страхового дублирования в международных базах данных в соответствии с требованиями научных центров International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), The International Center for Agriculture Research in the Dry Areas (ICARDA). Под руководством регионального бюро ФАО по Европе и Центральной Азии разработан проект Национальной стратегии дальнейшего развития работы в Республике Беларусь по сохранению и устойчивому использованию генетических ресурсов растений для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства до 2035 г.

На основе Национальной коллекции генофонда растительных ресурсов в стране за 2000–2018 гг. создано 1050 новых сортов растений, восстановлено более 75 тыс. га леса. В многообразии природной флоры выделены 609 кормовых и 487 видов пищевых растений, надежно сохраняется 71 редкий вид диких нуждающихся в охране представителей флоры, включенных в Красную книгу Республики Беларусь.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Дзюбенко Н. И. Генетические ресурсы культурных растений – основа продовольственной и экологической безопасности России // Вестник Российской академии наук. 2015. Т. 85, №1. С. 3–8.
2. Грыб С. І. Праблема генафонду раслінных рэсурсаў / С. І. Грыб // Весці Нац. акадэміі навук Беларусі. Сер. біял. навук. 1996. №1. С. 56–59.
3. Привалов Ф. Банк генетических ресурсов растений / Ф. Привалов, А. Кильчевский, С. Гриб, З. Козловская, А. Ковалевич // Наука и инновации. 2016. №10. С. 24–27.
4. Привалов Ф. И. Национальный банк генетических ресурсов растений Республики Беларусь – источник продовольственной, природоохранной и биологической безопасности / Ф. И. Привалов, С. И. Гриб, И. С. Матыс // Национальный банк генетических ресурсов растений – первооснова продовольственной, природоохранной и биологической безопасности Республики Беларусь: прил. к журн. «Земледелие и защита растений» №4 / редкол.: Ф. И. Привалов [и др.]. – Прилуки, 2016. С. 3–6.
5. Состояние биоразнообразия для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства в Республике Беларусь // Страновой доклад; редкол.: Ф. И. Привалов [и др.] / Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию. – Минск, 2016.
6. Grib S. The history of wheat breedibg in Belarus./ Grib S., Koptik I., Morgunov A. /In: Bonjean A., Angus W., van Ginkel M. (Eds.) The Wolrd Wheat Book: A History of Wheat Breeding. – Paris, 2016. V. 3. P. 193–213.

SEE http://innosfera.by/2019/08/GenePool

Цифровая информация о последовательностях в отношении генетических ресурсов

Аннотация. *В статье рассматриваются проблемы, связанные с функционированием Нагойского протокола, в частности фундаментальные принципы совместного использования выгод от доступа к генетическим ресурсам.*

Ключевые слова: *Нагойский протокол, Конвенция о биологическом разнообразии, генетические ресурсы и технологии, генетические последовательности, совместное использование выгод, цифровая информация, базы данных.*



Галина Мозгова,
руководитель Национального координационного центра биобезопасности Института генетики и цитологии НАН Беларуси, кандидат биологических наук



Фото Дарьи Пронько

Елена Макеева,
руководитель Национального координационного центра по вопросам доступа к генетическим ресурсам и совместного использования выгод Института генетики и цитологии НАН Беларуси, кандидат биологических наук, доцент

Страны – стороны Нагойского протокола, в том числе Республика Беларусь, провели ряд важных мероприятий после вступления его в силу в 2014 г. Вместе с тем многие проблемы, связанные с осуществлением положений этого международного документа, еще не решены. Это касается как дополнительных барьеров при доступе к генетическим ресурсам и международного сотрудничества в области фундаментальных научных исследований, так и неполучения при отсутствии регулируемого доступа выгод от применения генетических ресурсов и технологий, связанных с ними.

Одним из результатов изучения генетических ресурсов является цифровая информация о генетических последовательностях

(ЦИП), относящихся к ним. Многие страны подняли вопрос о том, что обмен ею также должен подлежать регулированию согласно положениям Нагойского протокола, в основе которого лежат фундаментальные принципы доступа и совместного использования выгод, установленные в Конвенции о биологическом разнообразии. В то же время ряд терминов и формулировок этих документов порой вызывает неоднозначное толкование. В частности, согласно ст. 2 Конвенции, генетические ресурсы – это генетический материал, представляющий фактическую или потенциальную ценность. Однако под эту трактовку подпадает любой материал растительного, животного, микробного или иного происхождения, содержащий функциональные единицы наследственности [2]. С 2016 г. находится на стадии широкого обсуждения и еще не имеет окончательной формулировки понятие «цифровая информация о последовательностях, относящаяся к генетическим ресурсам» (далее – ЦИПГР). Ряд стран настаивает на рассмотрении ее как ресурса, использование которого может приносить выгоды, в силу чего доступ к ней должен регулироваться в соответствии с положениями Нагойского протокола.

Поскольку государства могут устанавливать национальные механизмы регулирования как в двусторонних, так и в многосторонних соглашениях, в декабре 2016 г. на 13-й конференции сторон Конвенции и 2-й конференции сторон Нагойского протокола им было предложено продолжить изучение проблемы на национальном уровне в межсессионный период (2017–2018 гг.) и прислать в секретариат информацию, выражающую их позицию [3], для обеспечения концептуальной ясности в отношении ЦИПГР.

Одновременно секретариат создал специальную группу технических экспертов, которая в 2018 г. рассмотрела два аналитических документа, подготовленных на основе сведений, поступивших из стран – сторон Нагойского протокола [3, 4]. Специалисты подвергли критике термин «цифровая информация о последовательностях, относящаяся к генетическим ресурсам». При этом было достигнуто согласие по его использованию, пока не будет выработано новое определение, более полно отражающее взаимосвязь этой информации с Нагойским протоколом, а также о том, что термин «цифровой» относится только к методу, с помощью которого данные хранятся и передаются, и что новые альтернативные формы ее хранения или передачи могут вызывать вопросы.

На данном этапе изучения проблемы эксперты определили различные типы информации, которая может иметь отношение к ЦИПГР, признавая, что не во всех случаях эта взаимосвязь полная. К таким типам отнесли следующие сведения: последовательность нуклеотидов нуклеиновой кислоты и соответствующие данные; информацию об этом, ее аннотацию и генетическое картирование (может описывать целые геномы, индивидуальные гены или их участки, включая штрихкоды ДНК, геномы органелл или однонуклеотидные полиморфизмы); данные о макромолекулах или клеточных метаболитах; сведения об экологических взаимодействиях организма и абиотических факторов окружающей среды; о функционировании организмов (например, поведенческие данные); строение, включая морфологию и фенотип; таксономические данные. Кроме того, цифровую информацию предложено рассматривать как контекстный ее вид, основывающийся на данных наблюдений, считая, что такой подход может упростить их интерпретацию и, соответственно, облегчить понимание свойств генетического ресурса [3].

При изучении технических вопросов, а также юридических и научных последствий использования существующей терминологии и обсуждении взаимосвязи между понятием «цифровая информация о последовательностях» с определениями, приведенными в Конвенции и Нагойском протоколе, не достигнуто консенсуса в отношении того, включает ли термин Конвенции «генетические ресурсы» цифровую информацию о последовательностях, относящихся к ним. Однако все согласны, что если даже ЦИП не входит в данное определение, она все равно находится в сфере действия Нагойского протокола, поскольку является результатом использования генетического ресурса как материального объекта и, следовательно, при последующем применении и коммерциализации данной информации должна осуществляться процедура совместного использования выгод. При этом цифровые записи последовательностей нуклеиновых кислот и соответствующие данные, полученные в результате использования генетических ресурсов, в первую очередь рассматриваются как объекты такой процедуры.

Сложность проблемы связана также с многообразием в раскрытии значений терминов «последовательность», «информация» и «функциональная единица наследственности». В этой связи стороны Конвенции и Нагойского протокола считают, что необходимо продолжить обсуждение для нахождения баланса между терминологией, которая должна быть адаптивной и достаточно динамичной, чтобы приспособиться к современным научным, технологическим, рыночным и другим изменениям, и в то же время четкой и достаточно надежной для обеспечения правовой определенности использования ЦИПГР.

Юридическими последствиями признания цифровой информации о последовательностях эквивалентом генетического ресурса будут обязательство предоставления предварительного обоснованного согласия и определение взаимосогласованных условий использования информации для совместного получения выгод.

Обсуждаемая проблема – результат повышения активности сторон в реализации Конвенции и Нагойского протокола для обеспечения своих суверенных прав на биологические (генетические) ресурсы. Без сомнения, основной целью Конвенции является сохранение биологического разнообразия, а открытый доступ к цифровой информации о последовательностях играет важную роль в ее достижении благодаря осуществлению ст. 17 и 18 Конвенции, а также ст. 8, 20, 22, 23 и приложения к Нагойскому протоколу, а также решению 19-й целевой задачи Айти Стратегического плана в области сохранения и устойчивого использования биоразнообразия на 2011–2020 гг. и 15-й цели устойчивого развития (ЦУР) [5, 6].

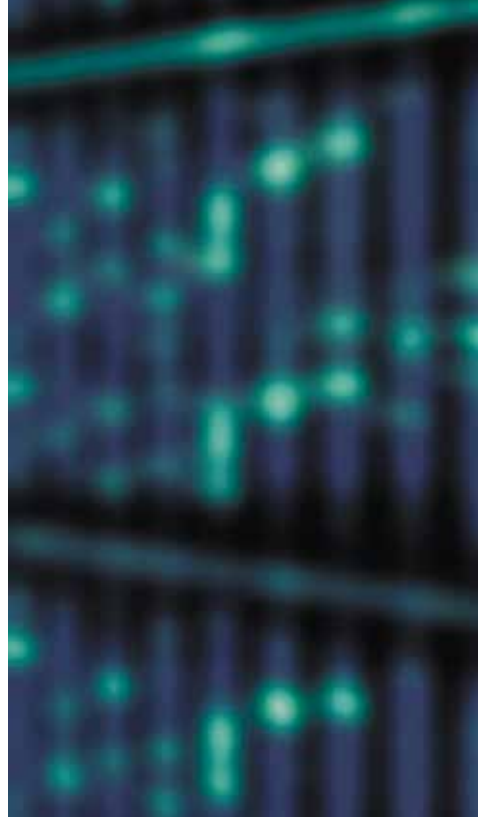
При этом в реалиях века высоких технологий, которые пришли и в биологию, цифровой продукт с генетической информацией переходит из сферы обмена данными в область применения в биологической технологии и других научных и производственных отраслях, включая здравоохранение.

Вместе с тем высказывается озабоченность, что в отсутствие правил совместного использования выгод от владения ЦИПГР страны могут ограничить доступ к своим генетическим ресурсам, что будет иметь негативные последствия для сохранения биоразнообразия. В свете общего признания ценности ЦИПГР, а также быстро меняющегося характера лежащей в его основе технологии отмечается, что для проведения более глубокого анализа взаимосвязи между сохранением биоразнообразия, его устойчивым использованием и ЦИПГР может потребоваться проведение регулярного горизонтального сканирования будущих технологических разработок, которые имеют отношение к целям Конвенции и Нагойского протокола.

Анализ потенциальных последствий применения ЦИПГР показал, что могут произойти трансформационные изменения в использовании генетических ресурсов, а это повлияет на тип выгод и способ их распределения: с одной стороны, доступ к информации и неденежные (денежные) выгоды при передаче технологий, обмене данными и развитии потенциала регулируется и осуществляется с целью сохранения и использования биоразнообразия, а с другой стороны, в частности в свете достижений в технологиях секвенирования, ЦИП может в некоторых случаях ставить под сомнение реализацию механизмов доступа к генетическим ресурсам и совместного получения выгод, Так, например, во Всемирной организации здравоохранения обсуждается проблема возможного нарушения механизма обеспечения готовности к пандемическому гриппу, когда лаборатории и производители вакцин все больше полагаются на данные о генетической последовательности, что исключает применение материальных генетических ресурсов.

Обычно цифровая информация о последовательностях становится базой для аналитических исследований, однако она также задействуется для повторной материализации генетического материала, что напрямую относится к совместному использованию выгод и может привести к необходимости экономической оценки информации как таковой.

Одним из важных механизмов обмена ЦИПГР на сегодняшний момент признаны генбанки и их базы данных. Существуют различные толкования того, что представляют собой общедоступные базы данных: они могут варьировать от баз данных, которые полностью открыты для всех пользователей (например, GenBank), до таких, которые налагают определенные требования (например, Глобальная инициатива по предоставлению доступа ко всем данным о гриппе (GISAID) по регистрации пользователей и соглашениям о доступе к имеющимся сведениям. Получение данных также может потребовать соглашений, касающихся совместного использования выгод, а данные в общедоступных базах



могут быть объектом прав на интеллектуальную собственность или предметом обязательств Нагойского протокола. Научным сообществом все больше придается значение включению в метаданные информации, относящейся к окружающей среде, поскольку это способствует сохранению генетических ресурсов и доступу к ним для передовой практики исследований, а также совместному использованию выгод. При этом существует потребность в дополнительных данных о стране происхождения генетической информации, ресурсе, последовательности которого находятся в базах данных, кем он представлен, а также о стране, из которой пользователи получают доступ к ЦИП.

Ограничение использования общедоступных данных нежелательно, однако существуют сведения, имеющие характер собственности, содержание которых не является общедоступным. При этом уже наблюдаются примеры, когда предпринимаются шаги в целях соблюдения Нагойского протокола при использовании как непосредственно генетического материала, так и цифровой информации о последовательностях, относящихся к генетическим ресурсам (например, Международный проект «Штрихкод жизни», Канада) [7–10].

Республика Беларусь как сторона Конвенции и Протокола должна активно участвовать в дальнейших обсуждениях для выработки определения «цифровая информация о последовательностях, относящихся к генетическим ресурсам» и создания механизма регулирования доступа к этим данным и совместного использования выгод. В настоящее время в нашей стране для защиты данных о последовательностях можно обратиться к Закону «Об информации, информатизации и защите информации» от 10 ноября 2008 г.

Аннотация. *В статье рассмотрена проблема сохранения биологического разнообразия и затронуты вопросы вымирания аборигенных видов при увеличении численности чужеродных, важности своевременного мониторинга и корректной диагностики видового состава и их связь с ДНК-штрихкодированием. Содержится информация о современных молекулярно-компьютерных методах идентификации видов и их применении на территории Республики Беларусь.*

Ключевые слова: *биологическое разнообразие, выявление чужеродных видов, ДНК-штрихкодирование.*

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Нагойский протокол регулирования доступа к генетическим ресурсам и совместного использования на справедливой и равной основе выгод от их применения к Конвенции о биологическом разнообразии: текст и приложение / Секретариат Конвенции о биологическом разнообразии. 2011.
2. Конвенция о биологическом разнообразии, Организация Объединенных Наций, 1992. UNEP/CBD/94/1. 2014.
3. Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources // https://www.cbd.int/doc/c/4f53/a660/20273cadac313787b058a7b6/dsi-ahteg-2018–01–04-en.pdf.
4. 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 // https://www.cbd.int/doc/c/06dc/df41/cbbe0ff3d861dc4e45953973/dsi-ahteg-2018–01–02-en.pdf.
5. Цели Айти – CBD // https://www.cbd.int/sp/targets/.
6. Решение, принятое конференцией сторон Конвенции о биологическом разнообразии. «XII/4. Включение тематики биоразнообразия в Повестку дня Организации Объединенных Наций в области развития на период после 2015 года и в цели устойчивого развития. UNEP/CBD/COP/DEC/XII/4 // https://www.cbd.int/decisions/cop/?m=cop-12.
7. Глобальная база данных ДНК-штрихкодов живых организмов (BOLD) // http://www.biosafety.by/zayavki-2018/ http://www.boldsystems.org.
8. BOLD: The Barcode of Life Data System (www.barcodinglife.org) / S. Ratnasingham // Molecular Ecology Note. 2007. Vol. 7, N3.
9. Miller S. E. Proposed standards for BARCODE records in INSDC (BRIs) – In request document for continuation of support by the Alfred P. Sloan Foundation Submitted by the Smithsonian Institution on behalf of Consortium for the Barcode of Life. Ed. H. Robert. 2006.
10. Воронова Н. В. и соавт. Barcoding of Life: Беларусь – участник глобальной инициативы по ДНК-штрихкодированию жизни // Труды Белорусского государственного университета. Физиологические, биохимические и молекулярные основы функционирования биосистем. 2014. Т. 9. Ч. 1.

SEE http://innosfera.by/2019/08/DigitalGeneticResources