



联合国  
粮食及  
农业组织

Food and Agriculture  
Organization of the  
United Nations

Organisation des Nations  
Unies pour l'alimentation  
et l'agriculture

Продовольственная и  
сельскохозяйственная организация  
Объединенных Наций

Organización de las  
Naciones Unidas para la  
Alimentación y la Agricultura

منظمة  
الأغذية والزراعة  
للأمم المتحدة



# 粮食和农业遗传资源委员会

## 暂定议程议题 4

### 第十七届例会

2019 年 2 月 18–22 日，罗马

## 粮食和农业遗传资源“数字序列信息”及其 与粮食安全的相关性

### 目 录

	段 次
I. 引言.....	1-2
II. 背景.....	3-6
III. “数字序列信息”对粮食和农业遗传资源的作用 .....	7-22
IV. 粮食和农业遗传资源“数字序列信息”的法律地位 .....	23-27
V. 其他论坛发展情况 .....	28-39
VI. 征求指导意见.....	40

本文件可通过此页快速响应二维码读取；粮农组织采用此二维码旨在尽量减轻环境影响并倡导以更为环保的方式开展交流。  
其他文件可访问：[www.fao.org](http://www.fao.org)。



CGRFA 17

## I. 引言

1. 粮食和农业遗传资源委员会（遗传委）第十六届例会建立了粮食和农业遗传资源“数字序列信息”新工作流程<sup>1</sup>，并要求秘书处，视必要资源到位情况，开展粮食和农业遗传资源“数字序列信息”探索性实况调查范围界定研究（研究），提供有关信息：该领域使用的术语、粮食和农业遗传资源“数字序列信息”相关行为体、类型和使用程度，如：

- 特性描述；
- 育种和遗传改良；
- 保护；
- 粮农遗传资源的确定；

以及粮食和农业遗传资源“数字序列信息”与粮食安全和营养的相关性，以便推动遗传委审议使用粮食和农业遗传资源“数字序列信息”对粮食和农业遗传资源保护和可持续利用的影响，包括交换和获取此类资源以及公正公平分享其使用惠益。<sup>2</sup>

2. 本文为研究报告的编写提供背景信息并对主要观点加以总结。本文随后讨论遗传委可考虑进一步探讨粮食和农业遗传资源“数字序列信息”对粮食和农业遗传资源各分部门保护及可持续利用的相关性、对粮食和农业遗传资源惠益分享和/或粮食和农业遗传资源“数字序列信息”影响的方式和方法。

## II. 背景

3. 遗传委第十六届例会要求秘书邀请各成员提交有关信息，涉及“粮食和农业遗传资源数字序列信息”的使用、对粮食和农业遗传资源保护及可持续利用的潜在影响，包括交换、获取以及公正公平分享其使用惠益，对上述信息加以汇编并提交生物多样性公约执行秘书，以便对决定 CBD COP XIII/16 所启动进程做出及时贡献。<sup>3</sup> 文件《成员和观察员就粮食和农业遗传资源“数字序列信息”提交的意见》<sup>4</sup> 对收到的意见加以汇编，并提交生物多样性公约执行秘书。<sup>5</sup>

4. 秘书处委托位于新西兰克赖斯特彻奇的坎特伯雷大学开展这项研究；坎特伯雷大学与瑞士巴塞尔大学开展合作。除作者外，另外两位专家对该研究报告进行了同行审查。应遗传委要求，主席团审议了研究报告初稿。主席团邀请各区域通过其主席团成员在 2018 年 2 月 7 日前就文件提出意见，并建议将根据收到意见修订的

<sup>1</sup> CGRFA-16/17/Report Rev.1, 附录 C。

<sup>2</sup> CGRFA-16/17/Report Rev.1, 第 86 段。

<sup>3</sup> CGRFA-16/17/Report Rev.1, 第 88 段。

<sup>4</sup> CGRFA-17/19/4/Inf.1。

<sup>5</sup> <https://www.cbd.int/abs/dsi-gr/ahteg.shtml#submissions>

文件首次提交遗传委政府间技术工作组、粮食和农业微生物和无脊椎动物遗传资源专家组以及获取和利益分享技术和法律专家小组征求意见。主席团要求秘书处将根据收到的所有意见修订的研究报告提交生物多样性公约执行秘书，从而为决定 CBD COP XIII/6 所确立的生物多样性公约进程以及遗传委做出贡献。

5. 应遗传委要求<sup>6</sup>，根据主席团成员所提意见修订的粮食和农业遗传资源“数字序列信息”探索性实况调查范围界定研究报告草案，经粮食和农业遗传资源动物<sup>7</sup>、水生<sup>8</sup>、森林<sup>9</sup>和植物<sup>10</sup>遗传资源政府间工作组以及遗传委主席团成员提名的粮食和农业微生物和无脊椎动物遗传资源专家组审议<sup>11</sup>。研究报告新修订版本随后经获取和利益分享技术及法律专家小组讨论，该小组此前曾对研究报告提出意见<sup>12</sup>。该研究报告纳入文件《粮食和农业遗传资源“数字序列信息”探索性实况调查范围界定研究》供遗传委参考。应遗传委要求，该文件与生物多样性执行秘书分享，从而为决定 CBD COP XIII/16 所设立进程做出贡献<sup>13</sup>。

6. 该领域研究进展尤为迅猛，事实上，同时出现了两项技术创新；鉴于此，该研究考虑到今后可能的技术发展；利益相关方和政策制定者不妨在处理粮食和农业遗传资源“数字序列信息”时，考虑到这一点。该研究梳理了目前粮食和农业遗传资源数字序列信息使用情况、今后可能的使用情况以及目前和今后该资源的使用可能给粮食和农业部门带来的影响。该研究旨在推动相关讨论：目前或今后“数字序列信息”是否以及如何替代遗传材料，用于开展粮食和农业遗传资源研发并通过“数字序列信息”从遗传资源中创造价值。该研究还旨在帮助政策制定者适应信息收集、传输、应用和内在价值相关定量和定性变化带来的科学变革，尽管这可能脱离于原有生物遗传材料。该研究涵盖：

- 该领域使用的术语；
- 粮食和农业遗传资源及农业生态系统中生物技术（包括粮食和农业遗传资源确定、特性描述、育种和遗传改良及保护）现状及今后可能的走向；
- 当前及今后粮食和农业遗传资源“数字序列信息”在生物技术中应用的类型及程度；
- 粮食和农业遗传资源“数字序列信息”行为体、当前和今后粮食和农业遗传资源“数字序列信息”与粮食安全和营养的相关性。

---

<sup>6</sup> CGRFA-16/17/Report Rev.1，第 90 段，第 91 段。

<sup>7</sup> CGRFA/WG-AnGR-10/18/Report。

<sup>8</sup> CGRFA/WG-AqGR-2/18/Report。

<sup>9</sup> CGRFA/WG-FGR-5/18/Report。

<sup>10</sup> CGRFA/WG-PGR-9/18/Report。

<sup>11</sup> CGRFA/EG-MIGR-1/18/Report。

<sup>12</sup> CGRFA-17/19/3.1，第 6-11 段。

<sup>13</sup> CBD/COP/14/INF/29。

### III. “数字序列信息”对粮食和农业遗传资源的作用

7. “数字序列信息”没有普遍认可的定义。这体现在《生物多样性公约》及其《关于获取遗传资源和公正公平分享其利用所产生惠益的名古屋议定书》（《名古屋议定书》）框架下相关决定以及遗传委建立“数字序列信息”新工作流程的决定中。认识到该领域使用了多个术语（包括“遗传序列数据”、“遗传序列信息”、“遗传信息”、“遗传资源去物质化”、“计算机模拟利用”等），需要进一步考虑将要使用的一个或多个恰当术语。”<sup>14</sup> CBD COP/XIV 注意到，“‘数字序列信息’可能并不是最恰当的术语”，因此将该术语作为“占位符”使用。CBD COP/XIV 还建立了“基于科学和政策的遗传资源数字序列信息进程”<sup>15</sup>，以“澄清数字序列信息概念，包括相关术语和范围[.]。”<sup>16</sup>

8. 因此，并非所有使用“数字序列信息”各类相关术语的人都意指同一事物。该研究发现，科学界显然不使用“数字序列信息”一词，并指出科学不断进步，因此，下精准定义可能过于武断或主观。

9. 因此，该研究使用“数字序列信息”的说明性定义：“‘数字序列信息’是指《核酸研究》学术期刊正在使用和核对的数据库中现有或可纳入的信息。”<sup>17</sup> 因此，遗传委不妨暂时继续使用“数字序列信息”作为“占位符”。

10. 目前使用的粮食和农业遗传资源“数字序列信息”包括通常储存在电子数据库中的各类信息，涉及粮食和农业遗传资源中存在的、用于管理粮食和农业遗传资源的或从粮食和农业遗传资源中获取价值的各类生物材料。粮食和农业遗传资源上的“数字序列信息”中只有部分是脱氧核糖核酸（或核糖核酸）组成信息，通常呈现为核苷酸序列。“数字序列信息”有时可能足以合成一种性状而无需获取生物遗传材料。非脱氧核糖核酸或核糖核酸的粮食和农业遗传资源“数字序列信息”通常是确定或合成某些性状不可或缺的要害；在其他情况下，可能无需脱氧核糖核酸或核糖核酸的“数字序列信息”就能确定或合成性状。

11. 研究指出，粮食和农业遗传资源“数字序列信息”有助于实现粮食安全和营养，是粮食和农业遗传资源特性描述、选育、新产品开发、食品安全、可追溯性以及粮食和农业遗传资源管理，包括针对环境进行优化的基础工具。研究强调，“数字序列信息”是粮食和农业遗传资源特性描述、保护和可持续利用技术的必要组成部分。研究指出，“数字序列信息”是脱氧核糖核酸和某些类型的遗传材料合成的支撑技术。或许有朝一日通过某些技术可以利用“数字序列信息”合成各类遗传或生物材料。

<sup>14</sup> CGRFA-16/17/Report Rev.1, 第 87 段。

<sup>15</sup> 决定 14/20, 第 8 段。

<sup>16</sup> 决定 14/20, 第 9(a)段, 另见下文 V 节。

<sup>17</sup> 第 68 号背景研究文件, 第 10 页。

12. 使用“数字序列信息”能够更便捷地从遗传资源中获取价值，而无需对该遗传资源或其脱氧核糖核酸加以处理。该研究发现，尽管相关技术在粮食和农业遗传资源各分部门中应用，但在技术特点方面并不存在重大实际或潜在差异。该研究发现，“数字序列信息”在粮食和农业遗传资源各分部门应用广泛。“数字序列信息”是生物科学领域几乎所有研究的常规组成部分。该研究最后认为，粮食和农业遗传资源“数字序列信息”是产品开发的关键，预计随着相关粮食和农业遗传资源越来越多“数字序列信息”的出现，其重要性也将日益凸显。

13. “数字序列信息”在食品安全治理系统中也发挥重要作用，包括产品标签、食品成分确认，这将对受威胁物种保护至关重要。“数字序列信息”用于诊断各种形式粮食和农业遗传资源的疫病，并设计治疗药物。

14. 物种调查形式的“数字序列信息”为物种保护做出贡献。“数字序列信息”频繁用于确认物种和评估物种内的遗传多样性。“数字序列信息”还用于选择待储存材料，可用于测试活性（通过代谢组学分析）并确保长期纯度。“数字序列信息”还可用于选择材料，供开展各类活动，如育种、人工授精、同期发情、体外授精和克隆，但也可用于后代监测或测定。

15. “数字序列信息”还有助于多个层面的可持续利用，包括直接应用于粮食和农业遗传资源；通过发现和设计新农药、生物肥料和益生菌管理遗传资源管理等<sup>18</sup>。“数字序列信息”还可为经济上可持续性的利用做出贡献。来自粮食和农业遗传资源的新产品可提高农民的收入保障和资金可持续性。“数字序列信息”是新产品开发的关键要素。

16. “数字序列信息”用于提供脱离于生物材料的价值，以支持粮食和农业遗传资源特性描述、保护和可持续利用。在某些情况下，价值来源于将“数字序列信息”与生物材料重新挂钩，如利用元基因组学确定可作为土壤改良剂加入土壤的益生菌。可能由于无法检测到土壤中的某细菌菌种，从而要诉诸益生菌改良剂；或者是为了添加一种营养素，以便将这一检测不到的菌种提高到具有生物学意义的水平。表 1 举例说明目前“数字序列信息”在遗传资源各分部门的使用情况。进一步详情可查阅原始研究<sup>19</sup>。

17. 随着生成和分享脱氧核糖核酸序列全球能力的提升，“数字序列信息”足以大量使用粮食和农业遗传资源信息，对生物多样性进行特性描述并通过育种改良粮食和农业遗传资源。此外，今天或不久的将来，可以通过仅使用“数字序列信息”获取、转移和重构大部分生物遗传信息，而无需处理该生物或转移其脱氧核糖核酸。

---

<sup>18</sup> 见第 52 号背景研究文件。

<sup>19</sup> 见第 68 号背景研究文件。

18. 显然，各类粮食和农业遗传资源（微生物、植物和动物）可以且正在生成“数字序列信息”。“数字序列信息”有助于保护以及开展一系列依赖分类描述、性状特性描述、育种、认证、原材料和新产品的价值链活动。研究中的例子涉及微生物、植物和动物，揭示各部门情况，而不考虑应用了多少“数字序列信息”。

19. 遗传资源的价值也不再局限于其生物学。大规模和加速度的生物信息收集，可形成未来应用和收入，且独立于最初提供该遗传材料的生物。“数字序列信息”已达到“大数据”规模。使用大数据可以为粮食和农业遗传资源创造价值，且该价值与粮食和农业遗传资源的占有、利用或管理截然不同；使用大数据还可以为粮食和农业遗传资源的占有、使用和管理者提供帮助及产品。

20. 粮食和农业遗传资源“数字序列信息”存储在电子/数字媒介中。私人持有的“数字序列信息”数量未知。可公开获取的“数字序列信息”包括近 1700 个在线数据库的内容和功能，其基础设施主要在发达国家。然而，由于数据量大且获取“数字序列信息”需要生物信息学技能，因此公开提供“数字序列信息”并不一定意味着可以获取。

21. 通过“数字序列信息”，各类产业和行为体开始参与粮食和农业遗传资源的特性描述、保护和可持续利用。生物纳米技术、合成生物学、生物计算、农场手持测序仪、定制管理建议等相关价值链不断发展。测序和合成费用下降，将促进研究人员、公众和农民获取工具。

22. 尽管脱氧核糖核酸测序和合成费用下降，使用其他生物材料的费用以及电子基础设施和专业人员培训的高昂费用，将继续使某些国家难以使用“数字序列信息”或从中充分获益。

#### IV. 粮食和农业遗传资源“数字序列信息”的法律地位

23. 《名古屋议定书》规定，“遗传资源利用以及后续应用和商业化开发所获利益应与提供此类资源的缔约方（即资源原产国）或根据《生物多样性公约》获得遗传资源的缔约方公正公平地分享”。<sup>20</sup>

24. 关于是否可将“数字序列信息”视为“遗传资源”，看法不一。关于是否或在何种条件下脱氧核糖核酸测序（即确定脱氧核糖核酸或核糖核酸中核苷酸顺序的过程）和筛选活动可算作“利用”，意见也不一致。事先知情同意、共同商定条款和利益共享工作，需要明确将“数字序列信息”视为等同于遗传资源所产生的法律影响。“数字序列信息”或其后续应用和商业化所产生惠益的分享工作，需要明确仅将“数字序列信息”视为某遗传资源利用的产物所产生的法律影响。<sup>21</sup>“数字序列信息”还涉及一个问题，即惠益分享权利是否在某个“截止”点完结，或延伸至后续产生效益的每一次再利用。

---

<sup>20</sup> 《名古屋议定书》，第 5.1 条。

<sup>21</sup> 见遗传资源数字序列信息特设技术专家组（CBD/DSI/AHTEG/2018/1/4），附件，第 7(f)段。

**表 1：粮食和农业遗传资源数字序列信息当前应用举例**

<b>动物遗传资源</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>● “数字序列信息”用于动物遗传资源特性描述的一个例子是全基因组选择，即使用全基因组标记，预测个体动物的育种价值。代际间隔缩短可加速育种进程。</li> <li>● “数字序列信息”用于疫病诊断和预防。</li> <li>● 由 BCO2 基因“数字序列信息”引导的基因编辑工具 CRISPR/Cas9，用于 Tan 绵羊合子的一个细胞阶段，产生双等位基因或单等位基因 BCO2 受到干扰的转基因动物。双等位基因动物（两个 BCO2 均发生突变的动物）脂肪中黄色部分明显更多。</li> <li>● 瘤胃生物群落“数字序列信息”及其在动物遗传资源管理中的应用。已完成若干重大瘤胃生物群落元基因组学调查，产生的“数字序列信息”用于应对提高饲料效率和减少温室气体排放的双重挑战。</li> </ul>
<b>水生遗传资源</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>● “数字序列信息”用于鉴定影响鱼类表型可塑性的基因。</li> <li>● “数字序列信息”有助于精子低温保存，也可在一定程度上用于鱼卵、胚胎及某些无脊椎动物幼虫的低温保存；还可用于繁殖技术、杂交种检测、疫病诊断和预防。</li> <li>● 使用“数字序列信息”进行产品标签验证，可用于可追溯以及遵守水生遗传资源保护和可持续利用相关法律。</li> </ul>
<b>森林遗传资源</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>● “数字序列信息”用于开展种、亚种和杂种特性描述，并为储存或微繁选择遗传材料。</li> <li>● 预测基因组学中使用的“数字序列信息”，可确认某基因型的适宜环境并帮助移栽，从而有助于保护树木。</li> <li>● “数字序列信息”在林木育种方面拥有巨大潜力，有助于应对杂交水平高、未驯化树种数量大和代际间隔长的挑战。</li> </ul>
<b>植物遗传资源</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>● “数字序列信息”支持基因组辅助育种计划中的标记辅助选择。“数字序列信息”为育种提供改良工具，从而有助于实现粮食安全和营养。</li> <li>● “数字序列信息”支持使用分子标记、组学、低温保存、体外缓慢生长法保存、远缘杂交、体细胞杂交、微繁和生物技术，进行疫病诊断。</li> <li>● “数字序列信息”用于病虫害防治。来自基因组和元基因组的“数字序列信息”正用于设计脱氧核糖核酸或核糖核酸农药，通常称为“生物制品”或“农业生物制品”，以便区别于合成化学农药活性成分。</li> </ul>
<b>微生物和无脊椎动物遗传资源</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>● “数字序列信息”用于生成分子标记、在微生物和无脊椎动物遗传资源鉴定中开展组学分析、检测食品中的病原体和腐败剂。</li> <li>● “数字序列信息”用于分子标记开发、组学、低温保存和病原体检测。</li> </ul>

25. 有人担心，随着技术进步，“数字序列信息”可能会对获取和利益分享安排的实施构成挑战，因为用户无需寻求获取原始生物资源，因此可能规避获取和利益分享程序。此外，注意到，根据《名古屋议定书》第5条，遗传资源利用“后续应用和商业化”产生的利益也必须分享。

26. 有人担心，“数字序列信息”的任何额外合规或订购成本，都将减慢上游研究的资产分配，因为信息将不会生成或处于保密状态。还有人认为，“数字序列信息”获取和利益分享法律框架的失灵，可促使各国限制使用从其提供的遗传资源中提取的“数字序列信息”。

27. 尽管存在意见分歧，但似乎一致认为，“数字序列信息”及其对遗传资源保护和可持续利用以及利益公正公平分享问题，值得进一步探讨。

## V. 其他论坛发展情况

### 生物多样性公约/名古屋议定书

28. 《生物多样性公约》缔约方大会第十三届会议和《名古屋议定书》缔约方大会第二届会议通过了“数字序列信息”有关决定，认为有必要在《生物多样性公约》和《名古屋议定书》框架下针对该事宜采取协调和不重复的方法（决定 CBD COP XIII/16 和决定 NP-2/14）。《生物多样性公约》和《名古屋议定书》决定在今后会议上审议遗传资源数字序列信息的使用分别对《生物多样性公约》和《名古屋议定书》目标产生的任何潜在影响。

29. 各方还商定推动该事宜审议的进程，包括：与政府、土著居民、当地社区以及相关组织和利益相关方磋商<sup>22</sup>；编制实况调查范围界定研究报告，澄清术语和概念、评估在《生物多样性公约》和《名古屋议定书》框架下使用“数字序列信息”的程度、条款和条件<sup>23</sup>；成立特设技术专家组，审议技术范围以及“数字序列信息”相关现有技术的法律和科学影响等。<sup>24</sup>

30. 各方在缔约方大会第十四届会议上审议该事项时，注意到“各方就遗传资源数字序列信息利用相关利益分享存在意见分歧”，致力于推动通过“基于科学和政策的进程”解决该分歧<sup>25</sup>，从而“推动实现《生物多样性公约》第三项目标并遵守第15条第7款规定，同时不影响本条所适用情形”<sup>26</sup>。该进程包括：磋商会、成立职责范围扩大的特设技术专家组以及针对以下议题编制四个同行评审研究报告：

---

<sup>22</sup> 见《遗传资源数字序列信息对生物多样性公约三大目标和名古屋议定书目标的潜在影响意见及信息汇总》（[CBD/SBSTTA/22/INF/2](#) & [CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2/Add.1](#)）。

<sup>23</sup> 见《生物多样性公约和名古屋议定书背景下遗传资源数字序列信息实况调查范围界定研究报告》（[CBD/DSI/AHTEG/2018/1/3](#)）。

<sup>24</sup> 见《遗传资源数字序列信息特设技术专家组报告》（[CBD/SBSTTA/22/INF/4](#)）。

<sup>25</sup> 决定 14/20，第 8 段。

<sup>26</sup> 决定 14/20，第 6 段。



- (i) 遗传资源数字序列信息的概念和范围以及目前遗传资源“数字序列信息”的使用方式，参考现有实况调查范围界定研究<sup>27</sup>；
- (ii) 数字信息可追溯方面的进展，包括如何通过数据库解决可追溯性以及相关进展如何为遗传资源“数字序列信息”讨论提供参考；
- (iii) 遗传资源“数字序列信息”公共和私营（尽可能）数据库，包括准予获取或管控获取的条款和条件、数据库的生物范围和规模、收集品数量及其来源、管理政策、遗传资源“数字序列信息”的提供者和使用者；鼓励私营数据库所有者提供必要信息；
- (iv) 国内措施如何解决遗传资源“数字序列信息”商业和非商业使用利益分享问题以及遗传资源“数字序列信息”用于研发的问题。<sup>28</sup>

31. 职责范围扩大的特设技术专家组成果将由缔约方大会成立的闭会期间开放式工作组审议，以支持建立 2020 年后全球生物多样性框架。<sup>29</sup>闭会期间开放性工作组将就 2020 年后全球生物多样性框架背景下遗传资源数字序列信息问题向缔约方大会第十四届会议提出建议。<sup>30</sup>闭会期间开放性工作组还需提交其审议成果供《名古屋议定书》缔约方大会第四届会议审议。<sup>31</sup>

### 粮食和农业植物遗传资源国际条约

32. 《粮食和农业植物遗传资源国际条约》（《国际条约》）在其 2017 年 10 月 28 日在卢旺达基加利召开的第七届会议之前举办了基因组信息特别活动。国际条约秘书处委托开展的《新合成生物学和基因组研究轨迹对粮食和农业植物遗传资源国际条约的潜在影响》<sup>32</sup>在该特别活动上加以介绍。

33. 《国际条约》管理机构第七届会议在 2018-2025 多年工作计划草案背景下审议了“数字序列信息”。管理机构决定在第八届会议上审议使用遗传资源“数字序列信息”对《国际条约》目标可能产生的影响，并考虑在该届会议上将其纳入多年工作计划。管理机构还邀请缔约方、其他政府、利益相关方以及具备相关专长的个人，向管理机构提供以下信息：该领域使用的术语、粮食和农业植物遗传资源“数字序列信息”相关行为体、粮食和农业植物遗传资源“数字序列信息”的使用类型和程度（如粮食和农业植物遗传资源的特性描述、育种和遗传改良、保护及

<sup>27</sup> 《生物多样性公约和名古屋议定书背景下遗传资源数字序列信息实况调查范围界定研究》（[CBD/DSI/AHTEG/2018/1/3](http://www.cbd.int/doc/2018/1/3/cbd-dsi-ahteg-2018-1-3.pdf)）。

<sup>28</sup> 决定 14/20，第 11 段。

<sup>29</sup> 见决定 14/34。

<sup>30</sup> 决定 14/20，第 12 段。

<sup>31</sup> 决定 NP-3/12，第 3 段。

<sup>32</sup> [http://www.fao.org/fileadmin/user\\_upload/faoweb/plant-treaty/GB7/gb7\\_90.pdf](http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/faoweb/plant-treaty/GB7/gb7_90.pdf)

确定)、粮食和农业植物遗传资源“数字序列信息”与粮食安全和营养的相关性等,旨在推动管理机构第八届会议审议粮食和农业植物遗传资源“数字序列信息”使用对《国际条约》目标的潜在影响,包括交换、获取以及公正公平分享利用惠益。<sup>33</sup>

34. 针对获取和利益分享多边系统,管理机构成立联络组,推动提升多边系统。管理机构针对 2018-19 两年度扩大了加强获取和利益分享多边系统运行特设开放性工作组的职责范围;该工作组预计将审议(包括在标准材料转让协定背景下)来自多边系统的材料相关遗传信息问题。<sup>34</sup>

35. 针对《国际条约》全球信息系统,管理机构决定在全球信息系统委员会科学咨询委员会 2018-2019 两年度职责范围内纳入新内容,即审议粮食和农业植物遗传资源利用产生的且涉及全球信息系统实施的遗传序列信息相关科学和技术问题。<sup>35</sup>

### 世界卫生组织

36. 2011 年世界卫生大会通过的“共享流感病毒以及获得疫苗和其它利益的大流行性流感防范框架”(“大流行流感防范框架”)<sup>36</sup>旨在改进大流行流感防范和响应,加强保护免于感染大流行流感,从而打造公正、透明、公平、高效和有效系统,以便公平分享具备人际大流行潜力的流感病毒、获取疫苗并分享利益。

37. 2016 年根据“大流行流感防范框架”成立的大流行流感防范框架审查小组,注意到框架原则在今天与在 2011 年同样重要,认为“框架若要继续保持相关性,则亟需解决关键问题,包括如何在‘大流行流感防范框架’下解决[遗传序列数据]问题”<sup>37</sup>。

38. 尽管“大流行流感防范框架”提到“遗传序列数据”<sup>38</sup>并鼓励各国迅速、及时和系统地分享这些数据,<sup>39</sup>但遗传序列数据并未纳入“大流行流感防范框架”生物材料的定义之中。因此,在“大流行流感防范框架”下适用于框架生物材料的利益分享制度并不完全涵盖遗传序列数据。因此,“大流行流感防范框架”审查小组认为,亟需澄清框架下遗传序列数据处理方式,以便确保与框架生物材料分享遵守同样的原则。

---

<sup>33</sup> 第 13/2017 号决议。

<sup>34</sup> 第 2/2017 号决议。

<sup>35</sup> 第 5/2017 号决议,第 9 段。另见[邀请提交“数字序列信息”相关意见及其他信息](#),2018 年 12 月 3 日。

<sup>36</sup> [http://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/44796/9789241503082\\_eng.pdf?sequence=1](http://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/44796/9789241503082_eng.pdf?sequence=1)

<sup>37</sup> 大流行流感防范框架审查小组。2016 年。[大流行流感防范框架综述,总干事报告。日内瓦:世界卫生组织](#),第 13 页。

<sup>38</sup> “遗传序列”是指脱氧核糖核酸或核糖核酸分子中核苷酸的顺序。其中包含决定生物或病毒的生物学特征的遗传信息(大流行流感防范框架,第 4.1 节)。

<sup>39</sup> 大流行流感防范框架,第 5.2.1 节。

39. 2017年5月，为回应“大流行流感防范框架”审查小组的报告<sup>40</sup>，世界卫生大会要求世卫组织总干事针对框架审查小组提出的问题（包括遗传序列数据）开展彻底和审慎分析。在密集磋商以及2018年9月发布分析草案后，世界卫生组织于2018年12月14日发布分析结果。<sup>41</sup>分析阐述了“大流行流感防范框架”下可能采取的方法对季节性流感和遗传序列数据的潜在影响。世界卫生组织执行局将在即将召开的第一四四届会议上审议有关该事项的决定草案，供世界卫生大会第七十二届会议审议。<sup>42</sup>

## VI. 征求指导意见

40. 遗传委不妨：

- i. 考虑在下届会议准备过程中针对“数字序列信息”开展进一步分析的必要性；
- ii. 要求遗传委附属机构和遗传委今后会议解决“数字序列信息”及其对粮食和农业遗传资源保护、可持续利用和利益分享的影响问题，包括各分部门的数字序列信息问题；
- iii. 邀请各国和利益相关方提供能力建设和资金支持，以便所有国家，尤其是发展中国家能够利用“数字序列信息”并从中获益；
- iv. 要求粮农组织在今后世界遗传资源状况以及粮食和农业生物多样性报告中解决粮食和农业遗传资源“数字序列信息”现状和使用情况相关问题。

---

<sup>40</sup> 大流行流感防范框架审查小组。2016年。[大流行流感防范框架综述，总干事报告。日内瓦：世界卫生组织。](#)

<sup>41</sup> 世界卫生组织。2018年。[大流行流感防范框架下处理季节性流感和遗传序列数字的方法。](#)

<sup>42</sup> [http://apps.who.int/gb/ebwha/pdf\\_files/EB144/B144\\_23-en.pdf](http://apps.who.int/gb/ebwha/pdf_files/EB144/B144_23-en.pdf)