

浅析遗传资源数字序列信息的发展现状与建议

吴林寰¹ 石蕾² 高孟绪² 马俊才¹

(1. 中国科学院微生物研究所, 北京 100101; 2. 国家科技基础条件平台中心, 北京 100038)

摘要:“遗传资源”是一个国家的战略资源。作为一种特殊的非实物性质的信息资源, 遗传资源数字序列信息渗透生命科学和环境科学等领域, 为生物遗传资源的保护和利用提供支持。加强对遗传资源数字序列信息的研究具有重要的现实意义。本文介绍遗传资源数字序列信息提出的背景, 阐述遗传资源数字序列信息发展现状, 探讨遗传资源数字序列信息与公约及其议定书的关系, 并对国内外遗传资源数字序列信息数据库建设情况进行研究, 对遗传资源数字序列信息的发展提出建议。

关键词: 遗传资源; 数字序列信息; 数据库; 生物多样性; 基因序列

中图分类号: Q-1

文献标识码: A

DOI: 10.3772/j.issn.1674-1544.2021.02.005

Analysis on the Status and Suggestions for the Development of Digital Sequence Information of Genetic Resources

WU Linhuan¹, SHI Lei², GAO Mengxu², MA Juncai¹

(1. Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101; 2. National Science and Technology Infrastructure Center, Beijing 100038)

Abstract: Genetic resources are strategic resources of a country. As a special kind of non-physical information resources, digital sequence information on genetic resources penetrates into the fields of life science and environmental science, supporting the conservation and utilization of biological genetic resources. It is of great practical significance to strengthen the study on digital sequence information on genetic resources. This paper introduces the introduction background of digital sequence information on genetic resources, describes the current situation of the development of digital sequence information on genetic resources, investigates the relationship between digital sequence information on genetic resources and the Convention and its Protocols, studies the construction of digital sequence information database on genetic resources at home and abroad, and makes suggestions for the development of digital sequence information on genetic resources.

Keywords: genetic resources, digit sequence information, database, biodiversity, gene sequences

0 引言

“遗传资源”是指具有现实或者潜在价值的、

来自人类和其他动物以及植物和微生物或其他来源的任何含有遗传信息的材料, 是一个国家的战略资源, 是经济社会可持续发展的基石, 也是一

作者简介: 吴林寰 (1982—), 女, 中国科学院微生物研究所正高级工程师, 国家微生物科学数据中心副主任, 研究方向为生物资源大数据集成和挖掘的方法研究和系统构建; 石蕾 (1982—), 女, 国家科技基础条件平台中心研究员, 研究方向为科学数据管理与共享; 高孟绪 (1982—), 男, 国家科技基础条件平台中心副研究员, 研究方向为科学数据管理与共享; 马俊才 (1962—), 男, 中国科学院微生物研究所正高级工程师, 国家微生物科学数据中心主任, 世界微生物数据中心主任, 研究方向为微生物资源和生物技术领域信息化、基于云环境的微生物大数据管理和分析平台 (通信作者)。

基金项目: 中国科学院战略性先导科技专项“地球大数据科学工程”(XDA19050301)。

收稿时间: 2020年9月9日。

个国家生态安全和生态文明的重要保障。遗传资源数字序列信息是近年来DNA测序技术的产物。随着高通量测序技术的飞速发展和生物遗传资源的利用日益受到重视，遗传资源数字序列信息正在爆发性增长，并已渗透到生命科学和环境科学等领域。遗传资源数字序列信息的应用有助于解释生命的分子基础和进化理论，为生物多样性的保护和可持续利用提供了新的技术手段。随着《名古屋议定书》的生效和履行，各缔约方对遗传资源惠益分享的认识逐步提高，并采取有效的立法、行政等措施对本国的生物遗传资源进行管制。近年来，遗传资源数字序列信息已成为《生物多样性公约》缔约方大会讨论的焦点议题。遗传资源数字序列信息作为一种特殊的非实物性质的信息资源，为获取与惠益分享制度带来新的挑战。然而，对于其惠益分享的范围和内容，目前国际上尚未达成一致。我国是生物多样性大国，作为《生物多样性公约》和《名古屋议定书》的缔约方，理应积极参与遗传资源数字序列信息相关的研究，应对由此带来的各种挑战。为了深入了解遗传资源数字序列信息的相关情况，为我国生物遗传资源的保护和利用提供支持，本文将研究遗传资源数字序列信息，对遗传资源数字序列信息的发展提出建议。

1 遗传资源数字序列信息的提出

2010年10月18—29日，在《生物多样性公约》(CBD)第10次缔约方大会上通过了《生物多样性公约关于获取遗传资源和公正公平地分享其利用所产生惠益的名古屋议定书》(简称“《名古屋议定书》”)，其目的是阻止遗传资源滥用。2016年，《生物多样性公约》科学咨询机构的科学、技术和工艺咨询附属机构(SBSTTA)第二十次会议在合成生物学议题上提出了“遗传资源数字序列信息”(Digital Sequence Information on Genetic Resources, DSI)。2016年12月，《生

物多样性公约》缔约方会议第十三次会议(COP13)和《名古屋议定书》缔约方第二次会议(COP-MOP2)首次把遗传资源数字序列信息作为独立议题提出，并决定在各自的下一次会议上研究审议利用遗传资源数字序列信息对《生物多样性公约》3个目标和《名古屋议定书》目标可能产生的影响^①。2018年11月，《生物多样性公约》缔约方会议第十四次会议(COP14)和《名古屋议定书》缔约方第三次会议(COP-MOP3)审议了遗传资源数字序列信息问题，分别通过了缔约方会议第14/20号决定和第NP-3/12号决定。在第14/20号决定中，缔约方认为遗传资源数字序列信息对于《生物多样性公约》3个目标具有相互支持的重要作用，认为获得和使用遗传资源数字序列信息有助于生物多样性保护和生物遗传资源的可持续利用，对保护人类、动物和植物的健康和粮食安全等具有重要的作用^②。

在COP14会议上，发达国家集团和发展中国家集团没有就“DSI”与公约及其议定书的关系、获取条件达成一致。同意设立技术专家组，对“DSI”概念、范围、可追溯性、获取条件问题进行研究，并将其研究成果提交2020年后全球生物多样性框架临时工作组(WG2020)，由工作组就如何在2020年后生物多样性战略框架内处理“DSI”获取与惠益分享问题向COP15提出建议，确定2030年全球生物多样性新的目标。

2 遗传资源数字序列信息发展的现状

2.1 “DSI”的界定及其分类

2.1.1 界定与特征

鉴于遗传资源数字序列信息是当前国际公约讨论中面临的新问题，国内外尚未有明确的界定，对于遗传资源数字序列信息的定义也仍然比较模糊。有的将遗传资源数字序列信息界定为有关基因序列的数据^[1]。还有将遗传资源数字序列信息定义为一种描述DNA或RNA分子的序列信

① Digital sequence information on genetic resources. <https://www.cbd.int/dsi-gr/>.

② 2019–2020 inter-sessional period. <https://www.cbd.int/dsi-gr/2019–2020/>.

息,是具有实际或潜在应用价值的信息^[2]。从上述遗传资源数字序列信息有限的界定中可以看出,遗传资源数字序列信息首先是作为一种信息而存在,但由于信息是对生物体特征的描述,也可被视作广义的“生物信息”。遗传资源数字序列信息的形成是以生物学、信息科学和计算机科学发展为背景,体现了在现代技术环境下对生物信息运用的数字化特征。

2.1.2 信息类型

在遗传资源数字序列信息特设技术专家会议上,与会专家提出可能与利用遗传资源相关的各类信息,主要包括:(1)核酸序列读数和和相关数据。(2)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。(3)关于基因表达的信息。(4)关于大分子和细胞代谢物的数据。(5)关于生态关系、环境的非生物因素的信息。(6)功能,如行为数据。(7)结构,包括形态数据和表现型。(8)关于分类的信息。(9)使用方式。这些信息可以分为两类:一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(1)至(4)项;二是提供背景信息的观测数据,包括上文清单中的(5)至(9)项,这些数据可能是也可能不是从利用遗传资源中产生的^[3-4]。背景信息提供样本来源等信息,可以在获取特定遗传材料时收集到,也可以从其他渠道收集到。这类信息有助于解释一种遗传资源的遗传学和生理学特征,可以进一步了解该遗传资源的性质。

还有专家认为,这些类型的信息可以部分或全部统称为“自然信息”或“遗传资源信息”。“遗传序列信息”在科学界广泛使用,词义清晰。随着新技术的应用,可能产生其他类型的信息。

2.2 遗传资源数字序列信息的访问、存储和管理

遗传资源数字序列信息最常见的访问方式是访问数据库,还可利用涉及自然环境生物多样性样本和迁地采集的野外采集数据进行研究并建立数据库。基因组信息可以通过期刊文章链接到已发表论文的补充文件,专利、专利申请和补充文

件,科研机构、公司或政府数据库等数百万个基因序列来获取,也可以在电子邮件和网上找到^[5]。

(1)访问。目前,全球共有1700多个可公开访问的生物数据库。这些数据库是根据异质性、数据类型、范围和馆藏情况组织起来的。它们可能包括核酸的序列数据(如含有RNA表达信息的数据库)、模式生物体的基因组数据库、各种RNA类型的RNA数据库(mRNA、rRNA、microRNAs、snoRNAs、tRNAs、piRNAs等)和含有已知蛋白质信息的氨基酸数据库。根据策展水平,它们被分类为“主要”数据(如序列读取档案SRA, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/SRA>)和“次要”数据(如Refseq, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Refseq/>)。数据库进一步分类为综合数据库和专项数据库(如肺炎链球菌基因组数据库SPGDB, <http://pranag.physics.iisc.ernet.in/SPGDB/>)。综合数据库包含来自许多物种的不同数据类型,包括国际核苷酸序列数据库协作组织(International Nucleotide Sequence Database Collaboration, INSDC)内最大的公共数据库。

(2)存储。美国、欧洲和日本于20世纪八九十年代分别建立世界三大生物数据中心(NCBI、EBI、DDBJ),管理全世界生物数据资源,有效地支撑了全球遗传资源数字序列信息的保存和共享。然而,需要注意的是,目前对这些数据库中包含的所有数据记录的访问不受限制,是自由的。

(3)管理。使用数字序列信息的关键是遗传数据库的术语标准化和统一。通过标准化电子数据,“可以跨独立开发的系统和服务导出、翻译、查询和统一”。根据遵守商定的数据标准,允许INSDC的合作伙伴可以每天进行数据交换,能够利用独立开发的系统,来根据用户需求以不同方式呈现相同的内容。分类数据库工作组(TDWG)也同样为生物或生物多样性数据的交换制定了生物多样性信息标准,允许生物数据库项目之间的国际合作(www.TDWG.org)。

2.3 遗传资源数字序列信息相关法律文件

生物多样性是维持人类社会环境、经济可持

续发展的基石。世界各国合作，推动建立《生物多样性公约》，旨在保护全球生物多样性，体现生物多样性直接、间接以及潜在的使用价值。相关的国际公约历史沿革主要包括以下几点：《生物多样性公约》是一项保护地球生物资源的国际性公约，主要目标是保护生物多样性；生物多样性组成成分的可持续利用；以公平合理的方式共享遗传资源的商业利益和其他形式的利用^[6]。《卡塔赫纳生物安全议定书》目标是确定和评价改性活生物体在可能的潜在接收环境中对生物多样性的保护和可持续使用产生的不利影响，并建立适宜的事先知情同意程序^[7]。《波恩准则》旨在协助各国政府和缔约方关于遗传资源获取和惠益分享的法律、行政和政策措施的制定，并向发展中国家提供能力建设，以确保其有能力实施获取和惠益分享的规定^[8]。《吉隆坡部长宣言》呼吁各国政府把生物资源的保护和利用，同各国的社会、经济发展有机合起来，增加对发展中国家和经济转型

中国在环保方面的援助^[9]。《名古屋议定书》对利用遗传资源和传统知识所产生的惠益进行公平公正的惠益分享达成了里程碑式的统一，建立了相关的国际制度^[10]。

基于国内生物多样性的特征，我国出台了一系列法律法规，为遗传资源管理保护提供了保障。相关法律法规文件如表 1 所示。

3 遗传资源数字序列信息与两项公约的关系

3.1 对“DSI”的不同观点

对于“DSI”，在国际上普遍存在两种观点：一是认为，遗传资源数字序列信息应被定性为遗传资源，进而可以通过《生物多样性公约》和《名古屋议定书》来加以保护。二是认为，遗传资源数字序列信息并非《生物多样性公约》和《名古屋议定书》中的遗传资源，不适用这两项公约。遗传资源数字序列信息特设技术专家组会议专家就“DSI”与《生物多样性公约》和《名

表 1 我国生物多样性相关法律管理条例

法律法规文件名称	相关条例
中华人民共和国宪法	国家保障自然资源的合理利用，保护珍稀动植物。禁止任何组织或者个人以任何方式侵占或者破坏自然资源 ^[11]
环境保护法	合理开发利用自然资源，保护生物多样性，保障生态安全。依法制定和实施生态保护和恢复规划 ^[12]
野生动物保护法	野生动物资源的所有权属于国家 国家主管部门应当制定野生动物遗传资源保护利用规划，建立国家基因库，对原产于中国的珍稀濒危野生动物遗传资源实施重点保护 禁止猎杀、买卖、收购和使用国家重点保护野生动物。猎杀、贩卖、收购、使用许可证，是科研、法规、防疫等工作的需要 ^[13]
种子法	国家对种质资源拥有主权。出口种质资源或者与境外单位、个人合作利用，需要国家许可和利益分享计划 ^[14]
中华人民共和国畜牧法	畜禽遗传资源出口或者与境外单位和个人合作利用，需要与国家实行许可证和利益分享计划 ^[15]
中医药法	中医药知识拥有者有权继承和使用自己的知识，有权事先知情同意他人获取和使用知识，有权分享利益 ^[16]
专利法	申请人应当在专利申请文件中披露遗传资源的直接来源和原始来源 ^[17]
野生植物保护条例	国家重点保护野生植物科研需要取得采伐、销售、收购、出口许可证 ^[18]
科学数据管理办法	科学研究的开放获取；在双方同意的商业化条件下的利益分享 ^[19]
人类遗传资源管理条例	人类遗传资源信息是指利用人类遗传资源材料产生的数据等信息资料 将人类遗传资源信息向外国组织、个人及其设立或者实际控制的机构提供或者开放使用，不得危害我国公众健康、国家和社会公共利益；可能影响我国公众健康、国家和社会公共利益的，应当通过国务院科学技术行政部门组织的安全审查 将人类遗传资源信息向外国组织、个人及其设立或者实际控制的机构提供或者开放使用的，应当向国务院科学技术行政部门备案并提交信息备份 ^[20]
生物安全法	国家加强对我国人类遗传资源和生物资源采集、保藏、利用、对外提供等活动的管理和监督，保障人类遗传资源和生物资源安全 ^[21]

古屋议定书》所定义的关系提出了不同的观点。

(1) 对于“遗传资源”的定义^①是否包括“DSI”的争议,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。

(2) 在“遗传材料”定义^②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。有的专家则认为该短语可包含“DSI”。

(3) 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。

(4) 唯一可视为利用遗传资源结果的“DSI”是核酸序列读数和相关数据。

(5) 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^[3-5]。

3.2 “DSI”对保护和利用生物多样性的的重要性

专家一致认为,“DSI”对保护和可持续利用生物多样性至关重要,同时强调《生物多样性公约》的3个目标是相互关联、相辅相成的。只有开放获取“DSI”才能发挥其重要的作用,才有助于生物多样性的保护和可持续利用,促进执行《生物多样性公约》和《名古屋议定书》的条款。由于缺乏关于分享使用“DSI”所产生惠益的规则,很多国家对获取其遗传资源加以限制,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。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。对与实现《生物多样性公约》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^[22-24]。

3.3 “DSI”对分享惠益的潜在影响

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,《生物多样性公约》缔约方会议和《名古屋议定书》缔约方尚未决定“DSI”的利用是否属于《生物多样性公约》或《名古屋议定书》的范围。

“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。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《生物多样性公约》和《名古屋议定书》的若干条款。另外,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造成挑战,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信息而不用物质材料。

实际上,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,《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^[25-27]。

4 遗传资源数字序列信息数据库的建设

遗传资源数字序列信息数据库是DSI得以实施的重要基础设施。随着遗传资源数字序列信息的快速发展,各国陆续建立了遗传资源数字序列信息数据库,加大了对生物多样性保护和生物遗传资源的利用。下面对国内外遗传资源数字序列信息数据库的建设情况进行阐释。

① 《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。

② 《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。”

4.1 国际遗传资源数字序列信息数据库的建设

作为遗传资源数字序列信息存储的关键性基础设施，各种相关数据库的发展对于遗传资源数字序列信息的保存、共享和利用，以及各种相关法律法规的落实具有重要意义。随着DNA测序技术的飞速发展和测序成本的降低，以核酸序列为核心的生物遗传资源数字序列信息数据规模正在爆发性增长，全球每年积累海量遗传信息数据已达EB量级。为了应对高速增长的海量遗传资源数字序列信息，主要发达国家从20世纪90年代起，就陆续建立了相关的数据库，其中最为重要的是国际核苷酸序列数据库协作（INSDC）（www.INSDC.org）的3个全球合作伙伴组成的数据联盟。欧洲核苷酸档案馆位于英国剑桥的EMBL欧洲生物信息学研究所（EMBL-EBI）。EMBL-EBI由23个成员国和两个准成员国资助，包含世界上最全面的免费分子数据资源。美国国家生物技术信息中心（NCBI）包括50多个与基因、基因组、蛋白质和化学物质有关的数据库，以及MEDLINE和其他来源的书目记录，由美国政府资助。日本DNA数据库（DDBJ）主要从日本研究人员以及其他国家收集序列数据，并与EMBL-EBI和NCBI共享数据。目前，这三大生物数据中心已经建立了200余种生物数据库及工具系统，在生物遗传资源数字序列信息的管理和共享方面处于全球垄断地位。其中，GenBank、RefSeq、SRA、NSD等一系列重要数据库已经成为生命科学发展不可或缺的基础性资源^[5,28]。

在遗传资源信息管理方面，发达国家还建立了一系列面向生物数据管理与应用的国家级基础研究机构，旨在长期发展生物数据技术，保持技术领先性。如美国NIH通过Roadmap计划建立8个国家级生物数据技术研究中心，主要进行生物数据管理和利用的相关技术与信息系统的研发^[29]。近年来，欧洲在生物数据管理技术研究方面也加大投入力度，目前其正通过地平线2020（Horizon 2020）计划，建立生物医学数据管理平台BioMedBridges，旨在统一管理欧盟范围内的生物医学数据，提高数据使用效率。

4.2 我国遗传资源数字序列信息数据库的建设

我国是生物遗传资源最为丰富的国家之一，制定健全的管理措施并建立相应的数据库的基础设施进行生物遗传资源及其数据的管理是十分必要的。2010年，联合国大会把2011—2020年确定为“联合国生物多样性十年”，国务院成立了中国生物多样性保护国家委员会，负责从国家水平上组织协调保护管理生物多样性相关工作。中国生物多样性保护战略与行动计划（2011—2030年）中针对生物遗传资源领域，重点要促进生物遗传资源及相关传统知识的合理利用与惠益共享。一是加强生物遗传资源的开发利用与创新研究，二是建立生物遗传资源及相关传统知识保护、获取和惠益共享的制度和机制，三是建立生物遗传资源出入境查验和检验体系^[30]。

我国生物遗传资源研究飞速发展，促使遗传资源数字序列信息形成。近年来，随着我国加大对生物多样性保护和生物遗传资源的利用，建立起多个国家生物种质资源库馆，并建立了与之相对应的数字信息平台。高通量测序技术的发展和成本的降低，不仅产生了大量的生物资源进行组学测序的数据，而且促进了各种组学数据的积累，是遗传资源数字序列信息形成的主要原因。

我国统一建设科学数据中心，为生物遗传资源利用与共享提供平台。为适应科技发展新趋势、新要求，在系统梳理总结原有平台存在问题的基础上，借鉴国际经验，根据数据规模、运行管理和服务成效等情况，将原有数据类国家科技资源共享服务平台优化调整为20个国家科学数据中心，包括国家基因组、微生物和人口与健康大数据等中心的建立，为我国生物遗传资源数据的利用提供了支撑保障。

依托于中国科学院微生物所和国家微生物科学数据中心的World Data Centre for Microorganisms（WDCM）是我国生命科学领域的第一个世界数据中心。WDCM整合了全球78个国家的792个保藏中心所提供的超过200万个微生物菌种资源数据，是全球微生物领域最重要的实物资源数据平台。通过牵头全球微

生物模式基因组测序计划并建立数据共享平台, WDCM对所有目前已经发表的模式微生物基因组进行基因组测序, 是“DSI”在微生物领域得以实施的重要基础。以WDCM的数据资源为核心, 有效地支撑了生物多样性公约及名古屋议定书在全球的实施, 也为我国参与生物多样性公约的相关工作发挥了重要的作用。

5 结语

遗传数字序列信息作为一种特殊的非实物性质的信息资源, 对于生物多样性的保护和可持续利用具有重要的作用。本文从遗传资源数字序列信息的提出、遗传资源数字序列信息发展现状、遗传资源数字序列信息与《生物多样性公约》《名古屋议定书》两项公约的关系以及遗传资源数字序列信息数据库的建设等方面, 对遗传资源数字序列信息进行了初步的研究和探讨。我国是全球生物多样性最丰富的国家之一, 1993年加入《生物多样性公约》, 2016年成为《名古屋议定书》的缔约方, 目的是保护和可持续利用生物多样性, 以及公平公正地分享生物遗传资源产生的惠益。考虑到我国正在建立健全生物遗传资源和“DSI”获取与惠益分享制度, 相关法律法规还在制定当中, 建议COP 15会议对生物遗传资源和“DSI”获取与惠益分享制度宜以专家层面交流经验为主, 避免涉及我国未来制度措施以及国家立场和观点等具体内容; 对中欧立法与数据库合作、“DSI”技术认知等则持开放交流的态度, 尽可能探讨欧方对相关领域合作的设想, 交流如何在2020年后全球生物多样性框架中回应发展中国家有关“DSI”诉求。此外, 我国应当加强具有国际影响力的国家科学数据平台的建设, 在《人类遗传资源管理条例》《生物安全法》《科学数据管理办法》等法律法规及相关要求的指导下, 加强遗传资源数字序列信息的有序管理及共享。

参考文献

- [1] Administrative declaration of a disaster for the state of tennessee[A]. U.S.S.B. Administration, 2017: 28927.
- [2] NOHYOUNG P. How to approach the issue of digital sequence information: Focusing on the AHTEG[J]. The Asian Business Lawyer, 2018(21): 15-32.
- [3] Digital sequence information on genetic resources[EB/OL]. [2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/c/704c/70ac/010ad8a5e69380925c38b1a4/sbstta-22-02-en.pdf>.
- [4] Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources[EB/OL]. [2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/c/7ea1/36b3/7ccf849897a4c7abe49502b2/sbstta-22-inf-04-en.pdf>.
- [5] 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[EB/OL]. [2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/c/4f53/a660/20273cadac313787b058a7b6/dsi-ahteg-2018-01-04-en.pdf>.
- [6] Convention on Biological Diversity[EB/OL].(1992-06-01)[2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/legal/cbd-zh.pdf>.
- [7] Cartagena Protocol on Biosafety [EB/OL]. (2000-01-29)[2020-10-25]. [http://www.isaaa.org/resources/publications/pocketk/foldable/Pocket%20K%20\(Chinese\).pdf](http://www.isaaa.org/resources/publications/pocketk/foldable/Pocket%20K%20(Chinese).pdf).
- [8] Bonn Guidelines[EB/OL].(2000-01-29)[2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/publications/cbd-bonn-gdls-zh.pdf>.
- [9] Kuala Lumpur Declaration on Cities 2030 [EB/OL]. (2018-02-13)[2020-10-25]. <https://www.urbangateway.org/news/kuala-lumpur-declaration-cities-2030>.
- [10] Nagoya Protocol[EB/OL].(2010-10-29)[2020-10-25]. <https://www.cbd.int/abs/doc/protocol/nagoya-protocol-zh2.pdf>.
- [11] 中华人民共和国宪法[EB/OL].(1982-12-04)[2020-10-25]. http://www.gov.cn/govweb/test/2005-06/14/content_6310.htm.
- [12] 中华人民共和国环境保护法[EB/OL]. (1989-12-26)[2020-10-25]. http://www.gov.cn/ziliao/flfg/2005-08/05/content_20923.htm.
- [13] 中华人民共和国野生动物保护法[EB/OL]. (1989-11-08)[2020-10-25]. http://www.gov.cn/bumen-fuwu/2012-11/13/content_2601275.htm.
- [14] 中华人民共和国种子法[EB/OL]. (2000-07-08)[2004-08-28]. http://www.gov.cn/ziliao/flfg/2005-09/12/content_31059.htm.

- [15] 中华人民共和国畜牧法[EB/OL]. (2005-12-29)[2020-10-26].http://www.gov.cn/ziliao/flfg/2005-12/29/content_141833.htm.
- [16] 中华人民共和国中医药法[EB/OL]. (2016-12-25)[2020-10-26]. <http://fjs.satcm.gov.cn/zhengcewenjian/2018-03-24/2249.html>.
- [17] 中华人民共和国专利法[EB/OL]. (1984-03-12)[2008-12-27]. http://www.npc.gov.cn/wxzl/gongbao/2009-02/05/content_1505227.htm.
- [18] 中华人民共和国野生植物保护条例[EB/OL]. (1996-09-30)[2017-10-07].http://www.gov.cn/gongbao/content/2019/content_5468858.htm.
- [19] 科学数据管理办法[EB/OL]. (2018-03-17)[2020-10-25].http://www.gov.cn/zhengce/content/2018-04/02/content_5279272.htm.
- [20] 中华人民共和国人类遗传资源管理条例[EB/OL]. (2019-06-30)[2020-10-25]. http://www.gov.cn/zhengce/content/2019-06/10/content_5398829.htm -2.
- [21] 中国生物安全法[EB/OL]. (2020-10-17)[2020-10-25].<http://www.npc.gov.cn/npc/c30834/202010/bb3bee5122854893a69acf4005a66059.shtml>.
- [22] 科学、技术和工艺咨询附属机构通过的关于遗传资源的数字序列信息[EB/OL]. [2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/recommendations/sbstta-22/sbstta-22-rec-01-zh.pdf>.
- [23] MICHAEL H, LSABEL L N, DAVE E, et al. Using genomic sequence information to increase conservation and sustainable use of crop diversity and benefit-sharing[J]. *Biopreservation and Biobanking*, 2018, 16: 368-376.
- [24] Secretariat of the Convention on Biological Diversity. Summary of the UN Biodiversity Conference[Z]. Montreal: SCBD, 2018.
- [25] Synthesis of views and information on the potential implications of the use of digital sequence information on genetic resources for the three objectives of the Convention and the objective of the Nagoya Protocol[EB/OL]. [2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/c/06dc/df41/cbbe0ff3d861dc4e45953973/dsi-ahteg-2018-01-02-en.pdf>.
- [26] Submission from the Secretariat of the Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture: Exploratory fact-finding scoping study on “digital sequence information” on genetic resources for food and agriculture[EB/OL]. [2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/c/0848/bd45/cafb3a1d4aa62dbe50cd9c81/cop-14-inf-29-en.pdf>.
- [27] Case studies and examples of the use of digital sequence information in relation to the objectives of the Convention and the Nagoya Protocol[EB/OL]. [2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/c/7a1d/3057/f5fa0ecb0734a54aadd82c01/dsi-ahteg-2018-01-02-add1-en.pdf>.
- [28] Digital sequence information on genetic resources in relevant ongoing international processes and policy debate[EB/OL]. [2020-10-25]. <https://www.cbd.int/doc/c/657a/ea3c/76bead7f804634fea1ca0066/dsi-ahteg-2018-01-02-add2-en.pdf>.
- [29] ELIAS Z. The NIH Roadmap[J]. *Science*, 2003(302): 63-72.
- [30] 中国生物多样性保护战略与行动计划(2011-2030年)[EB/OL]. (2010-09-17)[2020-10-25].http://www.mee.gov.cn/gkml/hbb/bwj/201009/t20100921_194841.htm.