklärung an ihre transatlantischen Kooperationspartner. In diesen Erklärungen wurde der fortbestehende Wunsch, produktiv zusammenzuarbeiten, ausgedrückt und dabei dessen Vorteile erneut betont. Indem die Arbeit unter zwei Laboren aufgeteilt wurde, sei es ihnen möglich, so einer der Wissenschaftler, ihre Ziele “twice as quickly”²³⁴ zu erreichen. Es ist natürlich zu bezweifeln, dass sich die Zusammenarbeit von zwei Laboren unproblematisch in einen doppelt so schnellen Fortschritt umrechnen lässt. Denn um ein Projekt gemeinsam zu konzipieren, Gelder dafür einzuwerben und es durchzuführen, muss einige zusätzliche Arbeit geleistet werden, dies galt auch für die Teams von Sulston und Waterston.²³⁵ In der korrespondierenden zweiten Kooperationserklärung wurde der Sachverhalt auch etwas zurückhaltender formuliert, indem es heißt: “we shall accomplish our goals more quickly.”²³⁶ Die Vorteile in der Produktivität, die durch die Aufteilung der Arbeit erreicht werden konnten, sollten natürlich nicht durch die doppelte Ausführung von Arbeit wieder zunichte gemacht werden.

Sulston und Waterston schienen jedoch auch mit dem Vorwurf konfrontiert worden zu sein, dass ihre Kooperation die positiven Folgen von Konkurrenz annullieren würde, dass der Mangel an Konkurrenz zwischen ihren Teams ihre Arbeit verlangsamen würde. In einem handschriftlichen Entwurf für einen Vortrag über den Fortschritt der Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms bezieht Sulston genau dazu Stellung:

²³² Wellcome Collection, PP/SUL/B/2/1/4 Proposal Letters, Kooperationserklärung von Waterston an Sulston, 04.08.1995.

²³³ Katz/Martin 1997, Research Collaboration, S. 15.

²³⁴ Wellcome Collection, PP/SUL/A/2/2 Shotgun Pilot UK, Kooperationserklärung zwischen Sulston und Waterston im Frühjahr 1992.

²³⁵ Katz/Martin 1997, Research Collaboration, S. 15-16.

²³⁶ PP/SUL/A/2/2, Kooperationserklärung.

“Before our two labs received their first grant (a joint NIH-MRC one, itself a minor landmark), concern was expressed that lack of competition would stultify progress. Instead, just the reverse seems to be true. The two groups compete avidly, precisely because each knows what the other is up to.”²³⁷

Es ist den Archivalien an dieser Stelle leider nicht zu entnehmen, vor welchem Publikum der Vortrag schlussendlich gehalten wurde. Sulstons Aussagen zielen jedoch darauf ab, dass die Forderung nach “healthy competition” unter den Fachkolleg:innen weit verbreitet war. Akteure der Forschungsförderungsinstitutionen setzten Konkurrenz gezielt ein, um wissenschaftliche Entwicklungen zu beschleunigen oder zu intensivieren, doch darauf wird zurückzukommen sein.

Das Verhältnis der beiden Gruppen enthielt also sowohl kooperative als auch kompetitive Elemente, die man versuchte, dergestalt auszubalancieren, dass die Prozesse der Wissensgenerierung nicht behindert wurden, sondern besonders effizient vonstattengingen. Prinzipiell lehnten die Forschenden die Duplikation von Forschungsarbeit ab, doch ein gewisses Maß an Redundanz galt als verträglich – in Teilen sogar als vorteilhaft. Kleineren, einfacheren Problemen konnten sich beide Labore unabhängig voneinander widmen und bei Problemen, die schwerer zu lösen waren, konnten ebenso beide Labore angreifen. Hier galt die Verwendung unterschiedlicher Methoden als vorteilhaft. Zwischen den Teams von Sulston und Waterston bestand auf jeden Fall eine milde Form von Konkurrenz, nämlich eine sportlich-spielerische, die zunächst keine besonderen Folgen nach sich zog. Bei dieser Form der Konkurrenz ging es darum, wie viel Sequenz die beiden Teams produzierten und sie zog in der Darstellung von Sulston und Waterston keine hinderlichen Effekte nach sich, sondern sorgte für Spaß und Ansporn – und damit für inhaltliche Förderung im Simmelschen Sinne. Auf der rhetorischen Ebene gaben sich Sulston und Waterston alle Mühe, sich von einer negativen Form der Konkurrenz abzugrenzen. Dabei identifizierten sie einen Bereich an legitimen kompetitiven Handlungen, in welchem sie sich verorteten, und einen Bereich an negativen Folgen von der falschen Sorte Konkurrenz oder von zu viel Konkurrenz, zu welchem sie sich ablehnend positionierten. Auf einem anderen Blatt jedoch standen Konkurrenzsituationen zwischen einzelnen Teammitgliedern. Diese hatten durchaus das Potential, hinderliche Effekte nach sich zu ziehen und das reibungslose Funktionieren der Kooperation zu bedrohen. Die Einhegung von Spannungen erforderte aktive Anstrengungen und Konfliktlösungsprozesse seitens der Teamleiter. Dies zeigt sich auch an der Verteilung von Autorschaft, die im Folgenden behandelt werden soll.

²³⁷ “Yet there is no redundancy, but rather a sort of hybrid vigour that comes from doing things slightly different from one another. This, combined with the excellent rapport with the *C. elegans* community, is what drives us forward.”, PP/SUL/A/5/25, handschriftlicher Entwurf, Vortrag Sequenzierung Sanger Centre, 1994.

Autorschaft

Durch die namentliche Nennung auf Publikationen nahmen die Wissenschaftler:innen am „science's reward system“ teil.²³⁸ Damit ist gemeint, dass die Ergebnisse der Forschung publiziert werden und darauf aufbauend wissenschaftliche Anerkennung und Prestige vergeben werden. Die Publikation von Ergebnissen hat dabei eine vielfältige Funktion. Die Ergebnisse werden so den Fachkolleg:innen kommuniziert und die wissenschaftlichen Leistungen, die zur Publikation der Veröffentlichung geführt haben, werden markiert und der veröffentlichten Person zugeschrieben. Eine gewisse Menge an Publikationen ist wichtig für die Sichtbarkeit der Wissenschaftler:innen und ihrer Leistungen, damit diese sich für die folgenden Karriereschritte profilieren. Von zentraler Relevanz sind Erstautorenschaften, bei denen die Nennung des eigenen Namens an erster Stelle des Titulariums erfolgt. Insbesondere Nachwuchswissenschaftler:innen, die noch keine unbefristete Stelle errungen haben, müssen in diesem Nullsummenspiel früher oder später erfolgreich sein und eine gewisse Menge an Publikationen mit Erstautorschaft ansammeln.

Wie ist die Reihenfolge der namentlichen Nennung auf gemeinsamen Veröffentlichungen gemeinhin geregelt?²³⁹ Traditionell wurden die Namensnennungen nach der Größe oder Relevanz der Beiträge der jeweiligen Person geordnet. An erster Stelle der Autorennennung stand zumeist diejenige Person, die das Projekt erdacht oder/und geleitet hatte, oder diejenige Person, deren Beitrag am größten und am relevanztesten war. Die Nennung weiterer Personen war nach Größe und/oder Relevanz ihres Beitrags geordnet und an letzter Stelle wurde zumeist diejenige Person genannt, die Gelder eingeworben oder Räumlichkeiten zur Verfügung gestellt hatte. Wenngleich es nicht immer unproblematisch möglich war, die Beiträge exakt nach Größe und/oder Relevanz zu ordnen, so war es bei einer kleinen Menge an Autor:innen doch relativ gut möglich, diesen Ungenauigkeiten durch Permutation der Namen beizukommen: selbst, wenn die Ordnung nach Größe oder Relevanz der Beiträge zunächst nicht ganz wirklichkeitsadäquat oder gerecht erfolgt war, konnte durch Rotation nach einigen gemeinsamen Publikationen annähernde Fairness wiederhergestellt werden. In der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts stieg jedoch die Anzahl der Autor:innen immer deutlicher an; die Zunahme von Kooperationen und die wachsende Größe der kooperierenden Gruppen bedeutete, dass Artikel mit ein bis drei Autor:innen nicht mehr die Regel waren. Die Unzulänglichkeit der Identifikation von Autorschaft mit Leistung fällt bei derartigen Mengen an Beitragenden stärker ins Gewicht. Beispielsweise würde es bei einer großen Menge an Wissenschaftler:innen eine immens große Menge gemeinsamer Publikationen erfordern, damit ausreichende Permutation erfolgen kann, die nach und nach jeder beteiligten Person eine Erstautorschaft ermöglicht. Die zentrale Konfliktlinie ist hier die Tatsache, dass das System zur Vergabe wissenschaftlicher Anerkennung besser darauf eingestellt ist, Leistungen einzelner Individuen zu markieren, wir aber hier die Leistungen großer Gruppen vorliegen haben.²⁴⁰

²³⁸ Dieses werde ich im Folgenden als „System zur Verteilung wissenschaftlicher Anerkennung“ bezeichnen – angelehnt an diesen Begriff, jedoch den Konventionen eines deutschsprachigen Texts entsprechend. Begriff übernommen von Strevens 2003, Priority Rule in Science, S. 59.

²³⁹ Zuckerman 1968, Patterns of Name Ordering.

²⁴⁰ Zuckerman 1968, Patterns of Name Ordering, S. 277.

In Reaktion auf diese neuen Herausforderungen versuchten Wissenschaftler:innen vermehrt, neue und angepasste Strategien zu entwerfen, um der Notwendigkeit nach Markierung von Leistung weiter gerecht werden zu können. Dies gilt auch für die Teams von Sulston und Waterston, denn obwohl die Zusammenarbeit sehr kooperativ und kommunikativ organisiert war, waren die zentralen Funktionsweisen und Notwendigkeiten des Systems zur Verteilung wissenschaftlicher Anerkennung nicht außer Kraft gesetzt. Wissenschaftler:innen in den beiden Teams hatte weiterhin die Teilnahme an diesem System ermöglicht zu werden, das mit der Kennzeichnung von individuellen Leistungen durch die Vergabe von Autorschaft bei Publikationen arbeitete. Während schon die ursprüngliche Funktionsweise dieses Verteilungssystems voller Unzulänglichkeiten und Ambiguitäten ist, so war es auch nicht unbedingt einfach, der neueren, noch komplexeren Lage durch verbesserte Strategien beizukommen. Ein Patentrezept, das allen Beteiligten gleichermaßen zusagt, gab und gibt es nicht. Die unterschiedlichen Alternativstrategien funktionierten je nach Perspektive besser oder schlechter. In diesem Bereich verdichteten sich demnach kompetitive Dynamiken und die Wissenschaftler:innen maßen ihm zentrale Bedeutung bei.

Umso interessanter ist es, sich die Herangehensweise von Sulston und Waterston anzusehen, deren Zusammenarbeit ja von einem hohen Maß an Kooperativität und Kommunikation geprägt war. Meine Vorgehensweise orientiert sich dabei an einigen kategorialen Unterscheidungen, die von den Akteuren selbst getroffen wurden. Erstens ist dies die Unterscheidung zwischen der Publikation von Sequenzierungsdaten in Datenbanken und der klassischen Publikation wissenschaftlicher Inhalte in Fachzeitschriften. Erstere, die Praktiken und Normen bei der Publikation von Sequenzierungsdaten in den Datenbanken, wurden von der wissenschaftshistorischen und -soziologischen Forschung ausführlich untersucht.²⁴¹ Dabei wurde insbesondere danach gefragt, wie die große Datenmenge und die Verwendung von Datenbanken die biologische Forschung veränderten und prägten.²⁴² Zudem wurde aus Perspektive der Science and Technology Studies die Ko-Produktion von Wissen und sozialer Ordnung untersucht.²⁴³ Zweitere, die klassischen Publikationen in den einschlägigen Fachjournals, erhielten jedoch leider keine gesonderte Aufmerksamkeit in den soeben zitierten wissenschaftshistorischen Studien und STS-Veröffentlichungen. Da jedoch auch sie Aufschluss über die Funktionsweise von wissenschaftlicher Kooperation und über die enthaltenen kompetitiven Dynamiken geben, lohnt eine nähere Untersuchung. Auf diese Weise schließt die vorliegende Untersuchung eine Lücke in der wissenschaftshistorischen und -soziologischen Forschung.

²⁴¹ Vgl. etwa: Maxson Jones et al. 2018, Bermuda; Hilgartner 1998, Data Access Policy; Ders. 2004b, Making Maps and Making Social Order; Ders. 2017, Reordering Life; Stevens, Hallam: The Politics of Sequence: Data Sharing and the Open Source Software Movement. In: Information & Culture, Vol. 50 (2015), No. 4, S. 465-503.

²⁴² Strasser 2011, The Experimenter's Museum; García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing; Chow-White, Peter A. und García-Sancho, Miguel: Bidirectional Shaping and Spaces of Convergence: Interactions between Biology and Computing from the First DNA Sequencers to Global Genome Databases. In: Science, Technology, & Human Values, Vol. 37 (2012), No. 1, S. 124-164.

²⁴³ Jasanoff, Sheila: The Idiom of Co-Production. Introduction in dies. (Hrsg.): Handbook of Science and Technology Studies. London, 1995, S.1-12; Dies.: Ordering Knowledge, Ordering Society, a.a.O. S. 13-45; sowie die diversen Werke von Stephen Hilgartner, darunter etwa The Human Genome Project, a.a.O. S. 302-315.

Die zweite von den Akteuren getätigte Unterscheidung, an der ich mich orientiere, ist die Unterscheidung verschiedener Publikationstypen: Sulston und Waterston unterschieden zwischen der Publikation von "general results" und "special results".²⁴⁴ Letztere, also Publikationen zu einzelnen Arbeitsschritten oder Methoden sowie detailliertere Studien, sollten als Autor:innen diejenigen Wissenschaftler:innen führen, die dazu beigetragen haben.²⁴⁵ Sulston und Waterston folgten dabei ihrem "precedent of asking who feels they ought to be on it."²⁴⁶ Erstere sollten unter der Nennung aller Labormitglieder veröffentlicht werden, und insbesondere dabei war die Frage, wie die Nennung der Namen geordnet sein sollte, virulent – allein schon wegen der großen Menge an beteiligten Personen, wenngleich es eventuell auch bei den "special results" Streitfälle gab. Letzteres konnte ich in den Quellen leider nicht nachweisen. Deshalb werde ich im Folgenden die gemeinsamen projektbezogenen Publikationen ("general results") der Labore in Cambridge (und später Hinxton) und St. Louis seit Beginn der Sequenzierung des Fadenwurms untersuchen und herausarbeiten, wie die Nennung und Ordnung der Autor:innen erfolgte und wie sie sich gegebenenfalls im Laufe der Zeit veränderte. Der Fokus auf diese Form der Publikation bietet den Vorteil, dass der E-Mail-Verkehr von Sulston und Waterston ergänzend herangezogen werden kann, denn dort wurde besprochen, wie sie bei der Reihung der Autorschaften vorgehen wollten, und vor welchen Herausforderungen sie standen.

Über die Einteilung der Akteure hinausgehend konnten zwei weitere Publikationstypen identifiziert werden: erstens waren dies Aufsätze, die zu Themenfeldern abseits der Genomkartierung und -sequenzierung veröffentlicht wurden. Dies betrifft vor allem Waterston: zu detaillierten methodischen Fragen der Sequenzierung publizierte Waterston vornehmlich ohne Sulston, stattdessen mit Mitarbeitenden aus seinem Labor oder anderen Kooperationspartnern. Dies gilt sowohl für *C. elegans* als auch für das menschliche Genom. Waterston veröffentlichte weiterhin zu Mutationen des Fadenwurms, deren Bewegungsfähigkeit eingeschränkt ist, zu Entwicklung und Regulation des Muskelaufbaus und den dabei relevanten Proteinen und Genen. Waterston publizierte deutlich mehr als Sulston und blieb seinen ursprünglichen wissenschaftlichen Interessen, der Muskulatur und Bewegungsfähigkeit des Fadenwurms, treu. Hier schlägt sich nieder, was die beiden immer wieder betonen: Karten und Sequenzen verstanden sie vor allem als Werkzeug für die weiterführende Forschung.

Waterston widmete sich dieser dann auch und verwendete die generierten Daten und Informationen weiter. Sulstons Hauptinteresse blieb hingegen die Erstellung dieser Werkzeuge. In einem Interview mit den Wissenschaftshistorikerinnen Kathryn Maxson Jones und Rachel Ankeny sowie mit dem Science Analyst Robert Cook-Deegan über die *Bermuda Principles* sagte Sulston über sich, er verstehe sich als: "not a proper scientist."²⁴⁷ Dabei bezog er sich darauf, dass er nicht *mit Hilfe* der Karten und Sequenzen molekularbiologische, -genetische oder biomedizinische Fragestellungen bearbeitete. Letzteres verstand

²⁴⁴ Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston am 08.04.1992.

²⁴⁵ Etwa Studien über einzelne Gene, Genabschnitte oder Proteine in einem Organismus sowie deren funktionalen Zusammenhang.

²⁴⁶ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston am 08.04.1992.

²⁴⁷ Maxson Jones, Kathryn; Cook-Deegan, Robert; Ankeny, Rachel (15.11.2011): Interview mit Robert Waterston und John Sulston. Durham, S. 16. Online verfügbar unter <https://hdl.handle.net/10161/7692> , zuletzt aufgerufen am 09.03.2021.

er als problemorientierte *proper science*, ersteres als die Bereitstellung von Werkzeugen für diese Forschung. Seine Arbeit kann damit in eine deskriptive Tradition der Biologie gestellt werden, durch die genauere Kenntnis von Organismen und später auch vergleichende Forschung möglich gemacht werden sollte.²⁴⁸ Auch Waterston teilte diese Herangehensweise und das Ziel, ein Werkzeug für die weiterführende Forschung zu erstellen, wenngleich er seine ursprünglichen Interessen bezüglich der Muskelstruktur des Fadenwurms weiterhin verfolgte und dazu veröffentlichte. Im selben Interview sagte Sulston zu Waterston: "you do better science than I do as well. So you do both."²⁴⁹

Zudem veröffentlichten Sulston und Waterston gemeinsame Artikel, in denen sie ihre Strategien und Methoden schilderten, verteidigten oder abweichende Methoden kritisierten. Sulston und Waterston bezeichneten dies als die Veröffentlichung von "editorial comments".²⁵⁰ Im Oktober 1995 veröffentlichten Jonathan Hodgkin (LMB), Ronald Plasterk (Netherlands Cancer Institute) und Robert Waterston (WASHU Sequencing Center) "The Nematode *Caenorhabditis Elegans* and Its Genome" in der Zeitschrift *Science*. Darin stellten sie den Fadenwurm als Modellorganismus für die Genomkartierung und -sequenzierung vor und beschrieben, welche Projekte an ihm in der Vergangenheit durchgeführt wurden und welche in der Gegenwart liefen. Diese Projekte waren verbunden durch ein übergeordnetes Ziel: "(...) the total description of the genome of a simple animal".²⁵¹ Korrespondierend dazu veröffentlichten Waterston und Sulston November 1995 einen ähnlich gelagerten Artikel mit dem Titel "The Genome of *Caenorhabditis Elegans*" in den *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*.²⁵² Neben der Vorstellung des Fadenwurms und der Genomprojekte nahmen sie Stellung zur kooperativen Anlage ihrer Arbeit. Sie schilderten die gemeinsame Geschichte der *C. elegans* Labore als von Kooperation geprägt und argumentierten für Kooperation, indem sie die effiziente und ungehinderte Weitergabe von Wissen anführten.²⁵³ Die Publikationen zu den Themenfeldern abseits der Genomkartierung und -sequenzierung sowie die Positionsartikel werden nur dort herangezogen, wo sie für die Kontextualisierung von Befunden hilfreich sind. Eine Analyse der Nennungen selbst, ohne diese durch weitere Quellen zu supplementieren, ist jedoch von begrenztem Nutzen, da aus den Publikationen weder hervorgeht, wer im Einzelnen welche Arbeitsschritte übernommen hat, noch, wie die Reihenfolge der Namensnennungen zustande gekommen ist.²⁵⁴ Dies gilt auch für die Publikationen der Typen "general" und "special results".

In der ersten Projektphase wurden zum einen die Sequenzierungsmethoden entwickelt und angepasst und zum anderen drei Cosmide probeweise sequenziert. Die Ergebnisse dieser Projektphase wurden im März 1992 in *Nature* publiziert und diese Publikation stellte die erste gemeinsame Veröffentlichung während der Laufzeit des Sequenzierungsprojektes dar und auf diese Weise wurde das Projekt auch der

²⁴⁸ Ankeny 2001, *Natural History*; Strasser 2011, *Experimenter's Museum*.

²⁴⁹ Maxson Jones, Cook-Deegan, Ankeny, 15.11.2011: Interview mit Sulston und Waterston, S. 17 des Transkripts.

²⁵⁰ Wellcome Collection, PP/SUL/B/2/1/1 Indecent Proposal, E-Mail von Waterston an Sulston am 20.10.1994.

²⁵¹ Hodgkin, Jonathan; Plasterk, Ronald H.A. und Waterston, Robert H.: The Nematode *Caenorhabditis Elegans* and Its Genome. In: *Science* Vol. 270 (1995), No. 5235, S. 410-414, S. 410.

²⁵² Waterston, Robert H.; Sulston, John: The Genome of *Caenorhabditis elegans*. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* Vol. 92 (1995), No. 24, S. 10836-10840.

²⁵³ Waterston/Sulston 1995, *Genome of C. elegans*, S. 10836.

²⁵⁴ Aus denselben Gründen kritisierten etwa Katz und Martin die Aussagefähigkeit bibliometrischer Studien für die Erforschung von realer Zusammenarbeit. Vgl. Katz/Martin 1997, *Research Collaboration* S. 10 ff.

wissenschaftlichen Öffentlichkeit vorgestellt.²⁵⁵ Als Autor:innen des Artikels sind 19 Wissenschaftler:innen namentlich genannt, die aus den drei kooperierenden Institutionen stammten: dem MRC, der WASHU und dem Labor in Montpellier. Die erste und die letzte Stelle wurden an die Projektleiter vergeben: Sulston respektive Waterston. Dazwischen wechselt sich die Nennung von Forschenden aus den verschiedenen Laboren nach einem *prima facie* nicht erkennbaren Muster grob ab. Diese Herangehensweise an die Reihenfolge musste jedoch erst ausgehandelt werden. Aus dem E-Mail-Verkehr des Jahres 1991 geht hervor, dass Sulston und Waterston dabei vor einigen Herausforderungen standen.

Waterston wies Sulston darauf hin, dass die "results will really be due to a variety of similar efforts from several individuals" und dass es deshalb Schwierigkeiten bereiten dürfte, eine dieser Personen als Erstautor auszuwählen. Deshalb fragte er Sulston, ob dieser nicht für die erste gemeinsame Veröffentlichung die Erstautorschaft übernehmen wollte, so dass man erst bei den zukünftigen Publikationen mit der Rotation der Mitarbeiter:innen beginnen würde. Der Begriff der Rotation wurde tatsächlich genau in dieser Form von Waterston verwendet, er ist also nicht nur ein Analysebegriff der Forschung zur Verteilung von Autorenschaft, sondern im vorliegenden Fall auch ein Akteursbegriff. Waterston rechtfertigte diesen Vorschlag durch einen Verweis auf Sulstons wissenschaftlichen Beitrag. Die vorläufige Vermeidung von Konflikten unter den Mitarbeiter:innen durch die Erstautorenschaft Sulstons reichte ihm als Begründung nicht aus:

"I don't think this is at all unreasonable either, since you have had broad input on the progress as well as more specific results on one cosmid. In other words I think you deserve (sic!) and it would be good for morale."²⁵⁶

Erst im August 1991 findet sich eine Antwort von Sulston und Coulson an Waterston in Reaktion auf den soeben skizzierten Vorschlag. Am Ende einer E-Mail, in der wissenschaftliche und technische Inhalte behandelt wurden, schrieben sie: "In answer to an old question: you should be first author, rest alphabetical. Cheers, John and Alan"²⁵⁷

Am 20.09.1991 antwortete Waterston in dieser Sache. Seine E-Mail beinhaltet eine diplomatisch ablehnende Reaktion auf den Vorschlag der alphabetischen Reihung. Waterston schilderte, dass der Vorschlag bei mindestens zwei seiner Postdocs, Phil Green und Rick Wilson, auf Widerstand stieß. Green zeigte sich nicht enthusiastisch, dieses Ordnungsprinzip zu implementieren, sondern setzte sich dafür ein, die Autor:innen nach der Größe ihres Beitrages zu ordnen. Waterston verstand Greens Skepsis gut und betonte in der E-Mail: "recognition is going to be a problem for postdoc level people." Die alphabetische Herangehensweise stand der Notwendigkeit der Profilierung von Wissenschaftler:innen, die sich relativ am Anfang ihrer Karriere befanden, entgegen. Die Ordnung der Autor:innen nach Größe/Relevanz ihres Beitrags sei, so Waterston, "clearly less egalitarian" als die alphabetische Ordnung, doch: "I can foresee

²⁵⁵ Sulston, John et al.: The *C. elegans* Genome Sequencing Project: A Beginning. In: Nature Vol. 356 (1992), No. 6364, S. 37-41, S. 37. Insgesamt 19 Autor:innen.

²⁵⁶ Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston am 12.03.1991.

²⁵⁷ Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Sulston und Coulson an Waterston, August 1991, nähere Datierung nicht möglich.

the day when someone with the name aa is first author on several papers without doing much.”²⁵⁸ Waterston sprach hier das zentrale Problem der alphabetischen Reihung an: die Buchstaben der Nachnamen hingen nicht mit der Größe oder Relevanz des wissenschaftlichen Beitrags zusammen. Waterston führt als Beispiel Rick Wilson an, der aufgrund seines Namens in diesem Falle benachteiligt werden würde. Waterston betonte, dass er und Sulston durchaus auf die Profilierung ihrer Postdocs durch die Vergabe von Erstautorenschaften achten mussten – wenngleich sie selbst bereits “high visibility” erreicht hatten.²⁵⁹

Diese hohe Sichtbarkeit machte es auch möglich, dass sie über Ordnungsprinzipien nachdenken konnten, die sie als egalitär empfanden – sie hatten sich im Forschungsfeld bereits etabliert und profiliert und mussten nicht mehr darauf achten, als Erst- oder Letztautoren genannt zu werden. Weiters ist zu bedenken, dass die bereits bestehende hohe Sichtbarkeit dazu geführt haben dürfte, dass Sulstons und Waterstons Namen immer besonders prominent erschienen, ganz gleich, an welcher Stelle sie genannt wurden. Dies wurde von Robert K. Merton als “Matthew-Effekt” bezeichnet: wer hat, dem wird gegeben.²⁶⁰ Dementsprechend war ihre Ankündigung, zukünftig auf adäquate Markierung zu verzichten, kein sonderlich großes Opfer. Eine weitere Möglichkeit, die leider nicht zur Umsetzung gelangte, wurde ebenso in den E-Mails angesprochen: “C. E. Maseg would be good. C. L. A. Gans was another candidate.”²⁶¹ – eine humorvolle Interpretation des Autorenproblems. Doch ihre Verpflichtung, als Laborleiter auf die Bedürfnisse ihrer Kolleg:innen und Mitarbeiter:innen zu achten, hinderte sie daran, die von ihnen favorisierte und als besonders egalitär empfundene alphabetische Reihenfolge – oder humoristische Alternativen – zu wählen. Die Mechanismen zur Markierung von Leistung und der Verteilung von wissenschaftlicher Anerkennung durch die Vergabe von prominenten Plätzen in der Reihung von Autor:innen waren auch in Sulstons und Waterstons Gruppen, so kooperativ und kommunikativ diese organisiert waren, nicht außer Kraft gesetzt. Forschende, die sich noch keine unbefristete Stelle sichern konnten, mussten ihre wissenschaftliche Profilierung weiter vorantreiben.

Sulstons Vorschlag, alle Autor:innen von Anfang an alphabetisch zu ordnen, wurde von Waterston abgelehnt – unterschiedliche Karrierestufen innerhalb der Teams sorgten für unterschiedliche Erfordernisse und gerade die Post-Docs in den Teams dachten eher an ihre individuelle Profilierung als an besonders egalitäre Ordnungsprinzipien von Nachnamen. Durch den Verweis auf die hohe Sichtbarkeit, die Sulston und Waterston als Direktoren ihrer Institute bereits besaßen, wurde Sulston an diese Notwendigkeiten erinnert. Es entbehrt nicht einer gewissen Ironie, dass ihre Lösung des Problems darin bestand, dass sie auf den ersten beiden Publikationen dennoch erst einmal ihre eigenen Namen als Erst- bzw. Letztautor aufführten – während die anderen Beitragenden in alphabetischer Reihung genannt wurden. Erst ab der dritten Publikation wurden Mitarbeitende ihrer Teams als Erstautoren geführt. Die sehr egalitären, aber auch nicht ganz wirklichkeitsadäquaten Vorstellungen von Sulston wurden behutsam von Waterston abgefangen und auf ein verträgliches Maß heruntergebrochen. Auch Waterston war an einer ausgewogenen Verteilung der Autorschaft gelegen, bei der sie als Direktoren nicht über Gebühr

²⁵⁸ Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston am 20.09.1991.

²⁵⁹ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston am 20.09.1991.

²⁶⁰ Merton, Robert K.: The Matthew-Effect in Science. In: Science, Vol. 159 (1968), No. 3810, S. 56-63.

²⁶¹ Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston am 21.09.1991.

bevorzugt behandelt wurden, jedoch besaß er ein größeres Maß an Realismus als sein Kooperationspartner. Für das ausgewogene Funktionieren ihrer Kooperation war es durchaus vorteilhaft, dass sie sich in gewissen Punkten ergänzten.

Beide waren sich einig, dass sie in ihrer Kooperation bestimmte Werte leben und durchsetzen wollten. Dass gerade Waterston als US-amerikanischer Kooperationspartner den kompetitiven Dynamiken gegenüber mehr Realismus an den Tag legte, wurde auch von den beiden Forschenden bemerkt und in einen bestimmten Begründungszusammenhang integriert. Um gute und schlechte Teilbereiche wissenschaftlicher Konkurrenz zu markieren, verwenden sie das folgende Vokabular: ein hohes Maß an Konkurrenz und an Geheimhaltung unter Kolleg:innen galt als etwas Abzulehnendes und wurde als „american view of science“ bezeichnet – in dezidierter Abgrenzung zum „international view of science“, dem sie beide anhängen würden. Letzteres mag durchaus zutreffen, die Bezeichnung als „american view of science“ jedoch ist verkürzt. Durch die Zuschreibung nationaler Stereotypen wurde verdunkelt, dass kompetitive Dynamiken innerhalb wissenschaftlicher Gruppen seit jeher keine Frage nationaler Kontexte waren; alle Forschenden waren und sind diesen Notwendigkeiten unterworfen. Dass Akteure keinen vollständigen und kritischen Überblick über ihre historische Situation haben, ist durchaus nicht ungewöhnlich – im vorliegenden Fall bedarf dies allerdings umso dringender einer Richtigstellung, weil Sulston und Waterston sich durchweg dazu geäußert haben, wie die Wissenschaften in ihren Augen organisiert sein sollten und dies auch zu ihrem Aushängeschild wurde.

Waterston lässt nicht von seinem Vorschlag ab, die Erstautorschaft der Einfachheit halber an Sulston zu vergeben, und spricht ihn gegen Ende der E-Mail erneut aus:

“On this the first paper you should still be first author, because it is the first. Later papers will give the postdocs a chance in this view. So I think we should go with things as they are, but folding my name into the last.”²⁶²

Sowohl die Rotation der beteiligten Personen als auch die Vergabe von Erstautorenschaften an Postdocs wurden mit dieser Lösung auf einen späteren Zeitpunkt verschoben. Bevor dies jedoch geschah, wurde bei der zweiten gemeinsamen Veröffentlichung die Erstautorenschaft an Waterston und die letzte Nennung an Sulston vergeben. Bei dieser Veröffentlichung im Mai 1992 wurden 18 Autor:innen aus dem Department of Genetics der Washington University, aus dem Human Genome Center in Berkeley, aus dem LMB, und aus dem CRBM Montpellier namentlich genannt.²⁶³ Waterston hatte die Erstautorenschaft inne, als zweiter ist ein Forscher aus Berkeley genannt und dann folgt die Nennung von 14 Forscher:innen aus LMB und WASHU, die nach Institutionen abwechselnd genannt sind und die untereinander nicht alphabetisch geordnet sind. Die Auflistung schließt mit der Nennung eines Forschers aus Montpellier und zuletzt wird John Sulston angeführt. Vorgebend, dass dies die Problemlösung vorantreiben würde, rotierten also Sulston und Waterston bei den ersten beiden gemeinsamen Publikationen untereinander die prestigeträchtige Nennung an erster und an letzter Stelle. Inwieweit sich dies von althergebrachten

²⁶² PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston am 20.09.1991.

²⁶³ Waterston, Robert et al.: A Survey of Expressed Genes in *Caenorhabditis Elegans*. In: *Nature Genetics* Vol. 1 (1992), No. 2, S. 114-123.

und weniger egalitären Methoden der Reihung unterschied, konnte in der vorliegenden Untersuchung nicht erkannt werden. In der dritten gemeinsamen Veröffentlichung (Veröffentlichung der ersten 2.2 sequenzierten Megabasenpaare im März 1994) schließlich waren 55 Autor:innen namentlich genannt und das Ordnungsprinzip für die Nennung der Personen war ein Kompromiss aus den soeben skizzierten Positionen.²⁶⁴ Richard Wilson wurde als Erstautor genannt, danach waren alle anderen 54 Autor:innen in stringenter alphabetischer Reihenfolge aufgeführt. Wilson war 1993 zum Co-Direktor des Washington University Sequencing Center aufgestiegen und seine Nennung als Erstautor dürfte dieser Position Rechnung tragen aber auch der Notwendigkeit, Postdocs mit Erstautorschaften zu bedenken.

Ganz gleich, ob nobel oder nicht, ob egalitär oder nicht: Sulston und Waterston waren zumindest bemüht, die Bedürfnisse ihrer Mitarbeitenden – und spezifisch der sogenannten Nachwuchswissenschaftler:innen in Betracht zu ziehen und zu konstruktiven Lösungen zu gelangen. Die Bedürfnisse von weniger weit fortgeschrittenen Wissenschaftler:innen waren oft anders gelagert als diejenigen von bereits etablierten Forschenden. Dies zeigte sich auch an anderer Stelle:

“By the way in the end I decided to try to get Rick to talk. I don’t really enjoy it, and Rick wanted to talk. He is feeling from time to time a bit under our shadows, and this was a chance to increase his linkage to the worm project.”²⁶⁵

Auch bei Vorträgen auf wissenschaftlichen Tagungen spielte demnach die Notwendigkeit zur Profilierung von Wissenschaftler:innen eine Rolle. So, wie Sulston und Waterston darauf achteten, dass Vorträge zu *C. elegans* und Vortragende aus ihren Laboren auf den entsprechenden Tagungen vertreten waren, um für die Sichtbarkeit ihrer Projekte zu sorgen, so hatte auch darauf geachtet zu werden, dass unterschiedliche Personen aus den Laboren dabei zum Zug kommen konnten. Nicht jede Situation, in der ausgehandelt wurde, wer in welcher Reihenfolge auf einer Publikation genannt werden oder auf einer Tagung sprechen sollte, war eine Konkurrenzsituation im engeren Sinne. Die wissenschaftssoziologische und -historische Forschung bezeichnete dergleichen etwa als den Wissenschaften inhärente Dynamiken: als “essential tensions”, die die inneren Zusammenhänge der Wissenschaften prägen.²⁶⁶

Die einzelnen jungen Forscher:innen befanden sich prinzipiell durchweg in einer Konkurrenz zueinander um Anerkennung und Prestige mit dem Ziel, sich zu etablieren. Auf diese Weise modelliert ist es eine ziemlich breit gefasste, aber nicht weniger reale Konkurrenz. Diese Situationen konfigurernder Interessen von Forschenden verschiedener Karriereabschnitte sind in den Wissenschaften üblich und latent.²⁶⁷ Die Kooperation von Sulston und Waterston war stabil genug, um von diesen nicht ernstlich gefährdet zu werden. Sulston und Waterston trugen seit spätestens 1993 eine zusätzliche Verantwortung für die Mitarbeiter:innen ihrer Gruppen – und damit unterschied sich ihre Situation von der vormaligen am LMB. Denn dort standen die Wissenschaftler:innen allgemein unter einem verhältnismäßig geringen

²⁶⁴ Wilson, Richard et al.: 2.2 Mb of Contiguous Nucleotide Sequence from Chromosome III of *C. elegans*. In: Nature Vol. 368 (1994), No. 6466, S. 32-38.

²⁶⁵ Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston am 27.07.1991.

²⁶⁶ Hackett 2015, Essential Tensions.

²⁶⁷ Vgl. Hackett 2015, Essential Tensions, S. 792.

Publikationsdruck.²⁶⁸ Dies lag zum einen an der komfortablen Finanzierungssituation, zum anderen aber auch schlicht daran, dass sie zu diesem Zeitpunkt noch nicht Gruppen- oder Laborleiter waren. Vor allem Sulston, der mehr als zwei Dekaden am LMB gearbeitet hatte, musste vermehrt an die Realitäten des Wissenschaftsbetriebs erinnert werden. Waterston hingegen ging deutlich hellsichtiger und pragmatischer damit um, wie sich auch noch einmal in den folgenden Kapiteln erweisen wird.

Sulston und Waterston kommunizierten viel via E-Mail, und in diesen Mails finden sich obendrein häufig Hinweise auf vergangene oder geplante Telefonate – sogar am späten Abend oder am Wochenende. In den E-Mails wurde auf verschiedenen Ebenen kommuniziert. Am meisten Raum nimmt der wissenschaftliche Austausch über ihre Forschung ein, also über die verwendeten Methoden und die Aufteilung der Arbeit. So wurden der Stand der Kartierungs- und Sequenzierungsarbeit kommuniziert, fachliche oder arbeitspraktische Erkenntnisse ausgetauscht und dem Partnerlabor wurden Protokolle der jeweiligen Teamsitzungen zur Kenntnisnahme geschickt. Man koordinierte sich jedoch auch für die gemeinsame Projektbewerbung bei den NIH (1989-1990) oder tauschte Neuigkeiten bezüglich der eigenen Beantragungsprozesse in der Folgezeit aus. Zudem wurden gemeinsame Argumentationsstrategien gegenüber den Geldgebern, der Politik oder der Öffentlichkeit besprochen. Diese Koordinations- und Austauschprozesse wurden begleitet von persönlichen Einschätzungen von Situationen, von Kollegen und deren Projekten; eingestreut finden sich des Öfteren auch gegenseitige Komplimente und spielerische Konkurrenzäußerungen. Manchmal wurden auch ganz persönliche Dinge erwähnt, wie beispielsweise Neuigkeiten über ihre Familien, anstehende Urlaubsreisen, Motorradunfälle, Operationen oder Pub-Besuche – woran sich in besonderer Weise ihr gutes Verhältnis zeigt. Ihr Austausch war engmaschig und gut eingespielt. Aufgrund ihrer persönlichen Bekanntschaft und aufgrund des bestehenden Willens zur Kooperation konnten auch potenziell spannungsreiche oder konfliktträchtige Fragen produktiv und niedrigschwellig geklärt werden.

Graßhoff und Wüthrich arbeiteten heraus, dass man sich in der ATLAS Großkollaboration am Cern dafür entschied, ein Autor:innenkollektiv zu gründen, dessen Mitglieder Forschende am Cern (ATLAS) automatisch wurden. Dieses Kollektiv wurde dann bei allen Publikationen anstelle eines Autors genannt. Diese Herangehensweise war genau deshalb unkompliziert möglich, da im Zentrum der CERN-Projekte ein teures Großgerät stand. Die Zugehörigkeit zum Autor:innenkollektiv war damit relativ unproblematisch zu klären – bei der transatlantischen Kooperation von Sulston und Waterston sowie generell in der netzwerkartigen Struktur des internationalen Projektverbundes war dies nicht ohne Weiteres möglich.²⁶⁹ Sulston und Waterston versuchten es in ihren Teams zunächst auf eine kleinteiligere Weise zu lösen, indem sie darüber sprachen und herumfragten, wer der Meinung sei, auf einem Journal-Paper als Autor genannt zu werden. Die persönliche und gute Bekanntschaft zwischen Sulston und Waterston kann auch hier als Ressource für das gute Gelingen der Kooperation und die Einebnung von Interessenskonflikten und kompetitiven Dynamiken gewertet werden.

²⁶⁸ Vgl. de Chadarevian de Chadarevian 2002, *Designs for Life*; Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*.

²⁶⁹ Graßhoff/Wüthrich 2012, *Metaatlas*; sowie Nickelsen 2014, *Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften*.

Als die Größe ihrer Laborgruppen Ende der 1990er erneut angewachsen waren, begannen die Wissenschaftler:innen, ihre Institutionen als Autoren zu nennen oder als Konsortium aufzutreten. Vor allem mit letzterem kehrten sie zu den Anfängen der *C. elegans* Community zurück, als 1988 dieselbe als Kollektivautor auf dem ersten veröffentlichten Handbuch zu *C. elegans* als Modellorganismus der Molekularbiologie und Molekulargenetik auftrat. Die kooperativen und kommunikativen Praktiken ihrer Community hatten ihnen auch dahingehend Prägungen und Ideen an die Hand gegeben. In Unterscheidung dazu wurden nun die Autor:innen in Appendices aufgeführt, so dass Leser:innen nachschlagen konnten, welche Forschenden Teil des betreffenden Konsortiums waren und aus welchen Laboren diese stammten. Die Aufzählungen waren nach Laboren geordnet – diese wiederum nach der Größe ihres Beitrages – und innerhalb der jeweiligen Labore waren die Forschenden in alphabetischer Reihenfolge wiedergegeben. So ganz konnte man sich von der Aufschlüsselung aller beteiligten Namen jedoch nicht trennen. Doch das bedeutet nicht etwa, dass die moralische Verfassung der Forschenden im Vergleich zur frühen *C. elegans* Community schlechter geworden sei.

Vielmehr waren die Notwendigkeiten anders gelagert als zuvor: es war für viele Forschende notwendig, die Profilierung des eigenen Namens voranzutreiben, um sich möglichst gut für darauffolgende Karriereschritte zu positionieren. In den 1970ern und 1980ern am LMB in Cambridge und den anderen Laboren, die ebenfalls diesem erweiterten Netzwerk angehörten, waren die Finanzierungssituation und die Karriereperspektiven sehr komfortabel. Profilierung und Etablierung funktionierten zu einem nicht unwesentlichen Teil durch enge, persönliche Bekanntschaften; einige wenige privilegierte führende Forscherpersönlichkeiten konnten verhältnismäßig frei über die Fördergelder verfügen und es mussten nicht in derselben Quantität Publikationen in Fachjournals ausgestoßen werden.²⁷⁰ Unter diesen Bedingungen war es einfacher gewesen, für einen Moment auf die korrekte Sichtbarmachung des eigenen Namens und der eigenen Leistung zu verzichten. In der Zwischenzeit war nicht nur die Menge der *C. elegans*-Forschenden angestiegen, sondern die Teilhabe am akademischen Prozess war nun für größere und diversere Personengruppen möglich als zuvor. Von einer Demokratisierung zu sprechen, erscheint mir etwas zu großzügig, dennoch bedeuteten diese veränderten Bedingungen, dass mit Profilierung, Etablierung und Verteilung von Anerkennung anders umgegangen werden musste – ebenso, wie sich auch die Prozesse der Geldvergabe und des Austausches von Forschungsergebnissen und -daten verändert hatten.

²⁷⁰ Vgl. Kapitel 9 “Laboratory Cultures” in: de Chadarevian 2000, *Designs for Life*, S. 264 ff.

Latente Konkurrenz

In der *C. elegans* Community hatte es also durchaus hier und da Situationen gegeben, in denen Sulston, Waterston und Coulson kompetitive Dynamiken bedenken mussten. Das von John Sulston kultivierte Narrativ von der friedlichen *C. elegans* Community und den intensiven Konkurrenzkämpfen außerhalb kann also nicht einfach so wiedergeben werden.²⁷¹ Dennoch waren die Ausgangsbedingungen im Kontext der nationalen Genominitiativen andere. Die immense Vielfalt an möglichen wissenschaftlichen und organisatorischen Zuschnitten und bereits bestehenden Projekten auf dem Feld der Genomforschung verkomplizierte die Lage deutlich und die Menge der zur Disposition stehenden Gelder war größer als zuvor. Im Vergleich zur komfortablen Situation am LMB hatten sich die Notwendigkeiten der Geldereinwerbung verändert. Im Folgenden soll den externen Konkurrenzdynamiken nachgegangen werden, denen Sulston und Waterston aufgrund ihrer Einbettung in die nationalen Genominitiativen begegneten; allen voran der steten Konkurrenz von Forschenden um die Gunst der Forschungsförderungsinstitutionen und ihrer Peer Review Gremien.

Um die Fördergelder zu sichern, mussten die beantragenden Wissenschaftler:innen ihre Gunst erringen, indem sie sie überzeugten, dass die eigene Position und Methode förderungswürdig waren. Die Fachöffentlichkeit – und somit auch diese Gremien – waren in der Frage, ob Genome zur Gänze sequenziert und welche Methoden dabei verwendet werden sollten, gespalten. Die Diskussionen darum prägten die Konzeptionsphasen sowie den gesamten Bearbeitungszeitraum der nationalen Genominitiativen. Die verschiedenen Positionen der Wissenschaftler:innen wurden immer wieder zur Disposition gestellt und diskutiert; die historischen Quellen dieser Jahre sind voll von derartigen Äußerungen und Argumenten. Die Konkurrenz unter den Forschenden wurde gezielt von Mitarbeitenden, Administratoren und Direktoren von Forschungsförderungsinstitutionen verstärkt; in dieser Hinsicht stellten USA HGP und UK HGMP keine Besonderheiten gegenüber der üblichen Verfasstheit der Wissenschaften dar. Grundlage für dieses Vorgehen war die vorherrschende und kaum hinterfragte Ansicht, dass Gelder durch Konkurrenzen besonders effizient vergeben und Entwicklungen in Wissenschaft und Technologie durch Konkurrenz besonders gut angekurbelt und beschleunigt werden können.²⁷² Die US-amerikanischen NIH agierten kompetitiv und dies hatte Auswirkungen für Sulston und Waterston. Wo möglich, nehme ich ebenso den Medical Research Council und die Situation im UK in den Blick.

Die Rolle von Mitarbeitenden der Forschungsförderungsinstitutionen bei der Förderung kompetitiver Dynamiken zwischen den Forschenden des Verbundes wurde in einer Quelle besonders augenfällig und humoristisch visualisiert. Für eine Tagung zum Thema Genomkartierung und -sequenzierung vom 06.-10. Mai 1992 im Cold Spring Harbor Laboratory wurde ein Book of Abstracts herausgegeben, das mit einem liebevoll gestalteten Deckblatt versehen wurde. Auf diesem Deckblatt wurde auf humoristische Weise das Verhältnis der verschiedenen Modellorganismus-Genomprojekte zueinander illustriert.²⁷³ Abgebildet ist

²⁷¹ Vgl. insbesondere Sulston/Ferry 2002, Common Thread; Brown 2003, In the Beginning.

²⁷² Hinsichtlich der hohen Kooperationsbereitschaft unter Forschenden wäre davon auszugehen, dass ein Geldervergabesystem, dass sich in geringerem Maße auf kompetitive Mechanismen stützt, ebenso erfolgreich sein könnte.

²⁷³ Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, Deckblatt für ein Book of Abstracts für eine Tagung zum Thema Genomkartierung und -sequenzierung vom 06.-10.05.1992 im Cold Spring Harbor Laboratory.

ein Wettlauf zwischen meistenteils paarweise organisierten Gruppen, die an den Genomen verschiedener Modellorganismen arbeiteten. Darunter: *Drosophila melanogaster*, *Mus musculus*, das Mammut, *Arabidopsis thaliana* und natürlich: *Caenorhabditis elegans*. Die abgebildeten Organismen sind Mehrzeller; das *E. coli* Bakterium und die Hefe *S. cerevisiae* fehlen auf der Abbildung, wenngleich auch sie eine Rolle als wichtige Modellsysteme spielten – v.a. die Hefe in der Frühphase des HGP. Das Genom von *A. thaliana* wurde zwar ebenso sequenziert (Publikation der Sequenz im Dezember 2000), doch die Labore, die hierfür kooperierten, wurden größtenteils nicht durch die Gelder des US HGP finanziert, sondern von einer Mehrzahl von Forschungsförderungsinstitutionen in USA, Europa und Japan. Diese Arbeit stand somit etwas außerhalb vom US-amerikanischen HGP, eine Tatsache, die ihren humoristischen Niederschlag darin findet, dass der *A. thaliana*-Forscher auf der Zeichnung nicht auf der Rennstrecke läuft, sondern auf einem Hügel mit einem Fernglas in Richtung Ziellinie blickt.²⁷⁴

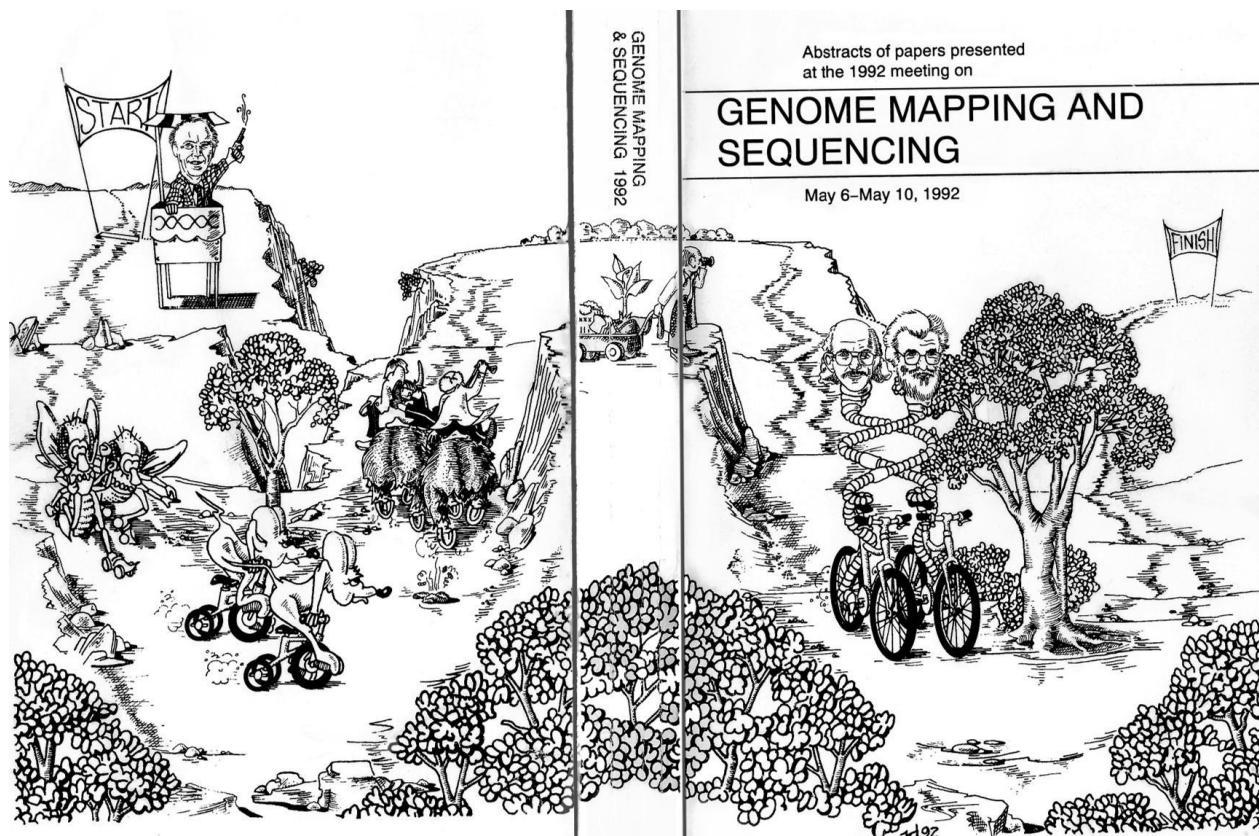


Abb. 4: Mit freundlicher Genehmigung bereitgestellt von Bob Waterston und den Cold Spring Harbor Laboratory Archives.

²⁷⁴ The *Arabidopsis* Genome Initiative: Analysis of the Genome Sequence of the Flowering Plant *Arabidopsis Thaliana*. In: *Nature* Vol. 408 (2000), No. 6814, S. 795-815. Für eine Geschichte der genetischen Forschung an *A. thaliana* siehe: Leonelli 2007, *Growing Weed*.

Das Rennen wird mit deutlichem Vorsprung angeführt von Sulston und Waterston, deren Köpfe auf den Körpern zweier zu einer Doppelhelix verschlungener Fadenwürmer stecken. Die dergestalt verschlungenen Figuren sitzen auf jeweils einem Fahrrad und radeln gemeinsam Richtung Ziellinie. Durch die Abbildung der ikonischen Doppelhelix wird die enge Verbindung der Sulstons und Waterstons zu einem molekulargenetischen Forschungsprogramm symbolisiert, in dessen Zentrum die Erforschung des Makromoleküls und seiner Basenpaare steht. Anders als die anderen Forscher, Organismen oder Teams, laufen Sulston und Waterston in der Illustration nicht nur nebeneinanderher, sondern sind durch die verschlungenen Fadenwürmer eng miteinander verbunden. Diese Darstellung verweist auf ihren Zusammenschluss in einer Kooperation, die sie im Vergleich zu den anderen Teams besonders konkurrenzfähig machte. Das Schlusslicht des Rennens bilden zwei Fruchtfliegen auf Rollerblades.

Der Abstand zwischen *D. melanogaster* und Sulston und Waterston war dabei sehr großzügig abgebildet. Dies leuchtet ein, wenn man sich vergegenwärtigt, dass zum Zeitpunkt der Erstellung der Zeichnung erst mit der physischen Kartierung von *Drosophila* begonnen worden war, wohingegen sich bei *C. elegans* bereits die Pilotsequenzierung dem Abschluss zuneigte. Das Verhältnis der Gruppen zueinander ist hier als regulierter Wettkampf dargestellt, denn es sind eine Start- und eine Ziellinie zu erkennen sowie eine Person in der Funktion eines Schiedsrichters. Am karierten Jackett ist zu erkennen, dass es sich dabei um James Watson handeln soll. Dieser gibt die Rahmenbedingungen vor: etwa gibt er den Startschuss, beobachtet das Geschehen und kürt den oder die Sieger. Watson war zu diesem Zeitpunkt Direktor des Cold Spring Harbor Laboratory, wo auch die Tagung "Genome Mapping and Sequencing" stattfand und bis Mitte April 1992 zudem Direktor des Office of Human Genome Research der NIH.

Robert Waterston betonte in unseren Gesprächen, dass Watson "a big believer in the benefits of vigorous competition"²⁷⁵ war. Dies zeigte sich insbesondere daran, wie er in der Planungs- und in der Frühphase des USA HGP auf die *C. elegans* Forschenden zuging. Sulston, Waterston und Horvitz berichteten in der Retrospektive, dass Watson in einem Gespräch mit Horvitz Ende der 1980er eine Liste von Modellorganismen nannte, die im Zuge der geplanten Genominitiative in den USA sequenziert werden sollten. Auf dieser Liste fehlte der Fadenwurm, denn Watson äußerte Zweifel: "that the worm community had pulled it together enough to launch the operation in the way that would really get the sequence done."²⁷⁶ Stattdessen wurde *Drosophila* als favorisierter Organismus gehandelt. Von *Drosophila*, einem lange etablierten und standardisierten Modellorganismus, waren zu diesem Zeitpunkt deutlich mehr einzelne Gene sequenziert worden als von *C. elegans* und es existierten extensive Bibliotheken biologischer Materialien.

Auf der arbeitspraktischen und organisatorischen Ebene jedoch war die Genomforschung an *Drosophila* zu keinem Zeitpunkt so weit vorangeschritten oder so gut organisiert, dass sie eine reale kompetitive Bedrohung für Sulston, Waterston und ihre Kolleg:innen dargestellt hätte. Der hohe Organisationsgrad von Forschergruppen sowie etablierte Kommunikationskanäle und Normen waren von Vorteil für eine geschickte Steuerung der nationalen Genominitiative, so dass diese Elemente zu positiven Argumenten für

²⁷⁵ Waterston, Written Answers, S. 5.

²⁷⁶ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 67.

die Förderung von Sulston und Waterston wurden.²⁷⁷ Die wissenschaftshistorische Forschung betonte, dass die Gruppen, die mit der Kartierung und Sequenzierung von Genomen von Modellorganismen befasst waren, schlicht bereits den notwendigen Organisationsgrad besaßen, um größere Projekte anzustreben und überhaupt über den Übergang zum menschlichen Genom nachzudenken. Sie zu integrieren, sei nicht nur eine wissenschaftliche, sondern auch eine projektstrategische Entscheidung der Forschungsförderungsinstitutionen gewesen.²⁷⁸ Anekdoten wie diese zeigen zumindest jedoch das strategische Vorgehen Watsons, der durch das Hervorrufen und Betonen von Konkurrenzsituationen zwischen den Modellorganismusgruppen besonderen Eifer und besondere Leistungen hervorzurufen bestrebt war.

Der kompetitive Vergleich mit *Drosophila* zieht sich durch die Geschichte der *C. elegans* Community. Bereits früh betonen *C. elegans* Forschende die Leistungsfähigkeit des Fadenwurms als Modellorganismus, indem sie ihn in Sachen Beliebtheit mit *Drosophila melanogaster* verglichen. Das Kriterium für den Erfolg war dabei die Menge an biologischen und genetischen Problemen, die mit dem Fadenwurm als Modellorganismus erforscht werden konnten. Jonathan Hodgkin (LMB) schrieb in einem Artikel von 1989 über die Geschichte der *C. elegans* Community: "There seems to be no limit to the variety of problems that can be studied using *C. elegans*, and "the worm" now stands second only to *Drosophila* as a favorite invertebrate for geneticists."²⁷⁹ 1993 wurde dieses Urteil sogar noch großzügiger gefällt, als Robert Waterston in einer Diskussion bezüglich der Bewilligung von Fördergeldern argumentierte:

"Over the past 20 years *C. elegans* research has made this small nematode a research tool of power comparable to and often surpassing its much more established rival *D. melanogaster*."²⁸⁰

Dieser Vergleich zwischen dem Erfolg von *Drosophila* und *C. elegans* lag nahe: die Bedeutung von *C. elegans* als neuem Modellorganismus in der (molekular-)genetischen Forschung nahm ab Mitte der 1970er rapide zu und korrespondierend stieg die Anzahl der Forschenden, die mit ihm arbeiteten, kontinuierlich an. Dass die Forschenden ihre Forschung spätestens ab Ende der 1980er regelmäßig und vorteilhaft mit der klassischen Genetik an *Drosophila* verglichen, legte Zeugnis von ihrem kollektiven Selbstbewusstsein ab.

Dieses Verhältnis als kompetitiv zu bezeichnen, deckt sich mit dem alltäglichen Sprachgebrauch – es unterscheidet sich jedoch deutlich von Episoden konkreter wissenschaftlicher Konkurrenz. Deshalb möchte ich es präzisierend als sportlich-spielerisches Konkurrenzverhältnis bezeichnen, bei dem Forschende aus Freude an kompetitivem Verhalten versuchten, einander zu übertrumpfen. Dabei ging es um wissenschaftliche Anerkennung und epistemischen Erfolg – beides „weiche“ Prämien, die nicht immer eindeutig einzugrenzen sind und bei denen auch nicht immer klar ist, von wem sie vergeben werden. Zudem dürfte ein großer Teil dieses Wettstreits sehr subjektiv bewertet werden: es ist beispielsweise nicht

²⁷⁷ Vgl. Kapitel 1, Unterabschnitt „Einwerbung der Gelder“; oder auch in eigener Argumentation: Waterston/Sulston 1995, Genome of *C. elegans*, S. 10836.

²⁷⁸ Ankeny 2003, Sequencing the Genome, S. 89.

²⁷⁹ Hodgkin, Jonathan: Early Worms. In: Crow, James F. and Dove, William F. (Hrsg.): Anecdotal, Historical and Critical Commentaries on Genetics. In: Genetics Vol. 121 (1989), S. 1-3, S. 1.

²⁸⁰ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston, 20.04.1993.

eindeutig zu quantifizieren, wie viele Forschungsfragen (erfolgreich) an einem Organismus bearbeitet werden können. Wie genau epistemischer Erfolg aussieht und wie die Arbeit anderer Forschungsgruppen oder Labore wahrgenommen wird, ist auch nicht definitiv zu klären. Wir dürfen mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit annehmen, dass Forschende, die mit *Drosophila* arbeiteten, die *C. elegans*-Gruppen nicht im selben Maße als die neuen Shooting Stars wahrgenommen haben, durch die sie in Erfolg, Prominenz und Relevanz abgelöst werden. Fest steht jedenfalls, dass Watson, der die Community von seiner Zeit am LMB gut kannte, um die vergleichende und sportlich-spielerische Haltung, die die *C. elegans* Forscher:innen gegenüber der *Drosophila*-Community an den Tag legten, wusste. Er verwendete sie dazu, das Interesse von Sulston, Waterston und ihren Kolleg:innen an der Sequenzierung sowie ihre Bemühungen für die Qualifikation als Pilotprojekt zu intensivieren.

Auch anderenorts wurde der sportlich-spielerische Wetteifer der *C. elegans*-Gruppen argumentativ fruchtbar gemacht. Im April des Jahres 1992 schrieb John Sulston an Dr. Dai Rees vom MRC und schilderte, dass die Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms unter dem Umzug ins Sanger Centre und unter dem Beginn der Arbeit am menschlichen Genom litt. Wichtige Fachkräfte mussten für die Ausbildung neuer Arbeitskräfte abbestellt werden. Sulstons Vorschlag war es, die für das menschliche Genom vorgesehenen Arbeitsplätze und -maschinen ("production units") zunächst auch noch für die Sequenzierung von *C. elegans* zu verwenden, doch da die Sequenzierung des Wurms vom MRC finanziert war – die Arbeit am menschlichen Genom hingegen vom Wellcome Trust – gestaltete sich das nicht unbedingt einfach. Sulston versuchte deshalb, den MRC davon zu überzeugen, die Anzahl der *C. elegans* Produktionseinheiten zu erhöhen. Dafür musste er Überzeugungsarbeit leisten und erinnerte an die Relevanz der Sequenzierung des Fadenwurms:

"I am so sorry to fuss about plans again, but the challenge from *Drosophila* in the U.S.A. brought to a head some lurking worries. If we are to make a success of the nematode genome project, it is clear (as you have pointed out to me) that being nice is not good enough. We have to take, and keep, a commanding lead."²⁸¹

Der wissenschaftliche Wert der Sequenz des Fadenwurms war zwischen Sulston und Rees umstritten, stattdessen wurde auf die internationale Durchsetzungsfähigkeit verwiesen, die es zu gewährleisten galt. Rees hatte wohl auf die fortschreitende Kartierung und Sequenzierung des Genoms von *Drosophila* verwiesen, um die Dringlichkeit, die er als Beamter des MRC verspürte, an Sulston weiterzugeben. Es gehörte, wie etwa im vorangegangenen Kapitel gezeigt wurde, zu den Imperativen des MRC, die internationale Konkurrenzfähigkeit von Spitzenforschern aus dem UK zu gewährleisten. Sie sollten prägend und führend an der internationalen Genomforschung beteiligt sein. Dazu gehörte eben auch, dass sich Sulston als führende Figur des Map-Based Large-Scale Sequencing am Genom des Fadenwurms gegen andere Modellorganismusgruppen durchsetzen sollte. Sulston war ebenfalls daran gelegen, sich gegen konkurrierende Gruppen durchzusetzen, aber vor allem verwendete er den Verweis auf konkurrierende Modellorganismusgruppen als argumentative Ressource gegenüber seiner Forschungsförderungsinstitution.

²⁸¹ Wellcome Collection, PP/SUL/B/1/1/1 GRL Files, Schreiben von John Sulston an Dai Rees (MRC), 29.04.1992.

Die Konkurrenzverhältnisse zwischen den einzelnen Pilotprojekten und den verschiedenen Modellorganismus-Gruppen waren insofern nichts Außergewöhnliches, als Wissenschaftler:innen immer irgendwie in Konkurrenz miteinander um die von den Institutionen bereitgestellten Fördergelder stehen – ob das nun die generellen Budgets sind oder erweiterte Töpfe im Sinne eines Ring-Fenced Funding wie beim HGP. In diesem Punkt unterscheiden sich das USA HGP und das UK HGMP nicht von anderen Projekten. Diese grundsätzliche Konkurrenz bereitete Sulston und Waterston keine schlaflosen Nächte – allenfalls fanden die latenten Konkurrenzverhältnisse Niederschlag in ihrer Rhetorik. Das, was sie stattdessen umtrieb, war die immer wieder aufs Neue aufflammende Diskussion darüber, was eigentlich genau sequenziert und ob eine Sequenzierung gesamter Genome überhaupt angestrebt werden sollte. Damit sahen sich Sulston und Waterston regelmäßig konfrontiert und damit befassten sie sich gedanklich. Die Kartierung und Sequenzierung von *Drosophila* spielten eine verschwindend geringe Rolle im Austausch der beiden Wissenschaftler. Zumindest zeigte dies eine Untersuchung ihres E-Mail-Verkehrs, aus dem der tagesaktuelle Gefühlszustand der zwei Wissenschaftler – so, wie sie ihn sich gegenseitig schilderten – abgelesen werden kann. Hätte sie das Verhältnis zu den Gruppen, die *Drosophila* kartierten und sequenzierten, real beschäftigt und besorgt, so hätte sich dies auch schriftlich niedergeschlagen. Denn Sulston und Waterston besprachen sehr engmaschig, was sie beschäftigte.

Ich hoffe, gezeigt zu haben, dass (1) eine diffuse und latente Konkurrenz zwischen unterschiedlichen Gruppen bestand, die aber nicht konkret und akut war und dass (2) das Verhältnis zu *Drosophila*-Gruppen aufgrund der Wissenschaftsgeschichte beider Communities auf rhetorisch-diskursiver Ebene angeführt werden konnte, wenngleich es nicht akut und konkret war. Durch die Bezugnahme auf dieses diffuse Konkurrenzverhältnis konnten unterschiedliche Akteure ihre Argumentationen vorbringen. Das Konkurrenzverhältnis besaß keine faktische Aktualität, aber es war dennoch diskursiv wirkmächtig. Dabei war weitgehend irrelevant, ob zwischen diesen Gruppen tatsächlich eine klar umrissene und beidseitige Konkurrenz bestand. Die Suggestion von Konkurrenz gehörte als Steuerungswerkzeug zum Repertoire der Forschungsförderungsinstitutionen des ausgehenden Jahrtausends.

Dementsprechend ist auch kritisch zu hinterfragen, bzw. einzuordnen, wie die Rolle von James Watson dargestellt wurde. Selbstverständlich traf nicht er persönlich die Entscheidungen über die Bewilligung von Forschungsanträgen – ja, nicht einmal das OHGR als Unterabteilung des Direktoriums der NIH war für eine Auswahl unter den Anträgen zuständig.²⁸² Für das HGP wurden gesonderte Gelder bewilligt, und auch für das HGP war die Vergabe dieser durch ein Peer Review-Verfahren geregelt. In einem ersten Schritt wurden die Förderungsanträge zum Center for Scientific Review (CSR) in die Division of Basic and Integrative Biological Sciences (DBIB) geleitet und dort wurden die Anträge an fachliche Study Groups sowie an anonyme Gutachter:innen weitergeleitet. Durch diesen Prozess entstand eine erste Einschätzung, ob die Anträge zur Förderung empfohlen werden sollten oder nicht. In einem anschließenden Schritt entschied das National Advisory Council for Human Genome Research (NACHGR), das aus fachnahen Wissenschaftler:innen und Angestellten des OHGR (später NHGRI) bestand, über die Förderung.²⁸³

²⁸² Roberts, Leslie: Watson May Head Genome Office. In: *Science* Vol. 240 (1988), No. 4854, S. 878-879; Palca, Joseph: James Watson to Head NIH Human Genome Project. In: *Nature* Vol. 335 (1988), No. 6187, S. 193.

²⁸³ National Institutes of Health, National Human Genome Research Institute (vormals Office for Human Genome Research): *History and Timeline of Events*, Abschnitt zu den 1990er Jahren, online verfügbar unter:

Diejenigen Personen, die im Sinne eines Dritten über die Vergabe der Gelder entschieden, sind innerhalb des wissenschaftlichen Fachkollegiums der betreffenden und angrenzenden Forschungsfelder selbst zu suchen: die Peers entschieden über die Bewilligung oder Ablehnung der Anträge. Leider liegen mir keine Quellen vor, aus denen die Zusammensetzung dieser Gremien hervorgehen würde.

Die große Strahlkraft der Person Jim Watson und seine einflussreiche Position als Direktor des CSHL und des OHGR dürften dazu geführt haben, dass die Wissenschaftler:innen ihn in ihren Darstellungen und Illustrationen mit der Entscheidungsgewalt identifizierten. Auch Robert Cook-Deegan schilderte, dass Watsons “every word was taken as an NIH policy statement”²⁸⁴, wenngleich er dies in respektvoller und affirmativer Absicht und nicht in geschichtswissenschaftlich-kritischer Absicht auszusprechen schien. Da die vorliegende Untersuchung jedoch von geschichtswissenschaftlich-kritischer Absicht getragen ist, kann der humoristische Cartoon nicht unproblematisch als direkte Evidenz für das Bestehen einer Konkurrenz zwischen den Bearbeitenden verschiedener Modellorganismen unter der Direktion von James Watson verstanden werden. Auch das Humangenomprojekt funktionierte nach den üblichen Spielregeln der Wissenschaften und demnach sind kooperative und/oder kompetitive Dynamiken erklärfähiger als der Willen und das Handeln einzelner Personen, so dominant diese gewesen sein mochten. Der einzige Unterschied bei der Vergabe der Gelder war die Bereitstellung gesonderter Gelder, wodurch eine neue, von den restlichen Forschungsfeldern und von der bestehenden Forschung weitestgehend unabhängige Konkurrenzsituation geschaffen wurde.

Vielmehr zeigt sich in der Zeichnung eine Illustration der zeitgenössischen Wahrnehmung in Fachkreisen. Watson ging strategisch vor und wollte durch gezielt gestreute Hinweise Konkurrenzen anheizen und bestimmte Reaktionen in den Forschenden hervorrufen. Das Entstehen von brauchbaren wissenschaftlichen Ergebnissen im Zuge einer Konkurrenz, die andernfalls nicht, nicht in diesem Ausmaß, nicht auf diese Weise oder nicht so zügig, erschaffen worden wären, gehört zu den positiven Folgen von Konkurrenz und läuft unter dem Begriff der inhaltlichen Förderung. Auch unter den Akteuren, den Wissenschaftler:innen und den Mitarbeitenden der Forschungsförderungsinstitutionen existierte die Wahrnehmung, dass Konkurrenz mitunter positive Folgen wie etwa die Anregung und Beschleunigung von Forschungsprozessen oder -ideen haben konnte. Auf diese positiven Folgen wollte Watson zugreifen und dafür sorgen, dass die Forschung davon profitierte. Dies glaubte er unter anderem durch das Hervorrufen und Intensivieren von Konkurrenzdynamiken zu erreichen. In Kapitel 3 der vorliegenden Arbeit werde ich zeigen, dass bestimmte Konkurrenzsituationen in der Tat epistemische Effekte und inhaltliche Förderung nach sich zogen, weshalb Positionen wie die Watsons nicht durchweg abwegig sind.

In den Forschungsförderungsinstitutionen – beziehungsweise ihren Peer Review Gremien – ist ein Dritter im Sinne Simmels zu identifizieren, der die Konkurrenzparteien durch „einheitliche Gesichtspunkte“ (Basenpaare und Kosten) miteinander vergleicht, und über die Vergabe der Prämie (Fördergelder) entscheidet.²⁸⁵ Nur der zufriedenstellende Fortschritt innerhalb der jeweiligen Projektphase qualifizierte

<https://www.genome.gov/about-nhgri/Brief-History-Timeline#two> , zuletzt aktualisiert am 22.10.2020, zuletzt aufgerufen am 07.03.2022.

²⁸⁴ Cook-Deegan 1994, Gene Wars, S. 161.

²⁸⁵ Werron, Form und Typen, S. 34.

die Wissenschaftler:innen – und damit auch Sulston und Waterston – dazu, Anschlussförderung für die folgenden Projektphasen zu erhalten. Die Forschenden wurden also dazu motiviert, überzeugen zu wollen – sei es in der Sache durch wissenschaftliche Erfolge, sei es argumentativ bei der Bewerbung ihrer Methoden und Projekte. Die entsprechenden Handlungen und Äußerungen können als Konkurrenzäußerungen verstanden werden. Als Konkurrenzäußerungen bezeichne ich Aussagen oder Handlungen, die von den konkurrierenden Personen im direkten Bezug auf die Konkurrenz getätigt werden, also etwa argumentative Aussagen über die Validität der eigenen Arbeit im Vergleich zur Arbeit der Konkurrenten oder Handlungen, die das angestrebte Ziel näherbringen und einen positiven Ausgang wahrscheinlicher machen sollten. Durch regelmäßige Konkurrenzäußerungen wurde permanent um die Gunst des Dritten gebuhlt. Bei näherer Betrachtung fällt aber auf, dass nicht alle Konkurrenzäußerungen konkrete Anlässe hatten oder konkret beantwortet wurden. Diese Argumentationen wurden an eine „mitlaufende Publikumsfiktion“ im Sinne Tobias Werrons gerichtet.

Denn eine spezifische Schwäche des Simmelschen Konkurrenzmodells ist es, dass es von konkreten, überschaubaren Konkurrenzsituationen ausgeht, in denen die beteiligten Parteien stets eindeutig zu identifizieren sind. Während diese Engführung in vielen Situationen von großem Nutzen ist, indem sie eine exakte Analyse zwingend notwendig macht, erschwert sie dennoch die Fassung einiger moderner Konkurrenzsituationen. Denn an diesen ist oftmals eine Vielzahl an Akteuren beteiligt, die in sich verändernden Konfigurationen verschiedene Ziele anstreben. In diesen Fällen begegnen sich die Konkurrenten untereinander – und diese dem Dritten – selten persönlich und sie kommunizieren selten direkt. Um ihre Handlungen und Äußerungen dennoch einordnen zu können, schlug Werron vor, das Publikum als Dritten in das Simmelsche Modell einzusetzen. Diese analytische Setzung befreit von der Notwendigkeit, stets konkrete Kommunikationssituationen und -partner zu identifizieren und ermöglicht es stattdessen, das werbende Auftreten der Konkurrenzparteien in den Blick zu nehmen.

Mit besonderem Gewicht auf die vergesellschaftende Funktion der Konkurrenz und ihre indirekte Verfasstheit wurde auf „das Urteil des Dritten als systematischen Fluchtpunkt der Konkurrenz“ hingeführt. Das Publikum wird dabei nicht notwendigerweise als klar identifizierbare Gruppe verstanden, sondern als Publikumsfiktion. Das Werben der Konkurrenten um die Gunst des Dritten findet in Form von öffentlicher Kommunikation statt, für die das Mitlaufen der Publikumsfiktion „notwendige Funktion ihres eigenen Operierens“ ist. Daraus folgt zugleich, dass die konkurrierenden Parteien nicht mehr nur als Konkurrenten zu begreifen sind, sondern obendrein als Teilnehmer eines Diskurses, der die Konkurrenz überhaupt erst konstituiert. Die Konkurrenzen werden durch einen großen Apparat an Evaluationen, Quantifizierungen und Rankings begleitet und sozial konstruiert. Durch die semantische Behauptung einer negativen Interdependenz zwischen den Konkurrenten wird ein „Artificial Zero-sum game“ geschaffen; die Prämien, um die konkurriert wird, werden künstlich verknappiert, und es wird die Auffassung verbreitet, dass man die Prämie nur erreichen könne, wenn man sich dem Gegner gegenüber durchsetzt.

Und so wurde auch die Konkurrenz um die Fördergelder immer wieder neu eröffnet; gleichzeitig wurde durch die phasenweise Vergabe der Gelder die Konkurrenzdynamik weiter angekurbelt, indem eine künstliche Verknappung eingesetzt wurde. Werron beschreibt, dass ein Dritter in einer triadischen Konkurrenz davon profitieren kann, dass die Konkurrenzparteien sich gegenseitig übertrumpfen wollen.

Denn um die Gunst des Dritten für sich zu gewinnen, produzieren die Konkurrenzparteien materielle oder immaterielle Güter – hier etwa Wissen, Forschungsergebnisse, biologische Materialien – die auch nach Abschluss einer Konkurrenz erhalten bleiben und von deren Existenz insgesamt profitiert wird. Diese förderliche Auswirkung von Konkurrenz läuft bei Georg Simmel unter dem Begriff der „inhaltlichen Förderung“, die eine triadische Konkurrenz nach sich zieht.²⁸⁶ In solchen Situationen sei der Dritte, so Werron, ein „*tertius gaudens*“, der sich über die um seiner Gunst willen erbrachten Leistungen freut.²⁸⁷ Georg Simmel verdeutlichte seine Überlegungen vor allem am Beispiel von Kaufmännern, die um die Gunst der Kunden als Warenabnehmer werben. Die Kund:innen lassen sich in diesem Beispiel umwerben und genießen die Angebote, die ihnen gemacht werden, sowie ihre freie Auswahl. Dementsprechend käme es vor, dass ein Dritter eine Konkurrenz am Leben erhalten wolle oder eine fortbestehende Konkurrenz suggeriert, wo keine ist.²⁸⁸ Eine solche suggestive Verstärkung der Konkurrenzdynamik finden wir in Watsons Auftreten, denn durch die Suggestion einer verschärften Konkurrenz aller Teams gegen aller um eine begrenzte Menge an Fördergeldern konnte das Personal der Forschungsförderungsinstitutionen versuchen, Einfluss auf die Dynamiken im Forschungsverbund zu nehmen, also die Leistungen der Gruppen anzuspornen und die Entwicklung neuer Methoden zu beschleunigen.

Letztlich ist jedoch in Zweifel zu ziehen, ob die Suggestion und Intensivierung der bereits bestehenden Konkurrenz um Fördergelder seitens der Angehörigen der Forschungsförderungsinstitutionen besonders wirkmächtig war; sprich: ob durch sie ein Anreiz für die Forschenden generiert wurde, der notwendig war für ihr Bemühen und ihren Eifer. Nach eingehender Auseinandersetzung mit den Motiven der Forschenden liegt die Vermutung nahe, dass die Wissenschaftler:innen auch ohne die extrinsischen Motivationen wie Gelder und künstliche Verknappung fleißig geforscht hätten; die Erlangung der Forschungsergebnisse und die Förderung ihrer jeweiligen Community waren ausreichende, intrinsische Motivationen. Vielmehr zeigt sich hier das „decoupling between the social construction of competition, on the one hand, and the actual intensity of the competition, on the other“²⁸⁹ – die Konkurrenzsuggestionen und die prononzierten Konkurrenzhandlungen- und äußerungen schienen sich zunehmend verselbstständigt zu haben. Hinzu kommt, dass schlussendlich die Genome von sehr vielen Organismen, an denen zu dieser Zeit (molekular-)biologisch oder (molekular-)genetisch geforscht wurde, sequenziert wurden, darunter all jene, die in der Pilotphase der US-amerikanischen Genominitiative in der engeren Auswahl für Pilotprojekte waren.

Neben der negativen Interdependenz kann somit ein weiterer Dreh- und Angelpunkt eines operationalisierten Konkurrenzbegriffs identifiziert werden: bei der latenten Konkurrenz um die Gelder fallen die Konkurrenzäußerungen mit dem üblichen Forschungsprozess engagierter Wissenschaftler:innen in eins. Die Forschenden wollten nicht nur möglichst schnell und möglichst gut die Sequenz des Fadenwurms erreichen, um sich gegen alle anderen Modellorganismenforschenden durchzusetzen, sondern sie wollten zuallererst eine Sequenz von *C. elegans* veröffentlichen, die die molekulargenetische

²⁸⁶ Simmel 1903, Soziologie der Konkurrenz, S. 176.

²⁸⁷ „Grund zum Lachen hat der Dritte, wenn und soweit er von den Konkurrenten umworben wird und von ihren Bemühungen profitiert, und profitieren kann er, weil er die Konkurrenten aus einer dritten Position heraus beobachten, vergleichen und evaluieren kann.“, Werron 2019, Form und Typen, S. 34.

²⁸⁸ Werron 2019, Form und Typen, S. 34.

²⁸⁹ Brankovic et al. 2018, How Rankings Produce Competition, S. 272. Emphase im Original.

und entwicklungsbiologische Forschung an diesem Organismus voranbringen sollte.²⁹⁰ Dieses wissenschaftliche Interesse hatte sie überhaupt erst dazu bewegt, die Gelder im Kontext der nationalen Genominitiative einzuwerben. Um hingegen von einer konkreten bzw. akuten Konkurrenz sprechen zu können, bedarf es besonderer Konkurrenzhandlungen oder -äußerungen, die sonst nicht oder nicht auf diese Weise getägt worden wären – die also über das normale Maß an epistemischem Interesse und Hinarbeit auf epistemische Ziele hinausgehen.²⁹¹

Anhand der soeben untersuchten Konkurrenzsituationen ließen sich zwei Formen von Konkurrenz identifizieren:

1. Milde und sportlich-spielerische Form der Konkurrenz. Eine solche bestand oft unter kooperierenden Kolleg:innen oder unter Fachkolleg:innen allgemein – aufgrund ihrer mangelnden Brisanz spielt diese Form keine herausgestellte Rolle in der vorliegenden Untersuchung. Auf ihre Existenz hinzuweisen war dennoch wichtig, um das spielerisch-wettkämpferische Element im Verhältnis von Wissenschaftler:innen zu betonen.
2. Latente Konkurrenz. Eine solche besteht im Regelfall unter Forschenden, die sich um Förderung aus denselben Mitteln bewerben. Zwar stehen diese in einem klar umrissenen Konkurrenzverhältnis um eine klar identifizierbare Prämie – eine solche ist jedoch qualitativ eindeutig zu unterscheiden von einer dritten Form: der konkreten Konkurrenz.

Diesen konkreten wissenschaftlichen Konkurrenzen wird häufig eine hinderliche Auswirkung zugeschrieben. Sie werden aktiv eingehetzt und vermieden und stellen demnach eine deutliche Ausnahme dar. Kapitel 3 und 4 werden sich mit der Dynamik einer solchen konkreten wissenschaftlichen Konkurrenz befassen – und um diese dort präziser fassen zu können, war es hilfreich, sich auf den vergangenen Seiten zunächst den latent-kompetitiven Normalbetrieb im Forschungsverbund anzusehen.

2 Fazit

Das Verhältnis von Sulston und Waterston enthielt sowohl kooperative als auch kompetitive Elemente. Diese mussten immer wieder ausbalanciert werden, um das Funktionieren der Kooperation weiterhin zu gewährleisten. Die Arbeit, die geleistet werden musste, um ihre Kooperation zu stabilisieren, beinhaltete also auch die aktive Vermeidung, Umschiffung oder Einhegung von Konkurrenz. Zentraler Bestandteil davon war es, „to resolve these [differences of opinion, Anm. MS.] amicably.“²⁹² Auch die sozialpsychologische Forschung identifizierte eine konstruktive Problemlösungsstrategie als Signum einer erfolgreichen Kooperation.²⁹³ Derlei positives Verhalten zieht unter den Mitgliedern einer Gruppe eine höhere Zufriedenheit mit dem kooperativen Setting nach sich. So ist eine konstruktive Problemlösungsstrategie nicht nur auf Konflikte und Sachverhalte aus der Vergangenheit oder Gegenwart

²⁹⁰ Das muss gerade angesichts der ungebührlichen Fokussierung auf Konkurrenz noch einmal festgehalten werden.

²⁹¹ Werron 2019, Form und Typen, S. 22 ff.

²⁹² Katz/Martin 1997, Research Collaboration, S. 15.

²⁹³ Deutsch 2006, Cooperation and Competition, S. 26 ff.

gerichtet, sondern derlei Arbeit weist zudem in die Zukunft und fördert den Fortbestand der Kooperation. Morton Deutsch bezeichnete diesen Zusammenhang als:

“‘Deutsch’s Crude Law of Social Relations’: The characteristic processes and effects elicited by a given type of social relationship also tend to elicit that type of social relationship.”²⁹⁴

Dies gab uns erste Hinweise auf das nähere Verhältnis der beiden Handlungsmodi auf der analytischen Ebene. Mit diesen Aspekten befasste sich das vorangegangene Kapitel – im Zentrum stand Sulstons und Waterstons Umgang mit Konkurrenz nach innen (in Bezug auf die Dynamiken innerhalb der von ihnen geleiteten Laborgruppen) und nach außen (in Bezug auf das Verhältnis ihres kooperativen Gespanns zu anderen Beitragenden der Genominitiativen im UK und in den USA).

Es zeigte sich, dass ihnen bei aller Bevorzugung von Kooperation wissenschaftliche Konkurrenz nicht durchweg als etwas Abzulehnendes galt. Vielmehr unterschieden Sulston und Waterston in ihren Einschätzungen und Argumentationen zwischen unterschiedlichen Formen und Elementen von Konkurrenz, denen sie unterschiedliche moralische oder pragmatische Bewertungen zuschrieben. Dabei trennten sie die erstrebenswerten Folgen von Konkurrenz von ihren nicht erstrebenswerten Folgen. Als erstrebenswert galten Folgen, die die Ausführung der kooperativen Wissensgenerierung beförderten und als nicht erstrebenswert galten Faktoren, die sich hinderlich auf diese Prozesse auswirkten. Diese Zuschreibungs- und Unterscheidungsprozesse mögen zunächst nicht überraschen. Sie in den Blick zu nehmen, war jedoch insbesondere aufgrund der kritischen Prüfung von Sulstons Selbstdarstellung von Bedeutung für die vorliegende Arbeit. Sulston stellte es in der Retrospektive gerne so dar, als ob Konkurrenz bei ihrer Arbeit kein bestimmender Faktor gewesen wäre. Doch Sulston und Waterston beteiligten sich passiv und aktiv an wissenschaftlichen Konkurrenzsituationen und hatten auch innerhalb ihrer Gruppen mit den ganz normalen kompetitiven Dynamiken des Wissenschaftssystems zu tun, die eingehegt werden mussten.

An den internationalen Konkurrenzen beteiligten sie sich überdies mit einem strategischen Geschick, wie der Verlauf ihrer Karrieren zeigt. Dementsprechend deute ich es als Teil ihrer strategisch vorgebrachten Argumentation, dass sie immer wieder betonen, nur die positiven Folgen von Konkurrenz fruchtbar machen und an ihren negativen Auswirkungen nicht teilhaben zu wollen. Der Verweis auf die positiven Folgen gesunder Konkurrenz ermöglichte es ihnen, das gute Funktionieren ihrer Zusammenarbeit und ihr strategisches Geschick zu signalisieren – sowie gleichzeitig einen rhetorischen Rahmen für die Einhegung potenzieller Spannungen zu schaffen. Darüberhinausgehend – und dieser Befund wird vor allem für die folgenden zwei Hauptkapitel von größter Bedeutung sein – boten ihnen die Demarkationen die Möglichkeit, sich von unliebsamen Konkurrenten und ihren Strategien abzugrenzen und sich gegenüber ähnlich gelagerten Vorwürfen abzusichern. Ihren Konkurrenten ungebührliche Konkurrenz vorzuwerfen, wurde genau deshalb möglich, weil sie über sich selbst sagen konnten, dass sie zwar ebenfalls konkurrierten würden, aber von der Konkurrenz nur die positiven und nicht die hinderlichen Folgen auswählten.

²⁹⁴ Deutsch 2006, Cooperation and Competition, S. 30.

Doch nicht allein diese abstrakten und argumentativen Demarkationsprozesse führten dazu, dass die Kooperation von Sulston und Waterston gegenüber den kompetitiven Dynamiken stabil bleiben konnte. Vielmehr ging es immer wieder konkret um die Versöhnung unterschiedlichster – und in Teilen konfliktierender – Interessen. Das zentrale und augenfälligste Beispiel dafür stellte die Vergabe von Autorschaft dar, mit der sich der zweite Teil des Kapitels befasste. Die Beiträge von Sulston und Waterston zu den *Bermuda Principles* wurden von der wissenschaftshistorischen Forschung bereits in extenso untersucht, doch auch für größere oder/und konzeptioneller angelegte Artikel innerhalb der klassischen Fachjournale musste ausgehandelt werden, auf welche Weise die begehrten Erst- und Letztautorschaften vergeben wurden. Indem ich dies in den Blick nahm und einer erstmaligen historischen Untersuchung unterzog, trug ich zur Schließung einer Forschungslücke bei. Dabei zeigte sich, dass Sulston und Waterston (ersterer deutlich stärker als letzterer) Ambitionen hatten, die Vergabefragen besonders egalitär zu lösen – dass diese Ambitionen sich jedoch an der Realität messen mussten und nicht in vollem Maße umgesetzt werden konnten.

Der dritte Teil des Kapitels befasste sich mit der Einbettung der *C. elegans* – Gruppen in den internationalen Forschungsverbund. Dabei nahm ich das Verhältnis der Modellorganismusgruppen untereinander in den Blick, denn sowohl in den historiografischen und journalistischen Berichten als auch in der wissenschaftshistorischen Forschung existiert die Wahrnehmung, dass zwischen den Modellorganismen intensive und prägende Konkurrenzen bestanden – und dass insbesondere das Verhältnis der *C. elegans*-Gruppen zu den *Drosophila*-Gruppen von zentraler Brisanz gewesen sei. Diese Wahrnehmungen wurden einer kritischen Prüfung unterzogen mit dem Ergebnis, dass im US-amerikanischen Projektverbund eine latente Konkurrenz zwischen allen Modellorganismusgruppen untereinander angelegt war und dass dies von den Verantwortlichen in den Forschungsförderungsinstitutionen gewollt war. So rückten die Figur des *Tertius Gaudens* und seine Handlungsspielräume verstärkt in den Fokus. Der *Tertius Gaudens* wurde von der bisherigen historischen bzw. soziologischen Forschung vor allem als rezeptiver Profiteur von Leistungen geschildert, also in einem gewissen Maße als passive, statische Figur der triadischen Konkurrenz. Doch die Mitarbeitenden der Forschungsförderungsinstitutionen traten auch ganz aktiv auf und suchten durch aktive Suggestionen Konkurrenzverhältnisse unter Forschenden hervorzurufen oder zu intensivieren. Dadurch, dass die Entscheidungsträger in den Peer Review Gremien sowohl Profiteure als auch Konkurrenten sind, können wir von der besonderen Figur des *Tertius Participans* sprechen. Der Dritte kann sich in ganz eigenen Konkurrenzsituationen wiederfinden, die seine Entscheidungen beeinflussen.

Der Dritte kann also profitieren, beteiligt sein, wiederum selbst in anderen Kontexten aktiv sein und dort in Konkurrenz- oder Kooperationssituationen eingebunden sein, viele Gesichter und Schattierungen haben. Im Hinblick auf die latenten Konkurrenzen, die durch Handlungen eines *Tertius Gaudens* oder *Tertius Participans* suggeriert oder intensiviert werden, sei auf folgenden Befund von Werron hingewiesen:

„Triadische Konkurrenzen eröffnen also Spielräume für Dritte, anderen eine Konkurrenzsituation aufzudrängen, die sie aus freien Stücken gar nicht oder anders definieren würden. Und je präsenter und einflussreicher die Dritten, desto schwieriger wird es für die Produzenten/Anbieter, sich solchen Konkurrenzsuggestionen zu entziehen.“²⁹⁵

²⁹⁵ Werron 2019, Form und Typen, S. 34.

Die Forschenden konnten sich den Konkurrenzsuggestionen der Mitarbeitenden der Forschungsförderungsinstitutionen in der Tat schwer entziehen. Das zeigte sich zum einen an der Vorgehensweise von Jim Watson in Bezug auf die Pilotphase, zum anderen aber auch an der steten rhetorischen Zitation eines Konkurrenzverhältnisses mit *Drosophila*-Gruppen. Denn entgegen den weit verbreiteten Konkurrenzsuggestionen kam ich zu dem Ergebnis, dass eine irgendwie geartete Konkurrenz zu *Drosophila*-Forschenden in der Frühphase der nationalen Genominitiativen für Sulston und Waterston nicht besonders wirkmächtig war. Die anhaltenden Konkurrenzsuggestionen, bei denen ein Konkurrenzverhältnis zwischen *C. elegans* Forschenden und *Drosophila*-Forschenden zitiert wurde, waren zur Rhetorik geronnen.

Diese Rhetorik wurde von Mitarbeitenden der Forschungsförderungsinstitutionen in der Kommunikation mit den Forschenden verwendet, aber auch die Wissenschaftler selbst nahmen bei der Einwerbung von Geldern Bezug darauf. Es ist jedoch wichtig, festzuhalten, dass zwar die Mitarbeitenden der Forschungsförderungsinstitutionen – Beamte, Analysten und profilierte Forscher – Konkurrenzen suggerierten und intensivierten. Doch diejenigen Gremien, die über die tatsächliche Vergabe der Prämien entschieden, beteiligten sich nicht (oder nicht feststellbar) an diesen rhetorischen Suggestionen. Die wissenschaftlichen Peers waren ebenso wie die einwerbenden Gruppen eher Ziel der Suggestionen als ihr Ausgangspunkt. Für das UK HGMP diagnostizierte García-Sancho “the decisive role of administrators in mediating between the diverse scientific, political and managerial agendas”.²⁹⁶ Dem sei nun hinzuzufügen, dass sowohl im UK HGMP als auch im USA HGP die Rolle der Mitarbeitenden der Forschungsförderungsinstitutionen bei der Suggestion oder Intensivierung von Konkurrenz ebenfalls nicht zu vernachlässigen ist. Die Wirkungsbereiche und Handlungsstrategien sowie die personelle Zusammensetzung der Behörden könnten Gegenstand zukünftiger Untersuchungen sein. Für die vorliegende Untersuchung bedeuten die soeben geschilderten Befunde: nicht nur ist die Rolle des Dritten näher zu untersuchen und insofern auszudifferenzieren, als die Effekte seines Handelns auf die wissenschaftliche Praxis differieren. Darüber hinaus sollten auch die Motivlagen und Handlungen der Personen oder Personengruppen, aus denen sich die soziologische Figur des Dritten zusammensetzt, differenzierenden Betrachtungen unterzogen werden.

Festzuhalten bleibt, dass in diesen frühen Jahren die Kartierung und Sequenzierung von *Drosophila* keine kompetitive Herausforderung für Sulston und Waterston darstellte. Aus den Quellen geht eher hervor, dass sie die Popularität der cDNA-Strategie als ernstzunehmendes Problem wahrnahmen, mit dem sie sich über viele Jahre hinweg auseinandersetzten. Die cDNA-Strategie war ja durch Sydney Brenner lautstark und leidenschaftlich beworben worden und bildete den hauptsächlichen wissenschaftlichen Schwerpunkt des UK Human Genome Mapping Project. Nach Abschluss der Pilotphase flammte die Diskussion auch in den USA erneut auf. Was genau dabei vor sich ging und wie Sulston und Waterston darauf reagierten, soll Gegenstand der folgenden Seiten sein.

²⁹⁶ García-Sancho, Miguel: The Proactive Historian: Methodological Opportunities Presented by The New Archives Documenting Genomics. In: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences, Vol. 55 (2016), S. 70-82, S. 79.

3 Konkurrenz mit Craig Venter Teil 1

In der Frühphase (1990-1992) des US-amerikanischen HGP entstand eine akute wissenschaftliche Konkurrenz zwischen Sulston und Waterston auf der einen Seite und Craig Venter und dessen Team auf der anderen Seite. Zu Beginn der Projektlaufzeit war Venter noch Teil des Forschungsverbundes und erhielt Fördergelder von den NIH. Die Frühphase war durch die Erprobung verschiedener wissenschaftlicher Methoden geprägt und dies bildete die Ausgangslage für das strategisch-kompetitive Vorgehen von Craig Venter. Bereits in diesen früheren Jahren suchte er sich durch die Bewerbung von alternativen Strategien zum Large-Scale Sequencing gesamter Genome zu profilieren und durchzusetzen. Zunächst handelte es sich dabei um die Kartierung und/oder Sequenzierung von cDNA, bzw. von cDNA-Fragmenten. Indem er ein Projekt an *C. elegans* zur Generierung und Verortung von cDNA-Fragmenten startete, positionierte er sich in direkter Konkurrenz zu Sulston und Waterston. Diese Sachverhalte wurden von der wissenschaftshistorischen Forschung bisher nicht zur Kenntnis genommen, doch es ist unerlässlich, sie zu untersuchen. Zum einen kann so der Umgang von Sulston und Waterston mit einem direkten Konkurrenten untersucht werden. Zum anderen ist es wichtig, die Anfänge der Konkurrenz mit Venter einzuordnen, um diejenigen Konfigurationen verstehen zu können, die später zu der so bekannten Konkurrenzepisode führten. Das Vorgehen von Sulston und Waterston ist besonders interessant, da dieses anschließend mit der späteren, zweiten Phase von Konkurrenz kontrastiert werden kann.

Geschichte der cDNA-Diskussion

Die Arbeit mit cDNA wurde im Verlauf der Zeit von verschiedenen Forschenden als Alternative zum Large-Scale Sequencing in Stellung gebracht. Der erste war Sydney Brenner, der ehemalige Vorgesetzte von John Sulston und zweitweise auch von Robert Waterston. Brenner vertrat die Position, dass nicht gesamte Genome kartiert und sequenziert werden sollen, sondern nur cDNA als exprimierter Teil des Genoms. Da er bei der Bewerbung und der Konzeption einer nationalen Genominitiative im UK die führende Forscherpersönlichkeit war, ergab sich aus seinen wissenschaftlichen Positionen die spezifische Schwerpunktlegung des UK Human Genome Mapping Project. Sydney Brenners abweichende Positionen und sein Verhalten beschäftigten Sulston und Waterston für einige Jahre, weshalb sein Wirken in das vorliegende Kapitel miteinbezogen wird.²⁹⁷ In den Jahren darauf bewarb der US-amerikanische Genetiker Craig Venter ebenfalls die Arbeit mit cDNA als direkte Alternative zum High Quality Map-Based Large-Scale Sequencing, beziehungsweise die damit verwandte EST-Strategie. ESTs sind aus cDNA bestehende Expressed Sequence Tags, die bestimmte Sequenzen in cDNA-Fragmenten markierten, und durch die die Genidentifikation weiter vereinfacht werden sollte.

In den 1980ern waren die Sequenzierungstechnologien weit von den heutigen Hochdurchsatzverfahren entfernt. Um ein derart umfangreiches und komplexes Genom wie das menschliche Genom sequenzieren zu können, mussten die Technologien umfassend weiterentwickelt werden. An der Frage, ob dies

²⁹⁷ Die Schriftstücke von Sydney Brenner, auf denen diese Skizze basiert, wurden mir in großen Teilen von Johannes Schuckert zur Verfügung gestellt, dessen Dissertationsprojekt sich mit Sydney Brenner und dem UK HGMP befasst. Ihm sei dafür recht herzlich gedankt.

überhaupt angestrebt werden sollte, schieden sich die Geister in der Fachöffentlichkeit, denn es war umstritten, ob die Sequenzierung gesamter Genome überhaupt wissenschaftlich sinnvoll und machbar sei. Sydney Brenner und andere lehnten die Sequenzierung gesamter Genome ab und vertraten stattdessen die cDNA-Strategie. Für die cDNA-Strategie wurde unter Verweis auf die Tatsache argumentiert, dass lediglich 2% der menschlichen DNA aus Genen besteht, also aus Sequenzen, die für Proteine kodieren und tatsächlich ausgedrückt werden. Diese werden als Exons bezeichnet. Dahingegen besteht rund 98% der DNA aus Introns, aus nicht-kodierenden Sequenzen, die keine Gene enthalten. Zu dieser Zeit betrachteten einige Wissenschaftler:innen die Introns als "Junk DNA", deren biologische Funktion unklar war.²⁹⁸ Deshalb hielten sie es für wissenschaftlich interessanter und in der Vorgehensweise für effizienter, zunächst die kodierenden Abschnitte zu sequenzieren. Bei der Proteinbiosynthese im normalen Zellgeschehen wird im Zuge der Transkription mRNA (Messenger Ribonucleic Acid) nach der Vorlage der DNA hergestellt und dabei werden durch RNA Splicing die Introns gelöscht. In mRNA sind also nur diejenigen Sequenzen wiedergegeben, die tatsächlich für Gene kodieren. Auf diese mRNA kann man zugreifen und mit Hilfe des Enzyms Reverse Transkriptase komplementär zu dieser die cDNA (das "c" steht für "complementary") herstellen. Die künstlich hergestellte cDNA kann dann für die Kartierung oder die Sequenzierung verwendet werden. Bei dieser Herangehensweise, die ich im Folgenden als "cDNA-Strategie" bezeichnen werde, wird somit nur diejenige DNA kartiert oder sequenziert, die auch tatsächlich Gene enthält.

Brenner konzidierte, dass auch die Introns von Interesse für die biologische Forschung sein könnten, jedoch argumentierte er, dass man, anstelle sich vornehmlich auf die Weiterentwicklung der Kartierungs- und Sequenzierungstechnologien zu konzentrieren, mit dem arbeiten sollte, was bereits existierte und möglich war. Das war in seinen Augen und in den Augen des UK HGMP Directed Programme Committee die Kartierung und Sequenzierung von cDNA.²⁹⁹ In einem Vortrag betonte er:

"If cheap and easy methods of DNA sequencing were available, it would obviously pay to sequence everything and pick out the significant parts by computer. Ultimately it may be done this way, but the technology does not yet exist."³⁰⁰

Aufgrund von Brenners großem Einfluss auf die Projektkonzeption und die beteiligten Forschungsfelder und Institutionen kristallisierte sich zunehmend heraus, dass im UK Human Genome Mapping Project der Fokus zunächst nicht auf der Sequenzierung des menschlichen Genoms liegen sollte. Stattdessen sollten eine Genkopplungskarte und eine physische Karte erstellt werden, vergleichende Genetik zwischen Mensch und Maus betrieben werden, und anschließend sollten lediglich ausgewählte DNA-Abschnitte mit der cDNA-Strategie sequenziert werden. Die Abgrenzung der beiden nationalen Genominitiativen voneinander wurde in einer Presseerklärung des MRC deutlich gemacht. Dort hieß es dezidiert, dass es sich um ein Projekt zur Kartierung des menschlichen Genoms handelte und dass die Sequenzierung ein

²⁹⁸ Vgl. exemplarisch, wenngleich aus der Retrospektive: Berg, Paul: Origins of the Human Genome Project: Why Sequence the Human Genome When 96% of It Is Junk? In: The American Journal of Human Genetics Vol. 79 (2006), S. 603-605.

²⁹⁹ Brenner, Sydney: The Human Genome. The Nature of the Enterprise. In: Human Genetic Information: Science, Law and Ethics. Ciba Foundation Symposium 149 (1990), S. 6-17, S 17.

³⁰⁰ Brenner 1990, Enterprise, S. 9.

“separate though clearly related project”³⁰¹ sei, die vor allem in den USA diskutiert würde. Auf diese Weise steckte der MRC das Terrain seines Projektes explizit ab und grenzte sich bei gleichzeitiger Betonung inhaltlicher Nähe von der zeitgleich in der Entstehung begriffenen Genominitiative auf US-amerikanischem Boden ab. Durch die inhaltliche Nähe konnte für die Relevanz des Projektes argumentiert werden, und durch die Abgrenzung konnte dennoch eine eigene Nische innerhalb der Genomforschungsprojekte und -initiativen bezogen werden.³⁰² Die unterschiedlichen Schwerpunktlegungen waren von Vorteil im Hinblick auf die internationale Konkurrenzsituation zwischen dem UK und den USA; durch die Nähe der Schwerpunkte zueinander waren dennoch Relevanz und Vergleichsrahmen gewährleistet.

Schlussendlich bestand das UK HGMP aus zwei hauptsächlichen Komponenten: einem Directed Programme innerhalb des Medical Research Council, das die gesonderte Finanzierung von Genomprojekten vorsah, und einem Resource Centre, in dem biologische Materialien und Informationen zentralisiert für das UK gesammelt, aufbewahrt, und herausgegeben werden sollten.³⁰³ Auch hier sehen wir die Bedeutung, die der zentralisierten Sammlung, Kuratierung und Herausgabe von Informationen und biologischen Materialien beigemessen wurde. Das *Caenorhabditis Genetics Center* (CGC) war ein Element des Erfolgs der *C. elegans* Community gewesen und auch bei der Etablierung von Genomforschungsprojekten im UK war die Schaffung eines solchen Zentrums einer der ersten Schritte.³⁰⁴ Die wissenschaftshistorische Forschung bewertet dabei die Rolle Sydney Brenners als zentral, der sowohl die zentralisierte Materialsammlung und -herausgabe als auch Praktiken und Konventionen der Kooperation aus der *C. elegans* Forschung in das UK HGMP transferierte.³⁰⁵ Brenner hatte die Bedingungen für den Erfolg der *C. elegans* Forschung erkannt und übernahm sie entsprechend; eine Schlussfolgerung, die auch in Bezug auf Sulston und Waterston gezogen wurde.³⁰⁶ Dass nicht sofort mit der Sequenzierung des gesamten menschlichen Genoms begonnen werden könnte, war Mitte/Ende der 1980er auf beiden Seiten des Atlantiks Konsens. Darüber, ob man sich der Sequenzierung annähern und wie man dabei im Einzelnen vorgehen sollte, war man jedoch uneins. Während im UK HGMP der Fokus auf der Erstellung von Karten und der cDNA-Strategie lag, wollte man die Sequenzierungstechnologien in den USA unter anderem durch Pilotprojekte an Modellorganismen weiterentwickeln. Denn viele Forscher:innen, darunter auch Sulston und Waterston, hielten die Sequenzierung des gesamten menschlichen Genoms oder die Sequenzierung der gesamten Genome von Modellorganismen für erstrebenswert. Sie argumentierten unter anderem unter Rückgriff auf die Vermutung, dass sich in den Introns Abschnitte verbergen, die im Laufe der Evolution konserviert geblieben waren und die eine noch unbekannte Rolle in der Organisation des Genoms und der Regulation von Genexpression übernehmen.³⁰⁷

In den USA sollten zunächst verschiedene Karten des menschlichen Genoms erstellt werden: die bereits begonnene Genkopplungskarte sollte in der Auflösung und Präzision verbessert werden; es sollte eine Bibliothek von geordneten DNA-Klon-Fragmenten erstellt werden; und verschiedene physische Karten des

³⁰¹ National Archives FD23/3441/MRC/HGMP, Presseerklärung des MRC im März 1987.

³⁰² Edge 1990, Competition in Modern Science, S. 214. Hervorhebungen im Original.

³⁰³ Balmer 1993, Mutations in the Research System, S. 98 ff.

³⁰⁴ Ankeny/Leonelli 2020, Model Organisms, S. 37 ff.

³⁰⁵ Johannes Schuckert, Dissertation in Arbeit.

³⁰⁶ Ankeny 2003, Sequencing the Genome, S. 89.

³⁰⁷ Sinsheimer, Robert L.: The Santa Cruz Workshop – May 1985, In: Genomics Vol. 5 (1989), S. 954-956, S. 956.

Menschen erstellt werden, die sich in ihrer Resolution immer mehr der Sequenz aller Nukleotide als “the ultimate map” annäherten.³⁰⁸ Parallel dazu strebte man die Weiterentwicklung und Automatisierung der erforderlichen Technologien an. Dies sollte anhand von Pilotprojekten an folgenden Modellorganismen geschehen: *Escherichia coli*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Caenorhabditis elegans*, und *Drosophila melanogaster*.³⁰⁹ Mit Ausnahme der Kartierung und Sequenzierung von *Drosophila* waren diese Projekte bereits gestartet. Aus der Perspektive des USA HGP wurden sie als Pilotprojekte bezeichnet, aber das Interesse der Forschenden bestand auch unabhängig davon. Dies zu betonen ist relevant, um auf die heterogene Zusammensetzung derjenigen Projekte hinzuweisen, die als Bestandteile oder Pilotprojekte des Humangenomprojekts bezeichnet wurden. Das USA HGP war mehr ein Konglomerat aus bereits existierenden Projekten sowie gezielt begonnenen Projekten und weniger eine geplante, von oben dirigierte Initiative.

Zugleich empfahl ein Expertenkomitee des NRC, vergleichende Forschung zwischen den Organismen zu betreiben. Gerade in den Introns fanden sich organismusübergreifend ähnliche DNA-Abschnitte, die regulative Funktionen innehatten. Doch auch in den Exons fanden sich homologe Gene, beispielsweise betrifft dies das Brustkrebsgen *BRCA1* des Menschen, das in leicht abweichenden Variationen auch in der Maus *Mus musculus* und in *C. elegans* vorgefunden wurde, oder die Gene, die den programmierten Zelltod regulieren. Letztere wurden zunächst in *C. elegans* isoliert und beschrieben, dann aber auch in einer Reihe höherer Organismen.³¹⁰ Erst, wenn die Sequenzierungstechnologien in ausreichendem Maße weiterentwickelt wurden, sollte, so der Bericht, zur Sequenzierung menschlicher DNA übergegangen werden, und auch hier sollte man sich in verschiedenen Pilotprojekten vorwärts tasten: hier wurde die Sequenzierung von cDNA als besonders vielversprechender Einstiegspunkt bezeichnet, da diese ja nur die exprimierten Teile des Genoms repräsentiert.³¹¹

Trotz der unterschiedlichen Schwerpunktlegungen in den USA und im UK wurden in beiden Ländern zudem Projekte mit abweichendem Fokus gefördert, um alternative Herangehensweisen ebenso zu erproben. Neben dem Fokus auf Kartierung und cDNA-Strategie förderte der MRC auch Projekte, die sich mit der Sequenzierung gesamter Genome befassten – darunter eben ein Teil von Sulstons Anteil der Kooperation zur Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms. Das Ziel der ersten Jahre des UK HGMP war es, “to achieve a selective expansion of genome research through the provision of grants to key scientific teams in the UK”³¹² – auch hier bedeutete die nationale Genominitiative also zunächst eine Verstärkung bereits

³⁰⁸ NRC 1988, *Mapping and Sequencing the Human Genome*, S. 2.

³⁰⁹ NRC 1988, *Mapping and Sequencing the Human Genome*, S. 82.

³¹⁰ Der programmierte Zelltod ist etwa von Bedeutung für die Herausbildung von Gliedmaßen und Fingern und Zehen, indem das verbindende Gewebe zwischen den Fingern/Zehen koordiniert abstirbt, aber auch für die Aufrechterhaltung gesunden Gewebes im Gehirn. Dieses Phänomen wurde zuerst an *C. elegans* beschrieben, aber Horvitz hatte auch etabliert, dass der Mensch ein homologes Gen dafür besitzt. Im Jahr 2002 erhielten Sydney Brenner, John Sulston und Bob Horvitz den Nobelpreis für Medizin/Physiologie. Vgl. Tikkanen, Amy: H. Robert Horvitz, American Biologist. Online verfügbar unter: <https://www.britannica.com/biography/H-Robert-Horvitz>, 25.07.2003, zuletzt aufgerufen am 25.08.2021.

³¹¹ NRC 1988, *Mapping and Sequencing the Human Genome*, S. 38 f.

³¹² Cold Spring Harbor Laboratory Archives; digitalisiert verfügbar über die Wellcome Collection: UK Human Genome Mapping Project, a cDNA Strategy - Call for Expressions of Interest, in: Brenner HGMP, 1990, SB/4/1/271, 23.05.1990, S. 5.

existierender Forschung und die Identifikation besonders vielversprechender Projekte, Methoden und Herangehensweisen. Die Erprobungsphasen erlaubten eine gewisse Fluidität der wissenschaftlichen Schwerpunktlegungen des UK HGMP und des USA HGP. Es wurden diejenigen Projekte gefördert, die sich erfolgreich bei den Förderungsinstitutionen um Gelder bewarben und um bei der Vergabe der Fördergelder erfolgreich zu sein, mussten die Proponenten einer Methode die Peer Review Gremien der Forschungsförderungsinstitutionen vom Erfolg ihres Projektes und der Leistungsfähigkeit ihrer Methode überzeugen.

In den USA sollten im Hinblick auf die Sequenzierungsmethoden die bereits bestehenden Methoden weiterentwickelt und gänzlich neue entworfen werden, da sich die Forschenden nicht vollends sicher waren, ob “the enhancement of current technology” die Kosten der Sequenzierung in ausreichendem Maße senken würde. Daher wurden explizit Anträge für Projekte ermutigt, in denen “entirely new approaches to DNA sequencing” entwickelt wurden.³¹³ Diese Offenheit für verschiedene und auch für neue Ansätze war gewollt, wenngleich die Kontroverse um die Sequenzierung gesamter Genome dadurch nicht vollends beendet werden konnte, so Robert Cook-Deegan, der als Analyst für Wissenschaftspolitik an den Diskussionen zur Konzeption des Projektes beteiligt war und eine Akteursperspektive bietet.³¹⁴ Sulston und Waterston vertraten die Position, dass ihre Herangehensweise, die Sequenzierungstechnologie *schrittweise* weiterzuentwickeln, Erfolg zeitigen würde, und dass es nicht der Erfindung gänzlich neuer Methoden bedürfe. In den beiden Laboren wurden “the same general methods and strategy that Sanger first used in sequencing the lambda genome”³¹⁵ verwendet und stetig verbessert. Durch die schrittweise Hochskalierung der existierenden Methode sollten die Kapazitäten in gleicher Weise auf die Sequenzierung des menschlichen Genoms vorbereitet werden, wie dies durch die Entwicklung gänzlich neuer Technologien erreicht werden könnte – mit dem Vorteil, dass man auch zuvor schon auf ein funktionierendes System zurückgreifen konnte.³¹⁶

Die Verbesserung der Technologien und Methoden sollte dagegen genau dadurch stimuliert werden, dass sie mit komplexeren Anforderungen konfrontiert wurden. Auch hierin unterschied sich die Position von Sulston und Waterston von Brenners Position. Letzterer betonte, dass die erforderlichen Technologien noch nicht vorhanden oder ausreichend entwickelt seien, und leitet daraus ab, dass das menschliche Genom zu diesem Zeitpunkt noch nicht sequenziert werden konnte, beziehungsweise dass dieses Forschungsziel keine Priorität erhalten sollte. Dagegen vertraten Sulston und Waterston die Position, dass die Technologien nur durch den Beginn der Sequenzierung weiterentwickelt werden konnten und dass genau deshalb eine Sequenzierung des gesamten menschlichen Genoms bereits zu diesem Zeitpunkt

³¹³ NIH/DoE 1990, The First Five Years, S. 16.

³¹⁴ “The sensible position was to support different approaches and see which avenue proved most productive. This did not entirely rein in the controversy, as many in the community remained convinced that the genome project harbored an implicit commitment to sequence the entire genome no matter what.”, Cook-Deegan 1994, Gene Wars, S. 180.

³¹⁵ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston, 20.04.1993.

³¹⁶ Ein Nachteil dabei war, dass immer die Möglichkeit bestand, dass durch neue Technologien viel größere Produktionsmengen erlangt werden könnten; in diesem Punkt mussten die Wissenschaftler:innen immer wieder zwischen Kosten und Nutzen, zwischen Risiko und Sicherheit abwägen. Dies schilderte Kohler konzis im Kontext seiner historischen Untersuchung der Drosophila-Forschung und der Weiterentwicklung des Mediums, auf dem Drosophila kultiviert wurde. Kohler 1994, Lords of the Fly, S. 84.

angestrebt werden sollte. Immer, wenn Sulston und Waterston für diese Herangehensweise an die Technologieentwicklung argumentierten, argumentierten sie gleichzeitig für die fortlaufende und in vielen Fällen sogar erhöhte Förderung ihres Projektes.³¹⁷ Ihre Argumentation war demnach im selben Maße von gewissen Notwendigkeiten geprägt, wie sie von wissenschaftlichen Überzeugungen und inhaltlichen Positionen getragen war.

Sulston und Waterston bereitete bei der Bewerbung ihrer Herangehensweise besonders die Überzeugungsarbeit Sorgen, die Brenner bei der Konzeption des UK HGMP geleistet hatte:

“There are more and more noises about cDNA programmes. I heard a lot in a committee session the other day: Sydney has evidently convinced everyone here that it’s the only thing for the UK to do on the human (sic!).”³¹⁸

Diese Einschätzung entspricht trotz des deutlichen Fokus des UK HGMP auf Kartierung und cDNA nicht ganz der Realität. Denn obwohl Sulston prinzipiell abweichende wissenschaftliche Schwerpunkte verfolgte, beantragte er eine große Summe an Fördergeldern beim MRC und war damit erfolgreich. Sulston und Waterston standen der cDNA-Strategie jedoch skeptisch gegenüber und waren bereits früh der Ansicht, sich argumentativ gegen diese durchsetzen zu müssen.

Trotz aller leidenschaftlichen Diskussionen um die cDNA-Methode wurde sie in der ersten gemeinsamen Veröffentlichung von NIH und DoE von 1990, in der die Herangehensweise für die ersten fünf Jahre des USA HGP festgelegt wurde, nicht ein einziges Mal genannt. Noch zwei Jahre zuvor wurde sie im Evaluationsbericht des National Research Council prominent als möglicher Einstiegspunkt in die Sequenzierung des Genoms behandelt und aufgeführt. Als einflussreicher Verfechter der cDNA-Strategie hatte Brenner, der Teil des Expertengremiums „Committee on Mapping and Sequencing the Human Genome“ zur Abfassung des NRC-Berichts von 1988 gewesen war, dafür gesorgt, dass diese mit aufgenommen wurde.³¹⁹ Doch im Frühjahr 1990 war die Lage eine andere. Die Sondierungsphase des UK HGMP kam zu einem Abschluss und der MRC rief zu einer Verstärkung der cDNA-Komponente auf:

“Having achieved this initial phase of expansion the Directed Programme Committee has now formulated a "cDNA strategy" as part of a more focused approach to the HGMP initiative.”³²⁰

Das MRC Directed Programme bewertete die cDNA-Strategie als besonders vielversprechend und konzentrierte sich auf die Förderung derselben. Dass die wissenschaftlichen Schwerpunkte der beiden nationalen Genominitiativen auf diese Weise voneinander abwichen, deute ist im Kontext einer

³¹⁷ Mehr dazu in Kapitel 3. Vgl. etwa PP/SUL/B/1/1/1/1, Bericht vom 02.03.1992; oder PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston, 20.04.1993.

³¹⁸ Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Sulston an Waterston, vierter Quartal 1990, nähere Datierung nicht möglich.

³¹⁹ NRC 1988, Mapping and Sequencing the Human Genome, S. iii.

³²⁰ Cold Spring Harbor Laboratory Archives; digitalisiert verfügbar über die Wellcome Collection: UK Human Genome Mapping Project, a cDNA Strategy - Call for Expressions of Interest, in: Brenner HGMP, 1990, SB/4/1/271, 23.05.1990, S. 5.

Konkurrenz vermeidenden Strategie als Teil einer selbst-sortierenden effizienten Arbeitsaufteilung zu deuten.³²¹ Beide nationalen Initiativen fokussierten auf einen Schwerpunkt und obwohl Brenner ab 1989/1990 nicht mehr aktives Mitglied der US-amerikanischen Gremien war, so argumentierte er doch weiterhin öffentlich für die cDNA-Strategie. Werrons Modellierung des Dritten als mitlaufende Publikumsfiktion entbindet uns von der Notwendigkeit, konkrete Adressaten und Anlässe für Brenners umfassende Argumentationen zu suchen und ermöglicht es, sie als Teil der an die mitlaufende Publikumsfiktion gerichteten öffentlichen Kommunikation in einer kompetitiven Konfiguration zu deuten.

Von erhöhter Brisanz ist dagegen die Tatsache, dass Brenner bis tief ins Jahr 1992 aktiv gegen das Large-Scale Sequencing und explizit gegen das *C. elegans* Projekt und die Förderung von Sulston und Waterston durch den MRC lobbyierte. Die vollständige Sequenz eines Modellorganismus sei von geringem Interesse und der wissenschaftliche Wert des *C. elegans* Projekts limitiert, da es lediglich als eine technologische Fingerübung zu verstehen sei und als solche finanziert würde. Exemplarisch sei aus einem von mehreren Schriftstücken zitiert, die Brenner an Dai Rees vom MRC richtete:

“On the first matter – nematode sequencing – I am glad that you were able to clear up several points and (...) I think it would be wrong to devote very large resources to a project which has always been seen as a technology exercise in relation to the human genome. (...) If Sulston and Waterston decide to go [to the U.S., Anm. MS], so be it. There are other things to do on the sequencing front of equal or more relevance to the human genome.”³²²

Ein halbes Jahr später, also im August 1992, tauchen in den Quellen aus Brenners Nachlass auch Craig Venter, dessen cDNA-Projekt, die Patentierungsdebatte und der Wellcome Trust auf. Der MRC und Brenner rangen zu dieser Zeit um einen Umgang mit der Patentierungsdebatte und mussten sich gleichermaßen gegenüber dem erstarkenden Wellcome Trust, der sich zu dieser Zeit bereits mit seinem vollen finanziellen Gewicht hinter Sulston und dessen Projekt gestellt hatte, behaupten. Nach wie vor vertrat Brenner die Position, dass die Sequenzierung von *C. elegans* nicht von direkter Relevanz für die Humangenomsequenzierung sei und der MRC das Projekt deshalb nicht weiter fördern solle.³²³ Sydney Brenner verhielt sich also gegenüber Sulston und Waterston wie ein aktiver wissenschaftlicher Konkurrent, der sich nicht nur um die Bewerbung seiner Herangehensweise bemühte, sondern die Geldgeber auch sehr explizit davon abbringen wollte, die Arbeit seiner Konkurrenten weiter zu fördern. Inwieweit ihm dieses Verhalten als Normverstoß ausgelegt wurde, oder ob es noch Teil regelkonformen kompetitiven Verhaltens war, könnte Gegenstand fortführender Untersuchungen sein. Brenners kompetitives Verhalten betraf allenfalls Sulstons Anteil des Projektes, da dieser einen Teil seiner Gelder vom UK HGMP bezog. Ansonsten bildete es aufgrund der unterschiedlichen nationalen Förderkontexte und

³²¹ Der von Edge beschriebene Mechanismus zur Konkurrenzvermeidung griff also auch im Großen. Vgl. Edge 1990, *Competition in Modern Science*, S. 214; ausführlich und rezent zum “self-organised interplay of cooperation and competition”: Nickelsen 2022, *Cooperative Division of Cognitive Labor*, S. 24.

³²² Cold Spring Harbor Laboratory Archives; digitalisiert verfügbar über die Wellcome Collection, SB/1/1/534 Rees, Dai, 1989-1992, Schreiben von Sydney Brenner an Dai Rees (MRC) vom 11.02.1992.

³²³ Cold Spring Harbor Laboratory Archives; digitalisiert verfügbar über die Wellcome Collection, SB/1/1/534 Rees, Dai, 1989-1992, Schriftstück: “Future Policy for the UK HGMP”, aus der Perspektive von Sydney Brenner und versendet an Dai Rees (MRC), 11.08.1992.

Schwerpunktlegungen keine konkrete oder akute kompetitive Herausforderung für das transatlantische Gespann.

Sulston und Waterston beobachteten weiterhin, womit sich Brenner befasste, wie er sich äußerte und inwieweit dies die Relevanz und Beliebtheit des Large-Scale Sequencing beeinflussen könnte. Aus einer E-Mail aus dem ersten Quartal 1991 geht hervor, dass Brenner schon bald nicht mehr nur die cDNA-Strategie forcierte:

“At least the cDNA scare seems to dying (sic!) down somewhat, but his [Sydney Brenner’s, Anm. MS.] latest scheme may be of real significance. This is the puffer fish, as you know. (...) And having now had a look into the black hole of the C.e genome I’m acutely aware of the problems of interpretation that we face. Sydney is cheerfully predicting that he will blow STS’s, us, and Drosophila out of the water.”³²⁴

Brenners Ankündigung, die konkurrierenden Gruppen durch eine wieder neue Projektidee vollständig zu überholen, klingt nach der sportlich-spielerischen Kampfansage eines Wissenschaftlers, der großen Spaß an kompetitiver Auseinandersetzung auf wissenschaftlicher Ebene hat. Eher sorgenvoll hingegen wurde diese Ankündigung von Sulston rezipiert, der laut eigener Aussage immer wieder darüber nachdachte, wie gerechtfertigt oder sinnvoll es war, die gesamte Sequenz des Fadenwurms anzustreben. Diese Wiedergabe zeigt, dass Brenners Konkurrenzgebaren und seine steten Herausforderungen auf wissenschaftlichem Terrain direkte negative Auswirkungen auf John Sulston hatten. Brenners Konkurrenzäußerungen zeigten Wirkung, wenngleich sie in den Jahren darauf immer irrelevanter wurden. Zuvor der behielten Sulston und Waterston die cDNA-Strategie als konkurrierende Methode im Blick, deren Relevanz in der darauffolgenden Zeit erneut ansteigen sollte. Verantwortlich dafür war die erste Konkurrenzeröffnung von Craig Venter und seinem Team.

In der wissenschaftshistorischen Forschung fand Venter als privatwirtschaftlich finanziert Konkurrent des größtenteils aus öffentlichen Geldern finanzierten Forschungsverbundes im letzten Teil der Projektlaufzeit (ca. 1996-2001) vor allem namentliche Erwähnung.³²⁵ Die spätere Episode der Konkurrenz prägte die letzten Jahre der Laufzeit des HGP und erhielt durch ihre mediale Aufbereitung sehr viel Aufmerksamkeit in der Wahrnehmung der breiten Öffentlichkeit. Dementsprechend prägte sie auch einen Großteil der wissenschaftssoziologischen, -historischen und -philosophischen Forschung zur Sequenzierung des menschlichen Genoms. Dabei wurden die dramatischen Elemente des Wettkaufs auf dem Weg zur vollständigen menschlichen Sequenz überbetont und hauptsächlich die Themenbereiche des intellektuellen Eigentums und der freien oder beschränkten Verfügbarmachung der Forschungsdaten in den Blick genommen.³²⁶ Venter meldete mit Unterstützung des Patent Office der NIH bereits 1990 eine

³²⁴ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Sulston an Waterston, zwischen Ende Januar und Mitte März 1991.

³²⁵ Etwa Maxson Jones et al. 2018, Bermuda, S. 706 f.; Ausnahmen stellen dar: Vgl. Nickelsen 2014, Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften, S. 372 ff. mit einem ersten Aufschlag oder Hilgartner 2017, Reordering Life, letzterer jedoch mit abweichender Schwerpunktlegung.

³²⁶ Die Themen des geistigen Eigentums und der Patentierung wiederum wurden verstärkt im Kontext der rekombinanten DNA-Technologie und der damit verbundenen Industrie untersucht: Hughes, Sally Smith: Making Dollars out of DNA: The First Major Patent in Biotechnology and the Commercialization of Molecular Biology, 1974-

große Anzahl an cDNA-Fragmenten zur Patentierung an. Im Zuge dessen entstand international eine sehr intensive Diskussion darüber, inwieweit die Patentierung von Sequenzen legal oder ethisch zulässig sei. Die Meinungen gingen hier weit auseinander, einige Personen traten als dezidierte Befürworter einer Patentierungsstrategie auf, andere vertraten strikt ablehnende Positionen; einige Forschende argumentierten, dass erst später im Forschungsprozess patentiert werden solle, andere wiederum vertraten die Position, dass bereits früh Eigentum an Sequenzen gesichert werden sollte. Zentral waren dabei ökonomische Fragen, wissenschaftliche Werte sowie ethische Positionen zum Zusammenhang von Wissenschaft und Wirtschaft.

Diese Themenbereiche wurden insbesondere durch die Schilderungen von Venter selbst und von Robert Cook-Deegan weiter popularisiert. Ihre Behandlung bereicherte die wissenschaftshistorische und -soziologische Forschung.³²⁷ Darüber hinaus sollte diese Episode jedoch auch unter dem Gesichtspunkt einer *wissenschaftlichen* Konkurrenz untersucht werden, bei der es zuvorderst darum ging, diejenige Methode zu identifizieren, mit der am besten sequenziert und am besten die Identifikation von Genen geleistet werden konnte. Vor allem letzteres war der stärkste Motivator für viele Wissenschaftler:innen, überhaupt Kartierungs- und Sequenzierungsprojekte durchzuführen: man wollte Gene identifizieren und verorten, um dann mit ihnen arbeiten zu können oder eben das Wissen über sie für die Erforschung von biologischen Eigenschaften, Charakteristika oder Verhalten verwenden zu können. Die Konkurrenz basierte zunächst auf einer zentralen wissenschaftlichen Meinungsverschiedenheit; Fragen des intellektuellen Eigentums und der Patentierung wurden erst in den darauffolgenden Monaten vordergründig relevant.

Nach Ablauf der Pilotphase wurde die latente Konkurrenz um Fördergelder (vgl. Kapitel 2) akut, denn zu diesem Zeitpunkt wurden die Erfolge der Gruppen evaluiert. Die erfolgreichen Gruppen erhielten (erhöhte) Anschlussförderung und diejenigen, deren Arbeit nicht als ähnlich vielversprechend galt, erhielten keine fortlaufenden – geschweige denn erhöhten – Gelder. Im vorliegenden Kapitel wird demnach exemplarisch untersucht, wie eine wissenschaftliche Konkurrenz im USA HGP zustande kam und ablief, *bevor* sie später unter den Augen der Öffentlichkeit dramatisiert wurde und eskalierte. Denn innerhalb des USA HGP gab es durchaus Spielraum für abweichende Methoden und wissenschaftliche Konkurrenzen – auch für akute Konkurrenzepisoden. Es ist deshalb lohnenswert, sich die Anfänge der Konkurrenz anzusehen und die Konstituierung einer wissenschaftlichen Konkurrenz und all ihrer zunächst nicht disruptiven Effekte zu untersuchen. Auf diese Weise soll ein Gegengewicht zu der bisherigen, sehr dominanten Erzählung über das HGP geschaffen werden. In der breiteren Öffentlichkeit herrschte bisher die Wahrnehmung vor, dass zwischen den verschiedenen Pilotprojekten und Modellorganismusgruppen in der Frühphase des USA HGP intensive Konkurrenz bestanden habe. Diese Konkurrenz aller gegen alle habe sich immer weiter hochgeschaukelt, sei durch die Patent-Debatte um ca. 1992 weiter verstärkt

1980. In: Isis Vol. 92(2001), S. 541-575; dies.: Genentech. The Beginnings of Biotech. Chicago und London, 2011; sowie Vettel, Eric J.: Biotech: The Countercultural Origins of an Industry. Philadelphia, 2006; Yi, Doogab: The Recombinant University: Genetic Engineering and the Emergence of Stanford Biotechnology. Chicago/London, 2015; Stevens, Hallam: Biotechnology and Society: An Introduction. Chicago, 2016.

³²⁷ Siehe etwa Kevles, Daniel J.: Diamond v. Chakrabarty and Beyond: The Political Economy of Patenting Life. In: Thackray, Arnold (Hrsg.): Private Science. Biotechnology and the Rise of the Molecular Sciences. Philadelphia, 1998, S. 65-79; sowie Radick 2002, Discovering and Patenting Human Genes.

worden und wäre in dem Wettlauf um die Sequenz des menschlichen Genoms kulminierte.³²⁸ Diese mitreißende Erzählung ist in einzelnen Punkten nicht vollständig von der Hand zu weisen, jedoch bedarf sie dringend kritischer Prüfung, *gerade weil* sie so mitreißend und überzeugend klingt und *gerade weil* sie so weit verbreitet ist.

Denn es wird sich erweisen, dass die Konkurrenz in der frühen Phase noch eingehetzt werden konnte und nicht zu einer weiteren Eskalation führte. Sulston und Waterston erreichten dies strikt durch ihre wissenschaftlichen und argumentativen Leistungen. Es ist eine Eigenheit der historiografischen, wissenschaftsjournalistischen und geisteswissenschaftlichen Darstellungen des USA HGP, dass sie entweder auf die Anfänge der Genominitiativen oder auf die Debatten um intellektuelles Eigentum und Patentierungen der späteren Jahre fokussieren.³²⁹ In der wissenschaftshistorischen Forschung zu *C. elegans* und seinen Bearbeiter:innen wurden zwar kuriosisch auch die Entwicklungen um Sulstons und Waterstons Forschung im Kontext der Genominitiativen in den Blick genommen. Dabei wurde jedoch hauptsächlich untersucht, wie sich ihr wissenschaftliches Interesse aus ihrer fachlichen Sozialisierung entwickelte, doch die genauere Analyse der Konstituierung der Konkurrenz ist noch zu leisten.³³⁰ Dies ist von besonderem Interesse, weil so untersucht werden kann, wie Sulston und Waterston in konkreten wissenschaftlichen Konkurrenzsituationen vorgingen – bisher hatte der Fokus der Forschung auf ihrer hohen Kommunikationsbereitschaft und Kooperativität gelegen.³³¹ Gerade die wenigen greifbaren Episoden unaufgeregter wissenschaftlicher Konkurrenz bedürfen einer erstmaligen Aufarbeitung, um deutlich machen zu können, dass nicht jede Form von konkreter Konkurrenz zu einem intensiven Wettlauf führte.

cDNA und EST-Fragmente an *C. elegans*

Craig Venter und seine Kolleg:innen von der Section of Receptor Biochemistry and Molecular Biology des NIH-geförderten National Institute of Neurological Disorders and Stroke entwickelten zusammen mit ihren Kooperationspartner vom Laboratory of Biochemical Genetics am National Institute of Mental Health (Neuroscience Center am St. Elizabeth's Hospital) eine Strategie, mit der Gene identifiziert und auf einer physischen Karte verortet werden sollten, ohne dass man gesamte Genome oder vollständige cDNA-Fragmente sequenzieren müsste. Im Juni 1991 veröffentlichten sie einen Artikel zur Arbeit mit ESTs (Expressed Sequence Tags). Diese Strategie wurde aus der Arbeit mit cDNA abgeleitet; stellte letztere schon eine wissenschaftliche Abkürzung auf dem Weg zur Genidentifikation dar, so versuchte man nun, selbst dort nur die allernötigsten Arbeitsschritte durchzuführen. Venter et al. gewannen mRNA aus Gehirngewebe, in dem bestimmte Gene exprimiert sind, stellten cDNA her, sequenzierten einen kleinen Teil eines cDNA-Fragments und verorteten dieses via *in situ* Hybridisierung auf einer physischen Karte. Die

³²⁸ Cook-Deegan 1994, Gene Wars; Davies 2003 [2001], Wettlauf; N.N.: Why was There a Race to Sequence The Human Genome? Online verfügbar unter: <https://www.yourgenome.org/stories/why-was-there-a-race-to-sequence-the-human-genome>, 13.06.2016, zuletzt aufgerufen am: 06.04.2020.

³²⁹ Dies gilt etwa für die verdienstvollen Arbeiten von Rachel A. Ankeny und Soraya de Chadarevian auf der einen Seite sowie für die Untersuchungen von Greg Radick und Kathryn Maxson Jones et al. auf der anderen Seite.

³³⁰ De Chadarevian 2002, Designs for Life; sowie dies. 2004, Mapping the Worm's Genome.

³³¹ De Chadarevian 2002, Designs for Life; sowie dies. 2004, Mapping the Worm's Genome; sowie Ankeny 2003, Sequencing the Genome.

Sequenzierung des gesamten cDNA-Fragments wurde bei dieser Herangehensweise als überflüssig erachtet.

Die Autor:innen des Artikels schrieben den Expressed Sequence Tags eine ähnliche Funktion zu wie den Sequence Tagged Sites (STSs), die von Maynard Olson und anderen Forschenden des Verbunds vorgeschlagen worden waren. Durch die Verwendung von STS sollte die Genomforschung weltweit eine verbindende Möglichkeit haben, Genome zu erschließen. Die große Vielfalt an verschiedenen Kartierungsstrategien und den dabei verwendeten Klonen und biologischen Markern sollte so gebändigt und die existierenden Karten vereinheitlicht und zur Korrespondenz gebracht werden können. Der Begriff Sequence Tagged Sites bezeichnet kurze Sequenzen von DNA, die nur einmal auf dem Genom vorkommen und deren Position bekannt ist. Eine physische Karte mit diesen Markern gibt die Reihenfolge und Abstände von solchen STS-Markern wieder und verschiedene Karten, die STS enthalten, könnten anhand dieser miteinander verbunden werden. Die US-amerikanischen Forscher Maynard Olson, Leroy Hood, Charles Cantor und David Botstein formulierten das wie folgt: "The idea would be to 'translate' all types of mapping landmarks into the common language of STSs."³³² Für die internationalen Genomforscher:innen bedeutete dies potenziell, dass die verschiedenen Karten und Sequenzen dazu gebracht werden konnten, zu korrespondieren. Auf diese Weise sollten die STS-Marker zu verbesserter internationaler Koordination der verschiedenen Sequenzierungsprojekte und zu vereinfachter Infrastruktur beitragen.

Auch durch die Arbeit mit ESTs sollten diese Dinge erreicht werden, allerdings mit dem zusätzlichen Vorteil, dass ein EST auf ein Gen hinweist, da der Marker ja aus einem kleinen Abschnitt *exprimierter* cDNA bestand.³³³ Einen weiteren Vorteil sahen Venter et al. in der Möglichkeit, ihre Methode für die noch zügigere und umfassende Identifikation von Genen zu verwenden. Sie argumentierten, dass bei der Genomsequenzierung ein Großteil der menschlichen Gene zunächst unbekannt bleiben würde und brachten dagegen ihre Methode in Stellung:

"This fast approach to cDNA characterization will facilitate the tagging of most human genes in a few years at a fraction of the cost of complete genomic sequencing, provide new genetic markers, and serve as a resource in diverse biological research fields."³³⁴

Dabei ging es vor allem um die Frage, wann und zu welchen Kosten Genidentifikation geleistet werden könnte. Denn natürlich war es auch beim Large-Scale Sequencing letztendlich das Ziel, Gene zu verorten und identifizieren zu können. Dieses übergeordnete Erkenntnisinteresse teilte Waterston ebenso, der sich ja vor seiner Hinwendung zur Kartierung und Sequenzierung für die genetische Spezifikation und

³³² Olson, Maynard; Hood, Leroy; Cantor, Charles und Botstein, David: A Common Language for Physical Mapping of the Human Genome. In: *Science* Vol. 245 (1989), No. 4925, S. 1434-1435, S. 1434.

³³³ Adams, Mark D. et al.: Complementary DNA Sequencing: Expressed Sequence Tags and Human Genome Project. In: *Science* Vol. 252 (1991), No. 5013, S. 1651-1656, S. 1651. Autor:innen aus: Section of Receptor Biochemistry and Molecular Biology, National Institute of Neurological Disorders and Stroke, National Institutes of Health, Bethesda (dort war Venter ansässig) sowie Laboratory of Biochemical Genetics, National Institute of Mental Health, Neuroscience Center at St. Elizabeth's Hospital, Washington, DC.

³³⁴ Adams et al. 1991, Complementary DNA Sequencing, S. 1651.

Steuerung von Muskulatur und Bewegung interessiert hatte – und auch weiterhin dazu publizierte.³³⁵ Die Frage war jedoch, welche Arbeit geleistet werden musste, um Genidentifikation zu erreichen: sollte davor alles gründlich kartiert und dann kartenbasiert sequenziert werden? Oder gab es zügigere Alternativen? Während Forschende wie Brenner und Venter die Position vertraten, dass die kartenbasierte Sequenzierung eines gesamten Genoms unnötig sei, so schienen die Forschungsergebnisse für Waterston auch so interessant genug zu sein, um die verhältnismäßig längere Forschungszeit in Kauf zu nehmen. Beziehungsweise sah Waterston die Notwendigkeit, die Karten und Sequenzen von *C. elegans* für die Fachkolleg:innen zur Verfügung zu stellen, die damit arbeiten wollten.

Die verschiedenen Herangehensweisen fußten mitunter auf unterschiedlichen übergeordneten Erkenntnisinteressen. Dementsprechend wäre es durchaus vorstellbar, dass sie nebeneinander hätten bestehen können. Doch Venter und seine Kolleg:innen präsentierten die ESTs-Strategie explizit als kostengünstigere und schnellere *Alternative* zur Sequenzierung gesamter Genome sowie zur Sequenzierung gesamter cDNA-Bibliotheken. Auf diese Weise suchten sie die wissenschaftliche Öffentlichkeit und die US-amerikanischen Forschungsförderungsinstitutionen davon zu überzeugen, die EST- und die cDNA-Strategien *unter Ausschluss* des Large-Scale Sequencing zu finanzieren. Die Unvereinbarkeit zwischen ihrer Strategie und dem Large-Scale Sequencing bestand nicht von vornherein, sondern sie wurde aufgrund der endenden Pilotphase konstituiert: nach Abschluss der Pilotphase sollte eine Methode identifizierbar sein, auf deren Weiterentwicklung und Anwendung man sich in den darauffolgenden Jahren konzentrieren wollte. Nur die Gruppen, deren Herangehensweise fortführend Erfolg versprachen, sollten die Anschlussförderung erhalten und so kam die negative Interdependenz zwischen Gruppen mit abweichenden Herangehensweisen zustande.

Die Prämie war also in knappem Maße vorhanden und konnte nicht an alle Konkurrenzparteien vergeben werden. Deshalb hing der Erfolg der einen Partei vom Misserfolg der anderen Partei ab. Durch die Konstruktion der negativen Interdependenz wurde der Einstieg in eine wissenschaftliche Konkurrenz geschaffen. Sollte es Venter et al. gelingen, die Peer Review Gremien und die Forschungsförderungsinstitutionen zu überzeugen, so drohte dies zu einer potenziellen Absage an das von Sulston und Waterston favorisierte Large-Scale Sequencing zu führen. Die Konkurrenz war triadisch und vermittelt und spielte sich auf der wissenschaftlichen Ebene ab. Sie basierte auf klar abgrenzbaren Akteuren, Zielen und Handlungen und es ging um deutlich identifizierbare Konkurrenzziele und Prämien. Beide Parteien strebten danach, epistemische Ziele durch gewisse Forschungshandlungen zu erreichen. Durch ihre wissenschaftlichen Leistungen und Argumentationen suchten sie die Gunst des Dritten für sich

³³⁵ Man kann jedoch sehen, dass Waterston zu diesem Thema zu diesem Zeitpunkt nicht mehr als alleiniger Autor veröffentlichte, wie etwa noch bei seinen einschlägigen Publikationen Ende der 1980er, sondern dass er zusammen mit verschiedenen Mitgliedern seines Labors publizierte und die Letztautorschaft einnahm. Er war in der Etablierungshierarchie etwas nach oben gerückt und unterstützte nun Nachwuchswissenschaftler:innen aus seinem Labor bei der Publikation. Vgl. nur etwa: Barstead, Robert J.; Kleiman, Lawrence und Waterston, Robert H.: Cloning, Sequencing, and Mapping of an a-Actinin Gene From the Nematode *Caenorhabditis elegans*. In: *Cell Motility and the Cytoskeleton* Vol. 20 (1991), S. 69-78; oder: Goetinck, S. und Waterston, R.: The *Caenorhabditis elegans* Muscle-affecting Gene unc-87 Encodes a Novel Thin Filament-associated Protein. In: *The Journal of Cell Biology*, Vol. 127 (1994), No. 1, S. 79-93.

zu gewinnen und diesen zur Vergabe der Prämie – der Anschlussförderung und der Übertragung von Sequenzierungsarbeit – zu animieren.

Bei einer historisch-soziologischen Analyse können zwei verschiedene Anlaufstellen als Elemente eines Dritten eingesetzt werden. Die US-amerikanischen NIH verfügten als Förderungsinstitution über die Prämie und steuerten den Vergabeprozess. Jedoch wurde die konkrete Entscheidung über die Vergabe der Fördergelder von den Peer Review Gremien, also den *compeers* der Konkurrenzparteien, getroffen.³³⁶ Venter und Kolleg:innen suchten ihre Fachkolleg:innen und die Mitarbeitenden der Forschungsförderungsinstitutionen mit einem Kosten-Nutzen-Argument zu überzeugen: die EST-Strategie sei am kostengünstigsten und am effizientesten und würde darüber hinaus diejenigen Forschungsergebnisse erzielen, derer es tatsächlich bedurfte. Die Adressaten dieser Argumentationen sind einigermaßen deutlich zu identifizieren und damit nicht so sehr mitlaufende Fiktion öffentlicher Kommunikationsprozesse, sondern vielmehr klar umrissene Personengruppen, die es zu überzeugen galt. Klar identifizierbarer Anlass für die kompetitive Kommunikation war der Eintritt in die nächste Förderungsrounde der US-amerikanischen Genominitiative.³³⁷

Sulston und Waterston kritisierten die cDNA- und die EST-Methoden immer wieder dafür, dass Informationen zur Funktionsweise und Zusammensetzung der Gene, die vollständigen Sequenzen der Gene und eben auch Informationen zur Sequenz der nicht-kodierenden Abschnitte im Genom fehlten.³³⁸ In einer E-Mail an Waterston äußerte Sulston einen weiteren Kritikpunkt: die meisten Befürworter von cDNA-Programmen wüssten nicht einmal, wie sie im Einzelnen vorgehen sollten, und “they’re only even talking about cDNA tagging rather than total [cDNA, Anm. MS] sequencing.”³³⁹ Anders als noch bei Brenners favorisierter Herangehensweise, sollten bei Venters neuerlich vorgeschlagener EST-Strategie die generierten cDNA-Fragmente nicht einmal mehr vollständig sequenziert werden. Stattdessen sollten nur die Endsequenzen der Fragmente entschlüsselt werden, um diese zügig auf dem Genom verorten zu können. Mehr sollte mit den Endsequenzen der Fragmente erst einmal nicht unternommen werden. Das war in den Augen Sulstons nicht nur die falsche wissenschaftliche Entscheidung, sondern er war zudem nicht von der Stichhaltigkeit der Argumentation und von der Qualität von Venters Arbeit überzeugt.

Aus der elektronischen Kommunikation von Sulston und Waterston geht hervor, dass sie sich spätestens ab dem letzten Quartal 1990 von der Bewerbung der ESTs-Strategie durch Venter et al. herausgefordert fühlten. Sulston sprach die Befürchtung aus, dass innerhalb des USA HGP einige Einflussnahme durch die Befürworter:innen der Arbeit mit cDNA und ESTs zu erwarten stünde.³⁴⁰ Diese Einschätzung sollte sich bewahrheiten. Auf der zweiten Genome Sequencing Conference, die vom 30.09.-03.10.1990 auf Hilton

³³⁶ Merton 1973 [1942], *Normative Structure of Science*, S. 273 f. Insbesondere in diesem Fall wäre eine Untersuchung der Zusammensetzung der Peer Review Gremien und ihrer Entscheidungsprozesse sehr erhellend, um die Effekte von Konkurrenzen auch in dieser Dimension in den Blick zu nehmen. Dies ist mangels der notwendigen historischen Quellen nicht möglich.

³³⁷ Werron 2011, *Soziale Konstruktion*, S. 239.

³³⁸ Waterston et al. 1992, *Survey of Expressed Genes*, S. 121.

³³⁹ cDNA Tagging = Generation von ESTs, Anm. MS, PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Sulston an Waterston, viertes Quartal 1990.

³⁴⁰ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Sulston an Waterston, viertes Quartal 1990

Head Island stattfand, wurde Sulston mit den Ankündigungen Venters konfrontiert, dass dieser sein cDNA-Programm aus Gehirngewebe weiter verstärken werde und zudem plante, ein cDNA-Projekt am Fadenwurm zu beginnen.³⁴¹ Sulston berichtete Waterston via E-Mail von der Tagung, dass er “rather blew discussing this with him at HH [Hilton Head, Anm. MS.], merely getting into a public argument with him about the merits of cDNA projects in general.”³⁴² Die Ankündigung Venters, diese Form der Forschung weiterzuverfolgen und für ein solches Projekt den Fadenwurm als Modellorganismus in Betracht zu ziehen, stieß keineswegs auf Begeisterung. Vielmehr lässt die offen emotionale Reaktion Sulstons vermuten, dass er sich auf seinem Territorium herausgefordert fühlte. Sulston und Waterston vereinbarten, Venter weiteres Handeln zu beobachten, und Sulston schrieb: “if he [Venter] gets serious I expect he’ll let us know.”³⁴³

Die Ankündigung, mit *C. elegans* zu arbeiten war keine neutrale oder zufällige Entscheidung. Sulston und Waterston konnten und wollten nicht kontrollieren, wer mit *C. elegans* arbeitete, doch sie nahmen Venter nicht als neutralen oder gar kollegial gesinnten Forscher wahr, sondern als Herausforderer und als Konkurrenten. Venter wollte zeigen, dass beim EST-Tagging mit weniger Arbeit bessere Ergebnisse erreicht werden können. Es würde sein Argument deutlich stärken, wenn es ihm gelänge, die Leistungsfähigkeit der cDNA-/EST-Methode an *C. elegans* nachzuweisen, dessen Bearbeiter zu den deutlichsten Befürwortern des Large-Scale Sequencing gehörten. Zudem sagten Venter und seine Ko-Autor:innen ganz offen, dass die Arbeit mit *C. elegans* aufgrund der verfügbaren Ressourcen besonders attraktiv war: es gab eine Genkopplungskarte und eine physische Karte, für beides existierten weiterführende Informationen und biologische Materialien und beide Karten waren zu einem Ganzen verbunden.³⁴⁴ Die von Brenner, Sulston, Waterston und allen anderen *C. elegans*-Kolleg:innen weltweit erarbeiteten Informationen waren ja im Geiste der Kommunikation und der Kooperativität frei verfügbar gemacht worden – ein Sachverhalt, der etwaigen Konkurrent:innen das ein oder andere Mal gelegen kam (Vgl. Kapitel 4). Auf all diese wissenschaftlichen Informationen, Karten und biologischen Materialien konnten Venter und seine Kolleg:innen nun einfach zurückgreifen. Das vereinfachte ihnen den Einstieg, weil sie zuvor noch nicht mit *C. elegans* gearbeitet hatten.

Sulston und Waterston beobachteten diese Entwicklungen mit Sorge, doch sie beließen es nicht bei der Beobachtung allein. In den Folgemonaten überlegten sie, wie sich die Sequenzierung von cDNA in ihrem Projekt unterbringen ließe. Sulston notierte sich in seinen Unterlagen: “In production phase, cDNA sequencing (eg 1 Mb/yr) might fit in”.³⁴⁵ Da Sulston und Waterston die wissenschaftliche Sinnhaftigkeit der cDNA-Strategie immer noch anzweifelten und ihre Popularität seit Ende der 1980er mit Unwillen beobachteten, war diese Entscheidung nun eindeutig kompetitiven Erwägungen geschuldet. Sie planten,

³⁴¹ Diese jährlich stattfindenden Konferenzen wurden von Leroy Hood und Craig Venter organisiert und hatten die Entwicklungen auf dem Feld der Sequenzierungstechnologien zum Gegenstand.

³⁴² PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Sulston an Waterston, vierter Quartal 1990.

³⁴³ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Sulston an Waterston, vierter Quartal 1990.

³⁴⁴ McCombie, W. Richard et al.: *Caenorhabditis Elegans* Expressed Sequence Tags Identify Gene Families and Potential Disease Gene Homologues. In: *Nature Genetics* Vol. 1 (1992), No. 2, S. 124-131, S. 124.

³⁴⁵ Eine erste Schätzung war es, ob etwa eine Megabase cDNA-Sequenzierung pro Jahr möglich wäre. Wellcome Collection PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, handschriftliche Notizen Sulston, zwischen Oktober 1990 und November 1990, nähere Datierung nicht möglich.

eine cDNA-Komponente in ihr Projekt zu integrieren, um sich – bei gleichzeitig fortbestehender Skepsis – auch in diesem relevanten Feld zu positionieren. Sulston schrieb an Waterston:

“Well, I still feel that, if anyone is serious about a cDNA programme, we should be involved. Also, there’s the possibility of money. (...) But do you think there’s anything at all in it for us scientifically?”³⁴⁶

Die Arbeit mit cDNA sollte jedoch nicht die Sequenzierung des gesamten Genoms ablösen, weder in ihrem Projekt noch im größeren Zusammenhang des USA HGP. Darauf legten sie Wert und so versuchten sie herauszufinden, welche Meinungen zum Verhältnis von cDNA/ESTs und dem Large-Scale Sequencing bei ihren Fachkolleg:innen und ihren Geldgebern, den US-amerikanischen NIH, vorherrschten. Waterston holte bei seinen US-amerikanischen Kontakten Informationen dazu ein. Zum einen war dies Maynard Olson, mit dem auch nach der gemeinsamen Zeit an der WASHU Ende der 1980er ausreichend guter Kontakt bestand, um ihn um informelle Auskünfte und Informationen zu bitten. Zum anderen war es Mark Guyer, Assistant Director for Program Coordination³⁴⁷ im National Human Genome Research Institute der NIH:

“I did some investigating of your cDNA issue, talking first with MVO and then with Mark Guyer. (...) Guyer states this is clearly in addition to the present programs and is not intended to absorb much of the funding. They remain committed to physical mapping and model organism genome sequencing. I hope this is helpful (sic!).”³⁴⁸

Die Aufforderung, sich unter den US-amerikanischen Fachkollegen und Administratoren umzuhören, war wohl von Sulston gekommen. Ein Hinweis darauf ist die Formulierung „your cDNA issue“ – Waterston selbst teilte das Bedrohungsgefühl anscheinend nicht im selben Maße. Das mag daran gelegen haben, dass Sulston in Großbritannien direkter mit Sydney Brenner konfrontiert war und die Bedrohung durch cDNA in seiner Wahrnehmung etwas konstanter präsent war. Gleichzeitig war Sulston durch seine geografische Positionierung auch etwas weniger in Kontakt mit den Internen der US-amerikanischen Forschungsförderungsinstitutionen. Durch das Einholen dieser Informationen sollte geklärt werden, in welchem Maße die cDNA- und die EST-Strategien eine Bedrohung für das Large-Scale Sequencing darstellten. Auf diese Weise suchte Sulston der Unsicherheit bezüglich der Haltung des Dritten beizukommen.³⁴⁹ Die Betonung, dass beide Herangehensweisen nebeneinander existierten, bedeutete

³⁴⁶ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Sulston an Waterston, viertes Quartal 1990.

³⁴⁷ Zumindest in der Zusammenfassung des Treffens des National Advisory Council for Human Genome Research (22.-23.09.1994) wird er als solcher geführt. Dokumentationen von Treffen aus den Jahren zuvor sind nicht online einsehbar. National Institutes of Health, National Human Genome Research Institute (vormals Office for Human Genome Research): Zusammenfassung des Treffens des National Advisory Council for Human Genome Research in Washington D.C., September 1994, <https://www.genome.gov/10001402/september-1994-nachgr-meeting-summary>, zuletzt aktualisiert: 01.03.2006, zuletzt aufgerufen: 12.04.2022.

³⁴⁸ Wellcome Collection PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston, 28.01.1991.

³⁴⁹ Werron führt hier die zunehmende Relevanz von Konsumenten- und Wählerforschung an, durch die versucht wird, der „Unberechenbarkeit und Instabilität der Publikumsmotive“ beizukommen, wenngleich er die Unzulänglichkeiten dieser Datenerhebungen hervorhebt. Vgl. Werron 2011, Soziale Konstruktion, S. 247.

eine Absage an eine negative Interdependenz, welche die Konkurrenz weiter verfestigen würde. Diese Zusicherung dürfte Sulston und Waterston etwas beruhigt haben, denn wenn in den Augen der Fachkollegen und der Geldgeber keine Ausschließlichkeit zwischen beiden Methoden gegeben war, so wäre das Projekt von Sulston und Waterston nicht direkt von der Herausforderung Venters bedroht. Ohne eine zwingende negative Interdependenz wäre eine akute Konkurrenz in den darauffolgenden Jahren vermeidbar.

Die epistemischen Effekte von Konkurrenz

Die cDNA- und die EST-Strategien gewannen verstärkt an Bedeutung, weil sie in Bezug auf das epistemische Ziel, Informationen über die Identifikation und Verortung relevanter Gene zu erhalten, zügigere Erfolge versprachen. Fragen der Genidentifikation nahmen Ende 1992 zum Abschluss der Pilotphase eine prominente Rolle in den Diskussionen zur Erstellung des neuen und aktualisierten Fünfjahresplanes ein. Diesbezüglich hatte sich die Schwerpunktlegung seit Beginn der Projektlaufzeit leicht verändert. Im ersten Fünfjahresplan hatte die cDNA-Methode, bzw. verwandte Methoden, trotz leidenschaftlicher Diskussionen keine Erwähnung gefunden.³⁵⁰ Auch Sulston und Waterston interessierten sich für die Identifikation von Genen, allerdings planten sie dabei längerfristige Projektverläufe ein. Waterston berichtete von einem Treffen, bei dem unter anderem die Erstellung des zweiten Fünfjahresplans diskutiert wurde:

“There was also a gesture to finding genes, but I found it unsatisfactory because it was only a political (sic!) reaction and not a synthesis of the need into (sic!) the framework of genome analysis/sequencing. Isn’t there some way to integrate gene finding into a path that benefits sequencing goals?”³⁵¹

In Waterstons Augen konnte die Identifikation von Genen auch durch kartenbasiertes Large-Scale Sequencing erreicht werden, man müsste dabei nur langfristiger denken. Aus diesem Grunde schlug er bei dem Meeting vor, die Projektziele für das Large-Scale Sequencing höher zu stecken und die Bestrebungen zu beschleunigen. Diese Herangehensweise stellte für ihn einen wissenschaftlich sinnvollen Weg zur Genidentifikation dar und wäre nicht lediglich kompetitiven Erwägungen geschuldet, wie die kritisierten Positionen. Warum derlei Vorschläge nicht auf fruchtbaren Boden fielen, brachte Waterston in derselben E-Mail auf den Punkt: „given the general lack of large scale success I was alone.“ Um das Large-Scale Sequencing als Weg zur Genidentifikation zu begreifen, musste ein Labor in der Lage sein, die Sequenzierung im erforderlichen Maße durchzuführen.

Wenngleich Sulston und Waterston inoffiziell zugesagt bekommen hatten, dass der Fokus der NIH weiterhin auf dem Map-Based Large-Scale Sequencing liegen würden, so schien sie das nur kurzfristig zu beruhigen. Nachdem die Fachkollegen nicht durch die Aufforderung zur Hochskalierung überzeugt werden

³⁵⁰ Vgl. NIH/DoE 1990, The First Five Years.

³⁵¹ Wellcome Collection PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston, 19.12.1992.

konnten, trieben Sulston und Waterston ihre Bestrebungen voran, sich auf dem Felde der cDNA zu positionieren. Das Team von John Sulston, zu diesem Zeitpunkt noch am LMB in Cambridge, konnte sich die Arbeit mit cDNA gut vorstellen, dies hatte Sulston in Erfahrung gebracht. Alan Coulson und Ratna Showkeen erklärten sich bereit, die Kartierung vorzunehmen, und die anderen Forschenden im Labor waren "rather keen to be at least somewhat involved in the sequencing as well (...)" Alle waren sich einig: "the faster the better."³⁵² Die kompetitive Stimmung war also auch bei Sulstons Team spürbar geworden. Man begann nun damit, mit einer cDNA-Bibliothek des Fadenwurms zu arbeiten, die in den Jahren zuvor von Chris Martin (Columbia University) erstellt worden war.

Craig Venter und seinem Team gegenüber traten Sulston, Waterston und ihre Mitarbeitenden durchaus kompetitiv auf. Auf einer Tagung im Cold Spring Harbor Laboratory im Mai 1991 erwähnte Waterston in seinem Vortrag, dass sie mit cDNAs arbeiteten und dabei sehr erfolgreich seien, er berichtete Sulston via E-Mail davon.³⁵³ Venter persönlich war nicht bei der Tagung anwesend, ließ sich allerdings von einer Person vertreten, deren Identität nicht aus den historischen Quellen hervorgeht. Laut Waterston war der Vortrag dieser Person zum Projekt an cDNAs aus Gehirngewebe "not impressive."³⁵⁴ Molly Craxton, Richard Durbin (beide LMB) und Rick Wilson (WASHU) seien mit dieser Person ins Gespräch gekommen und hätten dabei "some overtures about cooperating" angebracht.³⁵⁵ Diese Vorgehensweise deute ich als Schritt von Waterston, Sulston und ihren Teams, ihr Territorium zu markieren. Dass sie eine cDNA-Komponente in ihr Projekt integriert hatten, musste der wissenschaftlichen Öffentlichkeit bekannt gemacht werden. Schließlich war die transatlantische Kooperation das führende Team, das mit der Sequenzierung des Genoms des Fadenwurms befasst war und diese Führung planten sie beizubehalten. Dass das Team um Venter nur ESTs generierte und nicht die gesamte cDNA sequenzierte, stärkte ihre Argumentation. Durch die öffentliche Präsentation der cDNA-Komponente konnten die Forschenden von LMB und WASHU zeigen, dass sie in ähnlich gelagerten Projekten keine Bedrohung sahen, sondern dass sie relevante wissenschaftliche Aspekte selbst abdecken konnten. Gleichwohl wurde zumindest halbherzig versucht, das Team um Venter von einer Kooperation zu überzeugen. Die Konkurrenz hätte ausgehebelt werden können, indem das Projekt in die transatlantische Kooperation integriert worden wäre. Eine solche Kooperation kam jedoch nicht zustande und wurde auch nicht mit vergrößertem Engagement angestrebt – als Hinweis darauf lese ich die generelle Geringschätzung von Venters Art, Wissenschaft zu betreiben und seiner EST-Strategie. Auch die Formulierung "overtures about cooperating" legt nahe, dass nicht ernsthaft versucht wurde, eine Kooperation zu erreichen. Möglicherweise wurden derlei lose Einladungen formuliert, um den Schein zu wahren und die Normen wissenschaftlicher Kollegialität einzuhalten. Die Einhaltung und Wahrung bestimmter Verhaltenskodizes war Sulston und Waterston persönlich wichtig, vor allem aber ging es auch darum, in der stark formalisierten und regelkonformen triadischen Konkurrenz nicht unangenehm aufzufallen und den Dritten nicht durch etwaiges Fehlverhalten abzuschrecken.

³⁵² Wellcome Collection PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Sulston an Waterston, zwischen 28.01. und 12.03.1991, nähere Datierung nicht möglich.

³⁵³ "I (...) very quickly stated that we were doing cDNAs and had done 250 in the last 2 ½ weeks.", in: PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston und Coulson, 18.05.1991.

³⁵⁴ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston und Coulson, 18.05.1991.

³⁵⁵ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston und Coulson, 18.05.1991.

Überlegungen, wie am besten das eigene Territorium behauptet werden konnte, ziehen sich durch das gesamte Jahr 1991. Ende September (22.-25.09.1991) fand die dritte Genome Sequencing Conference auf Hilton Head Island statt. Zwei Monate zuvor tauschten Sulston und Waterston E-Mails aus, in denen sie negativ über das Programm sprachen. Waterston bezeichnete es als "atrocious"³⁵⁶ und mutmaßte, dass wohl "politics and parochial concerns" die Zusammensetzung der Rednerliste bestimmt hätten. Er kritisierte:

"My complaints are much like yours, I suspect. The program seems diluted by the inclusion of many speakers with marginal contributions. (...) Seven talks are directly or indirectly from Craig's lab. (...) And all the emphasis on cDNAs. But don't we have to be represented? Perhaps you are thinking of just sending a representative or two?"³⁵⁷

In dem vorläufigen Programm, wie es in den James Watson Papers im Cold Spring Harbor Laboratory Archives abgelegt ist, zeigt sich tatsächlich das Nebeneinander von Large-Scale Genome Sequencing und der Kartierung und Sequenzierung von cDNA/ESTs.³⁵⁸ Auch im dazu veröffentlichten Tagungsbericht vom Februar 1992 wurde beschrieben, dass die Konferenz unter dem Stern der cDNA-Strategie stand, die in den USA zunehmend an Bedeutung gewann. Rund ein Drittel dieser Tagung befasste sich mit der Kartierung oder Sequenzierung von cDNA oder ESTs. Die Autoren des Tagungsberichtes, mit Charles Cantor (Lawrence Berkeley Laboratory)³⁵⁹ war zumindest einer davon Befürworter des Large-Scale Sequencing, schrieben: "Notwithstanding that this topic is a favorite of Craig Venter's, one of the two meeting chairs, the focus seemed well justified by the progress."³⁶⁰ Sie argumentierten jedoch stark dafür, dass die cDNA-Methode nicht die Weiterentwicklung der Technologien für die Sequenzierung gesamter Genome behindern solle – auch im Tagungsbericht wurden die beiden Herangehensweisen demnach als konkurrierende Alternativen wahrgenommen, und auch hier zeigte sich, wie Proponenten der Genomsequenzierung sich angesichts der Prominenz von cDNA argumentativ durchzusetzen versuchten.

Um ein Gegengewicht zum Fokus auf cDNA zu bilden, planten Sulston und Waterston, Präsenz auf der Konferenz zu zeigen. In der vorläufigen Fassung des Programms war Sulston als Redner im Programm aufgeführt, zudem sollten Alan Coulson (LMB) zu cDNAs, Rick Wilson (WASHU) zur Sequenz, sowie Phil Green (WASHU) zur Software Genefinder und Simon Dear (LMB) zur Datenbank ACeDB sprechen.³⁶¹ Dear

³⁵⁶ Wellcome Collection PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston, 02.07.1991.

³⁵⁷ Wellcome Collection PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston, 02.07.1991.

³⁵⁸ Cold Spring Harbor Laboratory Archives; digitalisiert verfügbar über die Wellcome Collection, JDW/2/9/1, Genome Sequencing Conference III, 22-25.09.1991.

³⁵⁹ Als Cantor in den Jahren zuvor noch am Department of Human Genetics and Development der Columbia University ansässig war, entwickelte er zusammen mit seinem Kollegen David Schwartz die Pulsed-Field Gel Electrophoresis, die es möglich machte, auch längere DNA-Fragmente ohne weitere Unterteilung durch Restriktionsenzyme einer Gelelektrophorese zu unterziehen.

³⁶⁰ Cantor, Charles R. und Fields, Christopher A.: Genome Sequencing Conference III: Evolution and Progress. In: Genomics Vol. 12 (1992), No. 2, S. 419-420, S. 419.

³⁶¹ Zudem fanden auf diesen Konferenzen noch Poster Sessions und Workshops statt, für die ich in den Archiven jedoch leider keine Programme finden konnte. Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mails von Waterston an Sulston, 24. und 27.07.1991.

Aufnahme ins Tagungsprogramm mussten Sulston und Waterston im Vorfeld allerdings gesondert erwirken, denn er hatte keine Einladung erhalten, zu sprechen. Dies nahmen sie als Verfehlung seitens der Organisatoren wahr und kontaktierten Venter mit der Bitte, Dear zu integrieren. Mit Verweis auf einen Organisationsfehler erklärte dieser, dass es durchaus noch möglich sei, Dears Vortrag ins Programm aufzunehmen. Daraufhin befanden Sulston und Waterston, dass das Programm nun “straightened out at only minor sacrifice of our dignity” sei.³⁶²

Die Sequenzierung von cDNA ging voran.³⁶³ Bereits im Mai 1992 erschienen die Artikel von Venter et al. und von Sulston und Waterston in derselben Ausgabe von *Nature Genetics*. Das Team von Venter veröffentlichte “Caenorhabditis Elegans Expressed Sequence Tags”³⁶⁴ und die Gruppen vom LMB, der WASHU und Montpellier veröffentlichten: “A Survey of Expressed Genes in *Caenorhabditis Elegans*.³⁶⁵ Bei beiden Projekten, bzw. Projektkomponenten wurde mit cDNA gearbeitet, auf die Identifikation ausgedrückter Gene in *C. elegans* abgezielt und die gänzlich oder teilweise sequenzierten cDNAs auf der physischen Karte verortet. Die beiden Projekte unterschieden sich jedoch auch voneinander. Während das Team um Venter ESTs generierte und kartierte, also kurze Ausschnitte aus cDNA-Fragmenten sequenzierte, um Marker zu erstellen, unterzogen Waterston, Sulston und ihre Kolleg:innen ihre gesamte cDNA-Bibliothek der Sequenzierung. Auch wurden in den Publikationen unterschiedliche argumentative Schwerpunkte gelegt. Sulston, Waterston und Kolleg:innen schrieben den cDNAs eine ähnliche Funktion wie den STSs zu, doch da “the *C. elegans* map is already well developed, this aspect of the project is not prominent.” Trotzdem seien die cDNA-Sequenzen hilfreich gewesen, um einige “pre-existing linkages” zu bestätigen.³⁶⁶ Die Ergebnisse der cDNA-Sequenzierung wurden als Ergänzung zu den bisher bereits erwirtschafteten Forschungsdaten präsentiert und ihr Wert bei der Kontrolle der Daten hervorgehoben. Venter et al. hingegen betonten die noch bestehenden Lücken in der physischen Karte und hoben hervor, dass es ihnen an drei Stellen gelungen sei, Lücken durch EST-Klone zu schließen.³⁶⁷ Je nach Darstellungsabsicht betonten die Autor:innen demnach die Lücken in der Karte oder die große Menge an bereits etablierten Überlappungen, denn damit veränderte sich auch der Grad der Nützlichkeit der cDNA/ESTs.

Ein weiterer Unterschied zwischen der Arbeit beider Gruppen war die Tatsache, dass Venter auf die bisherigen Ergebnisse der *C. elegans*-Forschung zurückgreifen konnte und zudem gesonderte Unterstützung von Alan Coulson erhielt. Coulson hatte YAC-Grids und dazugehörige Informationen zur Verfügung gestellt, die zur Kartierung durch Hybridisierung benötigt wurden, und dafür wurde er in der Danksagung erwähnt. Korrespondierend findet sich keine Erwähnung von Venter oder Team in der Danksagung der cDNA-Veröffentlichung von Waterston und Ko-Autor:innen. Selbst ihrem Konkurrenten Venter gegenüber verhielten sich die *C. elegans* Forschenden kollegial und stellten Informationen und

³⁶² PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston, 27.07.1991.

³⁶³ Wellcome Collection PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, E-Mail von Waterston an Sulston und Coulson, 19.09.1991.

³⁶⁴ McCombie et al. 1992, *Caenorhabditis Elegans Expressed Sequence Tags*.

³⁶⁵ Waterston et al. 1992, *A Survey of Expressed Genes*.

³⁶⁶ Waterston et al. 1992, *A Survey of Expressed Genes*, S. 120.

³⁶⁷ McCombie et al. 1992, *Caenorhabditis Elegans Expressed Sequence Tags*, S. 124.

Reagenzien zur Verfügung – auch, wenn ihnen keine Gegenleistung zu erwarten stand.³⁶⁸ Das zeigt, dass hier kein Konflikt bestand, da keine Anstalten unternommen wurden, dem Gegner zu schaden, eine Schädigung fand allenfalls „auf dem Umwege über eine objektive Leistung“ statt.³⁶⁹ Die Leistungen, durch die der Dritte überzeugt werden sollte, blieben strikt auf wissenschaftlichem Terrain: es ging um Ergebnisse und Argumentationen; gängige Verhaltensweisen und Normen wurden weiterhin beachtet.

Nun war auch in das Projekt zur Sequenzierung des Fadenwurms eine cDNA-Komponente integriert worden. Interessanterweise ging damit auch eine veränderte rhetorische Strategie einher. So schreiben Sulston, Waterston und Kolleg:innen in ihrer betreffenden Publikation:

“In our opinion, for *C. elegans* research the genomic sequence should be the primary objective; cDNAs, and other approaches to transcript analysis, are useful for its interpretation but are not substitutes for it.”³⁷⁰

Nun wurde nicht mehr die Genomsequenzierung unter Ausschluss der cDNA-Strategie verfolgt und argumentiert, sondern die Genomsequenzierung sollte unter Integration der cDNA-Strategie durchgeführt werden, dabei aber deutlich das Prinzip behalten. Letztere sollte erstere in den Augen von Sulston und Waterston nicht ersetzen, und daran änderte auch ihre Integration der cDNA-Komponente aufgrund kompetitiver Erwägungen nichts. Dies zeigt sehr deutlich, dass Sulston und Waterston nicht etwa ihre Meinung geändert hatten als die cDNA-Strategie auch in den USA prominenter wurde und nun zu Proponenten der cDNA-Strategie geworden wären. Obwohl sie weiterhin Befürworter des Large-Scale Sequencing waren, integrierten sie die Sequenzierung von cDNA, um konkurrenzfähig zu bleiben.

Anderen Orts begründete Sulston, weshalb die Arbeit mit cDNA auf jeden Fall integriert werden musste: “ideological stances are best avoided: a good genome project must take data from all available sources and merge it into a complete picture.”³⁷¹ Sulston, Waterston und Kolleg:innen präsentierten die cDNA-Sequenzierung also als nützliche Ergänzung, durch sie sollte jedoch die Analyse des gesamten Genoms nicht abgelöst werden. Das war ein Argument, wie es nur von Sulston, Waterston und ihren Teams vorgebracht werden konnte: um die Daten aus verschiedenen Quellen in die Erforschung des Genoms des Fadenwurms einfließen lassen zu können, mussten überhaupt die Kapazitäten und der Wille vorliegen, Large-Scale Sequencing zu betreiben. Um die Arbeit mit cDNA nicht als notwendige wissenschaftliche Abkürzung zu betrachten, sondern sie gewissermaßen *en passant* zu erledigen, musste die Leistungsfähigkeit in Bezug auf die kartenbasierte Genomsequenzierung sehr hoch sein. Um die Anschlussfähigkeit ihrer Methode zu betonen und argumentativ dem Ausschluss ihrer Strategie vorzubeugen, betonen Sulston und Waterston die prinzipielle Komplementarität der beiden Methoden. Denn die cDNA-Strategien unter Ausschluss des Large-Scale Sequencing zu bewerben, wurde nur von

³⁶⁸ Auf von Venter et al. generierte Daten oder Materialien griffen sie ebenfalls nicht zurück.

³⁶⁹ Georg Simmels Große Soziologie zitiert nach Werron 2011, Soziale Konstruktion, S. 233.

³⁷⁰ Waterston et al. 1992, A Survey of Expressed Genes, S. 122.

³⁷¹ Wellcome Collection, PP/SUL/B/1/1/1 GRL-Files, Sulstons Projektantrag für ein Sequenzierungszentrum beim Wellcome Trust, 02.03.1992.

Venter betrieben, der damit die Konkurrenz eröffnete. Um die Konkurrenz einzuhegen und zu unterbinden, musste die weitere Verfestigung der negativen Interdependenz vermieden werden.

Relativ bald nach der Veröffentlichung der Ergebnisse der cDNA-Sequenzierung beendeten Sulston, Waterston und Teams die Arbeit an cDNA wieder. In einem Fortschrittsbericht, den die Forschenden am Sanger Centre über die Forschung des akademischen Jahres 1993/1994 für den Wellcome Trust verfassten, heißt es:

“Apart from an initial pilot study, we are not involved in cDNA approaches; however, our colleague Yuji Kohara (Mishima) is pursuing a very active programme of cDNA analysis, so this aspect is not being neglected.”³⁷²

Für die Analyse der sequenzierten cDNA waren nicht mehr das Sanger Centre und/oder die WASHU zuständig, sondern Kollege Kohara, der zuvor am LMB gewesen war und bei der Verwendung der YACs für die physische Karte von *C. elegans* mitgewirkt, sowie zwischenzeitlich an *E. Coli* gearbeitet hatte. Sulston und Waterston wollten durch die erfolgreiche Adaption der cDNA-Sequenzierung zeigen, dass es bei ihrer Herangehensweise durchaus möglich sei, andere Methoden zu erproben und anders gelagerte Projektkomponenten zu integrieren. Doch darüber hinaus bestand kein gesteigertes Interesse, diese Projektkomponente weiterzuverfolgen.

3 Fazit

In diesem Kapitel konnte Schritt für Schritt verfolgt werden, wie eine konkrete wissenschaftliche Konkurrenz entstand. Um das Zustandekommen der Konkurrenz zu erklären, bedurfte es der folgenden Aspekte. Aufgrund der Organisation der Projekte und Gruppen im Projektverbund bestand prinzipiell eine latente Konkurrenz zwischen den Gruppen (vgl. Kapitel 2). Die vorliegende Episode unterscheidet sich davon nun durch ihren Grad an Aktualität. Anstoß für das Akutwerden einer konkreten Konkurrenzepisode war die Notwendigkeit, Anschlussförderung zu sichern. Aufgrund der Konkurrenz um Fördergelder zum Abschluss der Pilotphase entstand eine negative Interdependenz zwischen Gruppen. Zusammen mit der konkreten kompetitiven Herausforderung durch einen Akteur geriet die ansonsten latente Konkurrenz zwischen Gruppen zur vollständigen Herausbildung. In diesem Punkt korrespondiert die vorliegende Untersuchung mit der Analyse der sozialen Konstruktion von Kooperation und der damit einhergehenden Konstruktion von positiver Interdependenz (vgl. Kapitel 1).

Die greifbare Basis der Konkurrenzepisode bildeten die negative Interdependenz, die konkreten Herausforderungen – aber eben auch die wissenschaftlichen Meinungsverschiedenheiten. Die Forschenden vertraten unterschiedliche wissenschaftliche Positionen und für Sulston und Waterston konnte bestätigt werden, dass sie ihre Entscheidung für das Large-Scale Sequencing nach wie vor für richtig hielten. Während all diese Aspekte die Basis für die Konkurrenz bildeten, gab es darüberhinausgehend

³⁷² Wellcome Collection, PP/SUL/B/1/4/18 Progress Reports, Entwurf Fortschrittsbericht 1993/1994, Abschnitt *C. elegans* Sequencing, Unterabschnitt Materials and Methods. Für den Hinweis auf die zitierte Stelle danke ich Johannes Schuckert.

einen gewissen Anteil, der noch auf der kommunikativen Ebene geklärt werden musste. Darunter fiel die nähere Ausgestaltung der Konkurrenz, etwa: wie viele Parteien können erfolgreich aus der Konkurrenz hervorgehen? Unter welchen Bedingungen war eine Partei erfolgreich? Im Verbund gab es selbst nach Abschluss der Pilotphase eine gewisse Offenheit für unterschiedliche Methoden – Prüfsteine für den Erfolg waren die Menge der sequenzierten Basen, die Kosten pro sequenziertener Base und die Abdeckung eines Genomabschnitts durch verschiedene Durchgänge. Die Aushandlungsprozesse, die dazu geführt haben, dass wissenschaftlicher Erfolg anhand dieser Kriterien quantifiziert wird, sind als Diskurse einzuordnen, die zur Konkurrenzkonstituierung beitrugen, und das Messen des Sequenzierungsfortschritts auf diese Weise stellt eine erste Suboperation auf dem Weg zu einem Ranking dar: den quantifizierenden Vergleich unter Rückgriff auf Zahlen, durch den „rankers can validate their zero-sum statements in unambiguous terms.“³⁷³

Es wurden Absprachen und Pläne innerhalb der Konkurrenzparteien geschmiedet, aber es wurde auch versucht, Kontakte zwischen den Parteien aufzunehmen. Man beobachtete einander nicht mehr nur, sondern das Verhältnis der Gruppen wurde immer weiter ausgestaltet. Die beiden Konkurrenzparteien bezogen sich immer stärker aufeinander und traten immer deutlicher in Relation zueinander. Daran zeigte sich die vergesellschaftende Funktion von Konkurrenz. Die negative Interdependenz, die durch die Verstärkung des Streamlinings Eingang in das Gefüge gefunden hatte, verstärkte sich dadurch weiter, dass derselbe Organismus gewählt wurde. So ergab es sich, dass vergleichbare Handlungen und stete Bezugnahme aufeinander existieren, auch wenn die epistemischen Ziele als solche streng genommen nicht deckungsgleich waren. Aus dieser Ausgangslage hätten die Akteure ebenso gut eine Kooperation formen können, wenn ihre Absichten andere gewesen wären. Die Positionierung von Akteuren in einem relationalen Gefüge und die Ausrichtung auf ein geteiltes oder vergleichbares Ziel bedeutete noch nicht zwangsläufig, dass konkurriert wurde. Denn auch im Falle einer Kooperation sind die Bestrebungen der beiden Akteure im selben Forschungskontext auf vergleichbare Ziele ausgerichtet.

In der Frage der negativen Interdependenz gab es – je nach Positionierung im Konkurrenzgefüge – Versuche auf der rhetorischen Ebene, diese zu bekräftigen oder zu entkräften. Venter und sein Team wollten die Konkurrenzsituation virulent halten und betonten deshalb die negative Interdependenz. Sie profitierten davon, dass die Konkurrenz noch nicht entschieden war, und versuchten sich mehr Zeit zu verschaffen, doch noch als Sieger hervorzugehen. Sulston, Waterston und ihre Mitarbeiter:innen hingegen betonten keine negative Interdependenz, sondern betonten, dass sich die Methoden gar nicht ausschlossen. Als herausgeforderte Gruppe lag ihnen daran, die Konkurrenz zu beenden, während sie noch überlegen waren. Ihr Argumente wurde aus einer Position der Stärke heraus geäußert: sie verwiesen darauf, dass man durchaus mehrere Ansätze verfolgen könne, die dann eben komplementär zueinander seien. Um dies betonen zu können, musste man auch in der Lage dazu sein, mehrere Ansätze zu verfolgen und mehrere Komponenten durchzuführen. Die Teams bemühten sich um die Gunst der Review-Gremien. Die Konkurrenzleistungen waren dabei strikt auf dem wissenschaftlichen Terrain zu verorten: es ging darum, welche Methoden am besten geeignet und welche Projekte am erfolgreichsten sind. Die Existenz eines Dritten in Form der Review-Gremien der Forschungsförderungsinstitutionen macht die Konkurrenz zu einer reinen, triadischen Form der Konkurrenz. Ein weiteres Merkmal von triadischen und formalisierten Konkurrenzen ist es, dass nur Handlungen und Argumentationen vollzogen werden, die an

³⁷³ Brankovic et al. 2018, How Rankings Produce Competition, S. 274.

den Dritten oder/und an die Öffentlichkeit gerichtet sind und keine Kraft darauf verwendet wird, dem Gegner zu schaden. Die Forscher:innen versuchten, durch ihre wissenschaftlichen Leistungen zu überzeugen und wiesen zudem argumentativ auf Schwächen der jeweils anderen Methode hin.

Es zeigte sich, dass die Rahmenbedingungen in einer Konkurrenz nicht unverhandelbar sind; diese offen anzugreifen kann eine Strategie für Akteure sein, die Situation zu den eigenen Gunsten zu beeinflussen. Entsprechend kann es im Interesse derjenigen Parteien, die in der Konkurrenz noch die Oberhand haben, liegen, die Rahmenbedingungen zu bekräftigen, auf diese zu verweisen, oder zu versuchen, die Konkurrenz zu beenden, um sich so Sieg und Prämie dauerhaft zu sichern.³⁷⁴ Zudem kann es im Interesse der unterlegenen Partei sein, die Konkurrenz am Laufen zu halten, auf diese Weise kann immer wieder versucht werden, den Sieg zu erringen, oder die Rahmenbedingungen anzufechten. Auch die geldgebenden Institutionen hatten ein Interesse daran, die Konkurrenz latent beizubehalten, um von der inhaltlichen Förderung zu profitieren. Sie sollte jedoch nicht in eine zu intensive Konkurrenz oder gar in einen Konflikt umschlagen – das wäre schlecht für die inhaltliche Förderung und für das ungestörte Funktionieren der Genominitiative.

Doch wäre es nicht auch vorstellbar gewesen, dass beide Projekte und beide Methoden nebeneinander bestehen hätten können, so wie es von Sulston und Waterston immer wieder betont wurde? Aus dem hohen Maß an Konvergenz bezüglich des Forschungsgegenstandes und der Forschungsfragen ergab sich nicht automatisch eine Kooperation oder eine Konkurrenz – schließlich konnten die Forschenden einfach angrenzende, aber leicht voneinander abweichende Forschungsfragen bearbeiten. Das Verhältnis der Forschenden war zunächst nicht näher definiert, sondern von einem gewissen distanzierten Nebeneinander geprägt. Bestimmte Ereignisse, Handlungen oder Entscheidungen sorgten jedoch dafür, dass das Verhältnis zwischen den Akteuren in Richtung Konkurrenz bewegt wurde. Bestimmte Faktoren motivieren eher das Verschieben in Richtung Kooperation und bestimmte Faktoren motivieren eher das Verschieben in Richtung Konkurrenz. In den seltensten Fällen ergeben sich Konkurrenz oder Kooperation zwangsläufig von selbst und in den seltensten Fällen bleiben sie unverändert bestehen. Vielmehr wirkten die Akteure durch ihre steten Handlungen und Äußerungen auf die Situationen ein und rangen etwa darum, Kooperationen zu stärken, in Konkurrenzen die Oberhand zu gewinnen oder diese zu beenden. Der handelnde und formende Einfluss der Akteure und ihre stete Auseinandersetzung mit den Rahmenbedingungen von Kooperation und Konkurrenz sind wiederkehrende Themen der vorliegenden Untersuchung und so wird ein Gegengewicht zu der bisherigen Erzählung einer sich verselbstständigt habenden Beschleunigungsdynamik gebildet. Die historischen Entwicklungen folgten keinen teleologischen Notwendigkeiten und die Konkurrenzsituationen im HGP folgten keinen unveränderlichen und vorgezeichneten Dramaturgien.

Aus der methodischen Offenheit des USA HGP hatte sich eine akute wissenschaftliche Konkurrenz mit klar identifizierbaren Konkurrenten, Konkurrenzzielen und Konkurrenzäußerungen ergeben, die zudem nachweisbare epistemische Effekte zeitigte. Es ist sehr selten möglich, die epistemischen Effekte von konkreten Konkurrenzsituationen in dieser Deutlichkeit nachweisen und untersuchen zu können. Das vorliegende Kapitel untersuchte keine typische Situation des HGP, sondern einen besonders unüblichen

³⁷⁴ Nickelsen/Krämer 2016, Cooperation and Competition, S. 121.

Fall: trotz ihrer wissenschaftlichen Skepsis an dem Ansatz ließen sich Sulston und Waterston in den Folgejahren darauf ein, eine cDNA-Komponente in das *C. elegans*-Projekt zu integrieren. Dieser Schritt war allein durch Konkurrenzdruck von außen motiviert worden: andernfalls hätten sie keine cDNA-Komponente integriert. In der Frühphase haben wir demnach noch vorliegen, was sich als förderliche Konkurrenz bezeichnen lässt. Durch die Konkurrenz zwischen den zwei Parteien wurde etwas geschaffen, was andernfalls nicht in dieser Form durchgeführt worden wäre: die Sequenzierung von cDNA an *C. elegans* durch Sulston, Waterston und ihre Teams. Diese Projektkomponente hatten die Forschenden also der, mit den Worten Simmels, inhaltlichen Förderung durch die Konkurrenz zu verdanken. Für die Arbeit von Craig Venter zeigte sich bereits in der Frühphase des Genomprojektes, dass er nach schnelleren Alternativen zur Large-Scale Genomsequenzierung suchte – so, wie er später versuchte, das Whole Genome Shotgun Sequencing gegenüber dem Hierarchical Shotgun Sequencing zu positionieren. Venter wurde ab dem Sommer des Jahres 1992 nicht mehr von den NIH gefördert und gründete mit Geldern aus der Privatwirtschaft ein eigenes Forschungsinstitut: The Institute of Genomic Research (TIGR). Der Dritte hatte nicht in seinem Sinne entschieden, weshalb er sich dessen Einflussbereich entzog, und das Spielfeld wechselte. Damit verstetigte sich seine Rolle als Konkurrent des Verbundes und mit diesen Entwicklungen – und den Reaktionen von Sulston und Waterston darauf – wird sich das nun folgende Kapitel befassen.

4 Konkurrenz mit Craig Venter Teil 2

Sulston und Waterston konkurrierten mit Venter, weil sie in der zentralen Frage „High Quality Map-Based Large-Scale Sequencing – ja oder nein?“ unterschiedliche Positionen vertraten und weil der Flaschenhals am Ende der Pilotphase die latente Konkurrenz zwischen den Forschenden akut werden ließ. Die negative Interdependenz zwischen diesen beiden Lagern rührte daher, dass beide Methoden sich als einander ausschließende Methoden gegenüberstanden und die Akteure die Gunst der Fachkolleg:innen und der Förderinstitutionen erringen oder behalten mussten. Doch während Sulston und Waterston mit Venters Konkurrenzeröffnung auf dem Feld der cDNA/ESTs zunächst noch auf wissenschaftlicher Ebene umzugehen wussten, stellte seine darauffolgenden Konkurrenzeröffnungen eine größere Herausforderung dar. Auf den folgenden Seiten wird nachgezeichnet, dass die Forschenden des Konsortiums ihren Herausforderer zunächst ebenso auf der wissenschaftlichen Ebene auszustechen versuchten. Sie wollten die Konkurrenz so zu einem zügigen und siegreichen Abschluss bringen. Aufgrund der erhöhten Intensität der Konkurrenz war es jedoch nicht mehr ausreichend, ihre Leistungs- und Konkurrenzfähigkeit auf der wissenschaftlichen und argumentativen Ebene zu demonstrieren.

Der nächste strategische Schritt, den Sulston und Waterston, sowie Akteure ihrer geldgebenden Institutionen unternahmen, war es, die Forschungsdaten öffentlich verfügbar zu machen und die *Bermuda Principles* vorzubereiten und zu forcieren. Auf den folgenden Seiten soll die freie Verfügbarmachung der Sequenzierungsdaten als kompetitiver Schachzug gedeutet werden, durch den Labore ausgestochen werden konnten, die auf das intellektuelle Eigentum und auf Patentierungen hinarbeiteten. Zum einen ist es eine Frage der adäquaten wissenschaftshistorischen Einordnung, die realen Eigentums- und Machtverhältnisse zu erkennen, die im USA HGP und in den Genomprojekten weltweit eine Rolle gespielt haben. Zum anderen ist es angesichts der Transformationen der Lebenswissenschaften des ausgehenden

20. und beginnenden 21. Jahrhunderts notwendig, über die Hintergründe der *Bermuda Principles* zu sprechen. Die bisherige wissenschaftshistorische oder geisteswissenschaftliche Forschung begann zwar mit einer historiografischen Aufarbeitung der *Bermuda Principles* und der Entwicklungen, die zu ihrer Formulierung führten.³⁷⁵ Doch dabei gingen wertvolle Zwischentöne verloren. Die *Principles* sind nicht einfach nur als durchweg positives Verdienst einzuordnen, sondern es sollte zudem darüber nachgedacht werden, welche Forschenden von welchen Geldgebern gefördert wurden, und welche Konsequenzen dies hatte. Denn es ging bei den untersuchten Entwicklungen um große Mengen an investiertem Kapital: die Finanzierung der Genomforschung bedeutete, über das intellektuelle Eigentum an den Daten verfügen zu können. Aus diesem Grunde war der Dreh- und Angelpunkt des Konkurrenzverhältnisses, wer zuerst eine möglichst vollständige, bzw. hochwertige Sequenz erstellte. Durch den hohen erwarteten ökonomischen Wert der Forschungsdaten erklärt sich zum einen die Intensität der Konkurrenzdynamiken, zum anderen aber auch die Brisanz der *Bermuda Principles*.

Die historische Forschung zur Geschichte der Biotechnologie betonte, dass hybride Settings zwischen akademischer Wissenschaft und externen Geldgebern schon weit vor den 1980ern eine Rolle gespielt haben – und dass die Veränderungen in den 1970ern und 1980ern in den USA dementsprechend nicht als revolutionäre Gründungsereignisse für die Industrie der Biotechnologie gelten sollten.³⁷⁶ Generell warnen viele historische, soziologische und philosophische Veröffentlichungen davor, die beiden Sphären als voneinander getrennte Sphären zu deuten.³⁷⁷ In den letzten Jahrzehnten kritischen wissenschaftshistorischen Diskurses kristallisierte sich denn auch eine angemessene Herangehensweise heraus: statt die Rede von getrennten oder gar dichotomen Sphären zu reproduzieren, sollten am besten Akteure und ihr Handeln durch die Zeit hinweg verfolgt werden. So rückt in den Fokus, welche Projekte sie mit welchen Geldern durchführen und welche (übergeordneten) Interessen bei den Beteiligten eine Rolle spielen. Da die vorliegende historisch-soziologische Analyse von Kooperation und Konkurrenz ebenso mit dem Fokus auf Akteure, Ziele und Handlungen arbeitet, ist sie besonders gut geeignet, dies zu leisten.

Venters Bestrebungen, sich durch unabhängige Beiträge in der akademischen Community zu profilieren, lassen sich in drei Phasen einteilen (siehe Tabelle unten), in denen er unterschiedliche epistemische Ziele auf unterschiedliche Weise anstrebte – dabei jedoch stets in Abgrenzung zum öffentlichen Forschungsverbund und den dort bevorzugten Zielen und Methoden. Es kann besonders gewinnbringend

³⁷⁵ Vgl. Contreras, Jorge L.: *Bermuda's Legacy: Policy, Patents, and the Design of the Genome Commons*. In: Minnesota Journal of Law, Science & Technology Vol. 12 (2011), No. 1, S. 61-125; sowie Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*; und Maxson Jones/Cook-Deegan 2021, *Ethos of Rapid Data Sharing*.

³⁷⁶ Gaudillière, Jean-Paul und Kevles, Daniel J.: *Introduction*, in: Gaudillière, Jean-Paul; Kevles, Daniel J. und Rheinberger, Hans-Jörg (Hrsg.): *Living Properties: Making Knowledge and Controlling Ownership in the History of Biology*. Preprint 382 des Max-Planck-Instituts für Wissenschaftsgeschichte. Berlin, 2009, S. 1-9, S. 1.

³⁷⁷ Vgl. etwa Yi 2015, *Recombinant University* FN 17 in Kapitel 1; Creager, Angela N. H.: 'What Blood Told Dr Cohn': World War II, Plasma Fractionation, and the Growth of Human Blood Research. In: *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* Vol. 30 (1999), S. 377-405; Rasmussen, Nicholas: The Forgotten Promise of Thiamin: Merck, Caltech Biologists, and Plant Hormones in a 1930s Biotechnology Project. In: *Journal of the History of Biology* Vol. 32 (1999), S. 245-261; Shapin, Steven: Who Is the Industrial Scientist?: Commentary from Academic Sociology and from the Shop-Floor in the United States, ca. 1900 - ca. 1970. In: Grandin, Karl; Wormbs, Nina; Lundgren, Anders und Widmalm, Sven (Hrsg.): *The Science-Industry Nexus: History, Policy, Implications*. New York, 2004, S. 337-363.

untersucht werden, welche Auswirkungen die neuerliche Konkurrenzeröffnung von Craig Venter auf den Forschungsverbund hatte. Ich werde dafür argumentieren, dass nicht nur Venter, sondern auch der Forschungsverbund von dieser Konkurrenzdynamik profitierte. Auch Sulston und Waterston konnten sich in Abgrenzung zu ihrer Konkurrenzpartei profilieren und Kapital daraus schlagen, dabei ist diese Redewendung nicht nur im übertragenden Sinne zu verstehen.

	Sulston und Waterston	Venter
1) 1990 - 1992	Large-Scale Sequencing + cDNA-Komponente (gefördert von NIH, MRC, Wellcome Trust, Merck)	EST Tagging and Sequencing (gefördert von NIH)
2) 1992-1997	Wellcome Trust fördert Sanger Centre; Waterston bekommt das Washington University Genome Sequencing Center. Indecent Proposal + <i>Bermuda Principles</i>	Gründung von TIGR + Zusammenarbeit mit Human Genome Sciences
3) 1998-2001	Beschleunigung + Entscheidung für vorgezogene Erstellung einer Entwurfssequenz	Gründung von Celera durch Gelder von Applied Biosystems Inc.

Für die Forschung zum US-amerikanischen HGP und zur Geschichte von Sulstons und Waterstons Kooperation stellen diese Thesen eine Erweiterung dar. Die bisherige Forschung hatte eine zu geringe zeitliche oder/und inhaltliche Distanz zu den Entwicklungen selbst. So war etwa Stephen Hilgartner bereits zeitgenössischer soziologischer Beobachter und hat entsprechend eine eigene, ereignisnahe Schilderung zu bieten. Diese trägt jedoch eher zur Historiografie der Ereignisse bei als zu deren historisch-soziologischer Analyse. Hilgartner beschrieb vor allem den beobachtbaren Diskurs, der im Zuge der eskalierenden Konkurrenz zwischen Venter und dem Verbund geführt wurde.³⁷⁸ Dabei befasste er sich laut eigener Aussage mit „agents, spaces, things and actions“, aber auch mit „rights, duties, and privileges, powers and liabilities and immunities and disabilites, as they pertained to other agents and to control over spaces and things.“³⁷⁹ Zugänge wie diese sind deutlich zu breit gefasst, um für die vorliegende Untersuchung von analytischem Nutzen zu sein. Die Untersuchungen von de Chadarevian und Ankeny, letztere später in Kooperation mit Maxson Jones, sind zwar der analytischen Wissenschaftsgeschichte zuzurechnen, jedoch setzten sie sich aufgrund ihrer engen Zusammenarbeit mit Sulston, Waterston und Cook-Deegan nicht distanziert genug mit deren Darstellungen und Thesen auseinander.

Die Konkurrenzdynamik im Verbund verstetigte sich und hatte eine sich stetig beschleunigende Forschungspraxis und in knapper werdenden Abständen erfolgende Geldereinwerbung zur Folge. Bei der Untersuchung von derlei Beschleunigungsdynamiken blieben die aus den Science and Technology Studies und der Wissenschaftsgeschichte stammenden Untersuchungen hinter ihren Möglichkeiten zurück. Allen

³⁷⁸ Hilgartner 2017, Reordering Life.

³⁷⁹ Hilgartner 2013 Constituting Large-Scale Biology, S. 397.

voran ist dabei Fortuns „Projecting Speed Genomics“ sowie die Arbeiten Hilgartners zu nennen: dort wurden die Beschleunigungsdynamiken als gegeben vorausgesetzt und ihre Entwicklung wurde eher beschrieben als begründet. In einer Sonderausgabe der BioSocieties „Bigger, Faster, Better? Rhetorics and Practices of Large-Scale Research in Contemporary Bioscience“ wurden etwa „governing frames“, „rhetorics“, „research infrastructures“ und „moral economies“ in den Blick genommen.³⁸⁰ Während sich die dort versammelten Untersuchungen an Begründungsversuche heranwagen, so hat dennoch eine Ergänzung und Zusitzung der Analyse auf die konkreten Entwicklungen des US-HGP zu erfolgen. Im Folgenden soll das strategische Element in der Zunahme der Beschleunigung betont werden, denn diese war weder Selbstzweck noch Notwendigkeit. Sulston und Waterston trugen gezielt zur Verschärfung der Dynamik bei und suchten so ihre Konkurrenz – seien es Labore innerhalb des Verbunds oder externe Parteien – auszustechen. Nicht nur führte die Beschleunigung zu kompetitiver Spannung, sondern sie war ihrerseits Ergebnis kompetitiver Dynamiken: Sulston, Waterston und Venter erhöhten die Geschwindigkeit der Entwicklungen, um ihren Konkurrenten zuvorkommen und um erhöhte Gelder einwerben zu können.

Das Ende der Pilotphase und die Suche nach Fördergeldern

Nicht nur Venter, sondern auch Sulston und Waterston hatten gegen Ende der Pilotphase Schwierigkeiten, ausreichende Summen an Fördergeldern bei den Forschungsförderungsinstitutionen einzuwerben. Die zusätzlichen Gelder, die Sulston und Waterston zu Beginn des Projekts im Rahmen ihrer Kooperationsvereinbarung einwerben konnten, konnten nach Abschluss der Methodenentwicklung nicht mehr für die Finanzierung von Sequenzierungsarbeit verwendet werden. Denn die Gelder waren an die Bedingung geknüpft, dass nur eine „unique contribution that cannot readily be duplicated in the United States“³⁸¹ gefördert werden sollte und damit war die intellektuelle Beteiligung von Sulston und seinem Team am LMB gemeint. Diese Gelder hatten aber ja den Hauptanreiz für den MRC gestellt, Sulstons Arbeit im ausreichenden Maße zu fördern – und die Beteiligung des MRC hatte wiederum die Förderung durch die NIH begünstigt. Ohne diese zusätzlichen Gelder hatte sich die Lage nun verkompliziert. Deshalb sahen sich alle Beteiligten auch abseits der öffentlichen Hand nach Fördergeldern um und richteten den Blick in Richtung Stiftungen und Privatwirtschaft.

So sind auch die Verflechtungen zwischen Sulston, Waterston und privatwirtschaftlichen bzw. nicht-akademischen Geldgebern vielschichtiger, als es ihr Auftreten vermuten lässt. Auf den folgenden Seiten möchte ich diesen Verflechtungen nachspüren. Erstens ist dies die umfassende Förderung von Sulston und Team durch den Wellcome Trust und zweitens ist dies die Förderung von Waterston und Team durch Merck bei der Erstellung einer EST-Bibliothek. Beide Förderungsverhältnisse waren weder unbekannt noch wurden sie geheim gehalten, sie erhielten jedoch bisher keine rechte Aufmerksamkeit.³⁸² Insbesondere in

³⁸⁰ Davies, Gail und Leonelli, Sabina: Introduction. In: Bigger, Faster, Better? Rhetorics and Practices of Large-Scale Research in Contemporary Bioscience. In: BioSocieties Vol. 8 (2013), No. 4, S. 386-396. Für einen Überblick über die enthaltenen Aufsätze siehe S. 387 f.

³⁸¹ NIH/DoE 1990, The First Five Years, S. 36.

³⁸² Jon Agar (UCL) äußert eine ähnliche Kritik in Bezug auf die mangelnde wissenschaftshistorische Erforschung des Wellcome Trust, schließlich fördere dieser auch Projekte aus der Wissenschaftsgeschichte: Agar, Jon: Blog-Post vom

Bezug auf die Förderung durch den Wellcome Trust lässt sich die Tendenz feststellen, diese unhinterfragt gutzuheißen – schließlich schlossen die Millionen des Trusts die Lücken, die von geschmälerten Budgets der Post-Thatcher-Jahre nicht gefüllt werden konnten.³⁸³ Durch die Auseinandersetzung mit historiografischen Darstellungen und mit dem Konnex aus Nationalstaat, Privatwirtschaft und Wissenschaft bildet insbesondere dieses Kapitel einen Beitrag zur historischen Einbettung des Untersuchungsgegenstandes.

Der „privatwirtschaftliche“ Bereich war bevölkert von unterschiedlichen Akteuren mit unterschiedlichen Zielen und verschiedenen Herangehensweisen. Besonders deutlich zeigt sich das an der Anmeldung von EST-Patenten durch Craig Venter und das Technology Transfer Office der NIH. Dort kollidierten die unterschiedlichen Positionen und Ansichten, und es wurde heftig über die Legitimität von Patenten auf Sequenzen diskutiert. Neben moralischen Fragen waren dabei technische Fragen zentral: was könnte überhaupt patentiert werden? Wie ist eine Sequenz als Forschungsergebnis überhaupt definiert? Auf welchen Argumentationen müsste eine geglückte Patentierungsstrategie – oder eben die Ablehnung einer solchen – gründen?³⁸⁴ 1991 fand ein Treffen im Cold Spring Harbor Laboratory statt, um dort unter dem Titel „Intellectual Property and Biotechnology“ die gegenwärtige Sachlage zu diskutieren. Ein Protokoll des Treffens inklusive Informationen über die Debatte wurde Mitte Oktober 1991 von David Owen, einem Biochemiker aus dem UK, an Kolleg:innen versendet, die bei dem Treffen nicht dabei sein konnten, darunter Sydney Brenner und dessen Nachfolger in der Rolle des LMB-Direktors Aaron Klug.³⁸⁵ Die Konferenz fand statt, um die Wogen der Patentierungsdebatte zu glätten, die durch Venters EST-Patente ausgelöst wurde und die seither breite Rezeption gefunden hat. Weniger bekannt ist, dass bei der Konferenz im CSHL unter Beteiligung von Abgesandten aus der Privatwirtschaft diskutiert wurde. Das bedeutet, dass das Protokoll nicht nur die Positionen der Wissenschaftler:innen wiedergibt, sondern auch die außerakademischer Geldgeber: anwesend waren Vertreter der US-amerikanischen Biotech-Firmen Genentech, Amgen und Genetics Institute. Infofern stellt es einen Mehrwert gegenüber der bisherigen geisteswissenschaftlichen Forschung dar, den Inhalt des Protokolls zu untersuchen.

Im Zuge der Genomprojekte erhoffte man sich die zügige Identifikation und Isolation von Genen und so letztendlich die Möglichkeit, pharmazeutische Produkte herzustellen, wie etwa Medikamente, die genau auf die genetische Zusammensetzung erkrankter Individuen zugeschnitten sind. Dementsprechend hatten auch US-amerikanische Institutionen und deren Mitarbeitende Interesse an den Forschungsergebnissen.³⁸⁶ Abteilungen für den Technology Transfer existieren sowohl in den NIH als auch

03.09.2021 im UCL STS Observatory, Eintrag No. 35. Online verfügbar unter: [1/2 idea No. 35: Wellcome science policy review | UCL STS Observatory](https://doi.org/10.5281/zenodo.1440033); zuletzt aufgerufen am 04.05.2023.

³⁸³ Eine Ausnahme stellte dabei ein kritischer Artikel dar, in dem darauf hingewiesen wird, wie undurchsichtig die Entscheidungsprozesse hinter den Kulissen des Stiftungsgiganten abliefen: Loder, Natasha: A Question of Trust, in: Nature Vol. 405 (2000), No. 6789, S. 878-880, S. 879.

³⁸⁴ Radick 2002, Discovering and Patenting Human Genes.

³⁸⁵ Cold Spring Harbor Laboratory Archives; digitalisiert verfügbar über die Wellcome Collection, SB/4/1/271 U.K. Human Genome Project 1991, Schreiben von David Owen an Sydney Brenner vom 15.10.1991, inkl. Memorandum zu cDNA Sequence Patents.

³⁸⁶ In Shreeves „The Genome War“ wird es so dargestellt, als ob Venter aufgrund seiner flinken Arbeit mit ESTs von Reid Adler, dem Direktor des Patentbüros der NIH, aufgesucht und darauf hingewiesen worden sei, dass Patente angemeldet werden können/sollen. Dies habe Venter nicht abgelehnt, sondern durchgeführt. Diese Darstellung

im MRC (UK) und vielen weiteren Universitäten und akademischen Organisationen.³⁸⁷ Diese wurden eingerichtet, um die wirtschaftliche Verwertung der Ergebnisse der akademischen Forschung zu intensivieren. Zentral für diese Verwertungsprozesse waren einerseits die Kontrolle und Durchsetzung des intellektuellen Eigentums, andererseits aber auch die Herstellung und Intensivierung von Kontakten zu privatwirtschaftlichen Akteuren und die Anregung von Innovationen und Investitionen. Wichtig zu vermerken ist dabei, dass es im Bereich der Genomforschung noch keine umfassend geregelte oder festgelegte Herangehensweise für den Umgang mit intellektuellem Eigentum an DNA-Sequenzen, cDNA-Fragmenten oder ESTs gab. Diese offene und unbestimmte Lage sorgte in den USA zunehmend für Brisanz, denn wer hier zuerst kam, dem stand in Aussicht, begehrte Präzedenzfälle zu generieren und die Patentpolitik der nächsten Dekaden aktiv mitzustalten.³⁸⁸ Reid Adler vom Technology Transfer Office der NIH agierte in diesem Kontext proaktiv und Craig Venter reichte sodann mit Unterstützung des TTO und der Direktorin der NIH Patentanträge für 337 ESTs ein.³⁸⁹ Auf diesem Wege sollte einem begrenzten Kreis an Akteuren die Möglichkeit gesichert werden, mit den Genen weiterzuforschen und gegebenenfalls eigene Produkte daraus zu entwickeln. Die Angelegenheit löste bekanntlich einen Eklat aus, der sowohl zeitgenössisch als auch retrospektiv breit beachtet und verfolgt wurde – und der in der wissenschaftshistorischen Forschung ebenfalls bereits eine zentrale Rolle spielte.³⁹⁰

Reid Adler, der Craig Venter proaktiv zur Anmeldung von Patenten ermutigt hatte, führte auf der CSHL-Konferenz das Argument an, “that industry would demand strong patent positions”, damit die wirtschaftliche Verwertung von Forschungsergebnissen gewährleistet werden könne.³⁹¹ Doch überraschenderweise sprachen sich die anwesenden industriellen Vertreter geschlossen gegen die frühzeitige Patentierung von Sequenzen aus. Der Verfasser des Protokolls kommentierte, dass das “complete agreement between these 3 competitors against these early filings was probably unprecedented”.³⁹² Ihre Gegnerschaft beruhte darauf, dass sich die Firmen ihr zukünftiges Vorgehen möglichst offen halten wollten und das sahen sie durch die frühzeitige und umfassende Patentierung gefährdet:

zeichnet Venter als passiv, sie ist jedoch allein deshalb in Zweifel zu ziehen, da das Buch in enger Zusammenarbeit mit Venter selbst entstanden ist. Shreeve 2005 [2004], *The Genome War*, S. 84 ff.

³⁸⁷ Zum Beispiel des Medical Research Council: Homepage, Reiter zu Technology Transfer: <https://www2.mrc-lmb.cam.ac.uk/research/technology-transfer/>, zuletzt aufgerufen am 11.01.2021. Für einen Überblick über die Geschichte der Patentbüros an US-amerikanischen Universitäten: Kevles 1998, Diamond v. Chakrabarty and Beyond.

³⁸⁸ Vgl. unkritische Darstellung des Patentanwalts in Shreeve 2005 [2004], *The Genome War*, S. 226 ff.

³⁸⁹ SB/4/1/271, Schreiben von David Owen an Sydney Brenner vom 15.10.1991, inkl. Memorandum zu cDNA Sequence Patents.

³⁹⁰ Vgl. etwa Radick 2002, *Discovering and Patenting Human Genes*; sowie Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*.

³⁹¹ Adler erwähnt zudem das US-amerikanische Technology Transfer Federal Law, das die Identifikation aller potenziell verwertbaren Informationen erforderlich machte – und dass er bei Missachtung der Genomforschung politischen Druck auf das TTO befürchtet habe. Memorandum zu cDNA Sequence Patents, in: SB/4/1/271, Schreiben von David Owen an Sydney Brenner vom 15.10.1991, inkl. Memorandum zu cDNA Sequence Patents.

³⁹² Memorandum zu cDNA Sequence Patents, in: SB/4/1/271, Schreiben von David Owen an Sydney Brenner vom 15.10.1991, inkl. Memorandum zu cDNA Sequence Patents.

“If the U.S. action prompted other countries to follow suit, information needed by companies might be partially owned by a collection of countries – a major disincentive for a company to research multi-owned data.”³⁹³

Besäßen Akteure, in diesem Fall wurden Nationalstaaten angeführt, Eigentum an den Daten, so würde der für die Firmen notwendige Informationsfluss unterbunden. In dem Bericht wurden noch andere, eher technische Argumente aufgeführt, die gegen eine frühzeitige Patentierung sprachen. Keines davon sprach direkt die Konkurrenz der Firmen untereinander an, doch anhand des zitierten Abschnittes wird deutlich, dass insgesamt vermieden werden sollte, dass sich einige wenige Konkurrenten das intellektuelle Eigentum an den erwirtschafteten Sequenzen sicherten. An dieser Stelle sehen wir, dass privatwirtschaftliche Partner gemeinschaftlich versuchten, frühzeitige Patentierungen zu vermeiden, um die eigenen Vorteile zu sichern. Der kooperative Zusammenschluss von eigentlich konkurrierenden Parteien stellt in der modernen Marktwirtschaft keine Seltenheit dar, dies wurde bei der Erforschung von Konkurrenz bereits diagnostiziert.³⁹⁴ Zwischen den privatwirtschaftlichen Unternehmen, die ein ökonomisches und strategisches Interesse an der Vermeidung frühzeitiger Patentierungen besaßen, und den Wissenschaftler:innen, die aus ganz unterschiedlichen Gründen dagegen waren, kamen Schritt für Schritt Allianzen zustande.

Ein Ergebnis der Konferenz war die deutliche Kritik von Adlers Positionen; argumentativ angegriffen wurde er dabei von Wissenschaftler:innen, die gegen die Patentierung von ESTs waren und diese „had been joined in their hostility by industrial representatives (albeit for different reasons).“³⁹⁵ Die Motivationen für die gemeinsame Gegnerschaft war unterschiedlich gelagert, doch die kurzfristige Überschneidung von Interessen sollte sich in den Jahren darauf verstetigen. Deshalb werden wir uns im Folgenden ansehen, wie wissenschaftliche Akteure und Akteure des privatwirtschaftlichen Bereichs zusammenfanden – wie also die Förderung von Forschung durch Unternehmen und Stiftungen zustande kam. Der erste Schwung von Venters Patenten wurde mit der Begründung abgelehnt, dass Teile der Daten bereits öffentlich verfügbar gemacht worden waren und Inhalte oder Innovationen, die patentiert werden sollten, nicht bereits gemeinfrei verfügbar sein durften.³⁹⁶ Die uneingeschränkte Veröffentlichung aller Sequenzierungsdaten würde somit die zukünftige Bewilligung von Patenten verhindern – und dementsprechend handelten die Akteure in den darauffolgenden Jahren. Mit der Anmeldung von Patenten auf ESTs hatte der Run auf die Forschungsergebnisse begonnen und viele verschiedene Akteure versuchten sich das intellektuelle Eigentum daran auf unterschiedliche Weise zu sichern. Es ließen sich zwei unterschiedliche Strategien identifizieren, deren Unterscheidung die folgende Untersuchung leiten wird: auf der einen Seite existierte die Position, dass eine rasche und ungehinderte Veröffentlichung der Sequenzierungsdaten erreicht werden sollte, um die Ergebnisse uneingeschränkt verfügbar zu machen und demnach zukünftige Einschränkungen wie Patente für alle zu vermeiden. Auf der anderen Seite wurde

³⁹³ Memorandum zu cDNA Sequence Patents, in: SB/4/1/271, Schreiben von David Owen an Sydney Brenner vom 15.10.1991, inkl. Memorandum zu cDNA Sequence Patents.

³⁹⁴ Vgl. etwa Nickelsen 2014, Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften, S. 353.

³⁹⁵ SB/4/1/271, Schreiben von David Owen an Sydney Brenner vom 15.10.1991, inkl. Memorandum zu cDNA Sequence Patents.

³⁹⁶ Radick 2002, Discovering and Patenting Human Genes, S. 69.

die Strategie verfolgt, dass das intellektuelle Eigentum an den Ergebnissen proprietär sein sollte, so dass vor der Veröffentlichung Patente angemeldet und Innovationen oder Produkte entwickelt werden können.

Venters Generierung von ESTs war noch von den NIH im Zuge der dreijährigen Methodenerprobung für das US-HGP gefördert worden. Nach dieser Pilotphase wurde Venters Einwerbung von Anschlussförderung jedoch abgelehnt. Er selbst erklärt es mit seiner mangelnden Bekanntheit und Beliebtheit im Kreis der akademischen Genomforscher – eine klassische, dem Außenseiter-Motiv folgende Begründung.³⁹⁷ Relevanter dürfte jedoch der wissenschaftliche Fokus seines Projekts gewesen sein. In der Pilotphase zuvor wurden durchaus Projekte zur Erprobung von Methoden, die nicht dem Map-Based Large-Scale Sequencing entsprachen, positiv bewertet – beispielsweise war dies bei der Generierung und dem Tagging von ESTs durchaus der Fall gewesen. Doch nach Ende der dreijährigen Pilotphase war die Methodenerprobung mehr oder weniger abgeschlossen. Stattdessen ging es verstärkt darum, die Gelder an Gruppen zu vergeben, die sich für die Sequenzierung größerer Mengen positioniert hatten. Da die Menge der Labore durch die Konkurrenz verringert worden war, erhielten die verbliebenen eine größere Summe an Geldern und konnten ihre Produktion hochskalieren. Leider würde es sowohl den Rahmen der vorliegenden Arbeit überschreiten als auch darüber hinausgehen, was die verfügbaren Quellen leisten können, zu untersuchen, wie der Konsens der Projektgestalter zustande kam und wie die betreffenden Gremien zusammengesetzt waren.

Venter wurde zwar nicht fortlaufend von den NIH gefördert, doch da seine Generierung von ESTs als wirtschaftlich interessant wahrgenommen wurde, eröffneten sich neue Möglichkeiten zur Einwerbung von Geldern für ihn. Wie andere Genomforscher wurde er von privatwirtschaftlich engagierten Fachkollegen und Investoren kontaktiert.³⁹⁸ Daraus resultierte 1992 die Gründung des „not for profit“ Institute for Genomic Research (TIGR), das seine Gelder vom profitorientierten Institut Human Genome Sciences (HGS) erhielt. Ab 1993 investierte SmithKline Beecham, ein global agierender Pharmaziekonzern, der sich durch den privilegierten Zugriff auf die produzierten Sequenzen einen Wettbewerbsvorteil verschaffen wollte, in HGS. Erst 6 Monate nach der Fertigstellung durften die Daten dann regulär veröffentlicht werden. Die Förderung von TIGR und HGS durch privatwirtschaftliche Gelder und insbesondere durch SmithKline Beecham kam ungefähr zur selben Zeit zustande wie die Förderung von Sulston durch den Wellcome Trust. Die Gründung von TIGR wurde von der Direktorin der NIH Bernadine Healy als erfolgreicher Technologietransfer beschrieben: „Now it is time for Dr. Venter to take his bold discoveries out of NIH, a great marketplace of ideas, and into the marketplace of American, private industry.“³⁹⁹ Healy hatte in der vorausgegangenen Patentdebatte die Patentanmeldungen des Technology Transfer Office befürwortet und auch der berufliche Wechseln galt nicht als etwas Abwegiges oder gar Kritikwürdiges. Vielmehr wurde es seitens der US-amerikanischen Institutionen ermutigt.

³⁹⁷ Shreeve 2005 [2004], The Genome War, S. 79 ff..

³⁹⁸ In seinem Fall war das William Haseltine, im Falle von Sulston und Waterston Frederick Burke, vgl. Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 81 ff..

³⁹⁹ Presseerklärung der Direktorin der NIH, Dr. Bernadine Healy, am 06. Juli 1992, zitiert nach Hilgartner 2017, Reordering Life, S. 141.

Venter wurde also nach Abschluss der Pilotphase nicht mehr von den NIH gefördert und so wendete er sich an privatwirtschaftliche Geldgeber. Doch wie sah es bei Sulston und Waterston aus? 1993 erhielten sowohl Sulston als auch Waterston die Gelder für ihre großen Genomsequenzierungszentren, doch auch für sie war dies nicht ohne Schwierigkeiten abgelaufen. Waterstons Antrag wurde erst einmal abgelehnt; das Gremium lieferte dafür die Begründung, dass die Sequenzierung menschlicher DNA von der Forschungsarbeit an *C. elegans* ablenken würde – was von Waterston als Hinweis darauf gelesen wurde, dass sie als Eindringlinge („*interlopers*“) in den Bereich der Humangenomsequenzierung wahrgenommen wurden.⁴⁰⁰ Waterston wehrte sich erfolgreich gegen diese negative Beurteilung. Er wies darauf hin, dass eine Weiterentwicklung der Sequenzierungstechnologien am besten schrittweise geschehen solle und dass deshalb der direkte Transfer von Wissen, Expertise und Materialien aus der Sequenzierung eines Modellorganismus vonnöten sei.

Der Übergang zum menschlichen Genom war zudem Gegenstand seines Ehrgeizes und dies führte er ebenso als Argument an. Dieses soll hier zitiert werden, da es als nicht-wissenschaftliche Begründung eine interessante Ausnahme darstellt und einen Einblick in die Denkweise eines historischen Akteurs ermöglicht:

“I did not enter this field to lead a second rate operation and the people I have recruited to join me are stimulated by the enormous task ahead of us.”⁴⁰¹

Waterston sprach hier nicht nur freimütig über seinen Ehrgeiz und den Willen zur Konkurrenz, den auch sein Team an den Tag legte. Darüber hinaus verwendete er diese Charaktereigenschaften als positive Argumente für seine Eignung, das menschliche Genom zu sequenzieren. Wir hatten bereits an vielen Stellen gesehen, dass Sulston und Waterston Konkurrenz nicht durchweg ablehnten – zumindest auf der rhetorischen Ebene sprachen sie oft darüber. Hier sehen wir, dass sie dies auch nach außen vertraten, weil sie annahmen, dass die Fachkolleg:innen und die Forschungsförderungsinstitutionen dadurch von ihrer Leistungsfähigkeit überzeugt werden konnten. Schlussendlich sollte diese Strategie zum Erfolg führen, doch auch Sulston und Waterston begannen, sich abseits der öffentlichen Hand nach anderen Möglichkeiten umzusehen. Eine potenzielle Alternative war es, sich Leroy Hood anzuschließen, der zusammen mit dem Investor Frederick Burke ein privatwirtschaftliches Unternehmen zur Sequenzierung des menschlichen Genoms gründen wollte. Sulston und Waterston trafen sich tatsächlich mehrmals mit Burke, um die Umrisse dieses möglichen gemeinsamen Vorhabens zu besprechen. Diese Informationen wurden aus *The Common Thread* entnommen. Normalerweise sind die darin enthaltenen Darstellungen kritisch zu lesen, im vorliegenden Fall stärkt es jedoch das Argument, dass Sulston selbst in seiner Autobiografie freimütig darüber berichtet, wie er es in Erwägung zog, privatwirtschaftliche Gelder einzuwerben. Selbst in seiner retrospektiven Selbstdarstellung – also nach einiger Zeit, in der Erinnerungen getrübt und von Wünschen überformt werden konnten – war es für Sulston nicht anstößig, zu erwähnen, dass auch er und Waterston sich nach alternativen Geldern im Privatsektor umsahen.

⁴⁰⁰ Sulston/Ferry 2002, *Common Thread*, S. 120.

⁴⁰¹ PP/SUL/A/6/16, E-Mail von Waterston an Sulston, 20.04.1993.

Schlussendlich kam die Zusammenarbeit nicht zustande. Als Gründe dafür führt Sulston nebeneinander sowohl die Bedenken an, im kommerziellen Sektor zu arbeiten (freie Verfügbarkeit der Forschungsergebnisse oder Patentierung), als auch die Sorge, die Sequenz des Fadenwurms nicht fertigstellen zu können. An letzterer war Burke und Hood nicht in derselben Weise gelegen wie Sulston und Waterston – die beiden hätten in Burkes Unternehmen lediglich am menschlichen Genom gearbeitet und sich etwa für die Arbeit am Wurm weiterhin in den üblichen Beantragungsprozessen an die üblichen Forschungsförderungsinstitutionen wenden müssen.⁴⁰² Sulston und Waterston war zuvorderst am Abschluss der Sequenz des Fadenwurms gelegen, was Sulston in der Aussage zusammenfasste: „the human genome was the price to pay for the worm“.⁴⁰³ Während die moralischen Bedenken, im privatwirtschaftlichen Sektor zu forschen und zu arbeiten, durchaus eine Rolle bei Sulstons Überlegungen gespielt haben dürften, so waren eben auch grundsätzliche Fragen wirkmächtig: würde das prospektive Setting die Fertigstellung des Sequenzierungsprojektes am Fadenwurm behindern oder fördern? Wo wäre der Arbeits- und Wohnort? Bei der Zusammenkunft mit dem Wellcome Trust spielten dieselben Überlegungen eine Rolle. Auch der Wellcome Trust finanzierte nur das Human Sequencing und nicht die Fertigstellung der Nematodensequenz, doch in vielen Hinsichten boten sich bessere Optionen für Sulston: er konnte im UK bleiben und die Bereitstellung immenser Geldsummen durch den Wellcome Trust für Gebäude, Maschinerie und Human Sequencing dürfte es vereinfacht haben, dass der MRC weiter die Sequenzierung des Wurmes förderte.⁴⁰⁴

Der Wellcome Trust war aus dem Nachlass des Pharmazieindustriellen Henry Wellcome geschaffen worden und sollte medizinische und biomedizinische Forschung fördern. Auch heute noch heißt es auf der Titelseite der Homepage: „Wellcome is a global charitable foundation. We want everyone to benefit from science's potential to improve health and save lives.“⁴⁰⁵ Der Trust ging 1986 an die Börse und verkaufte etwa 26% der Anteile an der fürderhin Wellcome plc (“public limited company”) genannten Entität. In den 1990er Jahren erfolgte die weltweite und diversifizierte Investition der Mittel des Trusts sowie ein weiterer Abverkauf von Anteilen, so dass sich 1992 nur noch rund 40% Anteile in der Hand von Wellcome plc befanden. 1995 wurden die restlichen Anteile an den Pharmaziekonzern Glaxo verkauft, so dass Glaxo Wellcome plc entstand. Der Wellcome Trust behielt 4,7% der Anteile. All diese Entwicklungen vergrößerten das verfügbare Einkommen des Trusts. Bereits in den 1990ern war der Trust die zweitgrößte Forschungsförderungsinstitution im UK für biomedizinische Forschung – neben dem Medical Research Council als klassischer Forschungsförderungsinstitution der Regierung. Des Weiteren vollzog Glaxo Wellcome plc um die Jahrtausendwende (1998-2000) eine Fusion mit SmithKline Beecham.⁴⁰⁶ 2000 war die Fusion durchgeführt und die Entität Glaxo Smith Kline war entstanden.

⁴⁰² Das wäre in diesem Fall die NIH gewesen, da Sulston und Waterston dann beide in den USA ansässig gewesen wären. Sulston macht an dieser Stelle in seiner wissenschaftlichen Autobiografie den Punkt: “we would lose the international collaboration, with the MRC as equal partner.”, Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 84.

⁴⁰³ Interview von Soraya de Chadarevian mit John Sulston, 16.02.2001. Zitiert nach de Chadarevian 2004, Mapping the Worm's Genome, S. 103.

⁴⁰⁴ So, wie das auch in Bezug auf MRC und NIH der Fall gewesen war, vgl. Kapitel 1.

⁴⁰⁵ Vgl. www.wellcome.org ; zuletzt aufgerufen am 23.02.2024.

⁴⁰⁶ SmithKline Beecham, die auch in das konkurrierende Gespann aus Human Genome Sciences und TIGR investierten. Diese Verflechtungen könnten Gegenstand brisanter Anschlussforschung sein, wenn es irgendwie möglich sein sollte, unternehmensinterne Quellen zu erschließen.

Die Reaktionen der wissenschaftlichen Öffentlichkeit auf diese zunehmend zentrale Rolle, so wie sie aus vielen Artikeln in der Zeitschrift *Nature* hervorgehen, reichen dabei von Erleichterung und Dankbarkeit bis hin zu Skepsis und Unbehagen.⁴⁰⁷ Denn zum einen konnten die verstärkten Investitionen des Trusts zum Teil abfangen, was die Regierungsinstitutionen im UK wegen Flexibilisierungs- und Definanzierungsprozessen nicht finanzieren konnten.⁴⁰⁸ Das Bündnis, das hier zwischen der Stiftung eines privatwirtschaftlichen Unternehmens und akademischen Akteuren zustande kam, beruhte, ebenso wie es auf der weiter oben erwähnten Konferenz der Fall war, auf einer geteilten Sorge:

“The big companies weren’t any happier than the academics that upstart genomics companies looked like cornering all the rights to valuable genome information.”⁴⁰⁹

Die geteilte Sorge speiste sich aus unterschiedlichen Quellen: Sulston und Waterston sahen die ungehinderte Durchführung zukünftiger akademischer Forschung gefährdet. Die Sequenzierungsdaten sollten ja nur einen Baustein in der Entschlüsselung von Organismen und biologischen Prozessen darstellen und etwa die Identifikation und Verortung von Genen vereinfachen. Dementsprechend wurden die Sequenzen immer wieder als “Werkzeug” bezeichnet, dessen ungehinderte Verwendung durch fremdes intellektuelles Eigentum per definitionem unmöglich gemacht würde. Privatwirtschaftliche Akteure befürchteten auf der anderen Seite, dass die Verwertung der Ergebnisse und die Entwicklung von profitablen Produkten be- oder verhindert werden könnte. Beide Parteien befürchteten also eine Einschränkung ihrer Handlungsfähigkeit durch intellektuelles Eigentum, das durch Patente gesichert wäre. Das Interesse des Wellcome Trusts am Eigentum an den Sequenzierungsdaten speiste sich vornehmlich aus der Produktion pharmazeutischer Produkte: ab Ende der 1980er ging eine immer größer werdende Menge der Anteile am Wellcome Trust in das Eigentum von privatwirtschaftlich agierenden Konzernen über, die pharmazeutische Produkte – vor allem Medikamente – fertigten. Durch die freie Verfügbarmachung der Daten sollten zukünftige Patentierungen vermieden und die langfristige Verwendbarkeit der Daten gewährleistet werden. Diese wäre bei der Patentierung von ESTs durch andere kommerzielle Entitäten nicht mehr gegeben. Die Möglichkeit zu haben, mit den Ergebnissen zu arbeiten – auch wenn dies bedeutete, dass Konkurrenten das auch konnten – und auf später erstellte Produkte Patente anzumelden, erschien lukrativer, als das alleinige Vorrecht, vor der einschlägigen Publikation mit den Ergebnissen zu arbeiten.

Als Stiftung aus privatwirtschaftlich generierten Geldern führt der Trust die dichotome Unterteilung von „public“ und „private“ ad absurdum. Anhand der Stiftungen von Rockefeller und Carnegie und ihrer Finanzierung der „neuen Biologie“ (i.e. der Molekularbiologie) am Caltech, oder an anderen von ihnen

⁴⁰⁷ Positive Rezeption: Vgl. etwa: N.N.: Welcoming Wellcome, kurzer Meinungsbeitrag (Opinion) in: *Nature* Vol. 358 (1992), No. 6386, S. 440; oder: Dickson, David: British Funding Boost is Wellcome News. In: *Nature* Vol. 393 (1998), No. 6682, S. 201; Kritik: Vgl. etwa: Loder 2000, A Question of Trust und dies.: The Rise and Rise of Wellcome, in: *Nature* Vol. 405 (2000), No. 6789, S.879.

⁴⁰⁸ Dies betrifft natürlich Forschungsprojekte, aber beispielsweise auch den Joint Infrastructure Fund, den die Regierung kooperativ mit dem Wellcome Trust ins Leben rief, um die Ausstattung von Universitäten im UK zu verbessern. Der Trust übernahm dabei etwa 300 Mio. GBP der Gesamtsumme von 750 Mio. GBP) Vgl. Loder 2000, The Rise and Rise of Wellcome, S. 879.

⁴⁰⁹ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 118 f.

geförderten Projekten und Disziplinen, zeigten Robert Kohler und Lily Kay, dass auch dort gesellschaftliche Ziele und ökonomische Interessen bestimmend waren, wenngleich es etwas vermittelter ablieft, als etwa bei der direkten Förderung durch Unternehmen.⁴¹⁰ Bei der Untersuchung der Rolle des Wellcome Trust orientiere ich mich an der analytischen Bestimmung Kays:

„My analysis does not place the Rockefeller philanthropies outside the ideological framework of the business ventures that gave rise to them. The corporate structure of the philanthropic enterprise mirrored the structure of the business corporation; and the visions of the Foundation's trustees, leaders of business and industry, reflected their ideologies and social world.“⁴¹¹

Die Arbeiten von Kohler und Kay wurden zu genau der Zeit veröffentlicht, als sich auch die Bedeutungszunahme des Trusts im Kontext der Genomprojekte vollzog. Dahingehend hoffe ich, den ersten Aufschlag eines neuen Diskurses zu leisten, so wie es vor einigen Jahren von dem Wissenschafts- und Technikhistoriker Jon Agar (University College London) gefordert wurde.⁴¹² Denn bis zum heutigen Tage existieren kaum historisch-kritische Untersuchungen des Wellcome Trusts und seiner Rolle innerhalb der Wissenschaftslandschaft des UK. Agar betonte, dass das hohe finanzielle Engagement des Trusts von Forschenden nicht durchweg als kritikwürdig oder negativ bewertet wird – schließlich fördere der Trust ja durchaus relevante Forschung, die der Verbesserung der Gesundheit der Bevölkerung dienen soll. Wer widerspricht schon einem willkommenen Geldgeber? Er betont aber auch, dass die zunehmende Förderung von Wissenschaftshistoriker:innen durch den Wellcome Trust ein Problem für die Unabhängigkeit der betreffenden Forschung darstellen könnte.⁴¹³ Die vorliegende Dissertation wurde zwar nicht vom Wellcome Trust finanziert, sie steht jedoch vor einem Quellenproblem, das durch den Wellcome Trust verstärkt wurde.⁴¹⁴

Die Bereitstellung von Quellen im Archiv des Wellcome Trust unterlag großen Einschränkungen. So konnten dort keine Quellen über die internen Diskussions- und Entscheidungsprozesse des Wellcome Trust eingesehen werden. Informationen über die internen Prozesse, durch die der Trust förderungswürdige Forschungsfelder identifizierte oder Entscheidungen über die Geldvergabe traf, fehlen von vornherein. Es ist somit derzeit nicht möglich, diese Prozesse unabhängig zu untersuchen, doch das strategische Vorgehen und die Ziele des Trusts zu untersuchen wäre von großer Relevanz – schließlich war und ist das Engagement des Trusts millionenschwer und hat prägenden Einfluss auf die naturwissenschaftliche und wissenschaftshistorische Forschung, die im UK und in Europa durchgeführt wird. Bereits in den 1990ern war der Trust direkt nach dem MRC als Regierungsinstitution die zweitgrößte Anlaufstelle für die Förderung von biomedizinischer und anverwandter Forschung und unterlag als private Stiftung keiner

⁴¹⁰ Kohler, Robert: *Partners in Science: Foundations and Natural Scientists, 1900-1945*. Chicago, 1991; Kay, Lily: *The Molecular Vision of Life. Caltech, The Rockefeller Foundation, and the Rise of the New Biology*. New York und Oxford 1993.

⁴¹¹ Kay 1993, *The Molecular Vision of Life*, S. 10.

⁴¹² Agar 2021, Blog-Post UCL STS Observatory.

⁴¹³ Agar 2021, Blog-Post UCL STS Observatory.

⁴¹⁴ Gleichzeitig wird der Zugriff, und das gilt auch für die Quellen, die in den National Archives oder der Bodleian Library aufbewahrt werden, durch die üblichen Sperrfristen von 20-30 Jahren eingeschränkt. Das bedeutet, dass einige Ordner noch nicht verfügbar sind, und aus einigen anderen nur anonymisiert zitiert werden darf.

Form von Kontrolle durch Öffentlichkeit oder staatliche Institutionen. Dies wurde bereits in Ansätzen kritisiert, Natasha Loders Artikel von 2000 ist an dieser Stelle hervorzuheben. Sie weist auf die fehlende Transparenz der internen Prozesse und auf die fehlende Kontrolle über das strategische Handeln des Trusts hin. Gleichzeitig zeigt sie auf, dass zwischen Mitgliedern des Board of Directors und den vom Trust geförderten Laboren und Forschungsgruppen Verflechtungen bestanden, die ein unparteiisch und interessensloses Vorgehen stark in Zweifel ziehen.⁴¹⁵ Wie die Treuhänder:innen ausgewählt und ernannt wurden und wie der Direktor oder die Direktorin in das Amt erhoben wurden, kann ebenfalls leider nicht untersucht werden.

Dieselben Einschränkungen gelten für die Untersuchung des Vorgehens von Firmen und Konzernen aus der pharmazeutischen Industrie, wie etwa Merck. Merck finanzierte Projekte zur Generierung und Sequenzierung von ESTs an der Washington University, durchgeführt von Robert Waterston, sowie am Lawrence Livermore National Laboratory.⁴¹⁶ In einer Pressemitteilung vom 10.02.1995 verkündete Merck die Veröffentlichung des ersten Schwungs von ca. 15000 ESTs in die NIH-geförderte Datenbank The National Center for Biotechnology Information.⁴¹⁷ Wie der Wellcome Trust verfolgte Merck die Strategie, die Forschungsergebnisse durch die Vermeidung von Patentierungen möglichst großflächig verwertbar zu machen. In diesen Projekten kooperierten akademische Forschung, staatliche Forschungsförderung und Nationallabore sowie die privatwirtschaftliche Pharma industrie. Waterston betonte auch in der Retrospektive:

“(...) we were submitting human ESTs to GenBank within 48 hours after the sequences came off the machines – this rapid release was very important to Merck, since they did not want to be seen in any way as having special early access to the ESTs.”⁴¹⁸

Die Förderung durch ein privatwirtschaftliches Unternehmen war dabei nicht per se etwas Anstößiges für Waterston. Wichtig war ihm, dass die Ergebnisse frei verfügbar gemacht wurden und dafür war dann auch die Förderung durch privatwirtschaftliche Gelder legitim. Auch Sulston bekam dabei keine kognitiven Dissonanzen, sondern beschrieb in seiner Autobiografie: “In 1994 a white knight had come along in the form of the pharmaceutical company Merck (...).” Die Bezeichnung als weißer Ritter mag durchaus mit einem Augenzwinkern geschehen sein, doch am selben Ort heißt es, dass das finanzielle Engagement von Merck “a great thing for science and a triumph for the principle of free access to genomic information” sei.⁴¹⁹

⁴¹⁵ Loder 2000, A Question of Trust, S. 879.

⁴¹⁶ Maxson Jones et al. 2018, Bermuda, S. 744; sowie Cook-Deegan, Robert M. und Heaney, Christopher: Patents in Genomics and Human Genetics. In: Annual Review of Genomics and Human Genetics Vol. 11 (2010), No. 1, S. 383-425, S. 401 f.

⁴¹⁷ Pressemitteilung von Merck & Co. Inc: First Installment of Merck Gene Index Data Released to Public Databases: Cooperative Effort Promises to Speed Scientific Understanding of the Human Genome, online einsehbar unter: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Web/Whats_New/Announce/merck_feb10_95.html, 10.02.1995, zuletzt aufgerufen am 14.04.2023.

⁴¹⁸ E-Mail von Robert Waterston an Kathryn Maxson Jones, 04.01.2017. Waterston’s Communication to Authors (Rachel Ankeny, Robert Cook-Deegan und Kathryn Maxson Jones) 04. und 09.01.2017. Online verfügbar unter: <https://hdl.handle.net/10161/16507>, zuletzt aufgerufen am 13.04.2023.

⁴¹⁹ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 118 f.

Naturwissenschaftler:innen erhielten von außer-akademischen Geldgebern Fördergelder für die Kartierung und Sequenzierung des menschlichen Genoms. Die einen strebten die Erwirtschaftung der Sequenzierungsdaten an, um durch die umfassende Publikation der Ergebnisse insgesamt intellektuelles Eigentum und Patentierungen verhindern zu können. Die anderen erkauften sich durch ihre Förderung das Recht, in den darauffolgenden Jahren und Jahrzehnten mit den Sequenzierungsdaten arbeiten zu können, und sie patentieren und somit proprietär schützen lassen zu können. Denn anders als der Wellcome Trust und Merck verfolgten Human Genome Sciences und The Institute for Genome Research (TIGR) die Strategie des Vorsprungs durch Geheimhaltung: die von ihnen geförderten Forschenden erstellten ESTs, die anschließend patentiert werden sollten, und als Basis für die Entwicklung kommerzieller Produkte dienen sollten. Die beiden Lager konkurrierten in allen Fällen darum, die Forschungsdaten zuerst zu erlangen und über das intellektuelle Eigentum verfügen zu können. Gelang es HGS/TIGR, das Patent an wichtigen EST-Sequenzen anzumelden, so durfte damit nicht anderweitig ohne kostenpflichtige Genehmigung gearbeitet werden. Gelang es den Akteuren, die die andere Strategie verfolgten, die öffentlichen Datenbanken mit EST-Sequenzen zu fluten, so konnten diese nicht mit Patentierungen oder anderen Schutzmechanismen belegt werden. Der Sieg der einen Partei ergab sich notwendigerweise aus dem Verlust der anderen Partei – eine negative Interdependenz in Reinform und auch konstituierendes Merkmal einer Konkurrenz.⁴²⁰

John Sulston jedoch verschob die Existenz von wirtschaftlichen Interessen in seiner Autobiografie auf den Bereich der “commercial companies”:

“The natural inclination of a commercial company is to retain exclusive control of its product, whether through patents or through commercial secrecy. The goal of the genome project, as I saw it, was to provide as much information as possible that could be freely used by everyone, public and private, to advance our understanding and develop new treatments.”⁴²¹

Bei solchen Betrachtungen lassen sich die strikte Einteilung in Dichotomien zwischen „public“ und „private“ oder „commercial“ nicht aufrechterhalten.⁴²²

⁴²⁰ Divergierende, weil auf knappe Güter konvergierende Ziele. Werron Form und Typen, S. 23; sowie Kapitel 1 der vorliegenden Arbeit.

⁴²¹ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 110.

⁴²² Doogab Yi zeigte dies am Beispiel der Stanford University, der Entstehung des Silicon Valley und der Rolle, die die rekombinante DNA-Technologie dabei gespielt hatte, dass sich in den USA der 1970er und 1980er wirtschaftliche und wissenschaftliche Bestrebungen überlagerten. Yi 2015, The Recombinant University.

The Friendly Face of Imperialism (1994-1998)

Sulston und Waterston schlugen in Eigeninitiative Pläne zur weiteren Beschleunigung des USA HGP vor. Ende 1994 äußerte Waterston in einer E-Mail an Sulston erste Ideen zu einer Vorgehensweise für die nächsten Jahre; unter vier Augen bezeichneten die beiden ihren Entwurf als “indecent proposal”:

“I would propose to do the entire genome between us in 5 years starting in 1996.”⁴²³

Bei diesem Vorschlag wurden die restlichen Labore des internationalen Konsortiums nicht mehr miteinbezogen – stattdessen strebten Sulston und Waterston danach, den von ihnen sequenzierten Anteil des menschlichen Genoms erneut zu vergrößern. Dies stellt einen ambitionierten Griff nach der Führungsrolle im internationalen Projektverbund dar. Sie arbeiteten aus, wie dieses Ziel am besten erreicht werden könnte und entwarfen einen Antrag, in dessen Zentrum die Erstellung einer Genkarte (“gene map”) des menschlichen Genoms stand, durch die das Konsortium einen Großteil der Gene zugleich identifizieren und kartieren konnte.⁴²⁴ Erst auf Basis dieser Karte sollte man sich der Sequenzierung zuwenden. Im Vergleich zu den älteren Zielsetzungen des USA HGP war hier der Aspekt der Genidentifikation deutlicher ins Zentrum gerückt: bisher war diese eher ein längerfristiges Ziel gewesen, auf das man bei Vorliegen der vollständigen Sequenz hinarbeiten wollte.⁴²⁵ Neu war, dass nun gezielt auf die Identifikation von Genen mithilfe einer Framework Map bestehend aus cDNA-Klonen und EST-Fragmenten hingearbeitet werden sollte. Diese Karte sollte “global” und nicht regional funktionieren, also das Genom als Objekt haben und nicht das einzelne Chromosom.⁴²⁶

In der Sache antwortet der Vorschlag von Sulston und Waterston auf den zweiten Fünfjahresplan des USA HGP, der die Fiskaljahre 1994 bis inklusive 1998 abdeckte.⁴²⁷ Dort war betont worden, dass zwar bereits vielversprechende Ansätze zur Genidentifikation existieren (STS und ESTS), dass in diesem Bereich jedoch deutlich mehr Entwicklungsarbeit geleistet werden müsse.⁴²⁸ Zudem hatten sich die Autoren Francis Collins (vom National Center of Human Genome Research der NIH) und David Galas (vom Office of Health and Environmental Research des DoE) bemüht, die Kontinuität der Zielsetzung in Sachen Genidentifikation herauszustellen:

⁴²³ Wellcome Collection, PP/SUL/B/2/1/1 Indecent Proposal, E-Mail von Sulston an Waterston, 11.09.1994 mit der Betreffszeile “an indecent proposal”.

⁴²⁴ Towards a Complete Map of the Human Genome. Forschungsantrag zur Vorlage beim Human Genome Gremium des Wellcome Trust. Dezember 1994. In: Wellcome Collection, PP/SUL/B/2/1/1 Indecent Proposal.

⁴²⁵ Im ersten Fünfjahresplan von 1990 wurde Genidentifikation lediglich als loses Ziel für die darauffolgenden fünf Jahre gesetzt, und als zu verwendende Marker/Landmarks waren die STS im Gespräch. Vgl. NIH/DoE 1990, The First Five Years, S. 11-14.

⁴²⁶ An dieser Stelle wäre es sehr interessant, nachzuforschen, wie sich das auf das späteres Map-Based Large-Scale Sequencing auswirkte, doch dies überschreitet leider die disziplinären Kompetenzen, auf denen die vorliegende Arbeit basiert.

⁴²⁷ Collins/Galas 1993, New Five-Year Plan, S. 43-46.

⁴²⁸ Collins/Galas 1993, New Five-Year Plan, S. 45.

"Third, a goal for identifying genes within maps and sequences, implicit in the original plan, has now been made explicit. The progress already made on the original goals, combined with promising new approaches to gene identification, allow this element of genome analysis to be given greater visibility. This increased emphasis on gene identification will greatly enrich the maps that are produced."⁴²⁹

Die Debatte um die Zielsetzungen des USA HGP hatte in der Angelegenheit cDNA, ESTS und Map-Based Large-Scale Sequencing erneute Virulenz gewonnen (vgl. auch Kapitel 3). Es bestand gesteigertes Interesse an der zügigen Identifikation von relevanten Genen – und zwar nicht nur seitens der Forschenden aus den betreffenden Forschungsfeldern, sondern auch seitens privatwirtschaftlicher Akteure. Demgegenüber fiel das Interesse an High Quality Map-Based Large-Scale Sequencing etwas gemäßiger aus, da dort die Genidentifikation nicht so zügig erreicht würde, sondern ein mittelfristiges Ziel darstellte. Die Genidentifikation galt jedoch als zentraler Faktor für die (wirtschaftliche) Nutzbarmachung der Sequenzierungsdaten: erst durch die Identifikation von Genen, die für menschliche Krankheiten (mit-)verantwortlich sind, konnte sinnvoll angestrebt werden, Tests und Therapien zu entwickeln.

An den leicht veränderten Zielsetzungen im aktualisierten Fünfjahresplan können wir sehen, dass das gesteigerte Interesse an vorgezogener Genidentifikation von den Verantwortlichen in den Forschungsförderungsinstitutionen wahrgenommen wurde. Und auch Sulston und Waterston knüpften genau dort an, indem sie die Erstellung einer Karte auf Basis von cDNA-Klonen und EST-Fragmenten vorschlugen. Zudem hatte sich in der Zwischenzeit herausgestellt, dass die STS-Karte nicht detailliert genug war, um als Basis für Sequenzierung oder als wertvolles Werkzeug für die Lokalisierung und Identifikation von relevanten "disease genes" zu dienen.⁴³⁰ Die zügige Erstellung einer Landmark-Map stellte zudem eine Reaktion auf die Imperative der Beschleunigung und der Geschwindigkeit dar. Sulston sah stets die Gefahr, "that people would question once again the value of sequencing the 'junk' between the genes."⁴³¹ Dem wollten Sulston und Waterston nun zuvorkommen, indem sie selbst eine Verortung von cDNA-Klonen und EST-Fragmenten auf einer Genkarte vorschlugen. Ausgehend von dieser sogenannten "framework map" sollte dann eine physische Karte auf Basis von YACs und Cosmiden erstellt werden – und irgendwann später sollten diese sequenziert werden: "as soon as reasonable contigs were starting to form."⁴³²

Diese wissenschaftliche Herangehensweise an der Schnittstelle von Kartierung und Sequenzierung ist aus den Fadenwurm-Projekten bekannt, neu war die vorausgehende Erstellung einer Genkarte auf Basis von cDNA-Klonen und EST-Fragmenten. Sulstons und Waterstons Eigeninitiative sollte zweierlei Dinge bezeichnen. Zum einen wurde die Einhegung der Konkurrenz angestrebt, indem etwaige Konkurrenzparteien überholt und ausgestochen wurden. Zum anderen sollte insbesondere die Integration der cDNA- und EST-Fragmente zeigen, wie leistungs- und anschlussfähig Sulstons und Waterstons Projekt war, das in letzter Konsequenz auf High Quality Map-Based Large-Scale Sequencing ausgerichtet war. Damit wollten sie einem befürchteten Bedeutungsverlust des Map-Based Large-Scale Sequencing

⁴²⁹ Collins/Galas 1993, New Five-Year Plan, S. 43.

⁴³⁰ Collins/Galas 1993, New Five-Year Plan, S. 44.

⁴³¹ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 119.

⁴³² PP/SUL/B/2/1/1, E-Mail von Sulston an Waterston, 11.09.1994.

vorgreifen und die konkurrierende Methode in ihr Projekt integrieren. Genau dies war auch die kompetitive Strategie von Sulston und Waterston bei der cDNA-Konkurrenz an *C. elegans* gewesen (vgl. Kapitel 3).

Anders als bei der cDNA-Konkurrenz an *C. elegans* reagierten Sulston und Waterston nun nicht auf eine konkrete kompetitive Herausforderung von außen, sondern in diesem Fall stellte ihr kompetitives Handeln einen Vorausgriff dar. Sie verknüpften gezielt den Zeitraum, der für die Projektlaufzeit noch verbleiben würde, um die Konkurrenzsituation in ihrem Sinne zu beeinflussen: da sie bereits sehr leistungsstarke Labore waren, lag es im Rahmen ihrer Möglichkeiten, den Vorsprung weiter auszubauen und ihre (potenziellen oder akuten) Konkurrenten auszustechen. Beschleunigung war dabei eines ihrer Werkzeuge. Durch die Verknappung des Bearbeitungszeitraums hatten sie das beste Argument für ihre Kooperation und für ihre Vorgehensweise in der Hand: verblieb nun weniger Zeit, um ein ambitioniertes Ziel zu erreichen, so *musste* man schlicht zusammenarbeiten, um es im gesteckten Zeitrahmen erreichen zu können. Sulston notierte sich handschriftlich einen Hinweis/eine Erinnerung auf diese Argumentation: "We should say: shorter time is good if more people come in."⁴³³

Bei diesem Vorstoß ging die Motivation, kompetitiv aufzutreten von Waterston aus, wohingegen die Motivation bei der ersten Konkurrenz mit Venter auf dem Felde der cDNA/ESTs an *C. elegans* von Sulston ausging. Die unterschiedlichen nationalen Kontexte dürften dabei durchaus eine Rolle gespielt haben. Die frühere Diskussion um cDNA und *C. elegans* war insbesondere Sulston aufgrund seiner engen Bekanntschaft mit Brenner und dessen Wirken im UK-Kontext vertraut. Nun ging es viel um das US HGP und dessen Reaktion auf Venter – vielleicht übernahm Waterston deshalb hier die Führung. Ein anderer Grund könnte darin bestanden haben, dass noch nicht gesichert war, aus welcher Quelle Waterstons Fördergelder kommen sollten. Sulstons Arbeit am menschlichen Genom war zu diesem Zeitpunkt bereits seit einiger Zeit in großem Umfang vom Wellcome Trust finanziert, der MRC steuerte die Gelder für die Arbeit an *C. elegans* bei. Waterston stieß bei der Einwerbung größerer Geldsummen für die vollständige Kartierung und Sequenzierung des menschlichen Genoms auf Hindernisse. Durch scharfes, kompetitives Auftreten hatte er viel zu gewinnen und ein solches Auftreten lag ihm auch habituell nicht fern.

Sulston und Waterston führten als Argument an, dass es innerhalb des USA HGP Projektverbunds zu wenig Zusammenarbeit gebe und zu wenig DNA-Sequenz produziert würde. Deshalb seien sie, anders als die anderen Labore des Verbunds, besonders gut geeignet, bereits jetzt zur Sequenzierung des menschlichen Genoms überzugehen und einen Großteil der Sequenzierung zu übernehmen. Indem sie dies behaupteten, traten sie in Konkurrenz zu den anderen Laboren. Diese Form von dezidierter Konkurrenzeröffnung ist uns bisher eher als Element von Venters Handlungsrepertoire begegnet, doch auch Sulston und Waterston gingen auf diese Weise vor. In seiner wissenschaftlichen Autobiografie gibt Sulston vor, Skrupel gehabt zu haben, die Beschleunigungsdynamik des Projektverbundes durch das eigene kompetitive Auftreten zu verstärken. Durch eine abgebrühte Äußerung Waterstons sei er überzeugt worden. Waterston habe gesagt, "it would be impossible to accommodate the interests of everyone who thought they deserved to

⁴³³ Wellcome Collection PP/SUL/B/2/1/1 Indecent Proposal, handschriftliche Notizen Sulstons, Ende 1994, nähere Datierung nicht möglich.

be involved.”⁴³⁴ An der Art und Weise, wie Sulston die Ereignisse retrospektiv wiedergibt, sticht erneut ein gewisser Gestus ins Auge: aktive Konkurrenzhandlungen seien Sulston fremd gewesen und er habe sich von diesen eher fernhalten wollen, wohingegen Waterston diese nicht scheute, sondern recht brüsk auf die eigenen Interessen verwies. Wenngleich Sulstons Habitus der Distanz zu weltlichen Dynamiken kritisch zu betrachten ist, so kann an dieser Stelle doch festgehalten werden, dass es die robuste Kompetitivität Waterstons war, die die Konkurrenzfähigkeit des Gespanns deutlich verstärkte.

Und diese Kompetitivität ist es auch, die uns zwingt, Sulstons und Waterstons Engagement für die *Bermuda Principles* zu hinterfragen. Ein kooperatives Gespann, das intensiv daran arbeitet, andere beitragende und potenziell kooperierende Labore auszustechen, trat gleichzeitig für die Artikulation von Regeln ein, die kompetitive Vorteile und Asymmetrien unter den Gruppen tendenziell nivellieren sollte? Doch waren dies wirklich die Beweggründe für die *Bermuda Principles* und hatten sie wirklich diesen Effekt? Zuallererst bedeutete die Regel, die Sequenzierungsdaten sofort in der Datenbank zu veröffentlichen, dass diese gemeinfrei wurden – sie wurden also zum freien Gemeingut und nicht zum intellektuellen Eigentum einzelner Personen oder Institutionen.⁴³⁵ Dies galt als notwendig für die Organisation der Zusammenarbeit im Verbund, es musste geregelt werden, wann welche Forschungsdaten in den Datenbanken verfügbar gemacht werden, um die Forschungsarbeit planen und forschreiten lassen zu können. Daneben nennt der Rechtshistoriker Jorge Contreras zwei weitere Begründungen für die Entstehung der *Principles*: „(2) *scientific advancement*; (3) *minimizing encumbrances of DNA sequence data by patents*.“⁴³⁶

Auch Ankeny, Maxson Jones und Cook-Deegan beschrieben die *Bermuda Principles* als etwas, das den kompetitiven Dynamiken in den Wissenschaften entgegengewirkt und sie demnach abgeschwächt habe. Um die effiziente Zusammenarbeit im Verbund zu gewährleisten, musste die Tendenz zur Geheimhaltung von Ergebnissen ausgehebelt werden. Doch es gibt noch weitere Facetten ihrer Entstehung, die bisher mangelhaft beleuchtet wurden, und auch dabei spielen die kompetitiven Dynamiken eine zentrale Rolle. Erstens argumentierten Sulston und Waterston aus einer Position der Stärke heraus und konnten den notwendigen Druck auf die kleineren Partnerlabore ausüben. Ihre Durchsetzung war aufgrund der Vorherrschaft der großen Genomsequenzierungszentren im Verbund möglich und sie trugen dazu bei, dass diese Labore ihren Vorsprung weiter ausbauen konnten. Sulstons und Waterstons Möglichkeit, die anderen Labore zu „überzeugen“, ergab sich aus ihrer großen Vormachtstellung und ihrem großen Einfluss auf die Fachkolleg:innen. Zweitens führten die *Bermuda Principles* mittelfristig nicht zur Nivellierung von Asymmetrien im Verbund. Dies liegt in der Tendenz zur Zentralisierung der Sequenzierungsarbeit und zur Monopolbildung begründet. Die kleineren Labore des Verbunds waren in gewisser Hinsicht von den Größeren abhängig. Labore, die bestimmte Gene erforschten, schickten Anfragen an große Zentren, um Informationen über die Verortung und Sequenz von den betreffenden Genen oder DNA-Abschnitten zu erhalten.

Des Weiteren bedeutete die Prioritätsregel, mit der wir uns im zweiten Kapitel bereits vertraut gemacht haben, dass die Prämie „Entdecker oder Erforscher von etwas zu sein“, und die damit verbundene

⁴³⁴ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 120 f.

⁴³⁵ Vgl. etwa Contreras 2011, *Bermuda's Legacy*, S. 86.

⁴³⁶ Contreras 2011, *Bermuda's Legacy*, S. 66. Hervorhebungen im Original.

wissenschaftliche Anerkennung, nur diejenigen Forschenden erhielten, die etwas zuerst veröffentlichten. Die großen Genomsequenzierungszentren hatten dabei aufgrund ihrer Größe – und der entsprechend höheren Finanzkraft und Menge an Mitarbeitenden – einen Wettbewerbsvorteil: sie konnten die Datenbanken tagein tagaus mit ihren Sequenzen fluten und somit effektiv verhindern, dass auch kleinere Labore erfolgreich an der Konkurrenz um Priorität und wissenschaftliche Anerkennung teilnehmen würden. Die Verpflichtung auf die sofortige Publikation aller produzierten Sequenzen drohte den Wettbewerb noch weiter zu Gunsten der großen Labore zu verschieben. Eine Regel, deren Einhaltung nur manchen Laboren möglich war, ohne dass es ihnen zum Nachteil gereichte, und die zudem noch dazu beitrag, die Ungleichheit zu verstärken, stieß nicht bei allen Laboren des Konsortiums auf dieselbe positive Reaktion.

Die Gegnerschaft oder Kritik an den *Bermuda Principles* wurde dadurch erschwert, dass der Diskurs in einem hohen Maße moralisch aufgeladen war. Die verwendete Rhetorik insinuierte, dass es um die Sicherung der Freiheit und die Gewährleistung der Zukunft der Wissenschaften gehen würde.⁴³⁷ Das zeigt sich auch 20 Jahre später nachhaltig in Maxson Jones' und Cook-Deegans Tendenzartikel von 2021, der den Titel "An Ethos of Rapid Data Sharing, More Relevant Than Ever" trägt und mit dem Satz beginnt: "Sharing data can save lives."⁴³⁸ Bei dieser Form der Titelgebung und der Ko-Autorenwahl zeigt sich zudem, wie es um die Neutralität von Maxson Jones und Cook-Deegan bestellt ist. An dieser Stelle sei betont, dass eine involvierte Wissenschaftsgeschichte nicht per se abgelehnt werden muss. Das Engagement für die freie Verfügbarmachung von Forschungsdaten mag an einigen Stellen legitim oder sogar notwendig sein, insbesondere wenn man sich das Ausmaß außerakademischer und privatwirtschaftlicher Forschungsförderung vergegenwärtigt. Im vorliegenden Fall bedeutet dies jedoch, dass eine relevante Dimension der Entwicklungen verdunkelt wird: wie sehr die *Bermuda Principles* ihrerseits dazu beitrugen, die asymmetrischen Machtverhältnisse innerhalb des internationalen Konsortiums zu verstetigen.

Viele Forschende aus den kleineren Laboren des Konsortiums hatten das Gefühl, überfahren zu werden. Maynard Olson sprach Waterston in einer E-Mail direkt darauf an und identifizierte treffsicher das Problem:

"I do not like manifestos and 'unanimous' pronouncements on highly technical issues. Most people are simply being rail-roaded under these circumstances, in response to an unwise conversion of a technical issue into a moral one"⁴³⁹

Auch in der vorliegenden Arbeit wird die Position vertreten, dass Fragen, die eigentlich auf wissenschaftlich-technologischer Basis diskutiert werden mussten, umgewandelt wurden in eine

⁴³⁷ Vgl. etwa Wellcome Collection PP/SUL/B/2/3/5 Washington December 1998, E-Mail von Sulston an Francis Collins, 27.10.1998 (im CC. alle führenden Kollegen und Beamte), darauf wird an späterer Stelle eingegangen werden.

⁴³⁸ Maxson Jones/Cook-Deegan 2021, Ethos of Rapid Data Sharing, S. 564.

⁴³⁹ E-Mail von Maynard Olson an Robert Waterston, 03.05.1996. Zitiert nach Maxson Jones et al. 2018, Bermuda, S. 740. Öffentlich einsehbar unter: <http://hdl.handle.net/10161/7724> ; zuletzt aufgerufen am 21.04.2023. Maxson Jones et al. betonen zudem, dass "Olson had no intention of patenting sequences, and favored open access to data".

moralische Diskussion der Freiheit und der Zukunft der Wissenschaften.⁴⁴⁰ Es wurde nicht mehr nur diskutiert, ab welcher wissenschaftlichen Genauigkeit eine Karte oder eine Sequenz von ausreichender Qualität seien, um publiziert zu werden. Es wurde nicht mehr nur diskutiert, welchen Qualitätsstandard das Konsortium anstreben sollte. Es wurde nicht mehr nur diskutiert, wie diese Arbeit möglichst effizient unter den Laboren aufgeteilt werden konnte und wie die Kommunikation und der Austausch am besten funktionieren könne. Diese Fragen wurden selbstverständlich diskutiert – wenngleich ihre Beantwortung in vielen Aspekten im Unbestimmten gelassen wurden, so wie es auch Maxson Jones, Ankeny und Cook-Deegan herausgearbeitet haben.⁴⁴¹ Doch darüber hinaus – und um einiges öffentlichkeitswirksamer – wurde davon gesprochen, die Zukunft der Wissenschaften zu schützen. Es rückte verstärkt ins Zentrum der Diskussion, dass die Freiheit der Wissenschaften durch das intellektuelle Eigentum an den Sequenzen und die Möglichkeit, diese zu patentieren, zunehmend bedroht werde und wie man sich gegen diese Entwicklungen wehren könne. Es ging nicht mehr nur um eine Sequenz, es ging um die Zukunft der Wissenschaften – und um diese zu bewahren war das erfolgreiche *C. elegans*-Gespann mit seiner kooperativen und kommunikativen Prägung bestens positioniert.

Genau diese Umwandlung trug dazu bei, die realen Eigentums- und Machtverhältnisse zu verdunkeln. So sei der Beitrag des Wellcome Trust nicht etwa wirtschaftlich motiviert: „Its contribution is being made for the good of all, not for commercial gain.“⁴⁴² Das, was Sulston und Waterston für vorteilhaft für die Wissenschaften hielten, war nicht automatisch vorteilhaft für ihre Fachkolleg:innen und bei der Diskussion um die *Bermuda Principles* zeigte sich deren berechtigte Skepsis. Durch die moralische Aufladung wurde es immer einfacher für Sulston und Waterston, für ihre Methode, für ihre Form der Arbeitsteilung sowie für ihre Führung des internationalen Konsortiums zu argumentieren. Durch diese rhetorischen Verschiebungen wurden jedoch die tatsächlichen Eigentums- und Machtverhältnisse verschleiert – und in der Folge von wissenschaftsjournalistischen und geisteswissenschaftlichen Beobachter:innen auch leicht verzerrt wiedergegeben. Verzerrt insofern, als der Fokus auf die positiven Folgen der *Bermuda Principles* gelegt wurde und die komplexe Gemengelage in Reduktion auf zwei Lager wiedergegeben wurde: den aus öffentlichen Geldern finanzierten Forschungsverbund und privatwirtschaftliche Konkurrenzlabore.

Mit alledem möchte ich nicht sagen, dass der ungehinderte wissenschaftliche Austausch und die Verfügbarmachung der Ergebnisse den Wissenschaftler:innen nicht tatsächlich wichtig waren. Für Sulston und Waterston waren es reale und relevante Überlegungen, Forschungsergebnisse frei verfügbar zu machen für die nachfolgende wissenschaftliche Forschung und zum gesellschaftlichen Wohle. Es ging ihnen *tatsächlich* um die Gewährleistung des offenen wissenschaftlichen Diskurses. Es ging zudem *tatsächlich* darum, dass Wissenschaftler:innen ihre Materialien und Informationen weiterhin (mehr oder

⁴⁴⁰ „With all good wishes for the future of science“ in: Wellcome Collection PP/SUL/B/2/3/5 Washington December 1998, E-Mail von Sulston an Francis Collins, 27.10.1998 (im CC. alle führenden Kollegen und Beamte).

⁴⁴¹ Maxson Jones et al. argumentierten, dass die *Bermuda Principles* vor allem deshalb Erfolg hatten, weil sie immer wieder neu verhandelt und pragmatisch angepasst werden konnten. Damit ist gemeint, dass die Unklarheiten darüber, ab wann eine Sequenz als vollständig oder publikationsreif gilt, nicht nur eine Schwäche der *Principles* waren, sondern dass genau in dieser Offenheit auch ein Grund für ihren Erfolg lag. Vgl. Maxson Jones et al. 2018, *Bermuda*, S. 704 f.

⁴⁴² Wellcome Collection PP/SUL/B/2/3/5 Washington December 1998, E-Mail von Sulston an Francis Collins, 27.10.1998 (im CC. alle führenden Kollegen und Beamte).

weniger) ungehindert zirkulieren lassen würden. Dies soll nicht in Abrede gestellt werden, wenn der Fokus nun auf die Umwandlung von technischen Fragen in moralische Debatten gelegt wird. Vielmehr seien die moralischen Argumentationen als Überbau von realen Erwägungen verstanden. Auf der rhetorischen Ebene wurde hochgradig moralisierend argumentiert – und Sulston und Waterston meinten dies auch ernst. Sie wollten *durchaus* ihr Ideal von Wissenschaft beschützen und seinen Fortbestand gewährleisten. Doch zugleich ging es um handfeste Fragen von Einfluss und Vorsprung, ohne dass sich die beiden Ebenen widersprechen würden. Entsprechend vertraten sie dieses Ideal mit einer gewissen Standfestigkeit: Waterston war nicht unbedingt der Ansicht, dass auf egalitäre Weise alle Kolleg:innen miteinbezogen werden mussten. Sulstons und Waterstons Idealismus hatte Grenzen und diese Grenzen wurden bei ihrem Fortschritt, ihren Fördergeldern und ihrem Einfluss gezogen.

Die Entstehung der *Bermuda Principles* und die soeben skizzierten Sachverhalte waren zentral für das Verständnis von Sulstons und Waterstons steilem Aufstieg zu den führenden Laboren des Verbunds. Die Angelegenheit gewann weiter an Brisanz, da die Formulierung der *Principles* der Strategie in die Hände spielte, die vom Wellcome Trust und Merck als Geldgebern verfolgt wurde. Durch die Verhinderung von intellektuellem Eigentum konnten auch Patentierungen vermieden werden, ein Ergebnis, an denen den Geldgebern von Sulston und Waterston gelegen war. Während der Wellcome Trust von der Förderung der Wissenschaftler:innen profitierte, profitierten auch Sulston und sein Team. Diejenige Stiftung, die zwingend die Patentierung der Sequenzierungsdaten verhindern wollte, stellte sich mit massiver Förderung hinter Sulston. Dies vergrößerte die umfassende Dominanz des Sanger Centres bei der Sequenzierung des menschlichen Genoms auf Kosten vieler kleiner internationaler Partnerlabore, die nicht mithalten konnten und mehr oder weniger aus dem Konsortium verdrängt wurden. Bisher wurden die *Bermuda Principles* eher als etwas betrachtet, das den kompetitiven Dynamiken in den Wissenschaften entgegengewirkt und sie abgeschwächt habe. Doch sie waren ihrerseits Ergebnis von virulenten kompetitiven Dynamiken und darüber hinaus verstärkten sie – vielleicht paradoxe Weise – das Ungleichgewicht im Verbund.

Aktion – Reaktion (Ende 1997-2001)

Craig Venter wandte sich derweil der Sequenzierung von Bakterien zu. Hierfür kooperierte er mit Hamilton Smith von der Johns Hopkins University School of Medicine in Baltimore, der das Bakterium *H. influenzae* erschlossen hatte und 1979 den Nobelpreis für die Erstellung von Restriktionsenzymen erhalten hatte. Aus genetischer Perspektive wäre *E. coli* der naheliegendere Kandidat gewesen, denn dieses Bakterium war umfassend als Modellorganismus erschlossen, man konnte also auf extensive Informationen, Materialsammlungen und Erfahrungswerte zurückgreifen. Doch für *E. coli* gab es bereits ein Sequenzierungsprojekt.⁴⁴³ Aufgrund seiner Vergangenheit mit *H. influenzae* schlug Smith dieses Bakterium vor und in der Tat konnte TIGR im Jahre 1995 die Fertigstellung der Sequenz von *Haemophilus influenzae* unter Verwendung des Whole Genome Shotgun Sequencing verkünden. *H.i.* war der erste lebende Organismus, dessen Sequenz zur Gänze veröffentlicht wurde.⁴⁴⁴ Die Veröffentlichung von der Sequenz

⁴⁴³ Davies 2003 [2001], Wettkampf, S. 154 ff.

⁴⁴⁴ Hilgartner verwendet die Bezeichnung “free-standing organism”, jedoch ohne zu definieren, was für eine Eigenschaft des Organismus er damit bezeichnet, Hilgartner 2017, Reordering Life, S. 40.

wurde von Venter, Smith und seinen Kolleg:innen als Meilenstein in der Geschichte der Genomforschung präsentiert. Ob dies von den Fachkolleg:innen auch so wahrgenommen wurde, konnte ich nicht mit abschließender Sicherheit klären. Der Journalist Nicholas Wade sorgte mit zwei Artikeln in der New York Times für die mediale Rezeption, in diesen wurden immerhin wohlwollende Aussagen von James Watson und George Church (Harvard) zitiert.⁴⁴⁵ Die Sequenzierung des gesamten Genoms von *H. influenzae* diente Venter, Smith und Kolleg:innen in der Zukunft dazu, darauf verweisen zu können, dass das Whole Genome Shotgun Sequencing bereits erfolgreich verwendet wurde.

In der Darstellung der Ereignisse aus Venters Perspektive, Shreeves Publikation, wird erzählt, es sei Venter zu dieser Zeit verstärkt darum gegangen, akademisch relevante Forschung zu betreiben und sich durch die Einhaltung wissenschaftlicher Normen im Bereich der Publikation von Forschungsergebnissen in den Augen seiner Kolleg:innen zu rehabilitieren. Dies habe jedoch zum Konflikt mit William Haseltine von Human Genome Science geführt, der darauf abzielte, die gesamte Sequenz des Genoms von *H. influenzae* zu patentieren. Venters Bestreben, akademisch relevante Forschung durchzuführen und die Ergebnisse entsprechend zu veröffentlichen, habe der Monetarisierungsstrategie Haseltines widersprochen, so Shreeve.⁴⁴⁶ Es ist durchaus vorstellbar, dass es Meinungsverschiedenheiten betreffs der Publikationsweise zwischen Venter und Haseltine gab und diese über kurz oder lang dazu führten, dass die Zusammenarbeit nicht mehr funktionieren konnte. Es ist jedoch stark in Zweifel zu ziehen, wie Shreeve und Venter die Entwicklungen darstellten: die Zusammenarbeit mit Haseltine und HGS sei lediglich ein naiver Fehler von Venter gewesen, der die Folgen oder zentralen Konfliktlinien einer privatwirtschaftlichen Finanzierung nicht vorausgesehen hätte. Venter lässt sich hier nicht als kalkulierende und strategisch handelnde Person darstellen, sondern betont performativ seinen Respekt für die geltenden akademischen Normen. Wie es im Einzelnen um die Konkurrenzdynamiken in der Partnerschaft von TIGR und HGS, Venter und Haseltine, bestellt war, kann in der vorliegenden Arbeit aufgrund der fehlenden Quellenbasis nicht überprüft werden – wenngleich die Erhellung der Dynamiken innerhalb des privatwirtschaftlich finanzierten Forschungsbereichs von großem Interesse wäre.

Gesichert ist, dass die Zusammenarbeit zwischen den beiden Parteien nicht von Dauer war und sich im Zuge der Sequenzierung von *Haemophilus influenzae* ihrem Ende zuneigte. Im Juli 1997 unterzeichneten beide Parteien eine Vereinbarung, ihre Zusammenarbeit zu beenden. Danach plante Venter, das Whole Genome Shotgun Sequencing an einem größeren und komplexeren Organismus zu erproben und weiterzuentwickeln. Venter hatte bereits Gene Myers, einen der Entwickler und Befürworter des Whole Genome Shotgun Sequencing ins Boot geholt und kontaktierte zudem Gerry Rubin von der Universität Berkeley, der mit *Drosophila melanogaster* arbeitete. Die Herangehensweise, erst an Bakterien zu arbeiten und dann die Sequenzierungstechnologien Schritt für Schritt an größeren und komplexeren Organismen zu erproben und weiterzuentwickeln, war eine wissenschaftlich anerkannte Vorgehensweise – und wurde

⁴⁴⁵ Wade, Nicholas: First Sequencing of Cell's DNA Defines Basis of Life. In: New York Times 01.08.1995, online verfügbar unter: <https://www.nytimes.com/1995/08/01/science/first-sequencing-of-cell-s-dna-defines-basis-of-life.html>; zuletzt aufgerufen am 03.10.2023.

⁴⁴⁶ Daraufhin erarbeiten die Patentanwälte von Haseltine, HGS und deren Geldgeber SmithKlein Beecham ein Schlupfloch: sie patentieren nicht die Sequenz des gesamten Genoms, sondern die Software, die benötigt wird, um die Sequenz überhaupt anzeigen zu lassen und damit arbeiten zu können, Shreeve 2005 [2004], The Genome War, S. 20.

auch vom Forschungsverbund des US HGP in dieser Form praktiziert, nur eben mit dem Schwerpunkt auf anderen Organismen und anderen Methoden. Diese Herangehensweise emulierte Venter, und um die Funktionsweise des WGSS zu überprüfen und hochzuskalieren, wurden immer komplexere Genome gewählt. Genau wie bei der Arbeit an cDNA und ESTs stammten übrigens auch hier die Ideen nicht originär von Venter selbst, sondern er sondierte bestehende Forschung auf ihr Potential hin – und wo er dieses wahrnahm, strebte er nach der Integration der bestehenden Forschung.

Die Forschungsarbeit an *Drosophila* konnte genau deshalb so gut von Craig Venter übernommen, bzw. in sein Unternehmen integriert werden, da die Sequenzierung des Fruchtfliegengenoms nicht von einflussreichen und etablierten Gruppen im Kontext der US-Genominitiative durchgeführt wurde. An *Drosophila* waren zwar die zentralen Strategien des zytogenetischen Kartierens⁴⁴⁷ und des Klonens von DNA-Abschnitten wesentlich weiterentwickelt worden und aufgrund der bereits existierenden Menge an Informationen und Materialien konnte *Drosophila* besonders gut als Vergleichssystem für die Sequenz des menschlichen Genoms verwendet werden.⁴⁴⁸ Doch Large-Scale Sequencing, so wie es in der US-amerikanischen Genominitiative gefördert wurde, wurde anhand dieses Organismus nicht durchgeführt. *Drosophila* war eher ein Modellsystem der klassischen Genetik und für die Identifikation einzelner Gene. Da Venter seine fachliche Sozialisierung nicht auf eine Modellorganismus-Community zurückführen konnte, sondern er als „Gene Hunter“ in die etablierten Strukturen des USA HGP hineinzufinden versuchte, wählte er mit *Drosophila* einen Organismus, bzw. ein Modellsystem, das für die umfassende Sequenzierung geeignet war, jedoch noch nicht bearbeitet wurde.

Die Forschung sollte in dem neu gegründeten Unternehmen namens Celera durchgeführt werden. Die Wahl des Namens wurde passend zur Beschleunigungsthematik ausgesucht. „Celera“ bildet die zweite Person Singular des ersten Imperativs des Verbs *celerare* und bedeutet somit: „beschleunige!“ Dieses Unternehmen wurde durch die Gelder von PE Biosystems gegründet – einem Zusammenschluss von Perkin Elmer und Applied Biosystems Inc., denn letzteres wurde von ersterem aufgekauft. ABI wurde in der ersten Hälfte der 1980er von Forschenden in Leroy Hoods Labor am Caltech gegründet – sie entwickelten und produzierten die Sequenzierungsautomaten, mit denen auch die Labore des Forschungsverbundes arbeiten. Hoods Verflechtungen mit der Privatwirtschaft reichten bis in die 1970er zurück; und in den ersten Jahren der 1990er gründete er dann an der University of Washington in Seattle das Department of Molecular Biotechnology, mit finanzieller Unterstützung von niemand geringerem als Bill Gates. Im Zuge der Entwicklung der automatisierten Sequenzierung wurden neue Strategien der Markierung entwickelt und der Prozess der Sequenzierung neu gedacht – eine lineare Vorgehensweise auf Basis fluoreszierender Farbgebung, die sich auf andere Weise automatisieren ließ als beispielsweise die älteren Autoradiograph-Methoden.

⁴⁴⁷ Dabei wurden radioaktiv markierte DNA-Sequenzen durch *in situ* Hybridisierung an ihre spezifischen Orte gebunden und so ihre Verortung auf dem Chromosom unter dem Lichtmikroskop sichtbar gemacht. Dies war dank der großen Chromosomen aus der Speicheldrüse von *Drosophila* möglich. Siehe Weber, Marcel: Walking on the Chromosome. *Drosophila* and the Molecularization of Development. In: Gaudilliére, Jean-Paul und Rheinberger, Hans-Jörg (Hrsg.): From Molecular Genetics to Genomics. The Mapping Cultures of Twentieth-century Genetics. New York, 2004. S. 63-78, S. 66.

⁴⁴⁸ Weber 2004, *Drosophila* and the Molecularization of Development, S. 63-69.

Die neuartige Konzeption des Sequenzierungsprozesses sorgte unter den Fachkolleg:innen teilweise für initiale Skepsis. García-Sancho schildert in diesem Zusammenhang die unterschiedlichen Kulturen, die in Bezug auf die verschiedenen Konzeptionen der Automatisierung existierten und die Wissenschaftler:innen spaltete.⁴⁴⁹ Bei ABI waren die Gebrüder Michael und Timothy Hunkapiller maßgeblich für diese technologischen Entwicklungen verantwortlich. Ihre Namen sollen uns an späterer Stelle erneut begegnen. Die Entwicklungsphase und die 1985 erfolgte Veröffentlichung des Prototypen ABI Prism 370 fiel zeitlich mit Hoods Auftreten als starkem Befürworter einer Genominitiative in den USA zusammen. Hood generierte wirtschaftlichen Profit aus seiner naturwissenschaftlichen Forschung und sah darin kein moralisches Grundsatzproblem. Es überschnitten sich hier zudem die ökonomischen Interessen und die epistemischen Entscheidungen und Ziele eines Naturwissenschaftlers, denn die Geschicke seines Unternehmens waren eng mit seiner Befürwortung eines konzertierten USA HGP verknüpft, welches schließlich ein hohes Maß an Automation erforderte. Er trat gezielt als Befürworter einer konzertierten Genominitiative auf und publizierte zur Entstehung einer neuen Disziplin und zu einer neuen Herangehensweise an die Medizin.⁴⁵⁰ Diese Verflechtung führte zum Erfolg: gegen 1990 war ABIs Sequenator ein „almost universally accepted instrument“, mit dem fast alle Labore des Konsortiums arbeiteten.⁴⁵¹

Auch Sulston und Waterston arbeiteten mit Sequenzierungsmaschinen von ABI, wenngleich sie sich nicht sofort auf diese festgelegt hatten, sondern zusätzlich einen Apparat von der schwedischen Firma Pharmacia beantragten und ausprobierten. Letztlich befanden sie aber den ABI 370A für leistungsfähiger.⁴⁵² Beziehungsweise sei es, so Waterston, einfacher gewesen, den ABI Prism in die arbeitsteiligen Prozesse einzubinden.⁴⁵³ Damit ging einher, dass der Prism in seiner Funktionsweise offengelegt werden musste, um die einzelnen Arbeitsschritte optimieren und integrieren zu können. Sulston und Waterston waren nicht die klassischen Endverbraucher, so wie sie von ABI anvisiert wurden. Sie entschlüsselten die Software, um den Prozess des Sequenzierens verändern, kontrollieren, und effizienter gestalten zu können. Im Kontext ihres Forschungsprojektes erachteten sie es als problematisch, dass mit ABI durch die Bereitstellung von Maschinerie, Software und biologischen Reagenzien ein privatwirtschaftliches Unternehmen die Kontrolle über die Sequenzierung von Genomen erhalten würde. In seiner wissenschaftlichen Autobiografie schilderte Sulston, dass es in dieser Angelegenheit zu Kontakten mit den Anwälten von ABI gekommen sei, da es im Interesse des Unternehmens lag, die alleinige Kontrolle über einen derart wirtschaftlich relevanten Prozess zu behalten.⁴⁵⁴ García-Sancho wies darauf hin, dass sich bereits hier die Meinungsverschiedenheiten innerhalb des Verbundes zeigten und dass ein gewisser Craig Venter auch in dieser Angelegenheit die konträre Position vertrat.⁴⁵⁵

⁴⁴⁹ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, vgl. etwa S. 154-157 sowie Kapitel 5, das sich intensiv mit der Geschichte der unterschiedlichen „institutional cultures“ auseinandersetzt.

⁴⁵⁰ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 163 ff.

⁴⁵¹ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 144.

⁴⁵² PP/SUL/A/2/1/2, Budget Justification St Louis, 1990; sowie: García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 144.

⁴⁵³ Schütz, 22.07. und 26.08.2022: Interview mit Waterston.

⁴⁵⁴ Sulston/Ferry 2002, Common Thread, S. 76 ff.

⁴⁵⁵ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 158.

Mitte der 1990er Jahre wurde ABI von Perkin Elmer gekauft, einem Unternehmen, das ursprünglich optische Geräte für Forschung, Technologie und Militär herstellte, und dessen CEO versuchte, „to change Perkin Elmer into a more dynamic, forward-looking company.“⁴⁵⁶ Das bedeutete, dass einige Unternehmenszweige gekürzt, aber gleichzeitig die Fühler nach neuen Märkten ausgestreckt wurden. Genomik, Biomedizin, Humangenetik – sprich die Life Sciences und damit verknüpften Bedarfe in den Bereichen der Materialien und Technologien – waren interessante neue Märkte, mit denen ein Unternehmensportfolio gewinnbringend erweitert werden konnte. Diese Umgestaltungsprozesse wurden von Tony White durchgeführt und eine weitere führende Rolle übernahm Michael Hunkapiller. Beide überzeugten Venter davon, einen Angriff auf das menschliche Genom zu starten. Die Überlegung war, dass die Sequenzierung des gesamten menschlichen Genoms mit einer großzügigen Ausstattung an finanziellen Mitteln und Sequenzierungsautomaten deutlich zügiger zu erreichen sei als durch die Konsortiumslabore. Zeitlich fiel die Ansprache Venters mit der Veröffentlichung des neuen Sequenators zusammen, dem ABI Prism 3700. Im Handumdrehen wurde eine große Menge zusätzlicher Absatzmöglichkeiten für den neuen ABI Prism geschaffen. Da dieses Vorgehen eine dreifach positive Auswirkung für PE Biosystems hatte, ist anzunehmen, dass die Förderung von Venters Initiative ein strategischer unternehmerischer Schritt war:

- (1) durch die Konkurrenzeröffnung generierte ABI einen neuen Großkunden (2) durch die Förderung von Forschenden verschafften sie sich Eigentum an Sequenzierungsdaten und (3) durch den Konkurrenzdruck skalierte auch der Forschungsverbund seine Arbeit hoch und ABI konnte eine zusätzliche Menge Sequenatoren verkaufen.

In der Darstellung von Venter und Shreeve heißt es, dass die Akteure bei PE und ABI von den positiven wirtschaftlichen Folgen überrascht worden wären, was fundamental in Zweifel zu ziehen ist. Schließlich hatten die Akteure bei ABI eine sehr aktive Rolle eingenommen, als es darum ging, Kontakt zu Craig Venter aufzunehmen. Venter war seit Juli 1997 ohne Geldgeber und wurde Ende 1997 kontaktiert. Er hatte bereits in seinem NIH-geförderten Labor die Erprobung eines ABI 370 durchgeführt und war den Verantwortlichen bei ABI/PE Biosystems spätestens dadurch bekannt. Im Februar 1998 initiierten Hunkapiller und White die Gespräche mit Venter.⁴⁵⁷ Sie verbanden sich zu einem neuen Team und im Frühjahr 1998 wurde Celera gegründet. Solche millionenschweren Schritte und den damit verbundenen Kauf einer Biotech-Firma tätigt man nicht, ohne entsprechende strategische Ziele damit zu verfolgen. ABI war hauptsächlicher Lieferant der Labore des Konsortiums und streckte die Fühler zudem nach dessen Konkurrenten aus, dessen Konkurrenzgebaren nun mit entsprechender finanzieller Förderung Nachdruck verliehen wurde. Das Konkurrenzverhältnis gewann also durch die Gelder von PE Biosystems an Virulenz und Aktualität und PE Biosystems profitierten wiederum durch die Vergrößerung ihres Absatzes. Ein weiteres Ziel dürfte es gewesen sein, auf diesem Wege potenziell das intellektuelle Eigentum an den erwirtschafteten Sequenzen zu erlangen. Sollte es Venter und Hunkapiller mit dem Team von Celera gelingen, die menschliche Sequenz zuerst zu erlangen, bliebe diese proprietär in ihren Händen und würde nicht umfassend veröffentlicht werden. Auch hier standen mutmaßlich große wirtschaftliche Gewinne in Aussicht. Man erhoffte sich, zügiger an die Sequenzen zu kommen, und die Arbeit des Konsortiums zu überholen.

⁴⁵⁶ Venter 2007, *A Life Decoded*, S.230.

⁴⁵⁷ Shreeve 2005 [2004], *The Genome War*, S. 113.

Sollten jedoch die Labore des internationalen Konsortiums aus der Konkurrenz als Sieger hervorgehen, so würden die Sequenzierungsdaten frei veröffentlicht. Auch in diesem Fall könnte man damit arbeiten und pharmazeutische und biotechnologische Produkte entwickeln, wenngleich ein anfänglicher kompetitiver Vorteil nicht mehr zum Tragen käme. Aus einem Mangel an Quellen ist es an dieser Stelle leider nicht möglich, herauszufinden, welche Variante bevorzugt wurde. Festzuhalten bleibt, dass PE Biosystems für beide Ausgänge bestens gerüstet war. Anstatt sich für eine Strategie im Hinblick auf das intellektuelle Eigentum zu entscheiden und diese zu verfolgen, stellten sie sich so auf, dass in beiden Fällen Profit geschlagen werden konnte. Zudem war es sehr vorteilhaft, dass die von Venter favorisierte Methode des Whole Genome Shotgun Sequencing einer großen Menge an Rechnerleistung bedurfte. Das lag daran, dass im Vorfeld der Sequenzierung weniger Zeit und Energie in die Erstellung von Markern oder Karten investiert wurde – sondern Genome direkt als Ganzes in kleine Stücke zerteilt wurden („shotgunning“), die dann sequenziert werden sollten. Daraus folgte, dass im Nachhinein große Datenmengen ausgelesen und entsprechend mehr Arbeit beim Zusammenfügen der zufällig ausgelesenen Fragmente geleistet werden musste. Auch hier kam die Belieferung mit der notwendigen maschinellen Leistung allen Parteien gelegen.

Miguel García-Sancho setzt sich in seiner Geschichte der Sequenzierungstechnologien nicht mehr im Einzelnen mit Venter, seiner Finanzierung durch ABI und den positiven wirtschaftlichen Folgen für ABI auseinander, da im Fokus seiner Untersuchung eher die Entwicklung der Sequenzierungstechnologien an Proteinen durch Frederick Sanger ab den 1950er Jahren, der schrittweise Übergang zur DNA durch Bart Barrell, Alan Coulson und John Sulston, sowie die Kooperationen zwischen Forschenden der Biologie und der Computerwissenschaften standen. Wenngleich seine Untersuchung zeitlich früher angesiedelt ist, eröffnet sie einige interessante Perspektiven auf die arbeitspraktischen Veränderungen des Forschungsverbundes des HGP, die sich aus der Einführung des neuen ABI Prism 3700 ergeben, sowie auf die „institutional cultures and values“, auf denen etwa die Arbeit von John Sulston gründet.

„The physical map allowed a certain degree of human involvement and control over the HGP, in line with the institutional cultures and values of some members of the consortium, such as Sulston. It permitted the automatically determined sequence to be checked against the assembled DNA fragments of the map.“⁴⁵⁸

García-Sancho arbeitet überzeugend heraus, dass die hohe Wertschätzung menschlicher Arbeit, sowie ein entsprechend größeres Vertrauen gegenüber den menschlichen intellektuellen Fähigkeiten im Vergleich zu einer Maschine, Werte waren, die am LMB stark vertreten waren und gepflegt wurden. Diese Werte übernahm Sulston, als er während seines Post-Docs am LMB sozialisiert wurde.⁴⁵⁹ Ich möchte an dieser Stelle hinzufügen, dass Venter nicht nur von anderen Werten geprägt war, sondern zudem auch ganz andere Maßgaben und Absichten hatte. So musste er nicht die Zusammenarbeit eines großen und international agierenden Verbundes organisieren und koordinieren. Als externer Herausforderer war es für ihn nicht notwendig, eine Herangehensweise zu wählen, die die kooperative Aufteilung der Arbeit besonders gut ermöglichte. Stattdessen konnte er auf große Mengen an Sequenzierungsautomaten

⁴⁵⁸ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, S. 167.

⁴⁵⁹ García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, Kapitel “Mechanisation 2: The Sequencer and the Automation of Sequence Construction (1980-2000)”, S. 115 ff.

zurückgreifen, schließlich hatte er sich mit dem Hersteller derselben zusammengeschlossen. Dementsprechend konnte sein Labor besonders gut eine Methode verfolgen, die eine immense Menge an Rechenleistung benötigte.

An der soeben skizzierten Episode um Celera und PE Biosystems zeigt sich erneut eindrücklich, dass außer-akademische Akteure die internationale Genomforschung als profitable Investitionsmöglichkeit wahrnahmen. Die prägende Einflussnahme auf wissenschaftliche Diskussionen oder Entwicklungen hatte gewissermaßen Tradition; allein im Kontext der vorliegenden Untersuchung wurden folgende unterschiedlich gelagerte Fälle angeführt:

- Forschende, die Unternehmen gegründet hatten, lobbiierten für Großforschungsprojekte, die auf ihren Produkten basieren würden (z.B. Leroy Hood und Walter Gilbert);
- privatwirtschaftliche Unternehmen investierten große Summen in die Forschungsförderung, um die Absatzmärkte ihrer Produkte zu vergrößern oder/und um sich das intellektuelle Eigentum an den Forschungsergebnissen sichern zu können (z.B. Incyte; Human Genome Sciences; PE Biosystems)
- andere Unternehmen oder private Stiftungen, die indirekt von Geldern aus der (pharmazeutischen) Industrie finanziert wurden, nahmen durch Forschungsförderung Einfluss und versuchten, die Patentierungsstrategien ihrer Konkurrenten zu untergraben. Die Bewerbung solcher Unternehmungen basierte dabei ganz deutlich auf der Betonung positiver Werte wie „Offenheit“ und „freie Verfügbarmachung“. (z.B. Merck; Wellcome Trust).

Der Zusammenschluss zwischen Perkin Elmer und ABI zu PE Biosystems führte schlussendlich zu der Konkurrenzöffnung im Mai 1998, die das Konsortium in Aufruhr brachte – der sogenannte „Venterpiller Proposal“, dessen Spitzname sich aus den Nachnamen der beiden Hauptakteure ergibt. Sie kündigten an, das menschliche Genom unter Rückgriff auf das Whole Genome Shotgun Sequencing zu sequenzieren und dabei schneller, kostengünstiger und effizienter vorzugehen als das Konsortium. In Reaktion auf diese Ankündigung passte der Verbund seine wissenschaftlichen Zielsetzungen an und kürzte den verbleibenden Bearbeitungszeitraum. Es wurde festgelegt, dass zunächst eine sog. Entwurfssequenz erstellt werden sollte – also eine vorläufige Sequenz des menschlichen Genoms, die noch nicht dem selbstaufgerlegten Qualitätsstandard entsprach und die unter diesen Gesichtspunkten ein vorläufiger Entwurf war. Im letzten Fünfjahresplan des Projekts wurde angekündigt:

“(...) the combined total of working draft plus finished sequence will cover at least 90% of the genome at an accuracy of at least 99% by the end of 2001.”⁴⁶⁰

Erst daran anschließend sollten die Lücken geschlossen werden und der vormals festgelegte Qualitätsstandard angestrebt werden. Die Fördergelder sollten noch einmal verstärkt zu den größten und leistungsstärksten Genomzentren kanalisiert werden, um das Vorgehen effizienter zu machen. Doch bevor der Fünfjahresplan veröffentlicht wurde, erbrachten Experten in den Forschungsförderungsinstitutionen

⁴⁶⁰ Collins et al. 1998, New Goals for the U.S. Human Genome Project: 1998-2003, S. 684.

Vorschläge, zu denen einflussreiche Stimmen aus Wissenschaft und Privatwirtschaft befragt wurden.⁴⁶¹ Die entworfenen Zielsetzungen wurden denn auch in Cold Spring Harbor diskutiert: dort fand vom 13.-17.05.1998 eine Konferenz statt, auf der sehr ausführlich besprochen wurde, wie die Reaktion auf den Venterpiller-Vorschlag am besten ausfallen solle und wie der restliche Bearbeitungszeitraum zu gestalten sei.

Zugleich war das dortige Auftreten der Führungsriege des Konsortiums extrem sorgfältig durchdacht und gezielt performt. Es wurde öffentlich angekündigt, dass der Wellcome Trust sein finanzielles Aufgebot für die folgenden Jahre verdoppeln würde. Dabei war man in besonderem Maße bemüht, die immense Erhöhung der Fördergelder für das Sanger Center nicht als unmittelbare Reaktion auf Venter und PE Biosystems erscheinen zu lassen. Michael Morgan (Wellcome Trust) war “careful to point out that this decision had been made several weeks ago, although the timing and nature of the press release was certainly a response to the privately funded initiative.”⁴⁶² Auf diese Weise wollte man den Eindruck vermeiden, man sei unter Zugzwang geraten, doch aufgrund des Mangels an Quellen über die internen Diskussionen und Entscheidungsprozesse des Wellcome Trust können dazu leider keine genaueren Aussagen getroffen werden. Sulston schloss argumentativ an einer anderen Stelle an, indem er betonte, dass ein wenig Konkurrenz nicht unbedingt etwas Schlechtes sei – „a bit of competition is no bad thing“.⁴⁶³ Man versuchte, die Entwicklungen in einem positiven Licht erscheinen zu lassen und das Gesagte auf eine positive Weise zu formulieren – man versuchte also, den Entwicklungen Rechnung zu tragen, ohne so zu wirken, als sei der Verbund durch die Konkurrenzeröffnungen unter Zugzwang geraten.

Es birgt nur geringes Überraschungspotenzial, dass Sulston und Waterston die Idee einer vorgezogenen Entwurfssequenz zunächst nicht gut fanden, hatten sie doch in all den Jahren zuvor unerschütterlich dafür argumentiert, dass nur ein vollständiges Endprodukt höchster Qualität wissenschaftlich sinnvoll sei. Durch die Ankündigung einer Entwurfssequenz verstärkte sich ihre Sorge, dass der Konsens innerhalb des Verbunds brüchig werden würde, die Sequenz mit derselben Verpflichtung auf einen hohen Qualitätsstandard fertigzustellen. Auch ihre Fachkollegen Maynard Olson und Phil Green publizierten gegen die vorgezogene Erstellung einer Entwurfssequenz und plädierten für ein „Quality First“ Credo for the Human Genome Project.⁴⁶⁴ Diese Verwerfungen innerhalb des Verbunds zeigten sich insbesondere in einem E-Mail-Austausch zwischen John Sulston und dem neuen Leiter des US-amerikanischen Projektverbunds, Francis Collins, von Ende Oktober 1998. Sulston beklagte sich zunächst über die Änderung des Verbundziels, über mangelnde Kommunikation seitens Collins und über mangelnden Respekt der USA gegenüber dem Sanger Centre als Partner im UK.⁴⁶⁵ Die Stimmung innerhalb des Verbunds nach dem Venterpiller-Proposal war keineswegs konfliktfrei. Man war sich nicht einig, hatte unterschiedliche Positionen im Hinblick auf wissenschaftlich-technologische Fragen bezüglich des

⁴⁶¹ Beschreibung des Vorgehens im zweiten Fünfjahresplan, Collins/Galas 1993, New Five-Year Plan, S. 683.

⁴⁶² Wellcome Collection, PP/SUL/B/2/3/3 GrovsMay98 (3 Files), E-Mail von Mark Patterson (Elsevier) an Michael Morgan mit einem Entwurf eines Tagungsberichts, 19.05.1998.

⁴⁶³ PP/SUL/B/2/3/3, Entwurf eines Tagungsberichtes, 19.05.1998.

⁴⁶⁴ Olson, Maynard und Green, Phil: A „Quality First“ Credo for the Human Genome Project. In: Genome Research Vol. 8 (1998), S. 414-415.

⁴⁶⁵ Wellcome Collection PP/SUL/B/2/3/5 Washington December 1998, E-Mail von Sulston an Francis Collins, 27.10.1998 (im CC. alle führenden Kollegen und Beamte), Antwort kam am 28.10.1998.

Umgangs mit intellektuellem Eigentum und der wirtschaftlichen Verwertung der Ergebnisse. Die beschleunigte Endphase des Projektes verstärkte den Druck nur noch.

Die Vorwürfe in Sulstons E-Mail an Collins waren schwerwiegend, insbesondere, da er Collins daran erinnerte, dass “Its [the UK’s, Anm. MS] contribution is being made for the good of all, not for commercial gain” – man bemerke die Argumentation unter Rückgriff auf das Gute an sich.⁴⁶⁶ Wir können uns durchaus vorstellen, dass die beteiligten Wissenschaftler:innen und vielleicht gar die Treuhänder des Trusts dies auch wirklich glaubten. Nachdem es für die gegenwärtige Wissenschaftsgeschichte jedoch leider keine Möglichkeit gibt, den inneren Arbeitsweisen des Wellcome Trust nachzuforschen, kann an dieser Stelle leider nicht untersucht werden, inwieweit verschiedene Anteilseigner vom Trust von dem direkten Zugriff auf die Sequenzierungsdaten profitierten – oder eben nicht. Sulstons E-Mail endet mit den Worten “With all good wishes for the future of science”. An beiden zitierten Aussagen können wir wieder das Stilmittel der moralischen Umwandlung sehen – die angesprochenen Inhalte werden durch Sulston auf der rhetorischen Ebene so überhöht, dass nicht mehr nur die Zusage zum Large-Scale Sequencing, sondern gar die Zukunft der Wissenschaften auf dem Spiel stand. Für Collins als Direktor dieser Initiative bedeutete diese Meinungsverschiedenheit, dass er den leistungsstärksten internationalen Partner des USA HGP wieder einfangen und versöhnen musste. Denn auf die Leistungen des Sanger Centres – mit Hilfe der Millionen des Wellcome Trust – war man angewiesen. Dementsprechend versöhnlich fielen Collins’ Antworten aus; Sulstons Vorwürfe zogen Klärungsversuche auf schriftlichen und auf telefonischem Wege nach sich.

Die ganze Angelegenheit schien allerdings ebenso zügig wieder vorbei zu sein, geblieben war nur ein grundsätzliches Misstrauen bei John Sulston und seinen engeren Kollegen, ob die Verpflichtung Collins’ auf das High Quality Map-Based Large-Scale Sequencing wirklich unumstößlich sei und ob seine Haltung dabei verlässlich genug sei. Im Oktober 1999 beispielsweise wurde dieses Gefühl in einer internen E-Mail artikuliert, die Mitglieder des Board of Management des Sanger Centres untereinander versendeten:

“Final thought: if Bob [Waterston, Anm. MS] is feeling bullish, then we must all be able to feel the same and stick to our position. Shame if Francis [Collins, Anm. MS] can’t feel the same.”⁴⁶⁷

Dass Collins’ Verpflichtung auf das High Quality Map-Based Large-Scale Sequencing von einigen Forschenden als brüchig wahrgenommen wurde, nimmt aufgrund seiner wissenschaftlichen Herkunft aus der Humangenetik nicht wunder. Seine Versuche, die unterschiedlichen Stimmen in dem von ihm geleiteten Projektverbund miteinander zu versöhnen, wurden als Herumlavieren wahrgenommen – wenngleich es eine Notwendigkeit in seiner Führungsrolle darstellte.

⁴⁶⁶ “The pointed omission of Michael Morgan from all the correspondence also makes sense, since you were breaking the bargain you had made with him in the summer to divide up the genome fairly.” Oder “Now, the UK economy is a lot smaller than that of the US, so its share of funding for the human genome (charitable or otherwise) is proportionately more costly. Its contribution is being made for the good of all, not for commercial gain.”

⁴⁶⁷ Wellcome Collection PP/SUL/B/2/3/7 Celera Fuss, Interne E-Mails des Board of Managers des Sanger Centres, anlässlich einer bevorstehenden Verhandlung mit Celera. David Bentley an John Sulston, Jane Rogers, et al.; 03.10.1999.

Im Nachgang der Konferenz, im Oktober 1998, erschien der dritte Fünfjahresplan für den internationalen Verbund unter US-amerikanischer Führung in der Zeitschrift *Science*. Darin findet sich auf jeden Fall eine Betonung der Verpflichtung auf High Quality Map-Based Large-Scale Sequencing:

“While partial subsets of the DNA sequence, such as expressed sequence tags (ESTs), have proven enormously valuable, experience with simpler organisms confirms that there can be no substitute for the complete genome sequence.”⁴⁶⁸

Die hier vertretene wissenschaftliche Position entspricht der von Sulston und Waterston. Sie ergibt sich aus der molekulargenetischen Forschung an Modellorganismen. Die Zusicherung, diese wissenschaftliche Position auch weiter zu verfolgen, erfolgte zu einer Zeit, da das Interesse an zügiger Genidentifikation und nicht-vollständiger Kartierung und Sequenzierung an Bedeutung gewonnen hatte.

Die permanente, und von Sulston und Waterston selbst vorangetriebene Erhöhung der Geschwindigkeit sowie die immens erhöhten Fördergelder waren Argumente für das Large-Scale Sequencing, da sie geeignet waren, die Argumente von Venter und Konsorten anzufechten. Ein Konkurrent, der betont, dass das Genom mit seiner Methode besser und schneller sequenziert werden könnte, stellte keine sonderlich große Bedrohung dar, wenn auch die eigenen Bestrebungen beschleunigt forschreiten könnten. Und so kündigten die Labore des Konsortiums gerne an:

“Recent technological developments and experience with large-scale sequencing provide increasing confidence that it will be possible to complete an accurate, high-quality sequence of the human genome by the end of 2003, 2 years sooner than previously predicted. NIH and DOE expect to contribute 60 to 70% of this sequence, with the remainder coming from the effort at the Sanger Centre, funded by the Wellcome Trust, and other international partners.”⁴⁶⁹

Die Zielsetzungen des Projektverbunds passten sich im Zuge der Konkurrenz also an: vorgezogener Entwurf und Projektabschluss zwei Jahre früher. Ein Befund des ersten Teils meiner Untersuchung war es, dass die Forschungsförderungsinstitutionen eine Konkurrenz zwischen den verschiedenen Forschungsgruppen eröffneten und als Tertius Gaudens die Früchte ihrer beschleunigten Arbeit ernten wollten. Diese Methodenidentifikation durch Konkurrenz war von Anfang an geplant, ebenso wie die stets erneut erfolgende Evaluation aller beteiligten Labore, die Identifikation geeigneter Sequenzierungszentren und das Streamlining der Gelder. Der zweite Teil der vorliegenden Untersuchung vervollständigte dieses Bild: auf den vergangenen Seiten zeigte sich, dass diese Prozesse der Beschleunigung und des Streamlinings dezidiert vorangetrieben wurden von denjenigen, denen es am meisten nützte: Sulston und Waterston als Direktoren großer Forschungseinrichtungen, zudem Eric Lander (Whitehead Institute) als ab 1998 neu hinzutretender Kooperationspartner.

Spezifisch Venters Unternehmungen wurden in verschiedenen Bereichen als Steigbügel verwendet: Wettkämpfe bestanden schlussendlich bei der cDNA-/EST-Arbeit an *C. elegans* und am Menschen durch

⁴⁶⁸ Collins et al. 1998, New Goals for the U.S. Human Genome Project: 1998-2003, S. 682.

⁴⁶⁹ Collins et al. 1998, New Goals for the U.S. Human Genome Project: 1998-2003, S. 683.

Sulston/Waterston, bei den SNPs durch das Konsortium und bei der Sequenz des menschlichen Genoms durch den Wellcome Trust.⁴⁷⁰ Im Laufe dieser Konkurrenzepisoden gelang es Sulston und Waterston vermehrt, für die Erhöhung ihrer Fördergelder und die Hochskalierung ihrer Arbeit zu argumentieren. Neben dem Konkurrenzdruck von außen konnten sie als Argument immer anführen, dass die Sequenz für sich genommen all diese Beschleunigungen bereits rechtfertigen würde: "It wasn't just that we could get going on the human sequence; Bob and I both felt strongly that it needed to be done."⁴⁷¹

Die Frage der unterschiedlichen Methoden beschäftigte die Wissenschaftler:innen für die restliche Laufzeit des Projekts und nahm immer wieder eine zentrale Rolle im wissenschaftsöffentlichen Diskurs ein. Es wurde vermehrt darauf reflektiert, welche der möglichen Methoden am besten für die Organisation der Zusammenarbeit im Verbund geeignet sei – Sulston und Waterston vertraten hier eine eindeutige Position. 1998 veröffentlichten die Laborgruppen des Sanger Centre und des Washington University Genome Sequencing Center einen gemeinsamen Artikel in der Zeitschrift *Genome Research*, in dem sie ihr laufendes Projekt zur Sequenzierung des menschlichen Genoms schildern und einige Zwischenstände veröffentlichen. Darin bezogen sie auch Stellung zur Frage der Arbeitsteilung im Konsortium. Veröffentlichungen, die sich mit übergeordneten Fragestellungen und den Kontexten von Projekten befassten (und nicht etwa mit der Beschreibung einer Projektkomponente oder einer verwendeten Methode) befassten, waren oft mit Argumentationen oder „editorial comments“⁴⁷² versehen. Der Artikel, aus dem ich sogleich zitieren werde, stellt übrigens einen besonderen Fall dar: im Titel treten das Sanger Centre und das Washington University Genome Sequencing Centre als Autoren auf, und nicht etwa Namen von Wissenschaftler:innen oder Konsortien. Dieser Artikel ist die einzige Instanz, bei der diese Herangehensweise gewählt wurde, sie wurde danach nicht mehr verfolgt.

In diesem Artikel wurden die Ergebnisse einer internationalen Diskussion resümiert:

"The consensus was to proceed on chromosome-by-chromosome basis, and to ensure optimal coordination of all large and small groups worldwide by positioning all the efforts on a publicly available map."⁴⁷³

Die Erfahrungen aus der physischen Kartierung und Sequenzierung von *C. elegans* hatten den Forschenden gezeigt, dass die Sequenzierung auf Basis einer Karte sehr gut funktionierte – das war ihre Forschungstrajektorie gewesen und darin sahen sie auch für die Sequenzierung des Menschen das

⁴⁷⁰ Eine wissenschaftliche Konkurrenz zwischen dem Konsortium und Celera bestand auch bei der Erstellung einer Karte durch SNPs (einem Typus Marker, bestehend aus Single Nucleotide Polymorphisms). Die International SNP Map Working Group bestand aus den Cold Spring Harbor Laboratories; dem National Center for Biotechnology Information; dem Sanger Centre; dem Genome Sequencing Center der Washington University und dem Whitehead/MIT Center for Genome Research. Vgl. Shreeve 2005 [2004], *The Genome War* S. 212 f. sowie The International SNP Map Working Group: A Map of Human Genome Sequence Variation Containing 1.42 Million Single Nucleotide Polymorphisms. In: *Nature* Vol. 409 (2001), No. 6822, S. 928-933.

⁴⁷¹ Sulston/Ferry 2002, *Common Thread*, S. 119.

⁴⁷² PP/SUL/B/2/1/1, E-Mail von Waterston an Sulston, 20.10.1994.

⁴⁷³ The Sanger Centre and The Washington University Genome Sequencing Center: Toward a Complete Human Genome Sequence. In: *Genome Research* Vol. 8 (1998), No. 11, S. 1097-1108, S. 1097.

Erfolgsrezept. Da davon aber nicht alle überzeugt waren, argumentierten sie gesondert dafür, und dies verbanden sie mit Argumenten gegen die alternativen Strategien, die zu diesem Zeitpunkt virulent waren:

“This general approach has two advantages over other methods such as whole-genome shotgun (Weber and Myers 1997; Venter et al. 1998) or end-sequencing BAC clones followed by walking (Venter et al. 1996). Neither of the latter approaches can be coordinated efficiently to minimize overlap between collaborating groups, nor do they make use of all the available map information that helps verify order and clone fidelity.”⁴⁷⁴

Das betraf also beide alternativen Strategien, die von Venter verfolgt wurden. Zum einen wurde dezidiert als Argument angeführt, dass diese nicht so gut geeignet seien, eine koordinierte Aufteilung der Sequenzierungsarbeit zwischen den kooperierenden Laboren sicherzustellen. Zum anderen aber war ein Kritikpunkt, dass beim Whole Genome Shotgun Sequencing oder beim BAC End-Sequencing nicht alle gesammelten Informationen über das Genom inklusive der Kartierungsergebnisse verwendet oder integriert würden.⁴⁷⁵

Nachdem Venter et al. jedoch nicht wie Sulston und Waterston von der langjährigen Arbeit an *einem* Modellorganismus ausgegangen waren und dabei unterschiedliche, sich auseinander entwickelnde, Kartierungsprojekte durchgeführt hatten, waren sie nicht in Besitz einer solchen breiten Informationsbasis. Anders war das bei Sulston und Waterston, die auf die Ergebnisse der gesammelten Fadenwurmprojekte zurückgreifen konnten, die zudem digitalisiert und frei verfügbar in Datenbanken gesammelt wurden. Durch diesen historisch gewachsenen Informationsschatz war es ihnen schlicht möglich, anders zu planen und vorzugehen. Weiter argumentieren sie, dass die Koordination unter den Gruppen des Konsortiums, die durch die Existenz von Genomkarten möglich gemacht wurde, die unnötige Dopplung von Arbeit minimieren würde:

“The contribution of all groups is additive. Wasteful duplication has been minimized by good coordination of all ongoing efforts, organized relative to a consensus framework map and displayed in the HGSI.”⁴⁷⁶

Argumentationen wie diese sind als Begründungen *ex post* zu lesen. Man gründete die Organisation der Zusammenarbeit auf die Genomkarten, da sie bereits existierten – und weil die Organisation der Zusammenarbeit in dieser Form möglich war, verwendeten sie sie als Argument für ihre Herangehensweise. Den Abschluss fand ihre Argumentation mit der großzügigen Konzession: “Nevertheless, the data produced from such efforts, if released into the public domain, will be synergistic with clone-based approaches.”⁴⁷⁷

⁴⁷⁴ SC/WASHU 1998, Toward a Complete Human Genome Sequence, S. 1099-1100.

⁴⁷⁵ Aufgrund meiner anders gelagerten fachlichen Ausbildung kann ich Argumentationen wie diesen leider nicht *en detail* nachspüren.

⁴⁷⁶ SC/WASHU 1998, Toward a Complete Human Genome Sequence, S. 1103.

⁴⁷⁷ SC/WASHU 1998, Toward a Complete Human Genome Sequence, S. 1099-1100.

In beiden zitierten Ausschnitten zeigt sich die Bedeutung einer bestimmten rhetorischen Strategie: abweichende Herangehensweisen werden betont nicht als konkurrierend dargestellt, sondern als ergänzend. Durch die Verwendung von Begriffen wie „additive“, „complementary“ oder „synergistic“ wollten Sulston und Waterston zur Beendigung oder Einhegung von Konkurrenzsituationen beitragen, indem sie der Verfestigung einer negativen Interdependenz entgegenwirkten (vgl. Kapitel 3). Auch bei der Konzeption der US-amerikanischen Genominitiative hatte man sich einer solchen rhetorischen Einhegung von Konkurrenzverhältnissen oder konfligierenden Interessen durch die Betonung von Komplementarität und Synergie bedient. Das HGP als konzertierte Initiative vereinte sowohl bestehende als auch neue Projekte unter einem Dach und auch die Interessen von verschiedenen Forschungsförderungsinstitutionen mussten miteinander versöhnt werden. Insbesondere die beiden großen US-amerikanischen Forschungsförderungsinstitutionen im Bereich der Genomforschung, die NIH und das Department of Energy, konkurrierten um die Rolle einer „lead agency“. Ihre schlussendliche Zusammenarbeit kam auch deshalb zustande, weil Akteure beider Institutionen öffentlich und verbindlich ihre Tätigkeit und ihre Expertise als „complementary rather than competitive and duplicative“⁴⁷⁸ bezeichneten. Auf diese Weise kam ein kohärentes und integriertes Bild von der Förderungslandschaft zustande und aus einer negativen Interdependenz wurde eine Interessenskonvergenz.

Die Labore des Verbunds rangen also darum, die Konkurrenz zu beenden, und zwar möglichst, während sie noch die Oberhand hatten. Auf wissenschaftlicher Ebene taten die Labore des Konsortiums bereits alles, ihre Konkurrenz zu überholen und möglichst schnell eine möglichst hochwertige Sequenz zu erstellen. Zusätzlich erhöhten sie die Anzahl der verwendeten Maschinen und auch das führte letztlich dazu, dass PE Biosystems massiv profitierte. Auf der argumentativen Ebene versuchten die Konsortiumslabore nachzuweisen, dass ihre Methode besser geeignet und ihre Arbeit von höherer Qualität sei. Sie verfolgten also genau diejenige Strategie, die bei der cDNA / ESTs - Konkurrenz an *C. elegans* zum Erfolg geführt hatte. Genau wie in dieser früheren Phase der Konkurrenz strebten sie die Eröffnung von Gesprächen mit der Konkurrenzpartei an, um eine Versöhnung von Interessen, eine Beendigung der Konkurrenz oder gar eine Kooperation zu erreichen. Zwischen Oktober und November 1999 nahmen beide Parteien Maß und es gab Versuche, sich einander anzunähern, beziehungsweise die Bedingungen auszuloten, unter denen dies möglich wäre. Es fanden Konferenztelefone statt und es wurden Papiere mit den möglichen Herangehensweisen und den zu bedenkenden Inhalten entworfen und gemeinsam bearbeitet.⁴⁷⁹ So berichtete Waterston am 02.10.1999 vom Besuch eines Abgesandten aus dem Umfeld von Celera und PE Biosystems.⁴⁸⁰ Waterston und Sulston überlegten daraufhin, was die Motivation für Celeras Abklopfen sein könnte. Auf die Sequenzierungsdaten des Verbunds könnten sie auch ohne gesonderte Kooperationsvereinbarung zugreifen, da diese ja gemeinfrei verfügbar waren. Die Diskussion fand via internem E-Mail-Verkehr statt, so dass neben Sulston und Waterston auch das Board of Management des Sanger Centres auf der Verteilerliste war. Jane Rogers und David Bentley mutmaßten, dass Vinters Vorgehen darauf abzielte „to try to regain a position of domination – so he can use his PR

⁴⁷⁸ OTA 1988, Genome Projects, S. 12; oder auch: „We are complementary, not competing.“ Charles DeLisi (DoE), zitiert nach Roberts, Leslie: Agencies Vie over Human Genome Project. In: Science Vol. 237 (1987), No. 4814, S. 486-488, S. 487.

⁴⁷⁹ Vgl. etwa Wellcome Collection PP/SUL/B/2/3/7 Celera Fuss, Sammel-E-Mail unter den Mitgliedern der Labore des Konsortiums und den Administrator:innen der Forschungsförderungsinstitutionen, 24.11.1999.

⁴⁸⁰ Wellcome Collection PP/SUL/B/2/3/7 Celera Fuss, E-Mail von Waterston an Sulston, 02.10.1999.

machine to say that the public domain, even with all its accelerated draft, still couldn't do it without him because we "had to" strike a deal with him."⁴⁸¹

Pressekonferenz im Weißen Haus

Die scharfe Konkurrenz der letzten Jahre fand ihren vorläufigen Abschluss am 26. Juni 2000, als die US-amerikanischen Wissenschaftler Craig Venter und Francis Collins in einem gemeinsamen Auftritt im Weißen Haus verkündeten, dass ein erster Entwurf der DNA-Sequenz des gesamten menschlichen Genoms vorläge. Das Humangenomprojekt, das rund 10 Jahre zuvor in Form eines internationalen Forschungsverbundes sowie mehrerer nationaler Initiativen angelaufen war, sei somit zu einem ersten Abschluss gebracht worden. Die Pressekonferenz wurde vom Präsidenten der USA Bill Clinton und dem per Telekommunikation hinzu geschalteten britischen Premier Tony Blair geleitet – und sie war sorgfältig inszeniert.⁴⁸² Weshalb wurde der Abschluss eines internationalen naturwissenschaftlich-technologischen Großforschungsprojekts durch zwei der wichtigsten Politiker der Welt verkündet? Und weshalb geschah dies, bevor der öffentliche Forschungsverbund seine selbst auferlegten Qualitätsstandards in Bezug auf die Vollständigkeit der Sequenz erreicht hatte?

Die Pressekonferenz ist als künstlich vorgezogenes Ende für die intensive Konkurrenz zwischen dem Verbund und Venter, die nicht mehr auf der inhaltlichen Ebene entschieden werden konnte, zu deuten. Das lag womöglich daran, dass die Fachkolleg:innen untereinander uneins waren, aber es existierte zudem keine Instanz, die von beiden Parteien als Dritter anerkannt worden wäre und die mit ihrer Entscheidung legitimerweise die Konkurrenz beschließen hätte können. In den beiden vorherigen Kapiteln wurde gezeigt, dass sowohl Venter und TIGR/Celera als auch Forschende des internationalen Konsortiums vom Bestehen der intensiven Konkurrenz profitierten. Venter benötigte aufgrund seiner auf Investorengegelder abzielenden Vorgehensweise die stete Konkurrenz, um die Öffentlichkeit und damit potenzielle Geldgeber auf sich aufmerksam zu machen. Die Forschenden des Konsortiums wiederum konnten durch den externen Konkurrenzdruck immer wieder erhöhte Gelder bei ihren Geldgebern einwerben, die Entwicklungen beschleunigen und den eigenen Einfluss im Verbund ausbauen. Wir erinnern uns: bei der cDNA-EST-Konkurrenz an *C. elegans* gelang es Sulston und Waterston zunächst, Venters Herausforderungen auf der wissenschaftlichen Ebene abzuwehren. Auf der wissenschaftlichen Ebene wäre es möglich gewesen, das Projekt auch jetzt ganz normal zu Ende zu bringen.

Doch das hätte dem steten Konkurrenzgebaren von Craig Venter keinen Abbruch getan. Die Akteure konnten nicht abschätzen, welche Auswirkungen Venters lautstarke Gegnerschaft haben würde. Seine Kritik an der Schwerfälligkeit der Regierungsinitiative und sein Ruf nach mehr Beteiligung privatwirtschaftlicher Partner fielen gerade in den USA auf fruchtbaren Boden. Die beschleunigenden Effekte der Konkurrenz brachten einige Beobachter dazu, sich wohlwollend gegenüber der privatwirtschaftlichen Konkurrenz zu positionieren und es wurde befürchtet, dass Venters

⁴⁸¹ Wellcome Collection PP/SUL/B/2/3/7 Celera Fuss, E-Mail von Bentley an Board of Management des Sanger Centres, 03.10.1999.

⁴⁸² National Human Genome Research Institute: Draft of the Human Genome Sequence Announcement at the White House (2000), <https://www.youtube.com/watch?v=sIRyGLmt3qc>, 29.08.2012, zuletzt aufgerufen am: 31.01.2018.

Unternehmungen dem öffentlichen Verbund das Wasser abgraben könnten und in der Folge die Unterstützung des USA HGP durch den Kongress und die Öffentlichkeit in gefährlichem Maße schwinden würden. Die Beendigung der Konkurrenz sollte das Eintreten dieser Befürchtungen verhindern und zugleich wollte man sich auf diese Weise seines langjährigen Konkurrenten entledigen: der Verbund wollte die Konkurrenz beenden, solange es noch möglich war, sie als Sieger zu verlassen, und der Zusammenschluss in einer irgendwie ausgeprägten Kooperation würde die Situation deutlich befrieden.

In einem anonymen Artikel in Nature wurde über Gründe für die Pressekonferenz und die vorgezogene Publikation der Entwürfe gemutmaßt:

„Even the scientifically useful ‘draft’ is still incomplete by previously suggested definitions. But there has been increasing pressure on both projects to deliver something that their private or public investors – not to mention the media – could celebrate. [...] Above all, the bickering needed to be stopped.“⁴⁸³

Die Pressekonferenz im Weißen Haus sollte also nun ein vorgezogenes Ende herbeiführen. Hierfür war die Beendigung der Konkurrenz sicherlich einer der Faktoren. Vormals war die Beschleunigungsdynamik noch eigenhändig von Sulston und Waterston angefacht wurden, nun jedoch ergriffen die leitenden Wissenschaftler des Verbunds die Gelegenheit, sich der Dynamik zu entledigen und die „bestehenden Lücken mit mehr Ruhe und Sorgfalt“ ausfüllen zu können, „als der Zeitdruck bis dahin erlaubte.“⁴⁸⁴

Wissenschaftsintern existierte kein Akteur, der von allen Parteien als Dritter akzeptiert wurde. In der Politik höchsten Kalibers wurde ein Dritter gesucht, der von beiden Parteien akzeptiert werden *musste*. Weder die NIH noch der Wellcome Trust, noch Perkin Elmer oder Merck hätten öffentlichkeitswirksam dieselbe Überzeugungskraft an den Tag legen können, wie der Präsident der Vereinigten Staaten von Amerika und der Premier des UK. Bill Clinton und Tony Blair entschieden demnach auch nicht auf der wissenschaftlichen oder auf der finanziell-administrativen Ebene, welche Partei die Konkurrenz gewonnen habe. Eher verkündeten sie einen Gleichstand, sie versuchten das Projekt zu einem vorläufigen Ende zu bringen und zwischen beiden Parteien zu vermitteln. In der Inszenierung wurden leichte Hinweise darauf gestreut, dass der öffentliche Forschungsverbund bevorzugt behandelt wurde: etwa durfte Francis Collins zuerst einlaufen und wurde zuerst von Clinton begrüßt. Dabei wechselten sie einige Worte, wogegen die Begrüßung von Venter kürzer und weniger jovial ausfiel. Doch prinzipiell ging es darum, beide Seiten gesichtswahrend und nebeneinander auftreten zu lassen. Denn auch die außerakademischen Geldgeber sollten gewürdigt werden – es wurde ja herausgearbeitet, welch große Relevanz die Querfinanzierung naturwissenschaftlicher Forschung zu diesem Zeitraum längst spielte.

Auf der rhetorischen Ebene fokussierte sich die Presseerklärung auf die Betonung von globaler Kooperation, um der intensiven Dramaturgie der Konkurrenz etwas entgegenzusetzen. Tony Blair strich den globalen Charakter des HGP heraus, und betonte seinen Nutzen für die gesamte Menschheit:

⁴⁸³ N.N.: Human Genome Projects: Work in Progress, Nature Vol. 405 (2000), No. 6790, S. 981.

⁴⁸⁴ Nickelsen 2014, Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften, S. 374.

“(...) As befits an undertaking that can benefit the whole of humankind, this project has also brought together the best of the global scientific community. Many of the giants of our generation have been involved. Nobel prize-winners, like Fred Sanger and Max Perutz, who are here with me today, thank you for all that you have done. Scientists from Japan and Germany, France, China, and around the world have been involved, as well as the United Kingdom and the United States. (...) In particular, I would like to single out the Wellcome Trust, without whose vision and foresight, Britain's 30-percent contribution to the overall result would not have been possible.”⁴⁸⁵

Doch die Rede von einem internationalen Forschungsprojekt für die ganze Menschheit diente ihm vordergründig als Sprungbrett für die Nennung herausragender Wissenschaftler, Fred Sanger und Max Perutz – die allesamt in Großbritannien gewirkt hatten. Ebenso betont er die Mitarbeit vieler Wissenschaftler:innen verschiedener Nationen, um im nächsten Atemzug dem Wellcome Trust besonderes Lob zuteilwerden lassen: einer britischen Stiftung, finanziert aus den Mitteln eines pharmazeutischen Unternehmens, die den Großteil des britischen Beitrags zum HGP gefördert hatte. Das Humangenomprojekt ist als internationales und kooperatives Projekt zu verstehen – und dennoch wurden besondere Leistungen, Akteure und Institutionen als Exponenten ihres jeweiligen Nationalstaats begriffen.

Parallele Publikation der Entwürfe

Die Pressekonferenz im Weißen Haus bespielte die öffentliche internationale Wahrnehmung der Genominitiative zur Sequenzierung des menschlichen Genoms. Das vorgezogene Ende des Projekts schlug sich dann aber auch in der Publikation von Entwurfssequenzen nieder. 2001 wurden zwei Artikel mit Entwürfen der Sequenz des gesamten menschlichen Genoms veröffentlicht. Craig Venter und seine Kolleg:innen von Celera veröffentlichten in der Zeitschrift *Science* unter der namentlichen Nennung aller Beitragenden. Das internationale Forschungskonsortium hingegen trat bei seiner Publikation in der Zeitschrift *Nature* als Kollektivautor auf, im Titularium wurde The International Human Genome Sequencing Consortium als Kollektivautor aufgeführt und dem Artikel war ursprünglich eine Liste der beteiligten Labore beigelegt, die nach der Größe ihres Beitrags (“total genomic sequence contributed”) geordnet sind.⁴⁸⁶

Angeführt wird diese Rangliste vom Whitehead Institute for Biomedical Research unter der Leitung Eric Landers, der übrigens von Joe Biden zu Beginn seiner Amtszeit zum Science Advisor des Weißen Hauses ernannt wurde.⁴⁸⁷ An zweiter und dritter Stelle stehen das Sanger Centre (heute: Sanger Institute) aus UK unter der Leitung John Sulstons und das Washington University Genome Sequencing Center unter der Leitung Robert Waterstons. Erst an vierter Stelle steht das Joint Genome Institute des Department of Energy in Walnut Creek (USA) und an fünfter Stelle das Baylor College of Medicine in Houston (USA). Diese

⁴⁸⁵ Tony Blairs Redebeitrag: National Human Genome Research Institute: Draft of the Human Genome Sequence Announcement at the White House (2000), <https://www.youtube.com/watch?v=sIRyGLmt3qc>, 29.08.2012, zuletzt aufgerufen am: 31.01.2018.

⁴⁸⁶ The International Human Genome Sequencing Consortium: Initial Sequencing and Analysis of the Human Genome. In: *Nature* Vol. 409 (2001), No. 6822, S. 860-921, S. 861.

⁴⁸⁷ Mervis, Jeffrey und Kaiser, Jocelyn: Biden Appoints Geneticist Eric Lander as Science Adviser. In: *Science Online*, 15.01.2021, online verfügbar unter: <https://www.sciencemag.org/news/2021/01/biden-appoints-geneticist-eric-lander-science-advisor>, zuletzt aufgerufen am 23.04.2021.

fünf Institute trugen den Spitznamen "G5" (Great Five), die als leistungsstärkste Beitragende das internationale Forschungskonsortium anführten.⁴⁸⁸ Während durchaus noch andere Labore aus USA, UK und anderen Ländern beteiligt waren, so wurde dennoch ein Großteil der Sequenzierungsarbeit durch diese großen Zentren durchgeführt. Die Reihung nach der Größe des Beitrags war nicht nur für die Publikation durchgeführt worden, sondern es war auch abseits davon Sitte, die Leistungen der jeweiligen Forschungsteams zu quantifizieren und miteinander zu vergleichen.⁴⁸⁹

Die parallele Publikation und die Pressekonferenz sollten die intensive Konkurrenz also einfangen und beenden. Davon unberührt versuchten die Wissenschaftler weiterhin, Venter auf der wissenschaftlichen und argumentativen Ebene zu widerlegen. In den darauffolgenden Jahren publizierten die Direktoren der drei größten Labore (Lander, Sulston und Waterston) zwei gemeinsame Artikel, in denen sie nicht nur erneut für ihre Herangehensweise argumentierten, sondern auch Argumente gegen die Methode von Craig Venter und deren Gelingen anführten. Dabei wiesen sie dezidiert darauf hin, dass Venters Ergebnisse nur möglich gewesen seien, da er auf die frei verfügbaren Daten des Verbunds zugreifen konnte. Sie argumentierten, dass Celeras Veröffentlichungen keine tragfähige Überprüfung des Whole Genome Shotgun Sequencing darstellten:

„In the Celera paper, the authors did not analyze their own WGS data. Instead, they decomposed the HGP's assembled sequence into a “perfect tiling path”, combined it with their WGS data, and assembled the merged data set.”⁴⁹⁰

Für ihren Konkurrenten stellte die freie Verfügbarmachung der Daten also einen Vorteil dar: unter Rückgriff auf die Sequenzierungsdaten des Verbundes konnte Venter seine WGS-Daten relativ einfach aneinanderfügen. Venter ist demnach als Trittbrettfahrer des Verbunds einzuordnen.⁴⁹¹ Die Autoren des Artikels ließen die Frage offen, ob die Methode des Whole Genome Shotgun Sequencing prinzipiell geeignet gewesen wäre, das menschliche Genom zu sequenzieren. Die Forschenden des Konsortiums hatten in den Jahren zuvor bereits ablehnende Positionen bezogen⁴⁹²; Sulston, Waterston und Lander ließen nur noch verlauten, dass „the article was not a meaningful application of the approach.“⁴⁹³

⁴⁸⁸ N.N.: Who was involved in the Human Genome Project? Online verfügbar unter: <https://www.yourgenome.org/stories/who-was-involved-in-the-human-genome-project>, 13.06.2016, zuletzt aufgerufen am: 29.06.2020.

⁴⁸⁹ Sequencing Consortium 2001, Initial Sequencing and Analysis, S. 861.

⁴⁹⁰ Waterston, Robert; Lander, Eric und Sulston, John: On the Sequencing of the Human Genome. In: Proceedings of the National Academy of Sciences Vol. 99 (2002), No. 6, S. 3712-3716, S. 3712.

⁴⁹¹ Nickelsen 2014, Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften, S. 372 ff.

⁴⁹² Vorgeschlagen wurde die Methode in: Weber, James L. und Myers, Eugene W.: Human Whole-Genome Shotgun Sequencing. In: Genome Research Vol. 7 (1997), S. 401-409; dagegen wurde in derselben Ausgabe argumentiert: Green, Philip: Against a Whole-Genome Shotgun. In: Genome Research Vol. 7 (1997), S. 410-417; oder einige Jahre später: Olson, Maynard: Clone by Clone by Clone. In: Nature Vol. 409 (2001), No. 6822, S. 816-818.

⁴⁹³ Waterston, Robert; Lander Eric und Sulston, John: More on the Sequencing of the Human Genome. In: Proceedings of the National Academy of Sciences Vol. 100 (2003), No. 6, S. 3022-3024, S. 3022.

4 Fazit

In den beiden vorangegangenen Kapitel wurde gezeigt, dass Venter bereits zu Beginn des Humangenomprojekts in den USA öffentlich dafür eintrat, dass es bessere Alternativen zu denjenigen Methoden gebe, auf die man sich im Forschungsverbund geeinigt hatte. Gegenüber dem Large-Scale Sequencing vertrat Venter die Arbeit mit Expressed Sequence Tags und in einer späteren Projektphase brachte er das Whole Genome Shotgun Sequencing in Stellung gegen das Credo „map first, sequence later“. Die Konkurrenzeröffnungen sind im Kontext seiner beruflichen Biografie zu lesen: er strebte nach Profilierung in Abgrenzung zum Verbund, um sich ein eigenständiges wissenschaftliches Profil zu schaffen und Gelder dafür zu erhalten.⁴⁹⁴ Bei der Bewilligungsrounde zum Ende der dreijährigen Pilotphase des USA HGP bekam Venter keine Förderung zugesagt, weshalb er sich an andere Anlaufstellen wandte und zu unterschiedlichen Zeitpunkten unterschiedliche Geldgeber fand, die sich für die Sequenzierung von Genomen interessierten und seine Forschung förderten. Wenngleich dies privatwirtschaftliche Investoren und Unternehmen waren, so blieb er dennoch im Umfeld des US-amerikanischen HGP aktiv und positionierte sich bei seinen öffentlichen Auftritten stets als direkter Konkurrent.

Die dramatische Geschichte von der sich immer weiter beschleunigenden und verselbstständigenden Konkurrenz ab 1998 ist zwar ein Narrativ mit großer Anziehungskraft – aber diese spätere Episode stellt einen atypischen und seltenen Fall dar. Viel häufiger sind normale wissenschaftliche Konkurrenzen und eine solche konnte ich in der Frühphase der Konkurrenz mit Venter identifizieren. Es war erhellend, zu untersuchen, wie sie zustande kam und ablief, *bevor* sie unter den Augen der Öffentlichkeit eskalierte. In einigen Punkten entsprach Venters Herangehensweise durchaus den gängigen Handlungsmustern: durch Pilotprojekte an Modellorganismen sollten erste Schneisen ins Dickicht geschlagen und biologische Marker auf der DNA verortet werden (ESTs-Projekt). An immer größeren und komplexeren Organismen (erst Bakterien, dann *Drosophila*) sollte die gewählte Sequenzierungsmethode (Whole Genome Shotgun Sequencing) erprobt und weiterentwickelt werden. Schlussendlich sollte das menschliche Genom in den Fokus rücken.

Venter wurde in vielen E-Mails von Forschenden des Forschungsverbundes als Akteur beschrieben, der sich vornehmlich unter Rückgriff auf Presse und PR-Arbeit zu profilieren suchte und nicht durch tragfähige wissenschaftliche Ergebnisse. Es galt deshalb zunächst, die akademische Komponente seines Forschens nicht aus den Augen zu verlieren. Doch von welcher Qualität waren Venters wissenschaftliche Ideen wirklich? Inwiefern waren seine Methoden geeignet, seine epistemischen Ziele zu erreichen? Waren die Bestrebungen von Craig Venter den Bestrebungen von Sulston und Waterston qualitativ gleichwertig und lässt sich diagnostizieren, dass sich ihre Herangehensweisen nur im Hinblick auf intellektuelles Eigentum unterschieden? Diese Fragen könnten Gegenstand zukünftiger Forschung sein, denn ihre Beantwortung erfordert eine noch tiefgreifendere Kenntnis der historischen Kartierungs- und Sequenzierungsmethoden. Die wissenschaftlich-technischen Argumente, die gegen Venters Methode und Vorgehensweise

⁴⁹⁴ Hackett beschreibt, dass Nachwuchswissenschaftler:innen miteinander in „para-collaborative relationship[s]“ eintreten, um einander bei der unabhängigen Profilierung zu stützen. Ergänzend hierzu sei vorgeschlagen, dass auch Konkurrenz auf diese Weise von Forschenden verwendet wird. Im vorliegenden Fall war zwar mit Sulston und Waterston ein Teil der Konkurrenzparteien bereits profiliert, jedoch profitierten auch diese von Venters strategischen Konkurrenzeröffnungen. Vgl. Hackett 2005, Essential Tensions, S. 792.

vorgebracht wurden, müssen einer besonderen Prüfung unterzogen werden: schließlich wurden sie von seinen Konkurrenten vorgebracht, für die ihr wissenschaftlicher Erfolg oder/und der Erhalt von Fördergeldern zur Disposition standen.

Die akademisch relativ übliche wissenschaftliche Konkurrenz in Phase 1 war durch klare Spielregeln und Abläufe reglementiert, die auch nicht überschritten wurden. Statt Normverstößen ist zu diagnostizieren, dass sich gerade das *C. elegans* Team an die etablierten kommunikativen und kooperativen Normen hielt. In der zweiten Phase der Konkurrenz handelte es sich nun nicht mehr um das Genom des Fadenwurms, das Gegenstand der Sequenzierung und der Konkurrenz war. Venter brachte das Whole Genome Shotgun Sequencing in Stellung und arbeitete zunächst an *Drosophila* und dann am menschlichen Genom. Im ersten zeitlichen Abschnitt waren die US-amerikanischen NIH der Dritte der verschiedenen Forschungsgruppen gewesen. Die Fördergelder wurden auf Basis einer latenten wissenschaftlichen Konkurrenz vergeben: in verschiedenen Projektphasen wurde der Erfolg der verschiedenen Gruppen und ihrer Methoden immer wieder neu evaluiert – eben auch im direkten Vergleich zueinander. Diese latente Konkurrenz wurde in Phase 1 durch die Zuspitzung akut gemacht: die Gelder sollten Schritt für Schritt auf die erfolgreichsten Labore und Forschungsgruppen verteilt werden.

Doch ein neuer Geldgeber ist nicht automatisch gleichbedeutend mit einem neuen Dritten. Ein Dritter muss per definitionem als dritte Partei bei einer Konkurrenzsituation hinzukommen, demnach wäre z.B. HGS ein Dritter, wenn sowohl Sulston/Waterston als auch Venter sich dort um Förderung bemüht hätten. HGS oder ABI waren kein Dritter im klassischen Sinne, denn sie verfügten über keine Entscheidungsgewalt hinsichtlich Venters Konkurrenten: den Wissenschaftler:innen des Forschungsverbundes. Ihre Gunst zu erlangen war für Sulston und Waterston nicht notwendig, da in ihren Händen keine Prämie lag, die sie erringen wollten oder mussten. Korrespondierend hatte sich auch Venter Unabhängigkeit von demjenigen Dritten verschafft, der wiederholt nicht in seinem Sinne entschieden hatte: den Peer Review Gremien der Forschungsförderungsinstitutionen. Um das Interesse der privatwirtschaftlichen Geldgeber zu erhalten und womöglich noch weitere Geldgeber zu akquirieren, war es für Venter notwendig, die Konkurrenz mit dem Verbund am Laufen zu halten. Die Konkurrenz zu anderen Sequenzierungslaboren wurde nun aber nicht mehr von den Forschungsförderungsinstitutionen und ihren Peer Review Gremien überwacht oder gesteuert.

Im Zuge dieser Entwicklungen wurden die Prämien, die vormals zusammen in den Händen derselben soziologischen Figur lagen, aufgeteilt: wissenschaftliche Anerkennung und Fördergelder wurden nicht mehr von konkret identifizierbaren Gremien vergeben, sondern für die Fördergelder wandte sich Venter nunmehr an außerakademische Partner und die wissenschaftliche Anerkennung suchte er weiter in der wissenschaftlichen Fachöffentlichkeit. Ohne die Verknüpfung mit den Fördergeldern ist das Gut der wissenschaftlichen Anerkennung nicht mehr so deutlich identifizierbar. Zum einen beruhte seine Strategie, Unterstützer:innen anzuwerben auf seiner Profilierung in Abgrenzung zu anderen, zum anderen aber ging sein Streben nach Anerkennung darüber hinaus.⁴⁹⁵ Aus dem per se „weichen Gut“ der Anerkennung wird

⁴⁹⁵ Bei der Lektüre von Venters und Shreeves Darstellungen zeigte sich, dass Venter sehr daran gelegen war, seine Handlungen in einem günstigen Licht zu präsentieren. Aber da meine Untersuchung an dieser Stelle das Terrain gesicherter Argumentation verlassen würde, untersuchte ich diese Sachverhalte nicht weiter.

durch bestimmte Konstituierungsmechanismen eine Prämie, die nur bei einer der Konkurrenzparteien liegen kann. Sulston und Waterston mussten nicht um die Gunst der privatwirtschaftlichen Geldgeber HGS und ABI konkurrieren, sondern um die Gunst der Öffentlichkeit. Wenn Industriepartner die Genomsequenzierung besser und schneller durchführen könnten, dann wäre das USA HGP als von Regierungsbehörden und Forschungsförderungsinstitutionen organisierter netzwerkförmiger Verbund nicht mehr notwendig und politisch nicht mehr gewollt. Neben der Demonstration ihrer Leistungsfähigkeit auf der wissenschaftlichen Ebene versuchten sie, die negative Interdependenz und die Ausschließlichkeit der Prämienvergabe wieder aufzuweichen. Sie signalisierten der Öffentlichkeit, dass bei einer fortlaufenden Förderung des Map-Based Large-Scale Sequencing keine Entscheidung zwischen zwei Alternativen getroffen werden müsste, sondern dass ihre Methode auch die alternative Methode integrieren könnte. Mit ihren Argumentationen wandten sie sich an die politische Öffentlichkeit, die über die Bewilligung der Budgets der Forschungsförderungsinstitutionen entschied. Entsprechend gab es im Jahr 1998 viele Anhörungen in Washington D.C., bei denen die Forschenden vorgeladen wurden und für ihre Methode und ihre Herangehensweise argumentierten.⁴⁹⁶

Die Dramatik und die Leidenschaft, mit der sich die breitere, aber auch die wissenschaftliche Öffentlichkeit auf die Konkurrenz “public vs. private” stürzte, verdunkelte leider auch viele Realitäten. Die Rede von der Dichotomie “public vs. private” und all ihrer verwandten Varianten stellte eine unzulässige narrative Verknappung und Vereinfachung dar.⁴⁹⁷ Auf der sozial-normativen Ebene ist festzuhalten, dass das strategische Eintreten in Konkurrenzen auch bei Sulston und Waterston keineswegs verpönt war, wenngleich sie Kooperation bevorzugten. Der Konkurrenzdruck von außen stärkte Sulstons und Waterstons Kooperation und vergrößerte ihre Konkurrenzfähigkeit, was letztlich zu einer besseren Positionierung innerhalb des Forschungsverbundes führte. Auf beiden Seiten der Konkurrenz wurde längst nicht mehr nur auf Gelder aus öffentlicher Hand zurückgegriffen. Das war seitens der Institutionen auch gewollt, da ihre Budgets Gegenstand verstärkter Kürzungen gewesen waren. Privatwirtschaftliche Geldgeber dienten Forschenden abseits der Regierungsinstitutionen als Ressourcen:

“Research universities, seeking alternative resources of support in the context of dwindling financial and political support for academic research, began to mobilize a renewed belief in the marketplace.”⁴⁹⁸

Auch Sulston und Waterston ließen Komponenten ihrer Forschungsarbeit im Kontext der Humangenomsequenzierung durch privatwirtschaftliche Geldgeber finanzieren – mit dem einzigen, wenngleich zentralen, Unterschied, dass die Strategien von Wellcome Trust und Merck zu ihren Werten passte. Die Förderung der Sequenzierung und die freie Veröffentlichung der Daten hatte vorteilhafte Folgen für Akteure beider Sphären. Sulston und Waterston hielten den Zusammenschluss mit privatwirtschaftlichen Geldgebern dann für legitim, wenn die ökonomischen Interessen nicht die freie

⁴⁹⁶ Vgl. Wellcome Collection PP/SUL/B/2/3/3 GrovsMay98 (drei Ordner) sowie PP/SUL/B/2/3/5 Washington December 1998 (zwei Ordner).

⁴⁹⁷ In diesem Aspekt konnte ich mich auf die erhellenden Arbeiten von Fachkolleg:innen der letzten drei Dekaden stützen und dieselben Korrekturen für die Untersuchung der internationalen Genominitiativen vornehmen.

⁴⁹⁸ Yi 2015, Recombinant University, S. 10; sowie vgl. Kohler 1991, Partners in Science, S. 396 – wenngleich es dort auf die Rockefeller Foundation und die Great Depression bezogen ist.

Verfügbarmachung der Ergebnisse behinderten, sondern sie beförderten. Die freie Publikation von Sequenzierungsdaten sollten der zukünftigen akademischen Forschung nutzen – und dies wird narrativ verknüpft auf folgende Aussage, die häufig in ihren Äußerungen anzutreffen ist: die Förderung durch privatwirtschaftliche Unternehmen mit der Absicht zur Veröffentlichung ist gut für die Wissenschaft und die Öffentlichkeit.

Hierbei fallen die Interessen der zukünftigen akademischen Forschung zu Genen, Krankheiten, Genomen, Eigenschaften (etc.) mit „der Wissenschaft an sich“ rhetorisch und gedanklich in eins. Die zunehmende Beschleunigung ab 1998 wurde ganz gezielt durch die Forschenden selbst vorangetrieben. Sulston, Waterston und andere Konsortiumswissenschaftler waren nicht reine Getriebene von Venters Konkurrenzdruck, sondern sie wirkten genauso auf die Rahmenbedingungen ein, indem sie etwa den gesteckten Bearbeitungszeitraums aktiv veränderten und damit Einfluss auf die kooperativen Notwendigkeiten nahmen. Diese Erkenntnisse decken sich mit Hacketts Befund, dass die „most intense and consequential competition in science is the competition to avoid competing.“⁴⁹⁹ Seitens des Konsortiums konnten wir den Versuch registrieren, einen neuen Dritten zu installieren, der von allen Parteien aufgrund seiner schieren Übermacht akzeptiert werden musste und so die Konkurrenz beschließen konnte.

⁴⁹⁹ Hackett 2005, Essential Tensions, S. 817.

Konstruktion von Kooperation und Konkurrenz im USA HGP

Geschichte der Kooperation

Im Fokus der vorliegenden Arbeit stand die Geschichte der Zusammenarbeit der Biologen John Sulston und Robert Waterston. Ihre Karriere führte sie von ihrer Post-Doc-Phase am LMB, während derer sie den Fadenwurm *Caenorhabditis elegans* physisch kartierten, über ihre gemeinsame Sequenzierung von dessen Genom bis hin zu ihrer Rolle als Direktoren der leistungsstärksten Labore im internationalen Projektverbund bei der Sequenzierung des menschlichen Genoms. Nachgezeichnet wurde demnach die Geschichte einer Jahrzehnte währenden erfolgreichen wissenschaftlichen Partnerschaft in all ihren Kontinuitäten und Diskontinuitäten. Ebenso wie die sich verändernden Konfigurationen innerhalb ihrer Zusammenarbeit (Kapitel 1) wurden die kompetitiven Dynamiken in den Blick genommen, mit denen die beiden Forschenden innerhalb ihrer Kooperation, zwischen ihren Laborgruppen, aber auch in den internationalen Projektverbünden des USA HGP und des UK HGMP konfrontiert wurden und zu denen sie sich aktiv verhielten (Kapitel 2). Kooperation und Konkurrenz als verhältnisgestaltende Handlungsmodi waren die zentralen Analysekategorien, anhand derer die Wissenschaftsgeschichte von Sulston und Waterston mit Fokus auf die Inhalte und Durchführung ihrer wissenschaftlichen Projekte fortgeschrieben wurde.

Da beide Handlungsmodi gleichzeitig vorlagen und sich in komplexen Gemengelagen überlagerten mussten einige überlieferte Narrative oder weit verbreitete Wahrnehmungen über ihre Rolle im USA HGP überdacht werden. Insbesondere das dichotome Narrativ über den aus öffentlichen Geldern finanzierten Forschungsverbund, der von kompetitiven privatwirtschaftlichen Herausforderern bedroht worden sei, stellte sich als nicht adäquat heraus. Sulston und Waterston waren offensichtlich beides: freundschaftlich-kollegial *und* wetteifrig; moralisch anspruchsvoll *und* pragmatisch; kooperativ *und* kompetitiv. Gerade deshalb war ihr Beispiel so gut geeignet für eine Untersuchung der Verflechtungen und Verhältnisse zwischen den beiden Handlungsmodi. Auf diese Weise wurden sie als pragmatisch handelnde Akteure ernstgenommen, wenngleich darauf geachtet werden musste, ihnen nicht zu viel Kalkül zu unterstellen, sondern auch ihre moralischen Wünsche für die Zukunft der Wissenschaften zu beachten.

Ihre Fähigkeit, beide Klaviaturen zu bespielen und das Geflecht aus Kooperation und Konkurrenz geschickt zu navigieren, führte dazu, dass sie sich innerhalb des Forschungsverbundes deutlich durchsetzen und die dortigen Geschehnisse und Entwicklungen prägend mitbestimmen konnten. Vor diesem Hintergrund erschien auch ihr Engagement für die freie Verfügbarmachung von Forschungsdaten in einem neuen Licht. Sie setzten ihre normativen Vorstellungen aus einer Position der Stärke heraus autoritativ durch. Kleinere Labore konnten diesem Druck nicht standhalten. Darüber hinaus trugen die durchgesetzten Publikationsnormen zum Ausbau ihres Vorsprungs und ihrer Führungsrolle bei, indem sie kleinere Labore ausstachen und sie ihres kompetitiven Vorteils entledigten: nicht publizierte Forschungsergebnisse, die entweder zu akademischen Prestige führen oder wirtschaftlich verwertet werden könnten. Denn durch die sofortige Veröffentlichung der Sequenzierungsdaten konnten andere Labore kein Eigentum mehr daran haben – was ja in Angesicht der Patentierungsdebatte durchaus gewollt war (Kapitel 4).

Während Sulston und Waterston sich als deutlich pragmatischere Strategen herausstellten, als es aus ihren Selbstbeschreibungen hervorgegangen war, so erwies sich zudem: der intensive Wettkampf um die Sequenz des menschlichen Genoms zwischen dem öffentlichen Projektverbund und dem privatwirtschaftlichen Herausforderer Craig Venter war in höchstem Maße atypisch. Durch seine scharfe Dramaturgie und seine breite mediale Rezeption war er nicht vergleichbar mit einer „üblichen“ wissenschaftlichen Konkurrenz – eine solche bildete er eher in der Frühphase (Kapitel 3). Er prägte jedoch alle bisher geleisteten Darstellungen und Untersuchungen des USA HGP. Auch in diesem Punkt war eine Neubewertung der Entwicklungen dringend vonnöten gewesen. Es erwies sich als zuträglich, die Handlungsmacht und den Einflussreichtum von Sulston und Waterston zu betonen – keineswegs wurde nur der Verbund durch externe Konkurrenz unter Druck gesetzt, sondern Forschende dieses Verbundes wirkten ihrerseits beschleunigend und verstärkend auf die Konkurrenzdynamiken ein. Sie hatten ein Interesse daran, die Sorge vor einem einflussreichen Konkurrenten, der sich das intellektuelle Eigentum an den Sequenzen zu sichern drohte, zu schüren. Denn das führte zur steten Erhöhung ihrer Fördergelder – Forschungsförderungsinstitutionen ihrer beider Nationen sowie der Wellcome Trust und andere privatwirtschaftliche Geldgeber hatten wirtschaftliches Interesse daran, sie gegen Craig Venter ins Rennen zu schicken. Aufgrund ihrer großen wissenschaftlichen Leistungsfähigkeit und ihren Werten boten sich Sulston, Waterston und ihre Laborgruppen dafür an – genau wie Craig Venter als *enfant terrible* ein idealer Partner für andere privatwirtschaftliche Geldgeber war (Kapitel 4).

Die Konfiguration von Craig Venter als Konkurrent für Forschende des Verbundes war jedoch nicht neu. Sie war nicht durch die Einwirkung von privatwirtschaftlichen Geldgebern hervorgerufen worden, sondern sie ging auf eine Konkurrenzsituation auf wissenschaftlicher Ebene zurück: eine Episode, die von der bisherigen wissenschaftshistorischen Forschung noch nicht wahrgenommen, geschweige denn in ihrer Relevanz erkannt worden war. Erstmals konnte in vorliegender Arbeit gezeigt werden, dass das spezifische Konkurrenzverhältnis zwischen Venter und Sulston und Waterston bereits *vor* der privatwirtschaftlich beförderten Eskalationsdynamik entstanden war und dass dabei wissenschaftliche Fragen zentral gewesen waren. (Kapitel 3) Diese Konkurrenz hatte sich einerseits aus unterschiedlichen inhaltlichen Positionen in der Frage der Kartierung und Sequenzierung ergeben: Sulston und Waterston als leidenschaftliche Befürworter des High Quality Map-Based Large Scale Sequencing und Craig Venter als Befürworter von wechselnden Alternativen dazu. Andererseits lag diese Konkurrenz auch im mehrstufigen Aufbau des Projektverbundes begründet: nach Abschluss der dreijährigen Pilotphase sollten die beteiligten Gruppen und ihre Ergebnisse evaluiert werden – und die Gelder nur den erfolgreichsten unter ihnen weiterhin bewilligt werden. Daraus ergab sich ein Streamlining-Prozess, der einen Flaschenhals für die fortschreitende Projektlaufzeit darstellte. Diese Konkurrenz um die Fördergelder war im Verbund an sich angelegt und aus einer solchen ging auch die Positionierung von Venter hervor.

Aufgrund der abweichenden Meinungen und Moralvorstellungen Venters fanden die ökonomischen Überlegungen zur Patentierung und wirtschaftlichen Verwertung der Ergebnisse jedoch schnell Eingang in seine Herangehensweise. Als sich herauskristallisierte, dass er nicht mehr von den NIH gefördert werden würde, wurde er zum freudigen Empfänger von privatwirtschaftlichen Fördergeldern. Investoren waren auf der Suche nach Wissenschaftler:innen, die ihnen das intellektuelle Eigentum an den Sequenzierungsdaten verschaffen könnten. Auch der Wellcome Trust handelte nicht aus Motiven

uneigennütziger Wohltätigkeit, wenngleich man sich bemühte, es in diesem Lichte darzustellen. Durch die Förderung des Sanger Centres und die Ermöglichung von dessen Vormachtstellung im Verbund hatte man sich den direkten Zugriff auf die erwirtschafteten Daten erkauft. Letztlich war das dieselbe Herangehensweise, wie sie auch von den anderen außer-akademischen Geldgebern, von Merck, Incyte und PE Biosystems, verfolgt wurde. Bei PE Biosystems strebte man nicht nur nach dem Zugriff auf die Daten des Whole Genome Shotgun Sequencing, sondern versorgte sowohl den Forschungsverbund als auch nunmehr dessen direkten Konkurrenten mit Maschinerie und Kapital. (Kapitel 4) Die akademische Forschung in der Genomik um die Jahrtausendwende war von externen Geldern abhängig und die ökonomischen Überlegungen waren auch bei den Akteuren des öffentlichen Forschungsverbundes tonangebend. Auch Wissenschaftler:innen mit hohen moralischen Standards dienten sich externen Geldgebern an und nutzten die zusätzlichen Geldquellen neben der öffentlichen Hand, deren Budgets Ende des vergangenen Millenniums großen Kürzungen unterzogen worden waren. Dass Sulston und Waterston sich in einer Kooperation zusammengeschlossen hatten, machte sie nur noch leistungsfähiger und damit zu einem vielversprechenden Empfänger von Fördergeldern.

Sulstons und Waterstons Kooperation sorgte dafür, so konnte ich zeigen, dass sie besonders gut Fördergelder bei den Forschungsförderungsinstitutionen der öffentlichen Hand einwerben konnten. So konnten knappe Forschungsbudgets von MRC oder/und NIH mit den Geldern der jeweils anderen Institution ergänzt werden. (Kapitel 1) Das erhöhte nicht nur die Chance, sich in der latenten, internationalen Konkurrenz um die Gelder durchzusetzen, sondern es verringerte auch die Finanzlast für die Institutionen der beherbergenden Nationalstaaten. Auch in diesem Kontext erschien uns Kooperation nicht hauptsächlich als hehres Ideal, das Sulston und Waterston qua moralischer Exzellenz umsetzten. Kooperation musste, so zeigte sich vermehrt, auch immer im Kontext der Geldereinwerbung und der Sicherung von Leistungsfähigkeit – und damit von Konkurrenzfähigkeit – gesehen werden. Zudem waren Kooperationsangebote ein Weg, mit unliebsamen Konkurrenten umzugehen, indem versucht wurde, sie in den engeren Kollegenkreis zu integrieren. Die damit einhergehende Betonung von Kommunikation und freier Publikation hatte faktisch die Folge, die Monopolstellung der großen Sequenzierungszentren auszubauen. Sulston und Waterston konnten durch ihre betont moralisches Auftreten ihrer strategischen und pragmatischen Vorgehensweise einen freundlichen Anstrich verleihen.

Doch ganz ohne Einschränkungen können diese Befunde nicht geäußert werden. Sulston und Waterston glaubten an die Normen und Werte, für die sie eintraten. Bereits bei ihrer Kooperation zur physischen Kartierung – also dem Projekt, bei dem sie erstmalig ihre Kräfte vereinten – stellten sie in der Tradition der *C. elegans* Community ihre Forschungsergebnisse unverzüglich und umfassend in einer Datenbank zur Verfügung und antworteten positiv auf die Anfragen ihrer Fachkolleg:innen weltweit (Kapitel 1). Deshalb ist es nicht möglich, ihre führende Rolle bei der Formulierung der *Bermuda Principles* allein als kalkulierte Strategie zu werten. Vielmehr glaubten sie an die Werte und vertraten diese aus gutem Grund: auch beim Zustandekommen ihrer Kooperation spielte es eine positive Rolle, kooperativ aufeinander zuzugehen und Wissen und Expertise auszutauschen. Kommunikation und Offenheit müssen immer auch unter dem Gesichtspunkt wissenschaftlichen Austausches verstanden werden. Entsprechend wurde in Kapitel 1 gezeigt, dass die Kooperation ihren Anfang nahm, weil sich die Akteure auf der wissenschaftlichen Ebene austauschten und es um die Integration von Waterstons Ideen und Expertise in das bereits bestehende

Projekt ging. Dass so besser Fördergelder eingeworben werden konnten, zeigte sich erst in den späteren Phasen der Kooperation, ursächlich waren derlei Überlegungen nicht gewesen. Ökonomische und strategische Erwägungen kamen für Sulston und Waterston an zweiter Stelle; für sie waren ihre epistemischen Ziele handlungsleitend.

Kooperation und Konkurrenz

Die Prämisse der DFG-Forschungsgruppe, dass Kooperation und Konkurrenz als verhältnisgestaltende Handlungsmodi koexistieren und einander komplex überlagern, bildete eine produktive Basis für die vorliegende Untersuchung. Durch die Integration der Analysen der beiden Handlungsmodi konnten innovative Perspektiven auf bekannte Entwicklungen eingenommen und notwendige historiografische Richtigstellungen für die Geschichte der Kooperation von Sulston und Waterston im Kontext der Genominitiativen getätigt werden. Zudem wurden Episoden und Entwicklungen untersucht, die bisher noch keine geschichtswissenschaftliche Aufmerksamkeit erhalten haben. Darüberhinausgehend konnte gezeigt werden, dass nicht nur beide Modi koexistieren und sich überlagern, sondern dass Zusammenhänge beider Modi auf der analytischen Ebene existieren.⁵⁰⁰ Damit ist einerseits die Ähnlichkeit in der historisch-soziologischen Modellierung gemeint: beide Modi lassen sich in einem dreieckförmigen Schema beschreiben, bei dem die Akteure, ihre Ziele und ihre Handlungen im Fokus stehen.

Andererseits aber sind für beide Handlungsmodi vergleichbare Diagnosen zu treffen. Im Gefolge der Arbeiten von Tobias Werron zur Konstituierung von Konkurrenz wurde untersucht, ob sich die erarbeiteten Erkenntnisse in gewissem Maße auch auf die Untersuchung von Kooperation übertragen lassen. So rückte ich die aktiven Schritte der Akteure in den Blick, die sie unternommen haben, um das Zustandekommen von einem der beiden Modi zu erreichen oder auch um das Umschlagen von einem in den anderen Modus zu verhindern. Die Forschenden führten sowohl Kooperationen als auch Konkurrenzen gezielt herbei, wobei stets zunächst versucht wurde, Konkurrenzen zu umschiffen. Die zugrunde liegenden Motivationen für das Eintreten in einen der beiden Modi lagen dabei nicht einfach automatisch objektiv vor, sondern auch sie waren Gegenstand von Konstitutions- oder Konstruktionsprozessen.

Stabilisierung

Wegen der stets latenten wissenschaftlichen Konkurrenz bedeutet das Funktionieren einer Kooperation in der Regel das aktive Einhegen von Spannungen und das Umschiffen von Konkurrenz (Kapitel 2). Damit ist nicht gemeint, dass nur die Abwesenheit von Konkurrenz eine Kooperation konstituiert. Das wirft die Frage nach einer dritten Form auf. Die sozialpsychologische Forschung führte bereits früh eine dritte Form der Zielabhängigkeit ein: das individualistische Setting. Dieses zeichne sich dadurch aus, dass die Ziele der Akteure weder positiv noch negativ voneinander abhängig seien, sondern dass die Akteure unabhängig

⁵⁰⁰ Hier stehe ich gedanklich in der Schuld von Shrum et al. 2007, *Structures of Scientific Collaboration*, S. 7 ff., die sich auch gegen geisteswissenschaftliche Forschung wenden, die komplexe Querbezüge und Verflechtungen betont, ohne diese analytisch und konsistent auseinander zu dividieren. Auch deren Forschungsprogramm ist durch eine Verknüpfung historischer und soziologischer Methoden gekennzeichnet, wenngleich sie diese auf andere Art und Weise umsetzen.

voneinander auf ihre Ziele hinarbeiten würden.⁵⁰¹ Dagegen wurden in der vorliegenden Arbeit vermehrt Situationen vorgefunden, in denen soziale und interpersonelle Verhältnisse nicht näher bestimmt sind; in denen die Akteure weder kooperieren, noch konkurrieren. In einem Großteil der Fälle befinden sich die Akteure in einer analytisch offenen Situation, bevor sie beschließen, ihr Verhältnis durch bestimmte Handlungen und Äußerungen näher auszugestalten. Kooperation und Konkurrenz wurden dabei nicht als Dichotomie oder Antonym verstanden, aber es ist zu konstatieren, dass beide Modi teils gegenläufige Handlungen zur Folge haben: auf der einen Seite die Kooperation, die Kommunikation zwischen Akteuren fördert, und auf der anderen Seite etwa Konkurrenzen, die Geheimhaltung fördern. Die Ausbalancierung zwischen beiden Modi spielte deshalb eine zentrale Rolle.

Um diesen Befund zu veranschaulichen, eignet sich am besten die Metapher der Waage. Dass eine soziale Situation, bzw. das Verhältnis zwischen Akteuren, ausgewogen war, bedeutet hier nicht, dass beide Modi oder Bestandteile beider Modi im gleichen Maße vorhanden sein mussten. Zum einen sind Kooperation und Konkurrenz natürlich nicht eindeutig quantifizierbar und zum anderen würde diese Wahrnehmung eine falsche Vorstellung vom Verhältnis von Kooperation und Konkurrenz vermitteln. Was hingegen unter einem ausgewogenen Verhältnis von kooperativen und kompetitiven Elementen verstanden wurde, war abhängig von den jeweiligen Akteuren, von der Situation, in der sie sich befanden und davon, was sie in ihrer Situation für gerechtfertigt hielten. In unterschiedlichen Kooperationen waren unterschiedliche Ausmaße an kompetitiven Elementen legitim, das hing auch von der Sozialisierung und der Fachkultur von Wissenschaftler:innen ab und es war Gegenstand steter Aushandlungsprozesse und inhaltlicher Einordnungen in Bewertungszusammenhänge. Sulston und Waterston äußerten sich regelmäßig dazu. Kompetitive Elemente waren für sie nicht per se etwas Schlechtes – vielleicht auch, weil es nicht anders ging – und sie bemühten sich, die positiven Folgen ihrer kompetitiven Elemente zu betonen. Als hinderlich galten ihnen diese Elemente, sobald sie die kooperative Wissensproduktion behinderten. Im Gegenzug war es in Konkurrenzverhältnissen sicherlich nicht immer legitim für alle Akteure, dass kooperatives Verhalten gezeigt wurde. Dass Coulson dennoch Venter Material bereitgestellt hatte, wurde nicht sanktioniert, sondern war von Sulston und Waterston gedeckt.

Zudem konnte ich Situationen identifizieren, in denen sich die Wertigkeiten veränderten. Es gab beispielsweise eine Episode, in der ein Mitarbeiter der WASHU mangelndes kooperatives Verhalten gegenüber einem Forscher des kooperierenden Labors im UK zeigte. In den Augen Sulstons war es dadurch legitim geworden, dass auch sein Mitarbeiter seine Software nicht mehr teilte – etwas, das in einer Kooperation eigentlich ein starker Imperativ wäre. Ein anderes Beispiel war das Zugreifen auf frei publizierte Daten: ursprünglich war das genau das, was Sulston und Waterston mit der freien Verfügbarmachung erreichen wollten. Als Venter als Hauptkonkurrent darauf zugreifen konnte, konnten und wollten sie das prinzipiell nicht verhindern. Dennoch wurde es in ihren Händen zum Gegenargument: Craig Vinters Sequenzierung des menschlichen Genoms konnte nur deshalb durchgeführt und publiziert werden, da er auf die frei verfügbaren Daten des Konsortiums zugreifen konnte. Auch die Angleichung von Wertigkeiten spielte eine Rolle in den permanenten Aushandlungsprozessen. Sulston und Waterston

⁵⁰¹ Johnson, Roger T.; Johnson, David W.; Tauer, Maureen: The Effects of Cooperative, Competitive, and Individualistic Goal Structures on Students' Attitudes and Achievement. In: Journal of Psychology Vol. 102 (1979), S. 191-198, S. 192.

waren sich mehr oder weniger einig in ihren Vorstellungen, aber sie hatten gewisse Notwendigkeiten in der Selbstdarstellung zu beachten: laut ihrer Aussage existierte im amerikanischen Kontext eine starke Bevorzugung von Konkurrenz, dementsprechend galt Konkurrenzfähigkeit als wünschenswerte Eigenschaft. Sulston und Waterston mussten sich beispielsweise einmal zu dem Kritikpunkt verhalten, dass in ihrem Verhältnis gar nicht ausreichend beschleunigende Konkurrenz existieren würde – worauf hin sie betonten, dass natürlich auch sie eifrig konkurrieren würden.

Auch hier wurde die Kooperation zum Argument gemacht: die Konkurrenz sei besonders fruchtbar, weil sie aufgrund ihrer Kooperation immer auch genau wüssten, was die andere Gruppe gerade macht. Es wurde permanent darum gerungen und ausgehandelt, oder gegenüber der mitlaufenden Publikumsfiktion geschildert und erklärt, was weshalb in welchem Ausmaße als legitim erachtet wurde und diese gewünschten Verhältnisse dann herzustellen. Für Sulston und Waterston war Kooperation der bevorzugte Modus und alles, was über sportlich-spielerische oder auch latente Konkurrenz hinausging, sollte eingehetzt werden. Ihre Betonung von förderlicher Konkurrenz kann hauptsächlich als Lippenbekenntnis gegenüber den Forschungsförderungsinstitutionen gewertet werden. Aufkommende Konkurrenzdynamiken oder Interessenskonflikte wurden immer so behandelt, dass sie die Kooperation nicht störten, deshalb achteten sie auch auf die Bedürfnisse ihrer Mitarbeitenden. So sollte immer wieder die gewünschte Ausgewogenheit zwischen den beiden Modi erreicht und hergestellt werden. Deshalb rückten immer wieder Äußerungen und Handlungen von Akteuren in den Fokus der vorliegenden Untersuchung, die auf die Herstellung von Ergebnissen im Hinblick auf Kooperation und Konkurrenz gerichtet waren.

Davon mussten jedoch diejenigen Äußerungen und Handlungen unterschieden werden, die im Hinblick auf die Handlungsziele – also etwa die epistemischen Ziele – durchgeführt wurden (i.e. Forschungsarbeit). Die Akteure konnten stets Einfluss auf die Rahmenbedingungen ihrer sozialen Situation nehmen, indem sie durch Handlungen und Äußerungen darauf einwirkten. Das bedeutete, dass sie in einigen Aspekten kooperativer, in anderen aber kompetitiver werden konnten – oder dass sie in einigen Bereichen enger verknüpft handelten als in anderen. Diese grundsätzliche Gestaltungsmacht der Akteure noch einmal zu betonen, war insbesondere vor dem Hintergrund abweichender Geschichtsphilosophien notwendig: während in vielen Darstellungen die Akteure durch intensive Konkurrenzdynamiken getrieben wurden und die Kooperationen mehr oder weniger als gegeben vorausgesetzt wurden, so war es wichtig, zu betonen, dass diese Dynamiken und Rahmenbedingungen vielfach durch die Akteure beeinflusst werden konnten. Entweder wurden die Dynamiken von außen an meine Forschenden herangetragen und diese verhielten sich dazu, oder sie prägten gleich in größerem Umfang die Dynamik einer etwaigen Konkurrenz. In keinem der Fälle waren sie jedoch passive Rezipienten intensiver Konkurrenzdynamiken. Damit erscheinen die Entwicklungen nicht mehr als unvermeidbar und hochdramatisch, sondern es konnten ihre historische Gewordenheit, ihre Besonderheiten und ihre Kontingenzen betont werden.

Konstituierung

Beim erstmaligen Zustandekommen von Sulstons und Waterstons Kooperation war relativ klar, dass die physische Kartierung des Fadenwurms gemeinsam viel zügiger und einfacher erreicht werden könnte als unabhängig voneinander. Waterston brachte eine methodische Neuerung ein, die zur Problemlösung notwendig war und Sulston und Coulson war daran gelegen, diese zu integrieren. Die positive Interdependenz, die zur Konstituierung der Kooperation beitrug, ergab sich aus der Abhängigkeit der Methoden voneinander und aus der Entscheidung der Forschenden, diesen Pfad zu verfolgen. In diesem Fall lagen die Motivationen für das Eintreten in die Kooperation sehr deutlich auf der Hand und dass sich eine positive Interdependenz in dieser Deutlichkeit aus der Abhängigkeit der verwendeten Methoden ergibt, konnte für den restlichen Untersuchungszeitraum nicht festgestellt werden. Schon bei der Sequenzierung des Genoms von *C. elegans* lag die Notwendigkeit, die Forschungsarbeit in einer Kooperation durchzuführen, weniger deutlich auf der Hand. Bei der physischen Kartierung führten beide Labore aufgrund ihrer komplementären Expertisen unterschiedliche Arbeitsschritte durch, bearbeiteten aber beide das gesamte Genom; bei der Sequenzierung teilten die Labore das Genom untereinander auf und führten jeweils alle notwendigen Arbeitsschritte durch. Die Motivation für die Kooperation lag nicht primär auf der epistemischen Ebene vor, sondern begründete sich extern. Sulston und Waterston war an einer Fortführung ihrer Zusammenarbeit gelegen, weil dies den Zugriff auf neue Gelder ermöglichte: die Gelder, die von den US-amerikanischen NIH für die Förderung internationaler Kooperationsvereinbarungen gesondert bereitgestellt wurden. Die schwächere epistemische Notwendigkeit, zusammenzuarbeiten, musste argumentativ ausgeglichen werden. So brachten Sulston und Waterston Argumente für ihre Eignung vor, die auf die besondere Leistungsfähigkeit ihrer Teams durch ihre vergangene Kooperation abzielten: sie waren in den intellektuellen und arbeitspraktischen Abläufen einer Zusammenarbeit erprobt und so wurde ihre Kooperation der vergangenen Jahre zur Ressource bei der Einwerbung von Geldern.

Es konnten zwei Stufen, bzw. Formen von Kooperation identifiziert werden: zum einen war dies die Kooperation im engeren Sinne, bei der das das epistemische Ziel in Subziele aufgeteilt wurde und die Kooperation genau durch die Aufteilung des Ziels zustande kam. Diese Form der Kooperation wurde von der Forschung gerne als *collaboration* oder Kollaboration bezeichnet.⁵⁰² Zum anderen war dies die Kooperation, bei der die positive Interdependenz auf externem Wege zustande kam. Die Arbeit war hier in stärkerem Maße unabhängig voneinander, auf der Ebene der Geldereinwerbung und im Hinblick auf die Verantwortlichkeit existierte jedoch eine Verbindlichkeit gegenüber den Forschungsförderungsinstitutionen. Die Konstituierungsdiskurse und verstärkten Argumentationen wurden genau dort relevanter, wo die Notwendigkeit, zusammenzuarbeiten, nicht im selben Maße auf der Hand lag. Bei dieser späteren Form der Kooperation ergab sich die Interdependenz nicht vordergründig aus dem geteilten epistemischen Ziel. Mit etwas abweichendem Framing hätten aus den beiden Gruppen Konkurrenzparteien werden können oder distanziert arbeitende Kolleg:innen. Auch bei der Konstituierung von Konkurrenzen war die Rolle, die das epistemische Ziel spielte, stark abhängig von den dazugehörigen Konstituierungsdiskursen. Wenn Werron darauf hinwies, dass eine Konkurrenz sich aus „divergierende[n], weil auf knappe[n] Güter[n] konvergierende[n] Ziele[n]“ konstituiert, so hob er damit auf das Ziel ab, die

⁵⁰² Shrum et al. 2007, *Structures of Scientific Collaboration*; Graßhoff/Wüthrich 2012, *Metaatlas*; oder auch die Arbeiten von Kärin Nickelsen.

Gunst des Dritten zu erringen, um die Prämie zu erhalten – und nicht so sehr auf Handlungsziele, wie etwa epistemische Ziele.⁵⁰³

Denn bei einer wissenschaftlichen Konkurrenz ist nicht von vornherein klar, was es bedeutet, dasselbe Ziel zu verfolgen. Die hier untersuchten Konkurrenzsituationen zeichneten sich dadurch aus, dass die epistemischen Ziele nicht vollständig deckungsgleich zueinander waren. Venter strebte beispielsweise ebenfalls die physische Kartierung des Genoms des Fadenwurms an, jedoch tat er dies unter Rückgriff auf eine abweichende Methode und mit einem abweichenden Erkenntnisinteresse im Hintergrund. Aus dieser Ausgangslage hätte sich auch eine andere soziale Konstellation ergeben können: wenn Sulston und Waterston etwa vor einem wissenschaftlichen Problem gestanden hätten und die ESTs von Venter gebraucht hätten, so wäre dies ein deutlicher Grund für eine Kooperation gewesen. Ebenfalls wäre es denkbar gewesen, dass beide Projekte nebeneinander durchgeführt werden, beispielsweise mit leichter Abweichung zur Konkurrenzvermeidung.⁵⁰⁴ Die negative Verschaltung beider Kartierungsprojekte kam erst dadurch zustande, dass externe Bedingungen verändert wurden: die Verknappung der Fördergelder durch die Vergabe der Gelder an weniger Labore.

Im Gefolge von Werron wurde auf die Konstruktion eines „artificial zero-sum game“ fokussiert und zwei Strategien zur Konstruktion einer negativen Interdependenz identifiziert. Erstens war dies die Verknappung der Prämie und zweitens war dies die Semantik der Eile. Die Fördergelder, die für den gesamten Verbund bereitgestellt wurden, wurden gegen Ende der Pilotphase zwar erhöht, jedoch sollten sie an weniger Gruppen als zuvor vergeben werden. So wurde die wissenschaftliche Konkurrenz auch konkret: sie lag erst dann vor, als die Erprobung der diversen Methoden abgeschlossen wurde. Dieses Verhältnis wurde durch Venters Argumentationen verstärkt, der hervorhob, dass seine Methode die andere Methode ablösen sollte. Durch die Argumentationen wurden die verwendeten Methoden im Hinblick auf die Verknappungsstrategie als einander ausschließende Methoden präsentiert. Durch die Verknappung der Prämie, zu der auch die Argumentationen beitrugen, wurde die negative Interdependenz konstituiert. Dass die epistemischen Ziele beider Projekte nicht deckungsgleich waren, zeigte sich auch an der Integration der cDNA-Komponente in das Projekt von Sulston und Waterston, sowie an ihrer Betonung der Komplementarität der Projekte.

Sulston und Waterston betonten, dass sich die beiden Methoden nicht gegenseitig ausschließen, sondern dass ihre Methode und ihr Projekt leistungsfähig genug seien, um auch andere zu integrieren. Dies führten sie denn auch vor, indem sie ihrem Konkurrenten zuvorkamen und ihn überholten. Auch hier waren Konstituierungsdiskurse elementar; dass epistemische Ziele deckungsgleich oder verschieden sind, ist nicht einfach gegeben. Es musste zunächst ausgehandelt werden, welche Ziele im Einzelnen verfolgt werden, welche Methoden dafür verwendet werden und welche Form von Ergebnis dann zu erwarten standen. Die Vergabe der Gelder wurde von den Forschungsförderungsinstitutionen und ihren Expertengremien vorgegeben, während die Peer Review Gremien über die Förderanträge entschieden. Die latenten Konkurrenzen, die im Verbund angelegt waren, basierten in Teilen bereits auf den aktiven Konkurrenzsuggestionen der Mitarbeitenden und durch die Herangehensweise, die Gelder zu streamlinen,

⁵⁰³ Werron 2019, Form und Typen, S. 23.

⁵⁰⁴ Edge 1990, Competition in Modern Science, S. 214.

wurden die latenten Konkurrenzen akut gemacht. Die negative Interdependenz und die akuten Konkurrenzen wurden in diesem Fall von außen an die Forschenden herangetragen, wenngleich diese aktiv darauf reagierten und mit Craig Venter auch eine der Parteien aktiv auf die verstärkte Virulenz der Konkurrenz hinarbeitete.

Semantik der Eile

Für die darauffolgenden Jahre der Projektlaufzeit konnte gezeigt werden, dass nicht nur Mitarbeitende der Forschungsförderungsinstitutionen Konkurrenzsuggestionen und -intensivierungen auslösten. Auch Sulston und Waterston trugen zu diesen Dynamiken bei. Das augenfälligste Beispiel für die Konstruktion von Knappheit war dabei ihre Semantik der Eile⁵⁰⁵: durch die Veranschlagung eines betont geringen Projektzeitraums wurde ihre Zusammenarbeit immer notwendiger gemacht. Je schneller die Sequenzierung eines Genoms erreicht werden sollte, desto dringender war es, die Arbeitskraft und intellektuelle Leistungsfähigkeit beider Gruppen zu vereinen. Das gezielte Herbeiführen dieser Knappheit wies in zwei Richtungen: zum einen führte dies zu einer Stärkung ihrer Kooperation und zum anderen eben auch zu einer Stärkung der Konkurrenzfähigkeit. Da es jedoch in der Tat im Interesse der Forschenden lag, die Sequenzierungsdaten zu erlangen und mit diesen fortführend forschen zu können, war eine kritische Prüfung dieser Semantik der Eile in der vorliegenden Untersuchung notwendig. An dieser Stelle geriet das Interview, das mit Robert Waterston geführt wurde, an seine Grenzen: für ihn war es nicht vorstellbar, dass die Vorstellung von Eile hinterfragt werden müsse. Der Wunsch, die Ergebnisse alsbald möglich vorliegen zu haben, sei Grund genug gewesen für die Eile.

Auf Nachfragen hin ließ er sich zu der Aussage bewegen, dass man natürlich immer schneller sein wollte, als konkurrierende Labore – aber das war nicht seine erste instinktive Antwort, sondern was er in Kenntnis meines Forschungsthemas und in dem Wunsch, ein hilfreicher Gesprächspartner zu sein, antwortete. In der bisher geleisteten wissenschaftshistorischen Forschung wurde berichtet, dass geisteswissenschaftliche Untersuchungen der Beschleunigungsthematik für Genomforschende nicht besonders naheliegend waren. Fortun zitiert, dass er bei einem Vortrag gefragt wurde: „Well, how fast do you think it [the Human Genome Project, Anm. MS] should go?“⁵⁰⁶ Fragen wie diese können nicht produktiv beantwortet werden, sie verweisen jedoch auf eine zentrale Differenzierung zwischen den geisteswissenschaftlichen Beobachter:innen der Genomprojekte, den Experten für Wissenschaftspolitik und Forschungsförderung und den beteiligten Naturwissenschaftlern: aus unterschiedlichen Perspektiven werden unterschiedliche Fragen an die historische Ausgangslage gestellt und die Perspektiven sind nicht immer kommensurabel.

Nehmen wir für einen kurzen Moment an, dass in den internationalen Genominitiativen zunächst keine besondere Eile vorlag, die über den üblichen Wunsch, in einem verträglichen Zeitrahmen Ergebnisse zu erhalten.⁵⁰⁷ Nehmen wir an, dass es für Forschende zunächst nicht relevant war, ob die Sequenz des

⁵⁰⁵ Begriff in Anlehnung an Werrons Semantik der Knappheit, siehe Werron 2011, Soziale Konstruktion, S. 257.

⁵⁰⁶ Fortun 1999, Projecting Speed Genomics, S. 28.

⁵⁰⁷ Aufgrund genereller geschichtstheoretischer Schwierigkeiten bei einer kontrafaktischen Geschichtsschreibung sollen derlei Gedankenspielen nur kurzfristig anregen und keine reelle Argumentation bilden. Dies wird weiters dadurch verkompliziert, dass die naturwissenschaftlich-technischen Grundlagen für die Erprobung solcher Szenarien

menschlichen Genoms 2005 oder 2001 vorlag. Nun erscheint uns die stete Beschleunigung der Projektdynamik als strategischer Schritt in einer komplex verwobenen Gemengelage aus kompetitiven und kooperativen Dynamiken. Indem Sulston und Waterston den Zeitrahmen, der für ihre Durchführung der Sequenzierungsarbeit zur Verfügung stand, künstlich verknüpften, trugen sie zur Konstruktion einer positiven Interdependenz bei: diese lag nun nicht mehr auf der epistemisch-inhaltlichen Ebene vor, sondern auf der arbeitspraktischen. Ihr Zusammenschluss erfolgte nicht mehr deshalb, weil ein Kooperationspartner konkrete methodische Vorschläge und Zuarbeit einbrachte, die für den Fortschritt der Arbeit notwendig waren. Die Arbeitsteilung war nun bei der Sequenzierung des Genoms eine andere, so dass die Effekte der Kooperation eher die Aufteilung der Arbeitslast betrafen. Um das epistemische Ziel im angekündigten Zeitrahmen erreichen zu können, *musste* man nun auch kooperieren – ein Team allein könnte die Sequenzierung der Basenpaare nicht so zügig stemmen. Aus der künstlichen Verknappung des Bearbeitungszeitraums, aus ihrer Semantik der Eile, resultierte eine Stärkung ihrer Kooperation.

Die Stärkung ihrer Kooperation wiederum ergab eine verbesserte Ausgangslage, um sich gegen andere Gruppen durchzusetzen. Diese Zweiwertigkeit der Semantik der Eile – einmal in Richtung Kooperation weisend, einmal in Richtung Konkurrenzfähigkeit weisend – lässt sich auch zu späteren Zeitpunkten der Projektlaufzeit konstatieren, wo derlei Semantiken hauptsächlich dazu verwendet wurden, sich in konkreten und akuten Konkurrenzen durchzusetzen. Als der Forschungsverbund gegen Craig Venter konkurrierte, versuchte man, ihn auszustechen und zu überholen und schnürte den zur Verfügung stehenden Zeitrahmen immer enger. Zum einen wurde so eine enge und effiziente Zusammenarbeit innerhalb des Verbundes immer notwendiger und zum anderen wurde es immer schwieriger für kleinere Gruppen, die nicht in umfangreiche kooperative Zusammenschlüsse eingebettet waren, mitzuhalten. Die Bündelung von Ressourcen und die immer beschleunigte Vorgehensweise machten den Zusammenschluss in großen kooperativen Verbünden notwendig, und gleichzeitig führte dieser Zusammenschluss zu einer weiteren Verstärkung der Monopolbildung in der Sequenzierungsarbeit. Celera als neue, dem Verbund externe Gruppe, konnte sich nur an diesem Rennen beteiligen, da die privatwirtschaftlichen Gelder große Mengen an Maschinen und Arbeitskraft finanzierten.

Gemeinsame Teilhabe an Ressourcen

Spätestens zum Ende des 20. Jahrhunderts hin wurde die den Wissenschaften inhärente Konkurrenz institutionalisiert und versucht, die inhaltliche Förderung kontrolliert zu extrahieren. Beim Aufbau des HGP wurde dies sehr gezielt von den Planungsgremien der Forschungsförderungsinstitutionen angestrebt: durch den mehrstufigen Aufbau wurden stete (Re-)Evaluationen möglich und notwendig und durch die Trennung der Pilotphase von der Produktionsphase wurde ein künstlicher Flaschenhals geschaffen. Mit Flaschenhals ist gemeint, dass die Menge der geförderten Gruppen ab diesem Zeitpunkt verringert wurde, die zur Verfügung stehenden Gelder jedoch sogar erhöht wurden. Das bedeutet, dass die Gelder auf weniger, dafür umso erfolgreichere Teams verteilt werden konnten. Damit einher ging eine Festlegung auf konkrete Methoden, die in den Jahren zuvor als besonders vielversprechend identifiziert worden waren. Konkurrenz fand somit nicht mehr nur im Bereich der wissenschaftlichen Priorität statt, maß sich an der

zu komplex sind, als dass sie in der vorliegenden wissenschaftshistorischen Untersuchung auf gewinnbringende Weise integriert werden könnten.

Publikation und Kommunikation von Ergebnissen und regelte die Vergabe der wissenschaftlichen Anerkennung. Konkurrenz wurde nunmehr gezielt eingesetzt, um die Fördergelder nach dem Diktum der Effizienz unter den beantragenden Gruppen zu verteilen. Dabei wurde auf institutionalisierte Abläufe zurückgegriffen, wie etwa die Peer Review Gremien.

Georg Simmel diagnostizierte im Hinblick auf Konkurrenz, dass sie

„wertsteigernd [ist]: da sie, vom Standpunkt der Gruppe aus gesehen, subjektive Motive als Mittel darbietet, um objektive soziale Werte zu erzeugen und, vom Standpunkt der Partei, die Produktion des objektiv Wertvollen als Mittel benutzt, um subjektive Befriedigungen zu gewinnen.“⁵⁰⁸

Im Hinblick auf Kooperation lässt sich das auch für Sulston und Waterston sagen, bei denen ich nicht so sehr feststellen konnte, dass sie subjektive Motive an kompetitive Gefüge herantragen, sondern eher, dass sie subjektive Vorteile aus intellektuell inspirierenden Kooperationen zogen. Sowohl bei Konkurrenz als auch bei Kooperation sind individuelle Interessen mit der Produktion gesellschaftlichen Mehrwerts verknüpft.⁵⁰⁹

Bei beiden verhältnisgestaltenden Handlungsmodi konnten förderliche Folgen für das soziale Gefüge festgestellt werden. Die Positionierungen und Handlungen von Akteuren wurden miteinander verknüpft und in einen gemeinsamen Zusammenhang eingewoben, der nach gewissen Regeln ausgestaltet war. Nicht nur eine soziologische Förderung konnte festgestellt werden, sondern auch eine inhaltliche Förderung. So, wie bei den epistemischen Folgen einer Konkurrenz Ergebnisse oder Projektkomponenten zustande kamen, die es andernfalls in dieser Form nicht gegeben hätten, so wurde auch bei Kooperation diagnostiziert, dass das Wesen von Kooperation größer ist als die Summe ihrer Teile. In beiden Fällen war die Stimulation auf die Akteure leicht unterschiedlich geartet und die Wirkungsweise der inhaltlichen Förderung ging ebenso unterschiedlich von statt. In einer Kooperation wurden die Ideenlandschaften der Akteure von außen kreativ angeregt oder mit neuen Ideen und Inhalten befruchtet. In einer Konkurrenz fand diese Anregung von außen ebenso statt – und auch hier konnten neu gewonnene Ideen oder Inhalte gegebenenfalls dazu verwendet werden, das eigene Ziel auf eine leicht veränderte oder bessere Weise anzustreben.

In beiden Fällen konnte festgestellt werden, dass sich Notwendigkeiten über die Ebenen hinweg vererbt. Die soziologischen Figuren des triadischen Konkurrenzmodells sind wiederum eingebettet in ganz eigene Kontexte, so zum Beispiel sind die Forschenden, die in den Peer Review Gremien über die Geldvergabe entscheiden selbst Konkurrenzparte in anderen Situationen. Aber auch der Dritte war eingebettet in seine eigenen Kontexte: etwa musste das Budget der Forschungsförderungsinstitutionen bei den Regierungen eingeworben werden und dabei existierte durchaus Konkurrenz zwischen Institutionen mit Zuständigkeit für unterschiedliche Felder und Disziplinen. Dieselben Dritten blieben natürlich existent, selbst wenn

⁵⁰⁸ Simmel, Soziologie der Konkurrenz, S. 176.

⁵⁰⁹ Für Untersuchungen gerade auch zur Rolle der Konkurrenz dabei vgl. Merton 1957, Priorities in Scientific Discovery, S. 659; Kitcher, Philip: The Division of Cognitive Labor. In: The Journal of Philosophy, Vol. 87 (1990), No. 1, S. 5-22 und insbesondere Nickelsen 2022, Cooperative Division of Cognitive Labor.

Forschende zusammenarbeiteten und so wie sie Prämien in Konkurrenzsituationen vergaben, so vergaben sie auch Prämien in kooperativen Situationen. Beispielsweise wurde das Zustandekommen von Sulstons und Waterstons Kooperation durch zusätzliche Gelder belohnt: die Förderungsinstitutionen lobten zusätzliche Gelder im Rahmen einer Kooperationsvereinbarung aus, die im Falle einer Konkurrenz oder keiner aktiven Zusammenarbeit nicht erlangt worden wären.

Kooperation hat auch dadurch positive Folgen, als sie eine gemeinsame Teilhabe an Ressourcen ermöglicht. Das erfolgreiche Verlaufen von Kooperationen wird durch die gemeinsame Teilhabe an einer wissenschaftlichen Prämie (der Erste zu sein) belohnt. Die Tatsache, dass im Vergabesystem von wissenschaftlicher Anerkennung die Prämie stets nur an den ersten Gewinner des Wettkampfs vergeben wird, befördert das Zustandekommen von Kooperationen ebenso, wie es das Entstehen von Konkurrenzen fördert – denn auf die Weise können Kräfte vereint werden, aber auch mehr Forschende an einer raren Prämien teilhaben. Diese Erkenntnis habe ich Tobias Werron zu verdanken, der mich darauf hinwies, dass manche Formen von Konkurrenz in besonderem Maße darauf angelegt sind, kooperatives Verhalten zu ermutigen und mit kooperativen Formen kombiniert zu werden.⁵¹⁰ Eine Bedeutungszunahme der Konkurrenz, etwa durch Konkurrenzsuggestionen eines Tertius Gaudens, zieht ebenfalls eine Bedeutungszunahme der Kooperation nach sich, weil Akteure sich verstärkt durch die Einbettung in kooperative Settings konkurrenzfähig halten müssen und so Zugriff auf die knappen Ressourcen erhalten können. Die Ressourcen, die der Forschungsförderung ab den späten 1980ern bereitstanden, sollten durch Flexibilisierung und Intensivierung besonders effizient vergeben werden. Neben der Streichung von Geldern und Privatisierungsprozessen sollten die Vergabeprozesse als solche durch gezielte Steuerung effizienter gestaltet werden.⁵¹¹

Ähnliche Befunde ließen sich für die Organisation der Forschungsarbeit im Sanger Centre feststellen. Auch dort sollte mehr Effizienz und mehr Arbeitsteilung zu einem erhöhten Output bei der Sequenzierung führen. Dieser Output wurde entsprechend quantifiziert und immer wieder evaluiert. Bei Vorträgen wurde der Sequenzierungsfortschritt durch Graphen visualisiert und Projektionen über zukünftige Steigerungen angestellt. Genau wie bei der transatlantischen Kooperation von Sulston und Waterston konnte auch hier eine Entwicklung festgestellt werden, die von der kleinen Forschungsgruppe mit horizontaler Arbeitsteilung bis zur hierarchischen/vertikalen Struktur mit mehrköpfigen Spezialistenteams reicht. Dies schlug sich auch im Aufbau des Instituts, der um den Sequencing Core (i.e. der Bereich, in dem unabhängig vom Organismus Sequenzierungsarbeit geleistet wurde) herum strukturiert war, nieder. Lily Kay diagnostizierte in Bezug auf die Veränderungen der *scientific persona* im 20. Jahrhundert, dass das virtuose Individuum des intellektuell arbeitenden Wissenschaftlers durch „cooperative individualists“ abgelöst wurde, sprich durch „men whose intellectual enterprise included a managerial temperament.“⁵¹² Hier ist

⁵¹⁰ Korrespondenz mit Tobias Werron.

⁵¹¹ Für den UK-Kontext vgl. Edgerton, David und Hughes, Kristy: The Poverty of Science: A Critical Analysis of Scientific and Industrial Policy Under Mrs Thatcher. In: Public Administration Vol. 67 (1989), S. 419-433; sowie Agar, Jon: Science Policy Under Thatcher, London, 2019, S. 32-35 und S. 73 ff.

⁵¹² Kay 1993, The Molecular Vision of Life, S. 7. Ihre Untersuchung wurde übrigens 1993 veröffentlicht, also genau zu dem Zeitpunkt als das neu geschaffene Sanger Centre seine Arbeit aufnahm und all diese Tendenzen zur Anschauung brachte.

die wissenschaftliche Forschung bereits „einer ökonomisch inspirierten Steuerung (Governance)“⁵¹³ unterworfen, bei der regulierte und auf Effizienz ausgerichtete Arbeitsteilung informelle Kooperationen ablöst.⁵¹⁴

Im Laufe der vorliegenden Untersuchung rückte auch Kooperation als Element von „Soft Power“⁵¹⁵ in den Blick. Sulston und Waterston hatten ihre Vormachtstellung im Verbund nicht nur ihrem hohen Grad an Leistungsfähigkeit zu verdanken, sondern sicherten sich diese auch unter Rückgriff auf Kooperation und eine Rhetorik der Kooperativität. Die Wurzeln von „soft power“ dürften im Kalten Krieg zu suchen sein, wo unter Rückgriff auf jedwede technologische oder kulturelle Errungenschaft der Konkurrenzkampf zwischen den Blöcken geführt wurde. In Zeiten schwindender materieller Grundlagen und zurückgehenden Wohlstandes ist die Bedeutungszunahme von „soft power“ nur folgerichtig, durch die abgefangen werden soll, was möglich ist. Vor diesem Hintergrund gewinnen die *Bermuda Principles* Bedeutung als ein kleiner Sieg in Anbetracht der längst fundamental gegenläufig aufgestellten Wissenschaften und Sulstons ausgeprägte Zitation von Werten, Ethik und Moral stellt ein kompensierendes „recruitment of sentiment“⁵¹⁶ dar.

⁵¹³ Münch, Richard: Akademischer Kapitalismus. Zur politischen Ökonomie der Hochschulreform. Berlin, 2011, S. 14..

⁵¹⁴ „New configurations of federal power, private initiative, academic research, and corporate interest in science-based technology are moving to center stage. Chief among them is that fuzzy complex of actors and actions gathered under the label of "biotechnology.", Thackray, Private Science, Introduction, S. vi.

⁵¹⁵ Vgl. Krige, John: Introduction. In Ders. (Hrsg.): How Knowledge Moves: Writing the Transnational History of Science and Technology. Chicago (IL)/ London 2019, S. 1-32.

⁵¹⁶ Der Soziologe Andrew Barlett in Bezug auf das Sanger Centre, zitiert nach García-Sancho 2012, History of Molecular Sequencing, Endnote 21.

Verzeichnis

Abbildungsverzeichnis

- Abb. 1, S. 19: eigene Darstellung.
- Abb. 2, S. 22: eigene Darstellung.
- Abb. 3, S. 66: Wellcome Collection, PP/SUL/B/2/1/1 Indecent Proposal, Visualisierung der Arbeitsteilung, 01.10.1994. Mit freundlicher Genehmigung von der Wellcome Collection.
- Abb. 4, S. 100: Wellcome Collection, PP/SUL/A/6/16 Correspondence with Waterston, Deckblatt für ein Book of Abstracts für eine Tagung zum Thema Genomkartierung und -sequenzierung vom 06.-10.05.1992 im Cold Spring Harbor Laboratory. Mit freundlicher Genehmigung bereitgestellt von Bob Waterston und den Cold Spring Harbor Laboratory Archives.

Quellenverzeichnis

Bodleian Library, Oxford

Bodleian Library, Nachlass von Sir David Chilton Phillips,

- **MS. Eng. c. 5503 072** HoL Select Committee on Science and Technology, November 1990.

The National Archives, London

- National Archives **FD23-3441-MRC-HGMP**.
- National Archives **FD7 2738 HGMPAB**.
- National Archives **FD7-2745 HGMPAB**: Newsletters (G-Nome News): Publications from 1989 to 1991.

Wellcome Collection, London

- PP/SUL/A/1/4/16 Waterston
- PP/SUL/A/2/1/1 Sequencing Proposal (Restricted until 01/01/2021); bis Januar 2021 eingeschränkt verfügbar, die Wiedergabe hat somit nicht mehr anonymisiert zu erfolgen.
- PP/SUL/A/2/1/2 MRC (restricted until 01/01/2022); bis Januar 2022 eingeschränkt verfügbar, die Wiedergabe hat somit nicht mehr anonymisiert zu erfolgen.
- PP/SUL/A/2/1/2 MRC, File 2/2
- PP/SUL/A/2/1/3 MRC Grant Application (Restricted until 01/01/2021); bis Januar 2021 eingeschränkt verfügbar, die Wiedergabe hat somit nicht mehr anonymisiert zu erfolgen.
- PP/SUL/A/2/1/4 NIH (zwei Ordner)
- PP/SUL/A/2/1/5 NIH Grant Application
- PP/SUL/A/2/1/8 Wellcome Trust, (Restricted until 01/01/2022); bis Januar 2022 eingeschränkt verfügbar, die Wiedergabe hat somit nicht mehr anonymisiert zu erfolgen.
- PP/SUL/A/2/2 Shotgun Pilot UK, (Restricted until 01/01/2023); bis Januar 2023 eingeschränkt verfügbar, die Wiedergabe hat somit nicht mehr anonymisiert zu erfolgen.
- PP/SUL/A/4/9 Technical

- PP/SUL/A/5/1/2 C. Elegans Meeting 7
- PP/SUL/A/5/8 CSH 1981 + NIH
- PP/SUL/5/24 Sequence funding meeting
- PP/SUL/A/5/25 Sequencing Talks [material from 1992-1995]
- PP/SUL/A/6/16 Correspondence Waterston
- PP/SUL/B/1/1/1 GRL Files
- PP/SUL/B/1/1/2/22 GRL Background
- PP/SUL/B/1/1/5/2 Staff Code
- PP/SUL/B/1/3/1/2 Sanger Centre Annual Report
- PP/SUL/B/1/4/18 Progress Reports
- PP/SUL/B/1/6/3, Sanger Centre Annual Report 1994
- PP/SUL/B/2/1/1 Indecent Proposal
- PP/SUL/B/2/1/4 Proposal Letters
- PP/SUL/B/2/3/3 GrovsMay98 (drei Ordner)
- PP/SUL/B/2/3/5 Washington December 1998 (zwei Ordner)
- PP/SUL/B/2/3/7 Celera Fuss
- PP/SUL/B/5/1/5 Office of Science and Technology (drei Ordner)

Andere

Sydney Brenner Papers, Cold Spring Harbor Archives; digitalisiert verfügbar über die Wellcome Collection:

- **SB/4/1/271: U.K. Human Genome Project, 1991**
- **SB/4/1/271: Brenner HGMP, 1990**
- **SB/1/1/534: Rees, Dai (Human Genome), 1989-1992.**

James D. Watson Collection, Cold Spring Harbor Laboratory Archives; digitalisiert verfügbar über die Wellcome Collection:

- **JDW/2/9/1, Box: 03, Folder: 25**, Genome Sequencing Conference III **1991**
- **JDW/2/9/2/16**: MRC Review of the UK Human Genome Mapping Project

Interviews

De Chadarevian, Soraya (20.01.1999): Interview mit John Sulston, Hinxton, zitiert nach de Chadarevian 2000, S. 391.

de Chadarevian, Soraya (16.02.2001): Interview mit John Sulston, Hinxton, zitiert nach de Chadarevian 2004, Mapping the Worm's Genome, S. 103.

Maxson Jones, Kathryn; Cook-Deegan, Robert; Ankeny, Rachel (15.11.2011): Interview mit Robert Waterston und John Sulston. Durham, S. 16. Online verfügbar unter <https://hdl.handle.net/10161/7692> , zuletzt aufgerufen am 09.03.2021.

Schütz, Marina (22.07. und 26.08.2022): Interview mit Robert Waterston, via Zoom.

Internetquellen

Agar, Jon: Blog-Post vom 03.09.2021 im UCL STS Observatory, Eintrag No. 35. Online verfügbar unter: [1/2 idea No. 35: Wellcome science policy review | UCL STS Observatory](https://doi.org/10.5281/zenodo.5900352) ; zuletzt aufgerufen am 04.05.2023.

E-Mail von Maynard Olson an Robert Waterston, 03.05.1996. Zitiert nach Maxson Jones et al. 2018, Bermuda, S. 740. Öffentlich einsehbar unter: <http://hdl.handle.net/10161/7724> ; zuletzt aufgerufen am 21.04.2023.

E-Mail von Robert Waterston an Kathryn Maxson Jones, 04.01.2017. Waterston's Communication to Authors (Rachel Ankeny, Robert Cook-Deegan und Kathryn Maxson Jones) 04. und 09.01.2017. Online verfügbar unter: <https://hdl.handle.net/10161/16507> , zuletzt aufgerufen am 13.04.2023.

Medical Research Council: Homepage, Reiter zu Technology Transfer: <https://www2.mrc-lmb.cam.ac.uk/research/technology-transfer/> , zuletzt aufgerufen am 11.01.2021.

National Human Genome Research Institute: Draft of the Human Genome Sequence Announcement at the White House (2000), <https://www.youtube.com/watch?v=sIRyGLmt3qc>, 29.08.2012, zuletzt aufgerufen am: 31.01.2018.

National Human Genome Research Institute (vormals Office for Human Genome Research): Zusammenfassung des Treffens des National Advisory Council for Human Genome Research in Washington D.C., September 1994, <https://www.genome.gov/10001402/september-1994-nachgr-meeting-summary> , zuletzt aktualisiert: 01.03.2006, zuletzt aufgerufen: 12.04.2022.

National Human Genome Research Institute (vormals Office for Human Genome Research): History and Timeline of Events, Abschnitt zu den 1990er Jahren, online verfügbar unter: <https://www.genome.gov/about-nhgri/Brief-History-Timeline#two> , zuletzt aktualisiert am 22.10.2020, zuletzt aufgerufen am 07.03.2022.

N.N.: Giants in Genomics: Robert Waterston. Online verfügbar unter: <https://www.yourgenome.org/stories/giants-in-genomics-robert-waterston>, 13.06.2016, zuletzt aufgerufen am: 29.06.2020.

N.N.: Who was involved in the Human Genome Project? Online verfügbar unter: <https://www.yourgenome.org/stories/who-was-involved-in-the-human-genome-project>, 13.06.2016, zuletzt aufgerufen am: 29.06.2020.

N.N.: Why was There a Race to Sequence The Human Genome? Online verfügbar unter: <https://www.yourgenome.org/stories/why-was-there-a-race-to-sequence-the-human-genome> , 13.06.2016, zuletzt aufgerufen am: 06.04.2020.

Pressemitteilung von Merck & Co. Inc: First Installment of Merck Gene Index Data Released to Public Databases: Cooperative Effort Promises to Speed Scientific Understanding of the Human Genome, online einsehbar unter: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Web/Whats_New/Announce/merck_feb10_95.html , 10.02.1995, zuletzt aufgerufen am 14.04.2023.

World Intellectual Property Organization (WIPO): Universities and Intellectual Property, https://www.wipo.int/about-ip/en/universities_research/ , zuletzt aufgerufen am 15.01.2021.

Literaturverzeichnis

A

Abir-Am, Pnina: Themes, Genres and Orders of Legitimation in the Consolidation of New Scientific Disciplines: Deconstructing the Historiography of Molecular Biology. In: *History of Science* Vol. 23 (1985), No. 1, S. 73-117.

Adams, Mark D. et al.: Complementary DNA Sequencing: Expressed Sequence Tags and Human Genome Project. In: *Science* Vol. 252 (1991), No. 5013, S. 1651-1656.

Agar, Jon: *Science Policy Under Thatcher*. London, 2019.

Anderson, Alun: New Career for Sydney Brenner. In: *Nature* Vol. 322 (1986), No. 6078, S. 397.

Ankeny, Rachel A.: The Natural History of *Caenorhabditis Elegans* Research. In: *Nature Genetics* Vol. 2 (2001), S. 474-479.

Ankeny, Rachel A.: Sequencing the Genome from Nematode to Human: Changing Methods, Changing Science. In: *Endeavour* Vol. 27 (2003), No. 2, S. 87-92.

Ankeny, Rachel A. und Leonelli, Sabina: Model Organisms. In: Ramsey, Grant und Ruse, Michael (Hrsg.): *Cambridge Elements, Elements in the Philosophy of Biology*, Cambridge, 2020. Online verfügbar unter: <https://www.cambridge.org/core>; heruntergeladen am 25.06.2021.

B

Balmer, Brian: Mutations in the Research System? The Human Genome Mapping Project as Science Policy. Dissertation an der University of Sussex, 1993.

Balmer, Brian: Managing Mapping in the Human Genome Project, in: *Social Studies of Science* Vol. 26 (1996), S. 531-573.

Balmer, Brian: Transitional Science and the Human Genome Mapping Project Resource Centre. In: Glasner, Peter und Rothman, Harry (Hrsg.): *Genetic Imaginations: Ethical, Legal and Social Issues in Human Genome Research*. Aldershot/Brookfield, 1998. S. 7-20.

Bangham, Jenny: Living Collections: Care and Curation at Drosophila Stock Centres. In: *British Journal for the History of Science Themes* Vol. 4 (2019), S. 123-147.

Barstead, Robert J.; Kleiman, Lawrence und Waterston, Robert H.: Cloning, Sequencing, and Mapping of an α -Actinin Gene From the Nematode *Caenorhabditis Elegans*. In: *Cell Motility and the Cytoskeleton* Vol. 20 (1991), S. 69-78.

Berg, Paul: Origins of the Human Genome Project: Why Sequence the Human Genome When 96% of It Is Junk? In: *The American Journal of Human Genetics* Vol. 79 (2006), S. 603-605.

Bicchieri, Cristina; Muldoon, Ryan und Sontuoso, Alessandro: "Social Norms", in: Edward N. Zalta (Hrsg.): The Stanford Encyclopedia of Philosophy. Zuerst veröffentlicht am 01.03.2011; grundlegend überarbeitet am 24.09.2018. Online verfügbar unter: <https://plato.stanford.edu/archives/win2018/entries/social-norms/>; Letzter Zugriff: 29.11.2023.

Bourdieu, Pierre: The Specificity of the Scientific Field and the Social Conditions of the Progress of Reason. In: Social Science Information Vol. 14 (1975), S. 19-47.

Brankovic, Jelena; Ringel, Leopold und Werron, Tobias: How Rankings Produce Competition: The Case of Global University Rankings. In: Zeitschrift für Soziologie Vol. 47 (2018), No. 4, S. 270-288.

Brenner, Sydney: The Genetics of *Caenorhabditis elegans*. In: Genetics Vol. 77 (1974), No. 1, S. 71-94.

Brenner, Sydney: The Human Genome. The Nature of the Enterprise. In: Human Genetic Information: Science, Law and Ethics. Ciba Foundation Symposium 149 (1990), S. 6-17.

Brown, Andrew: In the Beginning was the Worm. Finding the Secrets of Life in a Tiny Hermaphrodite. New York, 2003.

Burke, David T.; Carle, Georges F. und Olson, Maynard V.: Cloning of Large Segments of Exogenous DNA Into Yeast by Means of Artificial Chromosome Vectors. In: Science Vol. 236 (1987), No. 4803, S. 806-812.

C

Cantor, Charles R. und Fields, Christopher A.: Genome Sequencing Conference III: Evolution and Progress. In: Genomics Vol. 12 (1992), No. 2, S. 419-420.

Chow-White, Peter A. und García-Sancho, Miguel: Bidirectional Shaping and Spaces of Convergence: Interactions between Biology and Computing from the First DNA Sequencers to Global Genome Databases. In: Science, Technology, & Human Values, Vol. 37 (2012), No. 1, S. 124-164.

Collins, Francis S.; Galas, David: A New Five-Year Plan for the U.S. Human Genome Project. In: Science Vol. 262 (1993), No. 5130, S. 43-46.

Collins, Francis S.; Patrinos, Ari; Jordan, Elke; Chakravarti, Aravinda; Gesteland, Raymond; Walters, LeRoy and the Members of the DOE and NIH Planning Groups: New Goals for the U.S. Human Genome Project: 1998-2003. In: Science Vol. 282 (1998), No. 5389, S. 682-689.

Contreras Jorge L.: Bermuda's Legacy: Policy, Patents, and the Design of the Genome Commons. In: Minnesota Journal of Law, Science & Technology Vol. 12 (2011), No. 1, S. 61-125.

Cook-Deegan, Robert M.: The Gene Wars. Science, Politics, and the Human Genome. New York, 1994.

Cook-Deegan, Robert M. und Heaney, Christopher: Patents in Genomics and Human Genetics. In: Annual Review of Genomics and Human Genetics Vol. 11 (2010), No. 1, S. 383-425.

Coulson, Alan; Sulston, John; Brenner, Sydney und Karn, Jonathan: Toward a Physical Map of the Genome of the Nematode *Caenorhabditis elegans*. In: Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States Vol. 83 (1986), No. 20, S. 7821-7825.

Coulson, Alan und Sulston, John: Genome Mapping by Restriction Fingerprinting. In: Davies, Kay E. (Hrsg.): *Genome Analysis. A Practical Approach*, Oxford 1988, S. 19-39.

Coulson, Alan; Waterston, Robert; Kiff, Jane; Sulston, John und Kohara, Yuji: Genome Linking with Yeast Artificial Chromosomes. In: *Nature* Vol. 335 (1988), No. 6186, S. 184-186.

Coulson, Alan; Kozono, Yuko; Lutterbach, Bart; Shownkeen, Ratna; Sulston, John und Waterston, Robert: YACs and the *C. elegans* Genome. In: *BioEssays* Vol. 13 (1991), No. 8, S. 413-417.

Creager, Angela N. H.: 'What Blood Told Dr Cohn': World War II, Plasma Fractionation, and the Growth of Human Blood Research. In: *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* Vol. 30 (1999), S. 377-405.

D

Davies, Gail und Leonelli, Sabina: Introduction. In: *Bigger, Faster, Better? Rhetorics and Practices of Large-Scale Research in Contemporary Bioscience*. In: *BioSocieties* Vol. 8 (2013), No. 4, S. 386-396.

Davies, Kevin [2001]: *Die Sequenz. Der Wettlauf um das menschliche Genom*. Aus dem Englischen übersetzt von Klaus Fritz und Anja Hansen-Schmidt. München, 2003.

de Chadarevian, Soraya: Sequences, Conformation, Information: Biochemists and Molecular Biologists in the 1950s. In: *Journal of the History of Biology* Vol. 29 (1996), No. 3, S. 361-386.

de Chadarevian, Soraya: Of Worms and Programmes: *Caenorhabditis Elegans* and the Study of Development. In: *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* Vol. 29 (1998), No. 1, S. 81-105.

de Chadarevian, Soraya: Mapping Development or How Molecular is Molecular Biology? In: *History and Philosophy of the Life Sciences* Vol. 22 (2000), No. 3, S. 381-396.

de Chadarevian, Soraya: *Designs for Life: Molecular Biology After World War II*. Cambridge, 2002.

de Chadarevian, Soraya: Mapping the Worm's Genome. Tools, Networks, Patronage. In: Gaudillière, Jean-Paul; Rheinberger, Hans-Jörg: *From Molecular Genetics to Genomics. The Mapping Cultures of Twentieth-Century Genetics*. London, 2004, S. 95-110.

de Chadarevian, Soraya: Whose Turn? Chromosome Research and the Study of the Human Genome. In: *Journal of the History of Biology* Vol. 51 (2018), No. 4, S. 631-655.

de Chadarevian, Soraya: Heredity under the Microscope: Chromosomes and the Study of the Human Genome, Chicago, 2020.

de Solla Price, Derek J.: *Little Science, Big Science*. New York, 1963.

Deutsch, Morton: Cooperation and Competition. In: Deutsch, Morton; Coleman, Peter T. und Marcus, Eric C. (Hrsg.): *The Handbook of Conflict Resolution: Theory and Practice*. San Francisco, 2006, S. 23-42.

Dickson, David: Britain Increases Science Spending: Concerned About the Brain Drain of Scientists to the U.S. and Elsewhere, Britain's Government is Expanding Support of Research. In: *Science* Vol. 230 (1985), No. 4730, S. 1144-1145.

Dickson, David: British Funding Boost is Wellcome News. In: *Nature* Vol. 393 (1998), No. 6682, S. 201.

E

Edge, David: Competition in Modern Science, in: Frängsmyr, Tore (Hrsg.): *Solomon's House Revisited. The Organization and Institutionalization of Science*. Canton, 1990, S. 208-232.

Edgerton, David und Hughes, Kristy: The Poverty of Science: A Critical Analysis of Scientific and Industrial Policy Under Mrs Thatcher. In: *Public Administration* Vol. 67 (1989), S. 419-433.

F

Fortun, Michael A.: "The Human Genome Project Does not Exist." Projecting Speed Genomics. In: Fortun, Michael A.; Mendelsohn, Everett (Hrsg.): *The Practices of Human Genetics*. Dordrecht, 1999, S. 25-48.

G

Gannett, Lisa: The Human Genome Project. In: Zalta, Edward N. (Hrsg.): *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, Summer 2016, <https://plato.stanford.edu/cgi-bin/encyclopedia/archinfo.cgi?entry=human-genome>, zuletzt aufgerufen am 14.04.2023.

García-Sancho, Miguel: Biology, Computing, and the History of Molecular Sequencing. From Proteins to DNA, 1945-2000. Basingstoke/New York, 2012.

García-Sancho, Miguel: From the Genetic to the Computer Program: The Historicity of 'Data' and 'Computation' in the Investigations on the Nematode Worm *C. elegans* (1963-1998). In: *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* Vol. 43 (2012), S. 16-28.

García-Sancho, Miguel: The Proactive Historian: Methodological Opportunities Presented by The New Archives Documenting Genomics. In: *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, Vol. 55 (2016), S. 70-82, S. 79.

García-Sancho, Miguel und Lowe, James: A History of Genomics Across Species, Communities and Projects. Manchester, 2023. Open Access über Springer Link.

Gaudillière, Jean-Paul und Kevles, Daniel J.: Introduction. In: Gaudillière, Jean-Paul; Kevles, Daniel J. und Rheinberger, Hans-Jörg (Hrsg.): *Living Properties: Making Knowledge and Controlling Ownership in the History of Biology*. Preprint 382 des Max-Planck-Instituts für Wissenschaftsgeschichte. Berlin, 2009, S. 1-9.

Goetinck, S. und Waterston, R.: The *Caenorhabditis elegans* Muscle-affecting Gene *unc-87* Encodes a Novel Thin Filament-associated Protein. In: *The Journal of Cell Biology*, Vol. 127 (1994), No. 1, S. 79-93.

Graßhoff, Gerd: Modelling the Astrophysical Object SS433 - Methodology of Model Construction by a Research Collective. In: *Philosophia Naturalis: Journal of the Philosophy of Nature* Vol. 35 (1998), S. 161-200.

Graßhoff, Gerd und May, Michael: Methodische Analyse wissenschaftlichen Entdeckens. In: *Kognitionswissenschaft* Vol. 5 (1995), S. 51-67.

Graßhoff, Gerd und Wüthrich, Adrian (Hrsg.): *Metaatlas: Studien zur Generierung, Validierung und Kommunikation von Wissen in einer modernen Forschungskollaboration*. Bern, 2012.

Graßhoff, Gerd: Die ATLAS-Collaboration als wissenschaftlicher Autor. In: Graßhoff, Gerd und Wüthrich, Adrian (Hrsg.): *Metaatlas. Studien zur Generierung, Validierung und Kommunikation von Wissen in einer modernen Forschungskollaboration*. Bern, 2012, S. 13-39.

Green, Philip: Against a Whole-Genome Shotgun. In: *Genome Research* Vol. 7 (1997), S. 410-417.

H

Hackett, Edward J.: Essential Tensions: Identity, Control, and Risk in Research. In: *Social Studies of Science* Vol. 35 (2005), No. 5, Special Issue Scientific Collaboration, S. 787-826.

Hilgartner, Stephen: The Human Genome Project. In: Jasanoff, Sheila; Markle, Gerald E.; Petersen, James C. und Pinch, Trevor (Hrsg.): *Handbook of Science and Technology Studies*. London, 1995, S. 302-315.

Hilgartner, Stephen: Data Access Policy in Genome Research. In: Thackray, Arnold (Hrsg.): *Private Science: Biotechnology and the Rise of the Molecular Sciences*. Philadelphia, 1998, S. 202-218.

Hilgartner, Stephen: Mapping Systems and Moral Order. Constituting Property in Genome Laboratories. In: Jasanoff, Sheila (Hrsg.): *States of Knowledge. The Co-Production of Science and Social Order*. London, 2004a, S. 131-141.

Hilgartner, Stephen: Making Maps and Making Social Order. Governing American Genome Centers, 1988-93. In: Gaudillière, Jean-Paul und Rheinberger, Hans-Jörg (Hrsg.): *From Molecular Genetics to Genomics. The Mapping Cultures of Twentieth-century Genetics*. New York, 2004b, S. 113-128.

Hilgartner, Stephen: Constituting Large-Scale Biology: Building a Regime of Governance in the Early Years of the Human Genome Project. In: *BioSocieties* Vol. 8 (2013), No. 4, S. 397-416.

Hilgartner, Stephen: *Reordering Life: Knowledge and Control in the Genomics Revolution*. Cambridge (MA), 2017.

Hodgkin, Jonathan: Early Worms. In: Crow, James F. and Dove, William F. (Hrsg.): *Anecdotal, Historical and Critical Commentaries on Genetics*. In: *Genetics* Vol. 121 (1989), S. 1-3.

Hodgkin, Jonathan; Plasterk, Ronald H.A. und Waterston, Robert H.: The Nematode *Caenorhabditis Elegans* and Its Genome. In: *Science* Vol. 270 (1995), No. 5235, S. 410-414.

Hughes, Sally Smith: Making Dollars out of DNA: The First Major Patent in Biotechnology and the Commercialization of Molecular Biology, 1974-1980. In: *Isis* Vol. 92 (2001), S. 541-575.

Hughes, Sally Smith: Genentech. The Beginnings of Biotech. Chicago und London, 2011.

I

J

Jasanoff, Sheila: The Idiom of Co-Production. Introduction in: Jasanoff, Sheila (Hrsg.): Handbook of Science and Technology Studies. London, 1995, S.1-12.

Jasanoff, Sheila: Ordering Knowledge, Ordering Society. In: Jasanoff, Sheila (Hrsg.): Handbook of Science and Technology Studies. London, 1995, S. 13-45.

Johnson, Roger T.; Johnson, David W.; Tauer, Maureen: The Effects of Cooperative, Competitive, and Individualistic Goal Structures on Students' Attitudes and Achievement. In: Journal of Psychology Vol. 102 (1979), S. 191-198.

K

Katz, Sylvan J. und Martin, Ben R.: What is Research Collaboration? In: Research Policy Vol. 26 (1997), No. 1, S. 1-18.

Kay, Lily E.: The Molecular Vision of Life: Caltech, the Rockefeller Foundation, and the Rise of the New Biology. New York und Oxford, 1993.

Kevles, Daniel J. und Hood, Leroy (Hrsg.): The Code of Codes. Scientific and Social Issues in the Human Genome Project. Cambridge (MA), 1992.

Kevles, Daniel J.: Diamond v. Chakrabarty and Beyond: The Political Economy of Patenting Life. In: Thackray, Arnold (Hrsg.): Private Science. Biotechnology and the Rise of the Molecular Sciences. Philadelphia, 1998, S. 65-79.

Kitcher, Philip: The Division of Cognitive Labor. In: The Journal of Philosophy, Vol. 87 (1990), No. 1, S. 5-22.

Knorr Cetina, Karin: Wissenskulturen. Ein Vergleich naturwissenschaftlicher Wissensformen. Frankfurt am Main, 2002.

Kohler, Robert: Partners in Science: Foundations and Natural Scientists, 1900-1945. Chicago, 1991.

Kohler, Robert: Lords of the Fly. Drosophila Genetics and the Experimental Life. Chicago/London, 1994.

Krige, John: Introduction. In Ders. (Hrsg.): How Knowledge Moves: Writing the Transnational History of Science and Technology. Chicago (IL)/ London 2019, S. 1-32.

L

Latour, Bruno und Woolgar, Steve: Laboratory Life: The Social Construction of Scientific Facts. Beverly Hills, 1979.

Leonelli, Sabina: Growing Weed, Producing Knowledge. An Epistemic History of *Arabidopsis Thaliana*. In: History and Philosophy of the Life Sciences Vol. 29 (2007), No. 2, S. 193-223.

Leonelli, Sabina und Ankeny, Rachel A.: Re-Thinking Organisms: The Impact of Databases on Model Organism Biology. In: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences Vol. 43 (2012), S. 29-36.

Loder, Natasha: A Question of Trust. In: Nature Vol. 405 (2000), No. 6789, S. 878-880.

Loder, Natasha: The Rise and Rise of Wellcome. In: Nature 405 (2000), No. 6789, S.879.

M

Maienschein, Jane: Why Collaborate? In: Journal of the History of Biology Vol. 26 (1993), No. 2, S. 167-183.

Maxson Jones, Kathryn; Ankeny, Rachel A. und Cook-Deegan, Robert M.: The Bermuda Triangle: The Pragmatics, Policies, and Principles for Data Sharing in the History of the Human Genome Project. In: Journal of the History of Biology Vol. 51 (2018), S. 693-805.

Maxson Jones, Kathryn und Cook-Deegan, Robert M.: An Ethos of Rapid Data Sharing, More Relevant Than Ever. In: Complicated Legacies: The Human Genome at 20, Science Vol. 371 (2021), No. 6529, S. 564-569.

McCombie, W. Richard et al.: *Caenorhabditis Elegans* Expressed Sequence Tags Identify Gene Families and Potential Disease Gene Homologues. In: Nature Genetics Vol. 1 (1992), No. 2, S. 124-131.

McGourty, Christine: Speak Softly or Carry a Big Stick. In: Nature Vol. 341 (1989), No. 6244, S. 679.

Merton, Robert K.: The Normative Structure of Science (1942). In: Merton, Robert K.: The Sociology of Science: Theoretical and Empirical Investigations. Chicago, 1973, S. 267-278.

Merton, Robert K.: Priorities in Scientific Discovery. A Chapter in the Sociology of Science. In: American Sociological Review Vol. 22 (1957), No. 6, S. 635-659.

Merton, Robert K.: The Matthew-Effect in Science. In: Science, Vol. 159 (1968), No. 3810, S. 56-63.

Mervis, Jeffrey und Kaiser, Jocelyn: Biden Appoints Geneticist Eric Lander as Science Adviser. In: Science Online, 15.01.2021, online verfügbar unter: <https://www.sciencemag.org/news/2021/01/biden-appoints-geneticist-eric-lander-science-advisor>, zuletzt aufgerufen am 23.04.2021.

Münch, Richard: Akademischer Kapitalismus. Zur politischen Ökonomie der Hochschulreform. Berlin, 2011.

Musil-Gutsch, Josephine und Nickelsen, Kärin: Ein Botaniker in der Papiergeschichte: Offene und geschlossene Kooperationen in den Wissenschaften um 1900. In: NTM Journal of the History of Science, Technology and Medicine Vol. 28 (2020), No. 1, S. 1-33.

N

Nasmyth, Kim und Sulston, John: High-Altitude Walking with YACs. In: Nature Vol. 328 (1987), No. 6129, S. 380-381.

National Research Council: *Mapping and Sequencing the Human Genome*. Washington D.C., 1988.

Nickelsen, Kärin: Kooperation und Konkurrenz in den Naturwissenschaften. In: Jessen, Ralph (Hrsg.): *Konkurrenz in der Geschichte. Praktiken, Werte, Institutionalisierungen*. Frankfurt/New York, 2014, S. 353-379.

Nickelsen, Kärin: *Explaining Photosynthesis. Models of Biochemical Pathways, 1840-1960*. Dordrecht u.a., 2015.

Nickelsen, Kärin und Krämer, Fabian: Introduction: Cooperation and Competition in the Sciences. In: Special Edition on Collaboration and Competition of NTM Journal of the History of Science, Technology and Medicine Vol. 24 (2016), No. 2, S. 119-123.

Nickelsen, Kärin und Schürch, Caterina: Die Dynamik disziplinenübergreifender Forschungsfelder. In: Jungert, M.; Frewer, A. und Mayr, E. (Hrsg.): *Wissenschaftsreflexion. Interdisziplinäre Perspektiven zwischen Philosophie und Praxis*. Münster, 2020, S. 163-197.

Nickelsen, Kärin: Cooperative Division of Cognitive Labour: The Social Epistemology of Photosynthesis Research. In: *Journal for General Philosophy of Science* Vol. 53 (2022), S. 23-40. Accepted: 8 December 2020 / Published online: 19 March 2021; <https://doi.org/10.1007/s10838-020-09543-1>.

N.N.: Welcoming Wellcome, kurzer Meinungsbeitrag (Opinion) in: *Nature* Vol. 358 (1992), No. 6386, S. 440.

N.N.: Human Genome Projects: Work in Progress. In: *Nature* Vol. 405 (2000), No. 6790, S. 981.

O

Olson, Maynard V. et al.: Random-Clone Strategy for Genomic Restriction Mapping in Yeast. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* Vol. 83 (1986), S. 7826-7830.

Olson, Maynard; Hood, Leroy; Cantor, Charles und Botstein, David: A Common Language for Physical Mapping of the Human Genome. In: *Science* Vol. 245 (1989), No. 4925, S. 1434-1435.

Olson, Maynard und Green, Phil: A 'Quality First' Credo for the Human Genome Project. In: *Genome Research* Vol. 8 (1998), S. 414-415.

Olson, Maynard: Clone by Clone by Clone. In: *Nature* Vol. 409 (2001), No. 6822, S. 816-818.

P

Palca, Joseph: James Watson to Head NIH Human Genome Project. In: *Nature* Vol. 335 (1988), No. 6187, S. 193.

Pearson, Richard: The Brain Drain is Here Again. In: *Nature* Vol. 319 (1986), No. 6048, S. 84.

Q

R

Radick, Gregory: Discovering and Patenting Human Genes. In: Bainham, Andrew; Slater, Shelley Day; Richards, Martin (Hrsg.): *Body Lore and Laws. Essays on Law and the Human Body*. Oxford/Portland, 2002, S. 63-78.

Rasmussen, Nicholas: The Forgotten Promise of Thiamin: Merck, Caltech Biologists, and Plant Hormones in a 1930s Biotechnology Project. In: *Journal of the History of Biology* Vol. 32 (1999), S. 245-261.

Roberts, Leslie: Agencies Vie over Human Genome Project. In: *Science* Vol. 237 (1987), No. 4814, S. 486-488.

Roberts, Leslie: Watson May Head Genome Office. In: *Science* Vol. 240 (1988), No. 4854, S. 878-879.

Roberts, Leslie: Genome Center Grants Chosen. In: *Science* Vol. 249 (1990), No. 4976, S. 1497.

S

Shapin, Steven: Who Is the Industrial Scientist? Commentary from Academic Sociology and from the Shop-Floor in the United States, ca. 1900 - ca. 1970. In: Grandin, Karl; Wormbs, Nina; Lundgren, Anders und Widmalm, Sven (Hrsg.): *The Science-Industry Nexus: History, Policy, Implications*. New York, 2004, S. 337-363.

Shreeve, James [2004]: *The Genome War. How Craig Venter Tried to Capture the Code of Life and Save the World*. New York, 2005.

Shrum, Wesley; Genuth, Joel und Chompalov, Ian: *Structures of Scientific Collaboration*. Cambridge (MA) / London, 2007.

Simmel, Georg: *Soziologie der Konkurrenz* [1903]. In: Simmel Georg: *Schriften zur Soziologie*, Herausgegeben von Dahme, Heinz-Jürgen und Rammstedt, Otthein. Frankfurt am Main, 1986, S. 173-193.

Sinsheimer, Robert L.: The Santa Cruz Workshop – May 1985. In: *Genomics* Vol. 5 (1989), S. 954-956.

Stevens, Hallam: The Politics of Sequence: Data Sharing and the Open Source Software Movement. In: *Information & Culture*, Vol. 50 (2015), No. 4, S. 465-503.

Stevens, Hallam: *Biotechnology and Society: An Introduction*. Chicago, 2016.

Strasser, Bruno J.: The Experimenter's Museum: GenBank, Natural History, and the Moral Economies of Biomedicine. In: *Isis* Vol. 102 (2011), No. 1, S. 60-96.

Strevens, Michael: The Role of the Priority Rule in Science. In: *The Journal of Philosophy* Vol. 100 (2003), No. 2, S. 55-79.

Suárez-Díaz, Edna: Making Room for New Faces: Evolution, Genomics and the Growth of Bioinformatics. In: *History and Philosophy of the Life Sciences* Vol. 32 (2010), S. 65-90.

Sulston, John E. und Hodgkin, Jonathan: A Diet of Worms. In: *Nature* Vol. 279 (1979), No. 5716, S. 758-759.

Sulston, John; Mallett, Frank; Staden, Rodger; Durbin, Richard; Horsnell, Terry und Coulson, Alan: Software for Genome Mapping by Fingerprinting Techniques. In: *Cabios* Vol. 4 (1988), No. 1, S. 125-132.

Sulston, John et al.: The *C. elegans* Genome Sequencing Project: A Beginning. In: *Nature* Vol. 356 (1992), No. 6364, S. 37-41.

Sulston, John und Ferry, Georgina: The Common Thread. A Story of Science, Politics, Ethics and the Human Genome. Washington, D.C., 2002.

Sulston, John: Staking Claims in the Biotechnology Klondike. In: *Bulletin of the World Health Organization*, Vol. 84 (2006), No. 5, S. 412-414.

T

The *Arabidopsis* Genome Initiative: Analysis of the Genome Sequence of the Flowering Plant *Arabidopsis Thaliana*. In: *Nature* Vol. 408 (2000), No. 6814, S. 795-815.

The *C. elegans* Sequencing Consortium: Genome Sequence of the Nematode *C. elegans*: A Platform for Investigating Biology. In: *Science* Vol. 282 (1998), No. 5396, S. 2012-2018.

The International Human Genome Sequencing Consortium: Initial Sequencing and Analysis of the Human Genome. In: *Nature* Vol. 409 (2001), No. 6822, S. 860-921.

The International SNP Map Working Group: A Map of Human Genome Sequence Variation Containing 1.42 Million Single Nucleotide Polymorphisms. In: *Nature* Vol. 409 (2001), No. 6822, S. 928-933.

The Sanger Centre and The Washington University Genome Sequencing Center: Toward a Complete Human Genome Sequence. In: *Genome Research* Vol. 8 (1998), No. 11, S. 1097-1108.

Tikkanen, Amy: H. Robert Horvitz, American Biologist. Online verfügbar unter: <https://www.britannica.com/biography/H-Robert-Horvitz>, 25.07.2003, zuletzt aufgerufen am 25.08.2021.

U

U.S. Congress, Office of Technology Assessment: Mapping Our Genes – Genome Projects: How Big? How Fast? Washington, D.C., 1988.

U.S. Department of Health and Human Services and U.S. Department of Energy: Understanding our Genetic Inheritance. The U.S. Human Genome Project: The First Five Years: FY 1991-1995. Springfield, 1990.

V

Venter, Craig: A Life Decoded. My Genome, My Life. New York, 2007.

Vermeulen, Niki: Supersizing Science. On Building Large-Scale Research Projects in Biology. Maastricht, 2009.

Vermeulen, Niki: Big Biology: Supersizing Science During the Emergence of the 21st Century. In: Special Edition on Collaboration and Competition of NTM Journal of the History of Science, Technology and Medicine, Vol. 24, 2 (2016), S. 195-223.

Vettel, Eric J.: Biotech: The Countercultural Origins of an Industry. Philadelphia, 2006.

W

Wade, Nicholas: First Sequencing of Cell's DNA Defines Basis of Life. In: New York Times 01.08.1995, online verfügbar unter: <https://www.nytimes.com/1995/08/01/science/first-sequencing-of-cell-s-dna-defines-basis-of-life.html> ; zuletzt aufgerufen am 03.10.2023.

Waterston, Robert: Molecular Genetic Approaches to the Study of Motility in *Caenorhabditis elegans*. In: Cell Motility and the Cytoskeleton Vol. 14 (1989), S. 136-145.

Waterston, Robert et al.: A Survey of Expressed Genes in *Caenorhabditis elegans*. In: Nature Genetics Vol. 1 (1992), No. 2, S. 114-123.

Waterston, Robert H.; Sulston, John: The Genome of *Caenorhabditis elegans*. In: Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America Vol. 92 (1995), No. 24, S. 10836-10840.

Waterston, Robert; Lander, Eric und Sulston, John: On the Sequencing of the Human Genome. In: Proceedings of the National Academy of Sciences Vol. 99 (2002), No. 6, S. 3712-3716.

Waterston, Robert; Lander Eric und Sulston, John: More on the Sequencing of the Human Genome. In: Proceedings of the National Academy of Sciences Vol. 100 (2003), No. 6, S. 3022-3024.

Watson, James D. und Cook-Deegan, Robert M.: Origins of the Human Genome Project. In: The Journal of the Federation of American Societies for Experimental Biology Vol. 5 (1991), No. 1, S. 8-11.

Weber, James L. und Myers, Eugene W.: Human Whole-Genome Shotgun Sequencing. In: Genome Research Vol. 7 (1997), S. 401-409.

Weber, Marcel: Walking on the Chromosome. *Drosophila* and the Molecularization of Development. In: Gaudilli  re, Jean-Paul und Rheinberger, Hans-J  rg (Hrsg.): From Molecular Genetics to Genomics. The Mapping Cultures of Twentieth-century Genetics. New York, 2004. S. 63-78.

Weber, Marcel: Philosophy of Experimental Biology. Cambridge, 2005.

Werron, Tobias: Zur sozialen Konstruktion moderner Konkurrenzen. Das Publikum in der "Soziologie der Konkurrenz". In: Tyrell, Hartmann; Rammstedt, Otthein und Meyer, Ingo (Hrsg.): Georg Simmels gro  e "Soziologie". Eine kritische Sichtung nach hundert Jahren. Bielefeld, 2011, S. 227-258.

Werron, Tobias: Form und Typen der Konkurrenz. In: B  rkert Karin; Engel, Alexander; Heimerdinger, Timo; Tauschek, Markus und Werron, Tobias (Hrsg.): Auf den Spuren der Konkurrenz. Kultur- und sozialwissenschaftliche Perspektiven. Freiburger Studien zur Kulturanthropologie Vol. 2. M  nster/New York, 2019, S. 17-44.

White, John G.; Southgate, Eileen; Thomson, Nichol und Brenner, Sydney: The Structure of the Nervous System of the Nematode *Caenorhabditis elegans*. In: *Philosophical Transactions of the Royal Society London B* 314 (1986), S. 1-340.

Wilson, Richard et al.: 2.2 Mb of Contiguous Nucleotide Sequence from Chromosome III of *C. elegans*. In: *Nature* Vol. 368 (1994), No. 6466, S. 32-38.

Wood, William B. and the Community of *C. elegans* Researchers (Hrsg.): *The Nematode Caenorhabditis Elegans*. Cold Spring Harbor Laboratory, 1988.

X

Y

Yi, Doogab: *The Recombinant University. Genetic Engineering and the Emergence of Stanford Biotechnology*. Chicago/London, 2015.

Z

Zuckerman, Harriet A.: Patterns of Name Ordering Among Authors of Scientific Papers: A Study of Social Symbolism and Its Ambiguity. In: *American Journal of Sociology* No. 74 (1968), Vol. 3, S. 276-291.