



生物多样性公约

Distr.
GENERAL

CBD/SBSTTA/22/2
20 March 2018

CHINESE
ORIGINAL: ENGLISH

科学、技术和工艺咨询附属机构
第二十二次会议
2018年7月2日至7日，加拿大蒙特利尔
临时议程*项目3

遗传资源数字序列信息

执行秘书的说明

1. 生物多样性公约缔约方大会第十三届会议和作为获取和惠益分享名古屋议定书缔约方会议的缔约方大会第二次会议分别通过了关于遗传资源数字序列信息的决定（分别为[第 XIII/16 号](#)和[第 NP-2/14 号决定](#)），其中确认需要根据《公约》和《名古屋议定书》采取协调一致和避免重复努力的办法处理这一事项。决定在缔约方大会第十四届会议和名古屋议定书缔约方第三次会议上审议利用遗传资源数字序列信息对《公约》三项目标和《名古屋议定书》目标可能产生的任何影响。
2. 缔约方还商定了一个程序以便利审议此事。这个程序包括：
 - (a) 邀请各缔约方、其他国家政府、土著人民和地方社区以及有关组织和利益攸关方就利用遗传资源数字序列信息对《公约》三项目标可能产生的影响向执行秘书提交意见和相关信息（第 XIII/16 号决定，第 2 段）；
 - (b) 邀请各缔约方、其他国家政府、土著人民和地方社区以及相关组织和利益攸关方在提交意见和相关信息时，列入与《名古屋议定书》有关的信息（第 NP-2/14 号决定，第 2 段）；
 - (c) 请执行秘书汇总和综述收到的意见和信息，包括从参与现有相关进程和政策辩论所收集的信息（第 XIII/16 号决定第 3 (a) 段）；另见下文第 5 段）；
 - (d) 请执行秘书委托进行实际情况调查和范围界定研究，澄清术语和概念，并评估在《公约》和《名古屋议定书》范围内利用遗传资源数字序列信息的程度和条件；

* [CBD/SBSTTA/22/1](#)。

(e) 设立一个特设技术专家组，请执行秘书依照第 XIII/16 号决定附件所载职权范围召开一次专家组会议。

3. 遗传资源数字序列信息特设技术专家组的职权范围规定特设技术专家组应：

(a) 审议第 XIII/16 号决定第 3(a) 和 (b) 段所提及的汇编、综述和研究报告，以便审查使用遗传资源数字序列信息对《公约》三项目标和《名古屋议定书》目标以及旨在实现这些目标的执行工作的任何潜在影响；

(b) 审议与遗传资源数字序列信息有关的现有术语的技术范围以及所涉法律和科学问题；

(c) 确定与《公约》和《名古屋议定书》有关的遗传资源数字序列信息的不同类型；

(d) 在财政资源允许的情况下在缔约方大会第十四届会议之前至少举行一次面对面会议，并酌情利用在线工具为其工作提供便利；

(e) 提交其审议结果，供将在缔约方大会第十四届会议之前举行的一次科学、技术和工艺咨询附属机构会议审议。

4. 《名古屋议定书》缔约方在第 NP-2/14 号决定第 5 段中决定特设技术专家组也将为《名古屋议定书》服务，审议根据第 XIII/16 号决定第 3 段编写的汇编、综述和研究报告中与《名古屋议定书》有关的信息。

5. 此外，在关于与其他国际组织、公约和倡议的合作的第 NP-2/5 号决定中，《名古屋议定书》缔约方请执行秘书继续参与正在进行的有关进程和政策辩论，以收集目前关于利用遗传资源数字序列信息与获取和分享由利用遗传资源而产生的惠益之间关系的讨论的信息，并将在参与期间收集的信息列入上文第 2(c) 段所述汇编。

6. 缔约方大会第 XIII/16 号决定请科学、技术和工艺咨询附属机构审议特设技术专家组的成果，并就使用遗传资源数字序列信息对《公约》三项目标的可能影响提出建议，供缔约方大会第十四届会议审议（第 5 段）。同样，《议定书》缔约方第 NP-2/14 号决定请科学、技术和工艺咨询附属机构审议特设技术专家组的成果，并就利用遗传资源数字序列信息对《名古屋议定书》的目标可能产生的影响提出建议，供作为名古屋议定书缔约方会议的缔约方大会第三次会议审议（第 7 段）。

7. 执行秘书在 2017 年 4 月 25 日第 2017-37 号通知中列出了执行第 XIII/16 号和第 NP-2/14 号决定所定活动的暂定时间表。执行秘书还请各方依照第 XIII/16 号决定第 2 段和第 NP-2/14 号决定第 2 段提交意见和信息。

8. 收到了 50 多份呈件。这些呈件均已全文在线刊登¹。

9. 呈件信息量大（超过 300 页），内容丰富，编写一份简洁而易懂的综述不是一件容易的事。秘书处采取的做法是编写一个包含四个章节的主要综述文件。作为补充，再编写一个增编，收入与《公约》和《名古屋议定书》目标有关的利用遗传资源数字序列信息的案例研究和范例。作为进一步补充，再编写另一个增编，收入根据第 NP-2/5 号决定第 4 段参与其他国际进程的进展和协调情况。这些文件已提供特设技术专家组会议。

¹ <https://www.cbd.int/abs/dsi-gr/ahteg.shtml#submissions>。

10. 根据第 XIII/16 号决定的要求，在加拿大和瑞士政府以及欧洲联盟的资助下，执行秘书委托进行了一项实况调查和范围界定研究，以澄清术语和概念，并评估在《公约》和《名古屋议定书》范围内利用遗传资源数字序列信息的程度和条件。研究报告草案在线刊登，供 2017 年 11 月 8 日至 12 月 1 日进行同行审议。收到的同行审议意见已在线刊登²。根据收到的意见对研究报告进行修改后，已将其提供特设技术专家组会议。
11. 综述和研究报告还作为资料文件提供科学、技术和工艺咨询附属机构第二十二次会议³。
12. 2017 年 6 月 12 日第 2017-049 号通知邀请各缔约方、其他国家政府、土著人民和地方社区、相关组织和利益攸关方向特设技术专家组提名专家。专家的甄选根据科学、技术和工艺咨询附属机构的综合工作方法（见第 VIII/10 号决定，附件三）进行，同时考虑到他们的专长和经验以及确保公平地域分配和性别平衡的需要。经与科学、技术和工艺咨询附属机构主席团协商，特设技术专家组的组成已在 2017 年 10 月 20 日第 2017-109 号通知中公布。
13. 在加拿大政府和欧洲联盟的资助下，特设技术专家组于 2018 年 2 月 13 日至 16 日在蒙特利尔秘书处举行了会议。
14. 特设技术专家组会议的成果载于其报告附件，也载于本文件附件。特设技术专家组的完整报告已作为资料文件印发⁴。

拟议的建议

15. 科学、技术和工艺咨询附属机构不妨表示注意到：
- (a) 根据第 XIII/16 号决定提交的关于遗传资源数字序列信息的意见和信息的汇编和综述⁵；
 - (b) 根据第 XIII/16 号决定编写的实况调查研究报告，以澄清术语和概念，评估在《公约》和《名古屋议定书》范围内利用遗传资源数字序列信息的程度和条件⁶；
 - (c) 遗传资源数字序列信息特设技术专家组的报告⁷。
16. 科咨机构还不妨审议特设技术专家组的成果，并就以下方面拟定建议：
- (a) 利用遗传资源数字信息对《公约》三项目标的可能影响，供缔约方大会第十四届会议审议；
 - (b) 利用遗传资源数字信息对《名古屋议定书》目标的可能影响，供作为名古屋议定书缔约方会议的缔约方大会第三次会议审议。

² <https://www.cbd.int/abs/dsi-gr/ahteg.shtml#peerreview>。

³ CBD/SBSTTA/22/INF/2、CBD/SBSTTA/22/INF/2/Add.1、CBD/SBSTTA/22/INF/2/Add.2、CBD/SBSTTA/22/INF/3。

⁴ CBD/SBSTTA/22/INF/4。

⁵ CBD/SBSTTA/22/INF/2。

⁶ CBD/SBSTTA/22/INF/3。

⁷ CBD/SBSTTA/22/INF/4。

附件

遗传资源数字序列信息特设技术专家组会议的成果

术语和不同类型的遗传资源数字序列信息

1. 与会者讨论了可能与《公约》三项目标和《名古屋议定书》目标有关的各类遗传资源信息。大家一致认为，“数字序列信息”（DSI）这个术语不适用于指称这些类型的信息。然而专家组继续使用“DSI”，将其作为一个占位字符，不妨碍将来考虑其他叫法。
2. 专家们提到可能与利用遗传资源相关的各类信息，认为文件中的进一步陈述可能不是对每类信息都同等适用。其中包括：
 - (a) 核酸序列读数和相关数据；
 - (b) 关于序列组装、注释和遗传作图的信息。此信息可描述全基因组、单个基因或其片段、条形码、细胞器基因组或单核苷酸多态性；
 - (c) 关于基因表达的信息；
 - (d) 关于大分子和细胞代谢物的数据；
 - (e) 关于生态关系、环境的非生物因素的信息；
 - (f) 功能，如行为数据；
 - (g) 结构，包括形态数据和表现型；
 - (h) 关于分类的信息；
 - (i) 使用方式。
3. 一些专家认为，可把这些信息分为两类。一类是表示遗传资源的遗传和（或）生物化学组成的信息，包括上文清单中的（a）至（d）。另一类是提供背景信息的观测数据，包括上文清单中的（e）至（i），这些数据可能是也可能不是从利用遗传资源中产生的。有人表示，背景信息提供样本来源等信息，可能在获取特定遗传材料时收集到，也可能从其他渠道收集到。还有人指出，这类信息可能有助于解释一种遗传资源的遗传和（或）生物化学组成情况，从而对该遗传资源的性质进行有意义和有用的了解。
4. 一些与会者认为，这些类型的信息，其一部分或全部可统称为“自然信息”或“遗传资源信息”。一些专家指出，“遗传序列数据”在科学界广泛使用，词义清晰。还有人指出，随着新技术的应用，可能产生其他类型的信息。
5. 有一种理解，即表示遗传资源的遗传和（或）生物化学组成的信息在某个时候始于物理来源。
6. 专家组还审议了遗传资源数字序列信息现有相关术语的技术范围及其所涉法律和科学问题。
7. 专家们讨论了“DSI”与《公约》和《名古屋议定书》所载定义的关系。他们提出了不同的观点，包括：

(a) 一些专家认为，“遗传资源”的定义⁸包括“DSI”；

(b) 其他专家指出，“遗传资源”指的是有形或物质材料，而“DSI”是无形的，因此不在定义范围内；

(c) 一些专家认为，“遗传材料”定义⁹中所含“或其他来源”一语指的是定义中未列出的其他分类类别。其他专家则认为该短语可包含“DSI”；

(d) 一些专家认为，即使“DSI”不在“遗传资源”的定义范围内，只要它是利用遗传资源或嗣后应用和商业化的结果并因此应该进行惠益分享，那么它就属于《名古屋议定书》的范围；

(e) 其他专家表示，唯一可视为利用遗传资源的结果的“DSI”是核酸序列读数和相关数据；

(f) 一些专家指出，将“DSI”理解为一种遗传资源的等同物，在法律上涉及事先知情同意、共同商定条件和惠益分享的义务。将“DSI”理解为利用一种遗传资源的产物，在法律上涉及惠益分享的义务。

8. 有人指出，对与遗传资源相关的传统知识存在一些质疑，因为它涉及“去材料化”信息。一些专家回顾，与遗传资源相关的传统知识是《名古屋议定书》具体条款的主题，因此认为应该分开讨论。

9. 专家们讨论了“遗传资源数字序列信息”一词，包括提议的可能更合适的其他叫法。

10. 有人指出，“数字”一词有助于理解讨论的理由。话虽如此，但人们普遍认为“数字”仅指存储和传输信息的方法，而新的其他存储或传输形式可能引发类似问题。

11. 专家们审议“序列”、“信息”和“遗传功能单元”等术语时提出了一些问题：

(a) 一些专家回顾“遗传材料”定义中提及的“遗传功能单元”，对“序列”的概念可能不包含“遗传单元”表示关切；

(b) 一些专家指出，基因组序列是对核酸分子的描述，与“遗传的功能单元”不是一回事；

(c) 一些专家指出，基因组序列是对核酸分子的描述，可将其“再材料化”为“遗传的功能单元”；

(d) 一些专家指出，《公约》未列入“遗传的功能单元”的定义，因此应作进一步讨论；

(e) 一些专家还指出，“序列”主要指一个 DNA、RNA 或蛋白质分子的线性排列次序，而不指某一遗传资源新陈代谢产生的其他类型的分子或天然转录后或转译后的修饰/调节（即甲基化、折叠等）；

(f) 就用“数据”一词替代“信息”一词进行了一些讨论。

⁸ 《生物多样性公约》第 2 条：“遗传资源”是指具有实际或潜在价值的遗传材料。

⁹ 《生物多样性公约》第 2 条：“遗传材料是指来自植物、动物、微生物或其他来源的任何含有遗传功能单位的材料。”

12. 专家们一致认为，需要对这一问题相关术语进行更多讨论，以找到既对科技、市场和其他变化具有足够适应性和动态性，同时又具有清晰性和稳定性而足够提供法律确定性的术语。

使用遗传资源数字序列信息对保护生物多样性和可持续利用其组成部分的潜在影响

13. 专家们一致认为“DSI”对保护和可持续利用生物多样性至关重要，同时强调《公约》的三个目标是相互关联、相辅相成的。

14. 他们认为，正如为会议编写的文件所述¹⁰，使用“DSI”是为了若干不同目的，包括分类、育种、监测和控制目的以及公共卫生和粮食安全，以支持保护和可持续利用。

15. 专家们指出，开放获取“DSI”可发挥重要作用，有助于生物多样性的保护和可持续利用，促进执行《公约》和《名古屋议定书》的若干条款，特别是《公约》第17和第18条以及《议定书》第8、第20、第22、第23条和附件，促进实现爱知生物多样性目标19和其他目标。

16. 专家们指出，虽然有些国家的分析能力有所提高，但在许多国家，使用、生成和分析“DSI”的技术能力有限，因此需要加强能力建设和技术转让，使用“DSI”促进保护和可持续利用。

17. 一些专家关切地指出，由于没有关于分享使用“DSI”所产生惠益的规则，国家可能对获取其遗传资源加以限制，因而对保护生物多样性和可持续利用其组成部分产生负面后果。

18. 鉴于人们普遍认为“DSI”对保护和可持续利用具有积极价值，而且基础技术发展迅速，专家们一致认为当前不需要对生物多样性保护、可持续利用和“DSI”之间的关系进行更深入的审查，不过在某些领域进一步开展工作可能是有益的。

19. 对与《公约》和《名古屋议定书》目标相关的未来技术发展进行定期扫描可能是必要的。

使用遗传资源数字序列信息对公正和公平分享利用遗传资源所产生惠益的潜在影响

20. 在审议使用遗传资源数字序列信息对公正和公平分享惠益的潜在影响时，专家们指出以下几点，但有一项谅解，即缔约方大会和作为名古屋议定书缔约方会议的缔约方大会尚未决定“DSI”的利用是否属于《公约》或《名古屋议定书》的范围：

(a) “DSI”可能会对遗传资源的使用带来转型性变化，影响惠益类型和惠益分享方式。在这方面，其他部门，包括音乐、软件、出版和其他行业信息数字化影响惠益分享的经验教训可作为有益的借鉴；

¹⁰ “《生物多样性公约》和《名古屋议定书》范围内遗传资源数字序列信息的实况调查和范围界定研究”（CBD/DSI/AHTEG/2018/1/3）、“使用遗传资源数字序列信息对《公约》三项目标和《名古屋议定书》目标的可能影响的意见和信息综述”（CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2）、增编1：“为《公约》和《名古屋议定书》目标而使用遗传资源数字序列信息的案例研究和范例”（CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2/Add.1）、增编2：“关于遗传资源数字序列信息的国际进程和政策辩论”（CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2/Add.2）。

(b) 一方面，获取和利用“DSI”可以产生惠益，并通过技术转让、伙伴关系和协作、信息交流和能力发展促进分享非货币惠益，推动执行《公约》和《名古屋议定书》的若干条款，特别是《公约》第12和第18条以及《议定书》第8、第20、第22、第23条和附件；

(c) 另一方面，鉴于测序技术的进步，在某些情况下，“DSI”可能让用户不必获取原始有形遗传资源而绕过获取和惠益分享程序，对执行遗传资源获取和惠益分享安排造成挑战：

(一) 例如，在大流行性流感防范框架下，实验室和制造商越来越依赖遗传序列数据而不用物质材料。这可能有损大流行性流感防范框架。目前世界卫生组织正在讨论这个问题；

(d) 对某些科学活动，获取和使用“DSI”比测序更便宜，用数据库就可进行；

(e) “DSI”通常用于分析，然而也用于遗传材料“再材料化”，两者都涉及惠益分享；

(f) 可能需要对信息本身进行经济评估；

(g) 为进行比较，较大的数据集越有价值；

(h) 利用遗传资源所产生的涉及“DSI”的具体惠益分享条件可列入共同商定条件；

(i) 鉴于涉及“DSI”的双边惠益分享办法所面临的挑战，在某些情况下可能需要考虑多边办法：

(一) 这些情况可能包括：没有已知出处的序列；保守基因；分布广泛的遗传资源序列；缔约方自愿提供的信息；

(二) “DSI”获取和惠益分享方面的多重国家手段可能造成繁文琐事，导致获取限制或“管辖挑选”。这种限制可能形成一种后果，影响惠益分享及其对保护和可持续利用的贡献；

(三) 不同来源的遗传材料合并后，难以对提供者公平分配惠益；

(四) 然而《名古屋议定书》下的多边惠益分享机制不能超出议定书的范围；

(五) 《名古屋议定书》第十条所指全球多边惠益分享机制仍在讨论之中；

(六) 其他论坛也在讨论“DSI”问题；

(七) “DSI”多边方法可以替代事先知情同意和共同商定条件的规定，从而有助于减少交易成本，促进公平分享惠益；

(j) 货币惠益对原地和移地保护及可持续利用很重要；

(k) 对“DSI”而言商业和非商业用途研究之间的界限可能特别模糊；

(l) 《议定书》第8条中的特殊考虑；

(m) 《名古屋议定书》执行方面的一些问题尚未得到解决，一些利益攸关方仍对此表示关切，担心讨论可能会制造更多障碍，影响获取和科研，特别是生物多样性基础研究。

21. 就非货币惠益提出了以下几点：

(a) 使用和获取“DSI”可产生很大社会和公共惠益，说明可公开访问的数据库很重要；

(b) 虽然信息和数据分享本身也是一种惠益，但单靠这一点不足以满足惠益分享的期望。此外，分享数据的惠益不一定会按比例或主要分给提供者；

(c) 必须继续努力加强技术转让和能力建设，使发展中国家能够获取和使用“DSI”；

(d) 虽然已开展国际合作，但有必要从现有做法中汲取经验，以此为基础进一步发展能力；

(e) 有必要进一步开展研究，量化非货币惠益的分享。按部门进行这种研究可能会更容易。

22. 有人认为，货币惠益分享面临一个挑战，即可能没有截止点，惠益分享义务会一直持续下去。

23. 有人指出，“DSI”的监测、获取和使用可能非常复杂。

24. 关于监测，有人指出，一些国家和国际框架采取的办法是确定惠益分享的触发事件，并将监测重点放在利用“DSI”所产生的产品的商业化，而不是控制“DSI”的研究和技术发展。

25. 一些专家指出，知识产权和其他财产权应受到保护。

26. 关于数据库问题，一些专家提出以下意见：

(a) 对于什么是可公开访问的数据库可以有不同的解释；可公开访问的数据库即可包括完全开放访问的数据库（例如 GenBank），也可包括设有某些要求的数据库（例如共享所有流感数据全球倡议（GISAID），要求用户注册并签署数据访问协议）；

(b) 访问公用数据库很重要，可能需要签署用户协议，处理惠益分享事宜；

(c) 可公开访问的数据库，其数据可能仍然受知识产权保护，或用于受知识产权保护的主题，或须履行获取和惠益分享义务；

(d) 科学界越来越认识到，在“DSI”相关元数据中纳入环境背景信息很重要，有助于保护工作和良好的研究做法。这些信息也可能有助于获取和惠益分享；

(e) 尽管一些数据库（例如日本的 DNA 数据库）提供用户统计和“DSI”元数据信息，但仍需要提供更多信息，说明“DSI”来自何处（例如其序列载于数据库的遗传资源起源国），提交者是谁，访问“DSI”的用户来自哪些国家等等；

(f) 需要更多关于“DSI”使用程度的信息（例如公共/私营数据库、商业/非商业数据库），为今后的讨论提供参考。

27. 专家们认为，对使用可公开访问的数据不进行限制是可取的。然而有人指出，有些数据是专利数据，其内容是不公开的。

28. 一些专家分享了不同部门为尊重《名古屋议定书》原则而正在采取的步骤。已经制定并公布一些良好做法（例如国际生命条码项目、TRUST 系统、全球基因组生物多样性联盟）。

29. 关于可追踪性，专家们指出：

(a) 有人担心，可追踪性的规定可能给数据的获取和使用制造不必要的障碍；

(b) 一个可追踪性框架将有助于通过价值链追踪信息，使用唯一标识符会有帮助；

(c) 随着新技术的发展（例如区块链），追踪能力正在提高。需要密切关注发展情况，确定可追踪性是否仍然是一项挑战；

(d) 可追踪性要具有强制性才能有效；

(e) “DSI” 的性质不适于可追踪性。

30. 一些专家认为，“自然信息有限开放”概念可能值得考虑；但是专家组没有讨论这个概念。
