

新闻简报：遗传资源的数字序列信息

近年来，DNA 测序技术变得更快、更便宜和更准确。遗传资源的数字序列信息已用于一系列生物多样性的保护和可持续利用活动，包括入侵物种的分类和监测。但是，关于数字序列信息与获取遗传资源和惠益分享之间如何相关联的问题依然存在。

在 2016 年的上一次联合国生物多样性大会上，数字序列信息对《生物多样性公约》目标以及《获取和惠益分享名古屋议定书》目标遗传资源的潜在影响成为一个贯穿各领域的问题。从那时起，生物多样性公约秘书处委托进行了一项实际情况调查和范围界定研究，并编写了有关数字序列信息的观点和信息的综述。一个专家组还开会讨论了关于遗传资源数字序列信息的术语和不同类别，以及使用数字序列信息对《公约》和《名古屋议定书》目标的任何潜在影响。专家们一致认为，需要就术语进行更多的讨论，以便在术语具有足以适应科学、技术、市场和其他变化的适应性和动态性，同时可保持足够清晰和坚实以提供法律确定性之间求得平衡。而且，虽然各国政府普遍认识到数字序列信息对保护和可持续利用生物多样性遗传资源的积极贡献，但对于公平和公正地分享利用遗传资源所产生惠益的影响问题仍存在重大分歧。

联合国生物多样性大会的遗传资源数字序列信息¹

联合国生物多样性大会将审议 2018 年 7 月举行的科学、技术和工艺咨询附属机构第二十二次会议期间制定的关于数字序列信息的决定草案。这些决定草案含有旨在澄清数字序列信息是什么、其在保护和可持续利用生物多样性方面的作用及其与获取和惠益分享之间关联的段落。这些决定草案还含有就 2020 年举行下一届联合国生物多样性大会之前就此提出进一步工作的段落，其中包括可能的进一步研究、提交的意见和信息、在线讨论以及专家组或不限成员名额的工作组。在联合国生物多样性大会期间需要开展进一步谈判以达成协议。

重要链接

- 2018 年 2 月专家组会议的文件，包括关于数字序列信息的实际情况调查和范围界定研究、观点和信息的综述以及会议报告：www.cbd.int/meetings/DSI-AHTEG-2018-01
- 科学、技术和工艺咨询附属机构第二十二次会议通过的建议：www.cbd.int/doc/recommendations/sbstta-22/sbstta-22-rec-01-zh.pdf

¹ 生物多样性公约缔约方大会第十四届会议；作为卡塔赫纳生物安全议定书缔约方会议的公约缔约方大会第九次会议；作为关于获取和惠益分享的名古屋议定书缔约方会议的缔约方大会第三次会议；2018 年 11 月 17 日至 29 日。