



粮食和农业遗传资源委员会

暂定议程议题 5

第十八届例会

2021年9月27日-10月1日

粮食和农业遗传资源“数字序列信息”： 创新机遇、挑战和影响

目 录

	段次
I. 引言.....	1-4
II. 定义“数字序列信息”的进程.....	5-14
III. “数字序列信息”为促进遗传资源保护和可持续利用提供的机会.....	15-21
IV. “数字序列信息”获取和利用能力.....	22-26
V. “数字序列信息”对获取和惠益分享的影响.....	27-31
VI. 其他论坛的发展情况.....	32-40
VII. 今后工作备选方案.....	41-44
VIII. 征求指导意见.....	45-46

I. 引言

1. 在 2019 年第十七届例会上，粮食和农业遗传资源委员会（遗传委）注意到《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》（第 68 号背景研究文件）¹。该研究审查了粮食和农业遗传资源“数字序列信息”当前的使用情况、今后的可能用途及其使用对粮食和农业部门的可能影响。
2. 遗传委一致认为，有必要进一步审查粮食和农业遗传资源“数字序列信息”问题。遗传委商定在下届会议上探讨：
 - i. 粮食和农业遗传资源“数字序列信息”带来的创新机遇；
 - ii. 获取和利用“数字序列信息”的能力挑战；
 - iii. “数字序列信息”对保护和利用粮食和农业遗传资源以及分享粮食和农业遗传资源所产生惠益的影响。
3. 遗传委要求动物、水生、森林和植物遗传资源政府间技术工作组（各工作组）“参考各分部门在遗传资源保护、可持续利用和开发、粮食安全和营养、食品安全及动植物有害生物和疫病防控方面的现有实例，审议相关事宜”²。遗传委还指出，必须与《生物多样性公约》、《生物多样性公约关于获取遗传资源和公正和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》）和《粮食和农业植物遗传资源国际条约》（《条约》）当前的进程协调。
4. 本文件旨在推动有关“数字序列信息”的讨论，回顾“数字序列信息”的不同备选定义（第 II 部分）。本文件考虑了“数字序列信息”带来的创新潜力，以列举的方式提供了“数字序列信息”涉及粮食和农业遗传资源保护、可持续利用和开发的实际和潜在应用，文件纳入了工作组和遗传委成员的意见建议（第 III 部分），并探讨了一些决定能否充分发挥这一潜力的因素（第 IV 部分）。“数字序列信息”对粮食和农业遗传资源保护和可持续利用（相关研发），尤其是对利用粮食和农业遗传资源所产生惠益分享的影响，除其他外，取决于“数字序列信息”获取和惠益分享的法律条件（第 V 部分）。鉴于近期其他论坛的发展情况（第 VI 部分），遗传委不妨根据各工作组的建议，确定今后工作的优先重点（第 VII 部分）。

¹ Heinemann, J.A.、Coray, D.S.和 Thaler, D.S.。2018。《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》。第 68 号背景研究文件。粮食和农业遗传资源委员会。罗马，粮农组织。
（另见 <http://www.fao.org/3/CA2359EN/ca2359en.pdf>）。

² [CGRFA-17/19/Report](#)，第 23 段。

II. 定义“数字序列信息”的进程

5. “数字序列信息”并无公认定义。这体现在《生物多样性公约》及《名古屋议定书》的相关决定和遗传委 2017 年新设“数字序列信息”工作流程的决定中。当时，遗传委认识到，“[……]这一领域使用的术语众多（尤其包括“遗传序列数据”、“遗传序列信息”、“遗传信息”、“去物质化遗传资源”、“计算机模拟利用”等等），[……]需要进一步考虑使用哪个或哪些适当的术语”³。

6. 世界卫生组织（世卫组织）《大流行性流感防范框架》未定义“数字序列信息”。不过，该框架对“基因序列”作如下定义：“在脱氧核糖核酸或核糖核酸分子中存在的核苷酸序列。它们含有确定生物或病毒的生物学特性的基因信息”。此外，该框架还提及“基因序列数据”⁴，但未进一步定义该术语。2019 年 11 月 18 日发布的根据《联合国海洋法公约》的规定就国家管辖范围以外区域海洋生物多样性的养护和可持续利用问题拟订的协定案文草案修改稿采用了“电脑模拟的”、“数字序列信息”和“遗传序列数据”这些术语，但未作定义⁵。《条约》管理机构尚未确定“数字序列信息”/基因序列数据的正式术语，因此在上届会议上决定采用“数字序列信息/基因序列数据”，直到商定新术语为止。⁶

7. 在定义“数字序列信息”或类似用语方面，这些进程面临的一项挑战是决定该术语的范围或内容。尽管该术语可理解为只包含脱氧核糖核酸和核糖核酸序列，但也可能涵盖蛋白质氨基酸序列及/或对其应用的认知过程生成的信息，甚至包括遗传资源信息，例如传统知识或表型数据。⁷

《核酸研究》使用的生物学数据库

8. 第 68 号背景研究文件发现，科学界尤其不用“数字序列信息”一词，并强调科学不断进步，因此精确地定义难免武断或刻板。为此，作者就“数字序列信息”提出了说明性定义：科学期刊《核酸研究》（*Nucleic Acid Research*）当前或今后整理的任何类型数据库可能含有的任何类型信息⁸。《核酸研究》发布了对核酸代谢和/或相互作用中涉及的核酸和蛋白质物理、化学、生化和生物信息的研究结果。每年第一期均为生物学数据库专刊。⁹

³ [CGRFA-16/17/Report Rev.1](#)，第 87 段。

⁴ [《大流行性流感防范框架》](#)，见第 5.2 节。

⁵ [A/CONF.232/2020/3](#)

⁶ [IT/GB-8/19/Report](#)，第 9/2019 号决议

⁷ Houssen, W.、Sara, R.和 Jaspars, M.。2020。《遗传资源数字序列信息：概念、范围和当前使用情况》。CBD/DSI/AHTEG/2020/1/3，第 31 页。《生物多样性公约》。

（另见 <https://www.cbd.int/doc/c/fe9/2fe9/70f037ccc5da885dfb293e88/dsi-ahteg-2020-01-03-en.pdf>）。

⁸ 见 Heinemann, J.A.、Coray, D.S.和 Thaler, D.S.。2018。同上。

⁹ <https://academic.oup.com/nar>

作为“数字序列信息”分组依据的生物学处理度和基本遗传资源相近性

9. 生物多样性公约缔约方大会在第十四届常会上注意到“数字序列信息”可能不是最适当的术语，因此作为“替代术语”使用。缔约方大会还建立了“基于科学和政策的关于遗传资源数字序列信息的进程”，除其他目标外，旨在“说明数字序列信息的概念，包括相关术语和范围[……]”¹⁰。作为该进程的一部分，缔约方大会启动了广泛磋商¹¹，并发起了三项研究，其中一项聚焦遗传资源“数字序列信息”的概念和范围及其当前的使用情况¹²。缔约方大会还设立了扩大的特设技术专家组，除其他任务外，负责制定业务术语及其含义的备选方案，以便从概念上说明遗传资源数字序列信息。

10. 基于研究报告《遗传资源数字序列信息：概念、范围和当前使用情况》，特设技术专家组认为，生物学处理度和基本遗传资源相近性可作为可能包含“数字序列信息”的信息分组依据。特设技术专家组归为“数字序列信息”的三组信息累加进表 1（第 2 组包含第 1 组全部要素，第 3 组包含第 1 组和第 2 组全部要素）¹³。除遗传和生化信息之外的相关信息，例如遗传资源相关传统知识、行为数据和生态关系信息，不视作“数字序列信息”。但必须指出，根据《名古屋议定书》，很多国家的获取和惠益分享措施规定对遗传资源相关传统知识进行获取和惠益分享。

11. 特设技术专家组还确定了多个备选术语来描述遗传资源“数字序列信息”，但并未就此得出明确结论。¹⁴

¹⁰ [第 14/20 号决定](#)

¹¹ 意见综述见 [CBD/DSI/AHTEG/2020/1/2](#)。

¹² Houssen, W.、Sara, R.和 Jaspars, M.。2020 年。同上。

¹³ [CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7](#)，附件 I，第 9 段。

¹⁴ [CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7](#) 附件 I，表 2。

表 1：遗传资源“数字序列信息”的范围说明¹⁵

组号	遗传资源相关信息			相关信息
	遗传和生化信息			
	第 1 组	第 2 组	第 3 组	
各组概述	脱氧核糖核酸和核糖核酸	第 1 组+蛋白质+表观遗传修饰	第 2 组+代谢产物和其他大分子	
粒状素材举例	<ul style="list-style-type: none"> 核酸序列测序片段； 核酸测序片段相关数据； 非编码核酸序列； 遗传图谱（例如基因型分型、微卫星分析、单核苷酸多态性等）； 结构注释。 	<ul style="list-style-type: none"> 氨基酸序列； 基因表达信息； 功能注释； 表观遗传修饰（例如甲基化模式和乙酰化）； 蛋白质分子结构； 分子相互作用网络。 	<ul style="list-style-type: none"> 遗传资源生化组成信息； 大分子（不包括脱氧核糖核酸、核糖核酸和蛋白质）； 细胞代谢产物（分子结构）。 	<ul style="list-style-type: none"> 遗传资源相关传统知识； 第 1 组、第 2 组和第 3 组数字序列信息相关信息（例如环境或生物相关生物和非生物因子）； 遗传资源或其利用相关其他类型信息。

12. 针对每组信息，特设技术专家组根据“数字序列信息”的技术溯源性确定了不同影响。“数字序列信息”与基本遗传资源的相近性以及生成“数字序列信息”的相关生物过程，决定了能否从技术上确定或推断源头遗传资源¹⁶。特设技术专家组的结论是，不同部门不同程度依赖各组“数字序列信息”。

13. 鉴于定义“数字序列信息”的重要性以及“数字序列信息”定义的影响最终取决于定义的使用背景/目的，遗传委不妨继续使用“数字序列信息”作为替代术语，直到进一步明确希望讨论“数字序列信息”的背景及定义“数字序列信息”的目的为止。

14. “粮食和农业遗传资源数字序列信息”一词显然是指源自粮食和农业遗传资源的“数字序列信息”。然而，粮食和农业遗传资源研发以及粮食和农业遗传资源“数字序列信息”，也很有可能涉及非粮食和农业遗传资源生物的遗传材料和“数字序列信息”¹⁷。粮食和农业遗传资源“数字序列信息”是否包含用于粮食和农业遗传资源研发的非粮食和农业遗传资源生物“数字序列信息”（例如有关非粮食和农业遗传资源生物新性状的“数字序列信息”），这一问题尚无定论。

¹⁵ 该表摘自 [CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7](#) 附件 I 表 1。

¹⁶ Houssen, W.、Sara R.和 Jaspars, M.。2020。同上，第 32 页。

¹⁷ 见 Heinemann, J.A.、Coray, D.S.和 Thaler, D.S.。2018。同上，第 9 页。

III. “数字序列信息”为促进遗传资源保护和可持续利用提供的机会

15. “数字序列信息”在环境和生物研究中发挥着根本性作用，有助于了解生命和进化的分子基础，以及如何改变基因以提供新的农产品、治愈疾病的疗法和对策、新能源，以及其他新产品。“数字序列信息”还在划分、识别和减轻受威胁物种的风险、追踪非法贸易、确定产品的地理来源、养护管理等方面发挥着重要作用。

16. 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（包括疫苗等兽药产品的开发）的基础工具。“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¹⁸。大量技术都以“数字序列信息”为基础，对DNA、RNA和其他涉及遗传性和性状表达的分子进行分析、合成和表达，以促进繁殖、生长和健康。合成生物学是一门相对新颖的学科，现在已经可以利用“数字序列信息”在体外和以新生的方式分析和合成DNA、RNA、蛋白质，甚至病毒等分子。

17. 借助“数字序列信息”，无需获取遗传资源，即可基于数字化数据和信息，从遗传资源中产生效益。背景研究文件第68号发现，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。该研究文件指出，“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”是生物学领域几乎所有研究的常规组成部分。该研究文件得出结论，粮食和农业遗传资源“数字序列信息”是产品开发的核​​心，包括粮食和农业遗传资源的改良：特别是随着粮食和农业遗传资源相关“数字序列信息”不断增加，这种改良的重要性预计会不断提高。“数字序列信息”也可用来选择育种繁殖/植物材料，包括人工授精、发情期同步和体外受精，以及克隆，或用于监测或测试幼崽/幼苗。“数字序列信息”是绿色（农业）生物技术、红色（保健和医药）生物技术和白色（工业）生物技术产品和工艺创新的关键要素，预计将在蓝色（渔业/水产养殖）生物技术中发挥日益重要的作用。

18. “数字序列信息”还能推动新疫苗、杀虫剂、生物肥料和益生菌的发现和设计，促进粮食和农业遗传资源的可持续利用。“数字序列信息”既可用于诊断各种形式的粮食和农业遗传资源疾病，也可用于设计治疗药物。“数字序列信息”可能是开发粮食和农业遗传资源新产品、提高农民收入保障和经济可持续性的关键要素。

¹⁸ 另见 CGRFA/WG-PGR-10/21/6/Inf.1。

19. “数字序列信息”有助于物种养护。例如，相比起开展传统的渔网调查，科学家只要从水中收集少量 DNA，就可能确定更多的海洋脊椎动物物种。“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；还用于选择待在基因库储存的材料，可用于测试活性，并确保长期纯度。

20. “数字序列信息”在食品治理系统中也发挥着重要作用，包括产品标签、食品成分鉴定，这对保护受威胁物种具有重要意义。

21. 表 2 介绍了“数字序列信息”的一些实际和潜在应用，显示了其巨大的创新潜力，其中也反映了各工作组¹⁹和遗传委成员提出的意见和建议。

表 2：与粮食和农业遗传资源养护和可持续利用有关的“数字序列信息”的实际和潜在应用的部分实例

适用于所有遗传资源
<ul style="list-style-type: none"> “数字序列信息”用于准确识别和理解世界各地物种之间的遗传关系。例如，生物条形码 (https://ibol.org/) 等数据库使研究人员可以识别物种，从而可以监测和保护生物多样性。 “数字序列信息”还用于疫病诊断和预防、管理育种计划以及避免物种间和物种内遗传多样性的进一步丧失。例如，研究人员可以使用“数字序列信息”来识别、理解和减轻威胁各种脆弱物种种群的因素。 “数字序列信息”用于监测原生境保护计划，开发和优化非原生境采集、采样策略和收集品评价。
动物遗传资源
<p>鉴定：</p> <ul style="list-style-type: none"> “数字序列信息”的使用促进了品种分子鉴定的改进，并有助于识别与生产性状和适应性状（如耐高温性和抗病性）相关的基因组片段，以及识别导致许多遗传缺陷的变异。 <p>可持续利用：</p> <ul style="list-style-type: none"> “数字序列信息”允许维持种群内的遗传变异，以持续利用动物遗传资源。已经开发了不同的方法来管理近交，同时增加遗传增益。 它可用于促进新牲畜品种的开发和发现，从而提升可持续和有韧性的畜牧体系和粮食安全的成果。 “数字序列信息”可以提高对关注性状的快速理解，以适应新的育种条件，特别是在气候变化的背景下，例如对高海拔的适应性和提高对高环境温度和湿度的耐受性。 “数字序列信息”对于疾病诊断和预防非常有用。

¹⁹ CGRFA-18/21/8.2, 第 32–35 段；CGRFA-18/21/9.1, 第 26–30 段；CGRFA-18/21/10.1, 第 31–39 段及附录 C；CGRFA-18/21/12.1, 第 46–50 段。

- 基因组选择在商业育种计划中被广泛使用，其中全基因组标记用于预测单个动物的育种价值。
- 对于瘤胃生物群落的“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。

保护：

- “数字序列信息”有助于保护濒危物种，如濒危品种或授粉媒介，有助于改善粮食安全，因此对于防止受威胁物种的进一步丧失以及研究多样性至关重要。
- “数字序列信息”可以通过将储存材料动物基因型与活体动物的基因型进行比较，然后有针对性地收集代表性不足的多样性，来改善超低温保存。
- 基因组分析允许对长期原生境保护计划进行评价。通过基因组分析，关于品种历史和品种或种群内部和之间遗传多样性的信息可用于交配计划。

水生遗传资源

鉴定：

- “数字序列信息”用于基因鉴定和识别基因序列，用于群体遗传学研究和种群评估。

可持续利用：

- 在粮食和农业水生遗传资源中，“数字序列信息”与分子标记最为相关，例如条形码、“组学”和用于疾病诊断的生物技术，以及育种计划中的系谱分配。
- “数字序列信息”有助于生殖技术和杂交种检测，以及疾病诊断和预防。
- “数字序列信息”可以通过可追溯性和识别产品替代品，以及支持产品标签和认证计划，改善市场准入和消费者对供应链的信心。

保护：

- 基于“数字序列信息”的 DNA 条形码已被用于支持物种保护，包括那些可能被非法交易的物种。
- “数字序列信息”用于支持通过移植恢复退化的珊瑚礁，通过比较不同珊瑚种群的“数字序列信息”（遗传构成）可以判断候选地点是否适合重新引入健康珊瑚。

森林遗传资源

鉴定：

- “数字序列信息”用于物种、亚种和杂交种的鉴定；它有助于理解物种和种群起源和概况的系统发育信息；理解基因表达和形态多样性的多效性效应；加速了解森林树种的遗传力、生态生理学和生物学。

可持续利用和管理：

- “数字序列信息”有助于在新开发的和先进的育种计划中组建育种群体，也有助于选择遗传材料进行储存或微繁殖。
- 通过辅助使用生物信息学工具，“数字序列信息”有助于深入了解个体和种群的遗传构成，使幼苗和育种计划的实时选择成为可能；而且在林木育种、提高人工林生产率，以及明智地控制有害生物方面，具有强大的潜力。

- “数字序列信息”使“非育种型育种”方法成为可能，使许多国家能够以可承受的成本设计树木育种计划。这种方法依赖于“数字序列信息”，即从后代的子集中获得完整的谱系信息。
- 基于“数字序列信息”的技术有助于确定木材的种类和地理产地，以便发现非法采伐和贸易。

保护：

- 作为可持续森林管理的一个组成部分，森林遗传资源的养护需要基于个体和树木种群之间遗传多样性的准确信息。将条形码和其他以指纹标记为基础的技术与“数字序列信息”相结合，可以设计并实施更好的养护战略。“数字序列信息”也有助于更准确地进行物种分类。
- “数字序列信息”有助于识别独特的自然种群及具有高度多样性的种群，异地开发庞大的高危物种集，帮助维持遗传多样性。
- 预测基因组学中使用的“数字序列信息”有助于确定适合基因型的环境，提供辅助移栽信息，从而有助于养护树木。
- “数字序列信息”可支持对个体和种群遗传多样性进行复杂的生物统计计算，尤其是对进一步选择和养护措施有重要意义的优秀个体的景观和区域。
- 积累的“数字序列信息”有助于比较同一物种和相关物种的大量个体和种群，以确定当前的分布区域，并预测气候变化对其造成的变化。

植物遗传资源

鉴定：

- 各种类型的分子标记 – 通常是基于“数字序列信息”开发的 – 越来越多地被单独使用或作为形态性状的补充用于鉴定和/或分析种质资源中的可遗传变异。
- 下一代测序的持续发展和使用显著增加了生成“数字序列信息”通量，再加上包括全基因组测序在内的分子检测成本和时间的显著降低，导致越来越多地使用测序基因分型（GBS）来分析变异，即鉴定种质资源。测序基因分型的广泛使用将大大提高基因库运作的效率，因为重复的样本将被可靠地识别并从储存库中剔除。

可持续利用：

- 基于“数字序列信息”，将从零开始创建 DNA 序列，甚至是执行新功能的新生物；这种日益发展的跨学科研究被称为合成生物学。
- 分子标记被用于确定作物品种身份。
- 分子标记被用于分子流行病学中的疾病诊断，并有助于追踪病原体的起源和演变。
- 如今，获得“数字序列信息”为植物研究和作物改良提供了基础。“数字序列信息”可用于推进新作物品种的开发，提高粮食安全成果，特别是生产抗旱和抗虫作物、水肥需要较少的作物以及为提高营养和经济价值而改良的作物。“数字序列信息”的使用使研究人员能够快速识别高粱、玉米、小麦和其他作物中与耐旱性相关的基因标记。
- “数字序列信息”还可支持基因组辅助育种计划中的标记辅助选育。

- 持续获得“数字序列信息”可促进研发工作，以增加植物遗传多样性的可持续利用，以及了解基因飘移和病虫害管理。

保护：

- “数字序列信息”对于防止受威胁和濒危物种的进一步丧失至关重要。粮食和农业植物遗传资源的保护往往包括越来越多的分子特征数据，如DNA生物条形码倡议，或一些“地方性”倡议，如整个植物园的基因组测序。

说明：此前曾根据以下文献中的例子制作过该表的上一版本。该表已根据遗传委各工作组和遗传委成员的意见建议进行了修订。CGRFA-17/19/4/Inf.1; Heinemann, J.A., Coray, D.S. & Thaler, D.S. 2018. op. cit.; Lidder, P. & Sonnino, A. 2011. *Biotechnologies for the management of genetic resources for food and agriculture*. Background Study Paper No. 52. Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture. Rome, FAO. (also available at <http://www.fao.org/docrep/meeting/022/mb387e.pdf>); Clarke, R. 2010. *Private food safety standards: their role in food safety regulation and their impact*. Rome, FAO. (also available at <http://www.fao.org/docrep/016/ap236e/ap236e.pdf>); Sultana, S., Ali, M.E., Hossain, M.A.M., Asing, Naquiah, N. & Zaidul, I.S.M. 2018. Universal mini COI barcode for the identification of fish species in processed products. *Food Res. Internatl.*, 105: 19 – 28; El-Kassaby, Y.A., Cappa, E.P., Liewlaksaneeyanawin, C., Klápště, J. & Lstibůrek, M. 2011. Breeding without breeding: is a complete pedigree necessary for efficient Breeding? *PLoS One*, 6: e25737; Liu, H., Wei, J., Yang, T., Mu, W., Song, B., Yang T., Fu, Y. *et al.* 2019. Molecular digitization of a botanical garden: high-depth whole genome sequencing of 689 vascular plant species from the Ruili Botanical Garden. *Gigascience*, 8(4). 10.1093/gigascience/giz007; Halewood M., Lopez Noriega I., Ellis D., Roa C., Rouard M. & Sackville Hamilton R. 2018. Using genomic sequence information to increase conservation and sustainable use of crop diversity and benefit-sharing. *Biopreserv. Biobank*. 16: 368 – 376. 10.1089/bio.2018.0043; Laird, S.A. & Wynberg, R.P. 2018. *A fact-finding and scoping study on digital sequence information on genetic resources in the context of the Convention on Biological Diversity and the Nagoya Protocol*. 77 pp. (also available at <https://www.cbd.int/doc/c/e95a/4ddd/4baea2ec772be28edcd10358/dsi-ahteg-2018-01-03-en.pdf>); Spindel, J.E. & McCouch, S.R. 2016. When more is better: how data sharing would accelerate genomic selection of crop plants. *New Phytol.*, 212, 814 – 826. doi: 10.1111/nph.14174; Halewood, M., Chiurugwi, T., Sackville Hamilton, R., Kurtz, B., Marden, E., Welch, E., Michiels, F. *et al.* (2018). Plant genetic resources for food and agriculture: opportunities and challenges emerging from the science and information technology revolution. *New Phytol.*, 217: 1407 – 1419. doi: 10.1111/nph.14993.

IV. “数字序列信息”获取和利用能力

22. 获取并能够利用“数字序列信息”的重要性怎么强调都不为过。生命科学依赖于来自不同来源的完整的“数字序列信息”数据集的可得性，从而与新的“数字序列信息”对比并加以理解²⁰。

²⁰ Oldham, P. 2020 数字序列信息—技术问题。（另见：https://ec.europa.eu/environment/nature/biodiversity/international/abs/pdf/Final_Report_technical_aspects_of_DSI.pdf）；Scholz, A.H., Hillebrand, U., Freitag, J., Cancio, I.等。2020。针对《生物多样性公约》中的获取和惠益分享与数字序列信息的折中办法：从科学角度看待需求和政策想法。[WiLDSI（基于科学的数字序列信息方法）](https://www.dsmz.de/fileadmin/user_upload/Collection_allg/Final_WiLDSI_White_Paper_Oct7_2020.pdf)。（见https://www.dsmz.de/fileadmin/user_upload/Collection_allg/Final_WiLDSI_White_Paper_Oct7_2020.pdf）

23. 获取和利用“数字序列信息”的能力取决于诸多因素。大量“数字序列信息”目前储存在全球约 1700 个可公开访问的生物和相关信息数据库及资料库。包括日本国家遗传学研究所的 DNA 数据库、欧洲分子生物学实验室欧洲生物信息学研究所的欧洲核苷酸档案、美国国家生物技术信息中心的基因库。这三个数据库组成了“国际核苷酸序列数据库合作”，这是连接科学数据库和平台的“数字序列信息”共享的核心基础设施。关于私营部门的“数字序列信息”数据库知之甚少。

24. 多数科学期刊要求在提交稿件之前，在可公开访问的资料库中提供支撑相关科学文章的基础数据。“国际核苷酸序列数据库合作”实行公开访问政策，因此成为所有可公开访问的“数字序列信息”的唯一登记中心²¹。

25. 然而，“数字序列信息”的公开提供并不意味着每个人都可以以同样的方式使用“数字序列信息”。获取和充分利用“数字序列信息”的创新潜力需要大量技术、机构和人员能力。尽管程度不同且取决于技术发展状况，许多发展中国家无法充分获取必要的技术基础设施、财政和人力资源，因此无法充分发掘“数字序列信息”的潜力。可能影响“数字序列信息”获取和利用的情况包括：缺乏训练有素的生物信息学专家和；计算专业知识、教育和培训机会以及科技合作不足；缺乏计算基础设施、可靠供电和高速互联网等。因此，为促进发展中国家利用“数字序列信息”开展研发工作，需要建设或发展能力，支持技术转让、研究合作和伙伴关系，加强科学基础设施，并提供必要资金。

26. 与获取和利用“数字序列信息”所需的技术、机构和人员能力方面的挑战密切相关的是在存储、分配和分析工具方面的挑战。鉴于基因组数据呈现指数级增长，未来用于存储和分配“数字序列信息”的基础设施很可能发生改变。尽管这项基础设施费用目前主要由公共资金支付，但公共资金不可能总是到位，因此可以考虑替代的充足资金模式。替代模式可能限制对“数字序列信息”的获取。然而，替代模式也可能为生命科学基础设施提供可持续供资，且不会限制对“数字序列信息”的获取，考虑到公平因素，甚至提供惠益分享安排框架，如采取订阅费、数据存放和获取费或会员费等方式。

²¹ Arita, M.、Karsch-Mizrachi, I.和 Cochrane, G.代表“国际核苷酸序列数据库合作”。2021。“国际核苷酸序列数据库合作”，核酸研究，49（D1）：D121 - D124。<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa967>

V. “数字序列信息”对获取和惠益分享的影响

27. 鉴于“数字序列信息”的科学和经济意义，不足为奇的是，“数字序列信息”提出问题，即现有获取和惠益分享措施是否妥善处理了“数字序列信息”问题，或者，如没能妥善处理，则是否应为获取“数字序列信息”及由此产生的惠益分享制定新的规则。

28. 多数获取和惠益分享措施可能允许将“数字序列信息”作为当遗传资源用于研发时谈判所达成的相互商定条件协议的一部分。从遗传资源中提取的“数字序列信息”本身是否算作“遗传资源”具有争议且归根结底属于法律问题。目前，获取和惠益分享措施如何对待“数字序列信息”因国家而异。近期研究显示，某些国家的获取和惠益分享措施似乎需要获得事先知情同意和相互商定条件，才能获取“数字序列信息”。这些国家基本上将“数字序列信息”所产生惠益的获取和分享与遗传资源的获取及其惠益的分享同等对待。其他国家虽不限制使用“数字序列信息”，但要求分享“数字序列信息”使用产生的惠益。另一些国家既不要求事先知情同意，也不要求分享“数字序列信息”利用所产生的惠益²²。因此，目前各国在其获取和惠益分享措施内针对“数字序列信息”采取不同方法，这最终也可能影响针对利用和交换遗传资源包括粮食和农业遗传资源的获取和惠益分享措施的实施和效果。

29. 介于两者之间，一方面，在获取和惠益分享方面，将“数字序列信息”视为“遗传资源”；另一方面，没有针对“数字序列信息”的获取和惠益分享。此外，目前正在探讨“数字序列信息”多重获取和利用方案。其中包括但不限于：

- i. 根据国家或国际商定的标准的相互商定条件，分享“数字序列信息”所产生惠益的协议；
- ii. 对“数字序列信息”的使用实行按使用付费或会员收费制；
- iii. 建立微额征税机制：“数字序列信息”的小额付费用户和/或基因组研究相关设备的购买者必须付费；或
- iv. 自愿分享“数字序列信息”使用带来的惠益。

²² Bagley, M.、Karger, E.、Ruiz Muller, M.、Perron-Welch, F.以及 Thambisetty, S.。2020。《关于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所产生的惠益分享以及如何解决遗传资源数字序列信息用于研发的实情调查》。CBD/DSI/AHTEG/2020/1/5。 [《生物多样性公约》](https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf)。
(另见 <https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf>)。

30. 惠益可通过双边方式分享，也可通过多边机制汇集和分配；相关机制的建立可依赖或不依赖“数字序列信息”利用（程度）或原始基因序列的地理来源。惠益分享可以是强制的，也可以是自愿的，可以是货币的和/或非货币的²³。

31. 根据选择的备选方案，“数字序列信息”获取和惠益分享可能产生不用影响，包括交易成本、追踪原始遗传资源来源国的必要性、系统的用户友好性，以及最终遗传资源（粮食和农业遗传资源）的鉴定、保存和可持续利用。虽然解决“数字序列信息”问题的备选方案及其影响在很大程度上类似于以前关于遗传资源获取和惠益分享的讨论，但管理“数字序列信息”获取和惠益分享还面临额外挑战，即避免“数字序列信息/遗传资源双层官僚主义”²⁴，如果通过额外而不是现有法律、行政或政策措施解决“数字序列信息”获取和惠益分享问题，则会出现双层官僚主义。

VI. 其他论坛的发展情况

32. 正如遗传委上届会议所指出的那样，将关于“数字序列信息”的全部工作与其他论坛正在进行的进程保持协调至关重要²⁵。

33. 《生物多样性公约》第十四次缔约方大会审议了使用遗传资源“数字序列信息”对《生物多样性公约》三个目标的潜在影响，并通过了第14/20号决定。此外，缔约方大会作为《名古屋议定书》第三次缔约方会议也审议了对《名古屋议定书》目标的潜在影响，并通过了第NP-3/12号决定。在第14/20号决定中，除其他问题外，缔约方大会注意到，由于缔约方对使用“数字序列信息”的惠益分享存在意见分歧，缔约方承诺通过基于科学和政策的进程努力解决这一分歧。该决定指出了“数字序列信息”对商业性和非商业性科学研究的重要性，但也指出了在“数字序列信息”的获取、使用和获得使用惠益方面的能力差距。

34. 实施的进程包括由执行秘书委托进行一系列研究²⁶，以及召集扩大的遗传资源数字序列信息特设技术专家组（见上文第9-12段）²⁷。应2020年后全球生物多样性框架开放性工作组共同主席的请求，秘书处还组织了一系列关于“数字序列信息”的网络研讨会²⁸。2020年后全球生物多样性框架开放性工作组将审议扩大后的特设技术专家组的成果，就如何在2020年后全球生物多样性框架背景下解决“数字序列信息”问题向缔约方大会提出建议，并向作为《名古屋议定书》

²³ 上述及其他备选方案综述参见：<https://www.cbd.int/abs/DSI-webinar/Dsi-Webinar3-Policy-options.pdf>

²⁴ Scholz, A.H.、Hillebrand, U.、Freitag, J.、Cancio, I.等。（2020），同上。

²⁵ CGRFA-17/19/Report, 第24段。

²⁶ CBD/DSI/AHTEG/2020/1/3; CBD/DSI/AHTEG/2020/1/4; CBD/DSI/AHTEG/2020/1/5。

²⁷ CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7。

²⁸ <https://www.cbd.int/article/dsi-webinar-series-2020>

第四次缔约方会议的缔约方大会提交其成果²⁹。开放性工作组第三次会议的第一部分将于 2021 年 8 月 23 日至 9 月 3 日举行³⁰。

35. 2019 年 11 月,《条约》管理机构第八届会议将“数字序列信息”纳入其多年工作方案³¹。管理机构:(i) 注意到在《生物多样性公约》和遗传委框架内就“数字序列信息”开展的工作;(ii) 要求秘书继续关注其他论坛的讨论,并在任何相关活动中继续与《生物多样性公约》和遗传委秘书处协调,以确保一致性并避免重复工作;(iii) 要求秘书向管理机构第九届会议通报讨论情况和结果。

36. 在第九届会议(2022 年 5 月 9-15 日)上,管理机构将审议《生物多样性公约》“数字序列信息”科学进程的现状,以及遗传委结合粮食和农业植物遗传资源(PGRFA)对“数字序列信息”进行的讨论。在第十届会议上,管理机构将再次审议使用粮食和农业植物遗传资源“数字序列信息”对《国际条约》目标的潜在影响。除了《多年工作计划》中的滚动审查之外,还根据《条约》第 17 条在全球信息系统(GLIS)的背景下对“数字序列信息”进行审议。

37. 在根据《联合国海洋法公约》的规定就国家管辖范围以外区域海洋生物多样性的养护和可持续利用问题拟订一份具有法律约束力的国际文书的政府间会议讨论的背景下也考虑了“数字序列信息”。主席编写的供第四届会议审议的协定修订案文草案第 II 部分涉及海洋遗传资源,包括惠益分享问题。如上所述,修订草案文本使用了术语“电子版”、“数字序列信息”和“遗传序列数据”,但没有给出定义³²。政府间大会第四届会议已推迟至 2022 年。

38. 为响应第 WHA72(13)号决定,世界卫生组织与《生物多样性公约》秘书处合作,并与各国际组织协商,与各合作伙伴和利益相关方合作,就当前人类病原体共享做法和安排、获取和惠益分享措施的实施,以及两者对公共卫生影响的意见,开展了一项所有利益相关方的调查。

39. 关于第 WHA72(13)号决定执行情况的报告指出,除其他外,“及时共享病原体、其遗传序列数据和相关元数据对于实现早期识别、可靠的风险评估、启动循证干预措施以及随后开发和部署诊断、疫苗和治疗等应对措施至关重要。”报告还指出,“[对世卫组织调查的]几乎所有答复都表明,基因序列数据应与实物样本共享有所区别,并指出对公共卫生的益处与在世界范围内近乎即时免费共享序列的能力相关联。”³³世界卫生大会于 2021 年 5 月审议了关于 WHA72(13)号决定执行情况的报告。

²⁹ CBD/COP/DEC/14/20, 第 12 段; CBD/NP/MOP/DEC/3/12, 第 2 - 3 段。

³⁰ <https://www.cbd.int/meetings/WG2020-03>

³¹ 第 13/2019 号决议。

³² [A/CONF.232/2020/3。](#)

³³ EB148/21。

40. “数字序列信息”也在知识产权的背景下得到考虑。世界知识产权组织（WIPO）知识产权与遗传资源、传统知识和民间知识政府间委员会在遗传资源和传统知识专利披露要求的背景下，讨论了“数字序列信息”的使用问题。此外还在专利审查背景下与遗传资源有关的信息的数据库搜索系统相关的情况下提及到“数字序列信息”，这在“与知识产权和遗传资源有关的综合文件”草案中有所涉及³⁴。

VII. 今后工作备选方案

41. 显然需要支持各国进行必要的技术、机构和人员能力建设，以便利用粮农遗传资源“数字序列信息”进行研究和开发³⁵。

42. 鉴于其他论坛正在进行的关于“数字序列信息”问题的讨论，遗传委及其工作组似宜继续监测这些论坛的相关动态，思考这些动态对粮农遗传资源获取、利用和惠益分享的影响，并酌情确定在处理农业粮食部门使用的“数字序列信息”时应考虑的关键方面³⁶。

43. 人们对“数字序列信息”在粮食和农业部门的研究与开发以及惠益分享方面可能发挥的重要且日益重要的作用仍然缺乏认识。“数字序列信息”的政策影响及其对粮农遗传资源的使用和交流的影响在很大程度上仍未得到探索，遗传委也没有进行任何深入的审议。因此，遗传委不妨请秘书探索如何产生、获取和使用“数字序列信息”，并分析“数字序列信息”的现有获取和惠益分享措施对农业粮食部门研发工作的影响³⁷。

44. 遗传委不妨建议与相关文书和组织合作，举办一次闭会期间研讨会，以提高相关利益相关方对“数字序列信息”在与粮农遗传资源有关的研发中的作用的认知³⁸。

³⁴ WIPO/GRTKF/IC/35/4。

³⁵ CGRFA-18/21/8.2，第34段；CGRFA-18/21/9.1，第28段；CGRFA-18/21/10.1，第35段；CGRFA-18/21/12.1，第49段。

³⁶ CGRFA-18/21/8.2，第35段；CGRFA-18/21/9.1，第30段；CGRFA-18/21/10.1，第36段；CGRFA-18/21/12.1，第50段。

³⁷ CGRFA-18/21/8.2，第35段；CGRFA-18/21/9.1，第27段；CGRFA-18/21/10.1，第33段；CGRFA-18/21/12.1，第47段。

³⁸ CGRFA-18/21/8.2，第34段；CGRFA-18/21/9.1，第29段；CGRFA-18/21/10.1，第34段；CGRFA-18/21/12.1，第48段。

VIII. 征求指导意见

45. 遗传委不妨：

- i. 注意到如文件表 2 所示，“数字序列信息”在保护和可持续利用粮食和农业遗传资源方面的实际和潜在应用；
- ii. 强调“数字序列信息”为粮农遗传资源相关研发工作提供的创新机会，以及许多国家在发展使用“数字序列信息”进行研发所需的技术、机构和人员能力方面面临的挑战。

46. 遗传委不妨进一步：

- i. 请粮农组织支持各国进行必要的技术、机构和人员能力建设，以便利用“数字序列信息”进行与粮农遗传资源有关的研究与开发；
- ii. 请秘书编写一份文件，反映在与粮农遗传资源有关的研发工作中如何产生、获取和使用“数字序列信息”的共同做法和经验，供各工作组及获取和惠益分享专家组下届会议审查；
- iii. 请秘书分析“数字序列信息”获取和惠益分享现有国家措施或方法对与粮农遗传资源相关的研究与开发的可见影响，供工作组、获取和惠益分享专家组和遗传委审查；
- iv. 请秘书与相关文书和组织合作，举办一次闭会期间研讨会，以提高有关利益相关方对“数字序列信息”在与粮农遗传资源相关的研发中的作用的认识，讨论遗传资源“数字序列信息”的最新情况，提出相关技术可能对与粮农遗传资源相关研发产生的影响，并考虑获取和充分利用“数字序列信息”面临的挑战；
- v. 请秘书继续监测其他论坛与“数字序列信息”有关的动态，并考虑这些动态对粮农遗传资源获取、使用和惠益分享的影响，以期酌情确定在处理“数字序列信息”问题、为粮农遗传资源创造有利环境和便利其获取以及为粮农遗传资源的养护、发展和可持续利用开展数据生成、使用、共享和获取能力建设时应考虑的关键方面。