



•论坛•

遗传资源数字序列信息在生物多样性保护中的应用及对惠益分享制度的影响

李保平 薛达元*

(中央民族大学生命与环境科学学院, 北京 100081)

摘要: 遗传资源数字序列信息是近年来DNA测序技术的产物, 目前已经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。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, 将会给获取与惠益分享制度带来挑战。近几年, 遗传资源数字序列信息已成为《生物多样性公约》缔约方大会谈判的焦点议题。中国是生物多样性大国, 也是近年来生物技术发展较快的国家之一。中国作为《名古屋议定书》的缔约方, 应积极参与遗传资源数字序列信息相关的研究, 并应对由此带来的各种挑战。

关键词: 遗传资源数字序列信息; 生物多样性; 名古屋议定书; 惠益分享

Application of digital sequence information in biodiversity research and its potential impact on benefit sharing

Baoping Li, Dayuan Xue*

College of Life and Environmental Sciences, Minzu University of China, Beijing 100081

Abstract: Digital sequence information (DSI) on genetic resources is a product of unprecedented improvements in genetic sequencing technology in recent years. The application of genetic DSI can help to explain the molecular basis and evolutionary theory of life and provide new technical methods for the conservation and sustainable utilization of biodiversity. With the implementation of the Nagoya Protocol, the Conference of the Parties (COP) has gradually deepened their understanding of benefit-sharing and adopted effective legislative and administrative measures to control their biological genetic resources. As a special kind of “non-physical” information resource, the application of genetic digital sequence information will bring challenges to access systems and benefit sharing. In recent years, genetic digital sequence information has become the focus of negotiations for CBD. China, as a large country with rich biodiversity, a contracting party of Nagoya Protocol, and also one of the countries with rapid development in biotechnology in recent years, should strive to participate in relevant research on this topic and actively respond to the challenges arising therewithin.

Key words: digital sequence information on genetic resources; biodiversity; Nagoya Protocol; benefit sharing

1 相关背景

《生物多样性公约》(CBD)的科学、技术和工艺咨询附属机构(SBSTTA)在2016年《生物多样性公约》第13次缔约方大会(COP13)和《名古屋议定书》

第二次缔约方会议(NP COP-MOP2)的“合成生物学议题”中引入了术语“遗传资源数字序列信息”(Digital Sequence Information on Genetic Resources, DSI)(SCBD, 2017)。DSI作为一种生物信息资源, 其术语目前仍没有统一的定义。《粮食和农业植物遗传资

收稿日期: 2019-08-01; 接受日期: 2019-11-08

基金项目: 中央民族大学双一流建设项目(YLDXXK201819)、“铸牢中华民族共同体意识”研究生专项课题项目(GTTZX-2019-50)和生态环境部生物多样性调查评估项目(2019HJ2096001006)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: xuedayuan@hotmail.com

源国际条约》秘书处在对“合成生物学”进行范围界定时提出并使用了“序列数据”的术语(SCBD, 2018)。《联合国海洋法公约》在保护和可持续利用国家管辖范围以外地区的海洋生物多样性方面,使用了“海洋生物数字序列”这样的术语(SCBD, 2018)。世界卫生组织在大流行性流感防范框架中使用了术语“基因序列数据”,并将其定义为“在DNA或RNA分子中发现的核苷酸顺序,包含了决定生物体特性的遗传信息”(SCBD, 2018)。当前,国际社会对遗传资源数字序列信息的概念和范围仍在进一步的讨论中。

在CBD-COP13上,不同国家和利益集团围绕DSI能否纳入《名古屋议定书》的适用范围及DSI的获取与惠益分享问题展开了激烈的争论。印度和非洲集团的发展中国家认为DSI作为遗传资源的基因序列信息,本质上仍属于遗传资源,应适用《名古屋议定书》的范围。而美国、日本、韩国等发达国家则极力反对将DSI纳入《名古屋议定书》(赵富伟等, 2017)。鉴于DSI问题的复杂性, CBD-COP13最终决定设立处理DSI问题的特设技术专家组(AHTEG),并邀请缔约方政府包括土著及地方社区及利益攸关方,提交关于使用DSI对于实现生物多样性目标及《名古屋议定书》目标潜在影响的信息到下一次会议进行审议(SCBD, 2017b)。2018年的CBD-COP14主要对DSI的商业化和非商业化利用及惠益分享问题进行了讨论, DSI的概念和范围等问题再次成为各国瞩目的焦点。缔约方大会授权特设技术专家组对不同利益相关方的观点进行研究,提出操作层面的解决方案,并将成果交予“2020年后全球生物多样性框架”工作组进行下一步的讨论(SCBD, 2018)。

遗传资源数字序列信息记录着生物体的各种遗传信息。生物信息学(bio-informatics)、合成生物学(synthetic biology)等学科的兴起将改变传统利用和开发遗传资源的方式,遗传资源的利用方无需获得遗传资源的实物,仅通过所获遗传序列信息便可实现对生物资源的开发利用(Vasava, 2016; Jimenez & Philp, 2016)。在大数据和全球化的时代,遗传资源数字序列信息的应用给生物多样性的保护和可持续利用带来了机遇,同时也给遗传资源的获取与惠益共享带来新的挑战。

2 遗传资源数字序列信息与生物多样性的关系

遗传资源数字序列信息的应用有助于加深人类对生物多样性的认识,有助于查明生物物种及遗传资源的地理来源,加强对野生动植物、海洋生物及其他生物资源非法贸易的追踪能力,为生物多样性的保护和可持续利用以及生物资源的管理规划提供科学依据。

2.1 用于生物多样性的描述和识别

目前,人类对生物多样性的认识能力依然有限,对生物多样性的识别取决于对信息的获取,特别是在无脊椎动物和微生物领域。为了支持《2011–2020生物多样性战略计划》和《全球爱知生物分类倡议》(CBD-COP11-XI/29号决定)的实施,国际生命条形码项目组织(iBLO)对来自全球50万种500万份样本进行了遗传指纹分析,将DNA条形码技术用于鉴定新物种(Laiou et al, 2013)。联合国粮食及农业组织通过审查关于粮食和农业遗传资源的数字序列信息的使用情况,认为遗传数字序列信息可以用来描述粮食和农业植物遗传资源的多样性,有助于农作物遗传资源的保护和可持续利用(FAO, 2017)。国际农业研究磋商组织利用DNA测序技术对土豆、玉米、小麦等农作物中的遗传变异要素进行分析,对这些栽培作物的基因多样性有了新的认识(Michael et al, 2018)。

许多国家越来越青睐通过遗传资源数字序列信息来描述和识别生物多样性,包括基因、物种(动物、植物、微生物)和生态系统三个层面。如巴西等国已经开始利用遗传序列数据协助进行植物和真菌的生物学的识别和分类(FAO, 2017)。此外,在形态识别困难的情况下,应用遗传数字序列信息还有助于物种的分类,可以通过分析遗传资源的序列数据进行物种识别,减少野外重复采样的必要(SCBD, 2018)。

2.2 用于病虫害的防治及生物入侵的早期防控

外来入侵物种,包括农业害虫和各种病原体等,被公认为生物多样性和农业领域的主要威胁。爱知目标9明确将入侵生物的控制和根除作为优先事项。《生物多样性公约》第IX/22号决议认识到DNA条形码的重要性,建议用于外来物种鉴定和农产品出入境检查。DSI的应用成为入侵物种和农业害虫

的早期监测和管理的重要诊断工具,并能有效地区分有害或有益于生态系统的部分(Hand et al, 2015)。研究人员可以利用遗传资源数字序列信息分析非原生物种在生态系统中入侵的可能性,通过查找它们的源种群,确定它们的引入途径以及入侵基因型的进化史,评估非本地物种在生态系统中入侵的可能性。

2.3 用于对传粉模式的理解

生物多样性与生态系统服务政府间科学-政策平台(IPBES)的全球评估报告显示,全球3/4以上的粮食作物种类在一定程度上依赖动物授粉,依赖传粉媒介的作物贡献了全球粮食产量的35% (López-Uribe et al, 2017)。作物的产量或质量取决于传粉媒介的丰富度和多样性,其中绝大多数的传粉媒介是野生物种,包括超过2万种蜂类及鸟类和脊椎动物(IPBES, 2016; 田瑜等, 2016)。因此,理解传粉媒介和传粉模式对于调节生态系统服务和保护生物多样性意义重大。遗传资源数字序列信息的应用可以加深人类对传粉模式的理解。例如: 转录蛋白质组学已被用于了解蜜蜂对杀虫剂、除草剂的使用和土地利用变化的反应(Vanbergen, 2013), 花粉基因测序用于掌握各种传粉者的授粉模式(Bell et al, 2016)。

2.4 用于生境变化的监测

遗传资源数字序列信息在监测环境变化对物种及其分布影响模型方面扮演着重要角色(Bacon et al, 2015)。越来越多的基因序列信息被用于掌握控制植物生长、发育和耐受不同气候环境的基因以及它们对环境变化的反应。环境DNA (eDNA)作为一种强有力的生物监测工具,为不同地区生物群落中的物种识别和监测提供了便捷(Thomsen & Willerslev, 2015)。例如,有关鱼类的信息可以通过分析海水中的eDNA进行识别;分析土壤和淡水样本可以监测土壤生物和水生生物的情况(Bohmann et al, 2014),这些为研究和估计种群规模和遗传多样性以及辅助环境监测提供了支持。

2.5 有助于非法贸易的跟踪及保持作物遗传多样性

遗传资源数字序列信息的应用可以支持打击非法采伐和海洋生物产品运输欺诈的行为,为加强《濒危野生动植物种国际贸易公约》(CITES)及相关协议的实施提供了有力工具。含有序列信息的遗传信息数据库已经被广泛用于追踪非法采伐和贸易(SCBD, 2018)。使用DNA序列标记手段可以区分

野生种和栽培种,确认受威胁或濒危物种的样本来源(FAO, 2017)。

爱知目标13明确要求保持栽培植物及其野生亲缘植物、养殖和驯养动物的遗传多样性,并提出促进和保护这类遗传多样性的战略措施。基因序列数据有助于扩大知识库,用于保持作物品种和驯养畜禽野生亲缘物种的遗传多样性,以及监测和识别病虫害(FAO, 2017)。

2.6 应对健康突发事件及其他

遗传资源数字序列信息的应用在传染病监测、诊断、治疗和疫苗的开发方面具有不可估量的价值(SCBD, 2018)。追踪突发情况下病原体的来源通常依赖序列信息,例如:在分子流行病学中,遗传资源数字序列信息可用于追踪引起疾病暴发的病原体的系统发育,以及食源性疾病暴发中污染食物的病原体。埃博拉病毒的暴发、持续追踪及病毒数据库的建立是一个成功利用遗传数字序列信息技术的例子。此外,也有人提出可以利用遗传数字序列应对濒危物种灭绝的威胁,通过修改基因组恢复栖息地,甚至可以恢复已灭绝的物种等假设(Kaebnick & Jennings, 2017)。

3 遗传资源数字序列信息对惠益分享制度的挑战

遗传资源数字序列信息的应用有助于《生物多样性公约》前两个目标的实现,即保护生物多样性和可持续利用其组成部分。2014年《名古屋议定书》生效后,尽管各国在不断提高对遗传资源获取与惠益分享的认识,但在意识和能力方面仍存在很大差距。遗传资源数字序列信息的提出和应用,将对CBD和《名古屋议定书》下的获取与惠益分享制度产生重要影响并带来一系列的挑战。遗传资源的使用方将无需取得遗传资源实物本身,仅利用遗传资源的数字序列信息就可以合成或衍生出更多的生物化学化合物(薛达元, 2017),实现对遗传资源的开发和商业化利用。

3.1 序列来源的识别和原始提供者的界定

与其他数字资源不同,遗传数字序列信息不能被识别为属于某种特定的生物来源,并且随着对序列的修饰,这个问题还会更复杂(SCBD, 2018)。学界普遍认为,作为获取与惠益分享的基础,弄清遗传资源数字序列信息的原始来源至关重要。Welch等(2017)指出:“获取与惠益分享(ABS)最终能否实

现,首先取决于对遗传资源本身和原始提供者的识别,下一步才能共同商定条件并建立相关协议。事实上,随着数据的激增,用户的增加,序列信息的来源也会逐渐发生改变”。为此,来自22个国家65名成员组成的全球基因组生物多样性网络(Global Genome Biodiversity Network, GGBN)通过获取更多的数据信息,进行生物来源验证并提高生物类群鉴定的透明度。生命条形码联盟(Consortium for the Barcode of Life)和国际生命条形码项目(International Barcode of Life Project)为超过1,000万的物种提供了条形码库,有助于支持全球物种的鉴定。

3.2 监测的问题

任何个人或机构收集到的生物遗传材料后期都可能用于各种目的的开发利用。因此,监测遗传资源的使用情况对惠益分享显得更为重要。有效的监测可以防止嗣后对遗传资源进行多个环节的商业化应用。事实上,数字序列信息远比传统的遗传资源更难监测,因为随着时间的推移,序列被修改,来源身份会受到掩饰(Welch et al, 2017)。尽管一些研究人员正努力将原始信息附加到序列中,增强原始样本和序列的联系。例如:对DNA物理样本加水印,帮助后期鉴定测序的来源。水印作为特定碱基对的物理DNA片段,可以将天然DNA转换为实验室修饰的DNA (Welch et al, 2017)。但这种方法也具有局限性,因为将其扩展到大量序列难度很大,加上其易于降解,也可以通过第三方去除水印(Bagley, 2017)。

GGBN致力于开发一个包括国际核苷酸序列数据库(The International Nucleotide Sequence Database Collaboration)系统在内的获取和惠益分享许可证问责制系统。在世界卫生组织大流行性流感防范(Pandemic Influenza Prevention)框架中,世界卫生组织成立了遗传数据序列专家工作组,通过检测和追踪商业终端产品的基因序列数据的使用情况和技术机制来实现对产品来源的追踪和监测(SCBD, 2018)。

3.3 价值评估困难

Nussbeck等(2016)认为,惠益分享货币形式的核心是确定遗传资源数字序列信息的价值。然而遗传数字序列信息的内在价值随着科技的进步而不断提升,仅关注其货币价值是不可靠的。从数字序列信息生成的产品来看,其流程和技术可能涉及来自多个国家的基因和生物体组合,合成的途径复

杂。数字序列可以定期修改并可以无限制重复利用,引发的每项交易都会带来利益的问题。价值都是在最终的产品集合中体现的,而不是单独的序列。因此,来自个体序列的价值难以量化(Nussbeck et al, 2016)。一个序列本身可能没有真正价值,通过生物勘探收集大量的生物实体,可鉴定出有价值的生物学特性,然后筛选寻找活性化合物的物质。然而对于DNA能产生哪些化合物目前仍存在不确定性,因此,确定遗传资源数字序列信息产生的商业价值十分困难。

此外,与实物样本不同的是,合成和修改的信息也可以由不同的基因数据创建,大部分可能与原始资源或者原始提供国家无关。原始资源经过多次转换后,是否能继续适用《名古屋议定书》要求的惠益分享将再次成为后期监测的技术难题。鉴于合成生物学产品可能涉及到多次修改、转换以及不同DNA组分的组合,随着时间的推移,每次转移都会引发新的惠益分享,最终形成高额的价值链。与先前产生的价值相比,对序列的每一次额外修改都会越来越难以评估。

3.4 全球多边惠益分享

数字遗传信息是多种来源遗传物质的组合。由于自然选择的原因,在世界各地的不同生物体都可以找到相同或相似的序列。Thole等(2012)通过对来自不同半球不同生境的细菌菌株研究发现,其基因存在93%的相似度,次生代谢产物也可以完全相同(Thole et al, 2012; SCBD, 2017a)。一篇来自*Science*的文章得出这样的结论:分别来自不同国家的植物、人类和微生物经过生物合成途径创建而成的12种酶,在催化固碳方面比单一植物的酶更有效(Gong & Li, 2016)。这对于来自多个国家的序列信息开发形成的单一产品来说,很难说某个数字序列属于某个特定国家。这样的话,是否可以存在多份惠益分享协议成为一个新的问题。此外,资源利用方也会寻求最有利的司法管辖区域和低成本原则获得遗传材料(Vogel et al, 2018),不再会投入高成本去获得某个特定国家的原始遗传资源。

3.5 商业和非商业的区分

《名古屋议定书》第8条(a)款规定,缔约方应创造条件以简化非商业性研究的获取,促进有助于生物多样性保护和可持续利用的研究。这意味着商业应用和非商业研究在获取与惠益分享方面有着本

质的区别。近年来,越来越多的科研人员或机构参与商业合作中,使得商业和非商业之间的界限变得模糊不清。随着遗传数字序列信息的使用,更多的数据可以自由共享,当获取这些信息时,未来的用途并不能明确,也无法控制和监测,这将会造成原始提供方不知情或不能参与惠益分享的后果。由于任何人的获取可用于任何目的,如果这种利用由非商业化变为商业化,使用方必须向获取的数据库进行汇报,并与原始提供方取得联系,使其知情同意,重新共同商定条件进行惠益分享(Scott & Berry, 2017)。

综上,遗传资源数字序列信息的应用在生物多样性的识别和描述、粮食保障、追踪非法贸易、缓解受威胁物种面临风险等方面具有非常重要的价值,研究和开发遗传资源数字序列信息是大势所趋。但应该清醒地认识到,DSI应用优势的背后同时也潜藏着很多问题。首先,DSI的应用改变了传统利用遗传资源的方式。人们通过合成生物学等前沿领域技术对特定的遗传资源进行基因测序,将遗传序列信息提取后即可合成特定的衍生物,实现对该遗传资源的开发利用。由于发展中国家和发达国家科研实力的悬殊,将导致其差距进一步的扩大,同时激化国与国之间的利益矛盾。其次,DSI的应用改变了《生物多样性公约》及《名古屋议定书》对有形遗传材料进行监管的范式,给追踪遗传资源的来源、监测遗传资源的利用以及遗传资源价值评估带来诸多困难。当前,发展中国家和发达国家在遗传资源数字序列信息的获取与惠益分享问题上仍存在很大的分歧。

4 问题与展望

4.1 利益博弈引发的新一轮国际谈判

目前,国际社会针对遗传资源数字序列信息的问题已展开过多次讨论。国际农业研究磋商组织认为,遗传资源数字序列信息的应用尽管促进了农作物多样性的可持续发展,但由于发展中国家和发达国家生物技术实力差距悬殊,惠益的不平衡性将长期存在(Michael et al, 2018)。一些发达国家认为DSI已经超出了《名古屋议定书》的范围,不应将其纳入惠益分享。而多数发展中国家认为,如果不能很好地解决DSI的获取和惠益分享问题,将极大地弱化《名古屋议定书》的履行。发达国家认为,在应

用数字序列信息的过程中,已经通过研究协作、能力建设和技术转让等形式向国际同行或全球社区提供了序列分析的结果,公开可用的数据库也可作为回报,对于生物技术能力缺乏的国家可以视为惠益分享。其中,北美、欧洲作为技术主导者,希望和巴西、南非等生物多样性丰富的国家在合成生物学和相关研究中成为合作伙伴。他们认为开发和维护数据库是一种惠益分享的形式,来自世界各地的数据和研究成果的贡献者在共享全球生物数据库的同时,也获得了更多的收益。此外,数据库也收集了更多的生物多样性信息,有利于生物多样性保护和可持续利用(SCBD, 2018)。

表面看来,发达国家提供的“研究协作、分享数据”体现了惠益分享,然而却掩盖了一个事实:发达国家和发展中国家无论在遗传资源的拥有量、资源价值的评估能力,还是技术研发水平以及知识产权法律制度等方面都是不对等的。绝大多数利益最终还是流向了生物技术发达的国家,发展中国家并不能实现《名古屋议定书》所要求的公正、公平地分享惠益,始终处于不利境地。因此,对于生物多样性丰富且通过获取数据库信息技术最终获益不足的发展中国家来说,当其国内的遗传信息被加载到公共数据库时,国家便失去了对生物遗传资源的主权控制。显然,发达国家是利用了自身技术研发实力优势,试图通过遗传资源数字序列信息的应用来主导遗传资源获取机制,使利益博弈发生偏移。

4.2 中国的应对策略

中国作为全球生物多样性最丰富的国家之一,于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,目的在于保护和可持续利用生物多样性以及公平公正地分享因利用生物遗传资源而产生的惠益。随着我国对生态环境问题的重视,生物多样性保护和各项管理工作取得了阶段性的成果。在遗传资源数字序列信息这个前瞻性的议题上,我国应在各方面做好准备,积极参与国际游戏规则的制定,应对遗传资源数字序列信息问题带来的机遇和挑战。主要包括:

(1)提高DSI的科技研发水平。我国在“十三五”科技创新战略规划中,已将合成生物技术列为战略性的重点发展方向。尽管近年来我国的合成生物技术水平有了很大提高,但在国际上仍处在第二梯队,有影响的重大成果屈指可数(熊燕和赵晓, 2015)。我

国应充分利用当前对遗传资源数字序列信息讨论和研究的机遇,优化整合现有的科研力量,加强业已形成的科研优势,从生物医药、粮食安全、生态环境等领域入手,紧扣当前合成生物学的前沿和核心问题,引领中国在遗传资源数字序列信息研发方面的自主创新,这对于提升我国现代化生物技术水平有着现实的策略意义和长远的战略意义。

(2)提升社会参与的政治意愿。《生物多样性公约》第十五次缔约方大会旨在达成2020年后全球生物多样性框架,确定2030年全球生物多样性新目标。中国作为CBD-COP15的主办方,推进全球生物多样性保护、实现生物多样性的可持续发展责无旁贷。遗传资源数字序列信息的应用不仅关系到国计民生,同时也关乎国家的生态安全。我国在加强合成生物技术研发的同时,还应注重和兼顾政策引导,搭建专家交流平台,鼓励社会各界人士积极参与该领域的讨论,促进共同协商解决DSI问题的政治意愿,实现技术攻关与政治参与的协同增效。在2019年4月公布的《生物多样性公约》合成生物学特设技术专家组名单中,中国有1名专家入选,实现了中国参与国际DSI问题研究成员的从无到有(SCBD, 2019)。这体现了中国参与全球环境治理的决心和对国际重要环境问题应有的重视。

(3)认真研判履约给我国带来的各种机遇和挑战。建议在上述加快对“遗传资源数字序列信息”的科学研究和提升政治参与意愿的同时,政府部门采取创新方式,探索开放合作的模式,构建“遗传资源数字序列信息”专家研究团队,掌握最新的国际动态,制定灵活和适应性的国内政策法规,确保我国在获取和利用遗传数字序列信息时获得持续和新的惠益。此外,中国应利用承办2020年CBD-COP15的机会,适时地对当前争论的DSI议题进行协调和布局,让DSI的讨论朝着惠益于我国的方向发展。同时,鼓励我国更多的专家学者在国际舞台上有效地发声,提高中国在该议题谈判中的主导地位,赢得全球生物多样性保护领域更多的话语权,实现我国从“积极参与全球环境治理”到“深度参与全球环境治理”转变的目标。这不仅符合中国的国情和战略需要,也有助于提升我国负责任大国的环境外交形象,促进《生物多样性公约》三大目标的早日实现。

参考文献

- Bacon CD, Silvestro D, Jaramillo C, Tilston SB, Chakrabarty P, Antonelli A (2015) Biological evidence supports an early and complex emergence of the Isthmus of Panama. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 19, 6110–6115.
- Bagley M (2017) *Towering Wave or Tempest in a Teapot? Synthetic Biology, Access and Benefit Sharing, and Economic Development*. Victoria University Press, Wellington.
- Bell KL, Natasha V, Alexander K, Rodney T (2016) Pollen DNA barcoding: Current applications and future prospects. *Genome*, 59, 629–640.
- Bohmann K, Evans A, Gilbert M, Carvalho GR, Creer S, Knapp M, Yu DW (2014) Environmental DNA for wildlife biology and biodiversity monitoring. *Trends in Ecology and Evolution*, 29, 358–367.
- FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) (2017) *Indicators: Measuring up to the 2030 Agenda for Sustainable Development*. FAO, Rome.
- Gong FY, Li Y (2016) Fixing carbon, unnaturally. *Science*, 354, 830–831.
- Hand BK, Hether TD, Kovach RP, Muhlfeld CC, Amish SJ, Boyers MC, Rourke SM, Miller MR (2015) Genomics and introgression: Discovery and mapping of thousands of species-diagnostic SNPs using RAD sequencing. *Current Zoology*, 65, 146–154.
- IPBES (2016) Summary for policymakers of the assessment report of the Intergovernmental Science–Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services on Pollinators, Pollination and Food Production. In: *Intergovernmental Science–Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services Deliverables of the 2014–2018 Work Programme* (eds Potts SG, Imperatriz-fonseca VL, Ngo HT, Biesmeijer JC, Breeze TD, Dicks LV, Garibaldi LA, Hill R, Settele J, Vanbergen AJ, Aizen MA, Cunningham SA, Eardley C, Freitas BM, Gallai N, Kevan PG, Kovács-Hostyánszk A, Kwapong PK, Li J, Li X, Martins DJ, Nates-Parra G, Pettis JS, Rader R, Viana BF), pp.1–28. IPBES, Bonn.
- Jimenez SG, Philp J (2016) Genomics and the bio-economy: Opportunities to meet global challenges. *Genomics and Society*, 12, 207–238.
- Kaebnick GE, Jennings B (2017) De-extinction and conservation. *Hastings Center Report*, 47(4), 2–4.
- Laiou A, Mandolini LA, Piredda R, Bellarosa R, Simeon MC (2013) DNA barcoding as a complementary tool for conservation and valorisation of forest resources. *Zookeys*, 365, 197–213.
- López-Urbe MM, Soro A, Jha S (2017) Conservation genetics of bees: Advances in the application of molecular tools to guide bee pollinator conservation. *Conservation Genetics*, 18, 501–506.
- Michael H, Isabel LN, Dave E, Carolina R, Mathieu R,

- Ruaraidh SH (2018) Using genomic sequence information to increase conservation and sustainable use of crop diversity and benefit-sharing. *Biopreservation and Biobanking*, 16, 368–376.
- Nussbeck SY, Rabone M, Benson EE, Droege G, MacKenzie-Dodds J, Lawlor RT (2016) Life in data outcome of a multi-disciplinary, interactive biobanking conference session on sample data. *Biopreservation and Biobanking*, 14, 56–64.
- SCBD (Secretariat of the Convention on Biological Diversity) (2017a) 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. SCBD, Montreal.
- SCBD (Secretariat of the Convention on Biological Diversity) (2017b) Inclusion of Digital Sequence Information Under the Scope of the Nagoya Protocol. SCBD, Montreal.
- SCBD (Secretariat of the Convention on Biological Diversity) (2018) Summary of the UN Biodiversity Conference. SCBD, Montreal.
- SCBD (Secretariat of the Convention on Biological Diversity) (2019) Composition of the Technical Expert Group on Synthetic Biology. SCBD, Montreal.
- Scott D, Berry D (2016) Genetic Resources in the Age of the Nagoya Protocol and Gene/Genome Synthesis. Cambridge University Press, London.
- Thole S, Kalhoefer D, Voget S, Berger M, Engelhardt T, Liesegang H, Wollherr A, Kjelleberg S (2012) *Phaeobacter gallaeciensis* genomes from globally opposite locations reveal high similarity of adaptation to surface life. *The ISME Journal*, 6, 2229–2244.
- Thomsen PF, Willerslev E (2015) Environmental DNA: An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. *Biological Conservation*, 183, 4–18.
- Tian Y, Lan CZ, Xu J, Li XS, Li JS (2016) Assessment of pollination and China's implementation strategies within the IPBES framework. *Biodiversity Science*, 24, 1084–1090. (in Chinese with English abstract) [田瑜, 兰存子, 徐靖, 李秀山, 李俊生 (2016) IPBES框架下的全球传粉评估及我国对策. *生物多样性*, 24, 1084–1090.]
- Vanbergen AJ (2013) Threats to an ecosystem service: Pressures on pollinators. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 11, 251–259.
- Vasava DS (2016) Application of bio-technological techniques for medicinal plant research. *Forest Research*, 5, 191–194.
- Vogel JH, Angerer K, Ruiz MM, Oduardo-Sierra O (2018) Bounded Openness as the Global Multilateral Benefit-Sharing Mechanism for the Nagoya Protocol. Routledge, London.
- Welch E, Bagley MA, Kuiken T, Louafi S (2017) Potential Implications of New Synthetic Biology and Genomic Research Trajectories on the International Treaty for Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. FAO, Rome.
- Xiong Y, Zhao X (2015) The development of synthetic biology in China: Opportunities and challenges. *Science and Society*, (1), 1–8. (in Chinese with English abstract) [熊燕, 赵晓 (2015) 合成生物学的发展: 我国面临的机遇和挑战. *社会与科学*, (1), 1–8.]
- Xue DY (2017) The latest development for implementation of the Convention on Biological Diversity. *Biodiversity Science*, 25, 1145–1146. (in Chinese) [薛达元 (2017) 《生物多样性公约》履约新进展. *生物多样性*, 25, 1145–1146.]
- Zhao FW, Cai L, Zang CX (2017) Latest developments in international regimes relevant to access and benefit-sharing of genetic resources. *Biodiversity Science*, 25, 1147–1155. (in Chinese with English abstract) [赵富伟, 蔡蕾, 臧春鑫 (2017) 遗传资源获取与惠益分享相关国际制度新进展. *生物多样性*, 25, 1147–1155.]

(责任编委: 徐靖 责任编辑: 时意专)