DOI: 10.22092/irn.2026.371616.1709

دیدگاه

تأثیر تعاریف و چهارچوب‌های حقوقی مرتبط با اطلاعات توالی دیجیتال (DSI) بر کارکردهای اجرایی بانک‌های ژن: تجربه مرکز منابع ژنتیکی هلند

شیرین محمودی[1*]، مصطفی آقایی سربرزه[2]، محمدجعفرآقایی[3]

مقدمه

در پی افزایش نگرانی‌ها نسبت به نابودی تنوع زیستی، کنوانسیون تنوع زیستی در اوایل دهه ۱۹۹۰ میلادی تأسیس شد. اهداف اصلی این کنوانسیون، حفاظت از تنوع زیستی، استفاده پایدار از اجزای آن و تسهیم عادلانه و منصفانه منافع ناشی از بهره‌برداری از منابع ژنتیکی است (UNEP, 1992). کنوانسیون تنوع زیستی در دسامبر ۱۹۹۳ لازم‌الاجرا شد. به‌منظور تحقق هدف سوم، پروتکلی الحاقی با عنوان «پروتکل ناگویا» در خصوص دسترسی به منابع ژنتیکی و تسهیم عادلانه و منصفانه منافع حاصل از بهره‌برداری از آن‌ها تدوین شد. این پروتکل، در اکتبر ۲۰۱۴، دو دهه پس از اجرای کنوانسیون لازم‌الاجرا شد (UNEP, 2011).

کنوانسیون تنوع زیستی و پروتکل ناگویا، نظامی دوجانبه را برای تنظیم دسترسی به منابع ژنتیکی و تسهیم منافع ناشی از استفاده آن‌ها پیشنهاد می‌کند. این نظام، مبتنی بر کسب مجوز آگاهانه قبلی Prior Informed Consent (PIC) از مقامات کشور ارائه‌دهنده و انعقاد قرارداد با شرایط توافقی متقابل (Mutually Agreed Terms; MAT) میان ارائه‌دهندگان و استفاده‌کنندگان است، که مستلزم انجام مذاکرات دوجانبه به‌صورت موردبه‌مورد میان طرفین است. بااین‌حال، کشورهای عضو پروتکل ناگویا حق دارند، مقرراتی متفاوت اتخاذ کنند و در موارد خاص، الزام به PIC و MAT را برای دسترسی به منابع ژنتیکی لغو نمایند. هر دو سند، یعنی کنوانسیون تنوع زیستی و پروتکل ناگویا، به موضوع «منابع ژنتیکی» می‌پردازند.

در کنوانسیون تنوع زیستی، منابع ژنتیکی به‌عنوان مواد ژنتیکی دارای ارزش بالفعل یا بالقوه تعریف شده است و ماده ژنتیکی نیز به‌عنوان هر نوع ماده‌ای از منشأ گیاهی، حیوانی، میکروبی یا سایر که دارای واحدهای عملکردی وراثتی باشند، تعریف می‌شود (UNEP, 1992). برخلاف CBD که مبتنی بر توافق‌های دوجانبه میان ارائه‌دهندگان و استفاده‌کنندگان است، معاهده بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی، نظام‌های چندجانبه‌ای را برای دسترسی و تسهیم منافع برقرار کرده است. در این نظام‌ها، دسترسی نه براساس مفاد PIC و MAT مندرج در CBD، بلکه از طریق موافقت‌نامه‌های انتقال مواد ژنتیکی (Standard Material Transfer Agreements; SMTAs) انجام می‌شود. درمورد IT-PGRFA، که اهمیت ویژه‌ای برای بانک‌های ژن دارد و بر منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی متمرکز است، منافع از طریق صندوق چندجانبه تسهیم منافع تأمین می‌شود. این صندوق برای حمایت از حفاظت و بهره‌برداری پایدار از منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی به‌کار می‌رود. علاوه‌براین، ITPGRFA ارزش تسهیم منافع از طریق تسهیل دسترسی به منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی، تبادل اطلاعات، ارتقای ظرفیت‌ها و انتقال فناوری را نیز به رسمیت می‌شناسد.

از زمان لازم‌الاجرا شدن کنوانسیون تنوع زیستی، پیشرفت‌های فناورانه در بخش‌های زیستی و کشاورزی تأثیر بسزایی بر نحوه استفاده از منابع ژنتیکی داشته است. امروزه استفاده از اطلاعات ژنومی به‌جای یا همراه با ژن‌ها و (بخش‌هایی از) موجودات حاوی آن‌ها گسترش یافته است. درنتیجه این پرسش مطرح شده است، آیا استفاده از اطلاعات مربوط به منابع ژنتیکی، اطلاعات مربوط به توصیف توالی‌های DNA، به‌عنوان واحدهای عملکردی وراثت، نیز باید مشمول تعهدات مربوط به دسترسی و تسهیم منافع (ABS) باشد، همانگونه که استفاده از منابع ژنتیکی طبق مفاد کنوانسیون تنوع زیستی (CBD)، پروتکل ناگویا و معاهده بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی مشمول این تعهدات است؟

در حال حاضر، نظرات در این زمینه بسیار متفاوت است و

۱*- نویسنده مسئول، گروه تنوع زیستی، مرکز ملی مدیریت منابع ژنتیکی کشاورزی و منابع طبیعی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران، محقق پسادکتری مؤسسه تحقیقاتی Helmholtz آلمان. پست الکترونیک: sh.mahmoodi@areeo.ac.ir

۲- استاد پژوهش، بخش تحقیقات غلات، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۳- دانشیار، بخش تحقیقات بانک ژن گیاهی ملی ایران، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

این موضوع به مانع اصلی در رسیدن به توافق درمورد سایر جنبه‌های توافق‌نامه‌های بین‌المللی تبدیل شده است. بحث‌های مربوط به جنبه‌های دسترسی و تسهیم منافع اطلاعات توالی دیجیتالی (DSI)، فقط در کنوانسیون CBD و پروتکل ناگویا مطرح نمی‌شوند، بلکه در سایر نهادها ازجمله ITPGRFA و کمیسیون فائو درمورد منابع ژنتیکی برای غذا و کشاورزی (FAO-CGFRA) نیز موردبحث قرار گرفته است. در ITPGRFA، بحث‌های مربوط به DSI از سال ۲۰۱۷ آغاز شد. در آخرین جلسه هیئت‌مدیره (۲۰۱۹)، بحث‌های مربوط به DSI بیشتر در چهارچوب مذاکرات تقویت نظام چندجانبه دسترسی و تسهیم منافع ITPGRFA انجام شد. اغلب به‌دلیل اختلاف‌نظر درمورد اینکه آیا DSI نیز باید در نظام دسترسی و تسهیم منافع ITPGRFA گنجانده شود، این مذاکرات به نتیجه‌ای نرسید و تصمیم گرفته شد تا نتایج و بحث‌های مربوط به DSI در چهارچوب CBD در حال تعلیق بمانند.

کمیسیون فائو درمورد منابع ژنتیکی برای غذا و کشاورزی در سال ۲۰۱۷، گروه کاری مربوط به اطلاعات توالی دیجیتال (DSI) را در منابع ژنتیکی برای غذا و کشاورزی (GRFA) تأسیس کرد و مطالعه‌ای برای بررسی پیامدهای استفاده از DSI در حفاظت و بهره‌برداری پایدار از منابع ژنتیکی برای غذا و کشاورزی ازجمله تبادل، دسترسی و تسهیم عادلانه و منصفانه منافع ناشی از استفاده آن‌ها، انجام داد. مباحث بیشتر برای جلسه CGRFA در سال ۲۰۲۰ برنامه‌ریزی شده بود، اما به‌دلیل همه‌گیری کووید ۱۹، این جلسه به تعویق افتاد.

مباحث مطرح‌شده در مجامع مختلف، بیشتر بر تعیین حدود و دامنه اصطلاح DSI متمرکز بوده است. دیدگاه‌ها در این زمینه بسیار متفاوت‌اند و از تعریف محدود DSI به‌عنوان صرفاً توالی نوکلئوتیدها در DNA تا تعریفی گسترده‌تر که شامل تمام اطلاعات مرتبط با منابع ژنتیکی می‌شود، متغیر است. درنتیجه، اصطلاحات مختلفی به‌جای DSI در متون و بحث‌ها به کار رفته‌اند که منعکس‌کننده همین گستره مفهومی هستند، ازجمله داده‌های توالی ژنتیکی (genetic sequence data)، داده‌های توالی نوکلئوتیدی (nucleotide sequence data)، توالی‌های ژنتیکی و شاید رایج‌تر از همه، اصطلاح اطلاعات توالی دیجیتال (DSI).

در این مقاله، اصطلاح DSI به‌عنوان یک واژه موقت برای اشاره به این مفهوم استفاده می‌شود. فارغ از مسئله تعاریف، محور اصلی بحث‌ها پیرامون این پرسش است، آیا باید با DSI همانند منابع ژنتیکی تحت پوشش کنوانسیون تنوع زیستی، پروتکل ناگویا، معاهده بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی رفتار شود یا خیر؟ و در صورت مثبت بودن پاسخ، چگونه می‌توان سازوکاری عادلانه را برای تسهیم منافع حاصل از استفاده از DSI تضمین کرد؟

مطالعات مختلفی درباره تعیین حدود DSI، انجام و سناریوهای گوناگونی برای آن ترسیم شده است که شامل رویکرد وضع موجود تا گزینه‌های گوناگون دوجانبه و چندجانبه می‌شود. هدف این مقاله، بررسی تعاریف مختلف ارائه‌شده برای DSI و سناریوهای مربوط به دسترسی و تسهیم منافع و ارزیابی پیامدهای احتمالی آن‌ها برای عملکرد بانک‌های ژن در رابطه با حفاظت از منابع ژنتیکی گیاهی برای نسل‌های آینده و قابلیت دسترسی آن‌ها برای استفاده نسل حاضر است.

بانک‌های ژن و داده‌ها

بانک‌های ژن مواد ژنتیکی را نگهداری می‌کنند و آن‌ها را در اختیار طیف گسترده‌ای از کاربران ازجمله به‌نژادگران گیاه، پژوهشگران، سازمان‌های غیردولتی (NGOs) و کشاورزان قرار می‌دهند. ازاین‌رو، این بانک‌ها نقشی اساسی در مواجهه با پیامدهای تغییر اقلیم، رشد جمعیت و سایر چالش‌های مرتبط با امنیت غذایی کنونی و آینده ایفا می‌کنند (Brink and Van Hintum, 2020). در این مقاله بانک ژن گیاهی مرکز منابع ژنتیکی هلند (Centre for Genetic Resources, The Netherlands–CGN) به‌عنوان نمونه موردی بررسی شده است. نظام مدیریت اطلاعات در این بانک به‌نسبت جامع است، چراکه مجموعه‌ای از انواع داده‌ها را به روش‌های گوناگون مدیریت می‌کند و به اشتراک می‌گذارد. بنابراین، ممکن است CGN نمونه‌ای معمولی از یک بانک ژن نباشد، اما به‌عنوان نماینده‌ای از یک نمونه کامل قابل‌استفاده است. سایر بانک‌های ژن بزرگ و مهم‌تر، نظیر بانک‌های ژن بین‌المللی که در چهارچوب پلتفرم بانک ژن CGIAR اداره می‌شوند، تا حد زیادی در موقعیتی مشابه قرار دارند، داده‌های مشابهی را نگهداری می‌کنند و آن‌ها را به شیوه‌هایی کم‌وبیش مشابه به اشتراک می‌گذارند.

انواع داده‌ها

گذشته از داده‌های مورداستفاده برای اهداف لجستیکی و توزیعی مانند محل قرارگیری بذرها در اتاق‌های نگهداری سرد یا جزئیات درخواست‌های بذر، داده‌های مرتبط با مواد ژنتیکی در یک بانک ژن شامل سه حوزه متمایز هستند: داده‌های شناسنامه‌ای (passport)، فنوتیپی (phenotype) و انواع داده‌های اُمیکس (omics).

داده‌های شناسنامه‌ای (Passport data)

این داده‌ها معرف هویت و منشأ مواد ژنتیکی و شامل اطلاعاتی درباره طبقه‌بندی تاکسونومیک، وضعیت جمعیتی (وحشی، نژاد بومی، رقم اصلاح‌شده و غیره)، اهداکننده و شماره‌های شناسایی هستند. افزون‌براین، برای مواد جمع‌آوری‌شده از طبیعت، داده‌هایی درباره محل جمع‌آوری (ازجمله عرض و طول جغرافیایی و ارتفاع از سطح دریا) و برای مواد زراعی، اطلاعاتی مربوط به به‌نژادگر، تبار و نام رقم نیز ثبت می‌شود. هر نمونه در مجموعه بانک ژن دارای یک مجموعه داده شناسنامه‌ای است که تا حد

امکان با توجه به دسترسی به داده‌ها تکمیل و اصلاح می‌شود، به‌این‌ترتیب، حجم این داده‌ها در طول زمان تقریباً ثابت باقی می‌ماند.

داده‌های فنوتیپی (phenotype data)

این داده‌ها ویژگی‌های ظاهری و عملکردی مواد گیاهی را توصیف می‌کنند. این ویژگی‌ها شامل دو دسته‌اند:
الف) ویژگی‌های توصیفی (characterization traits) که به‌راحتی قابل‌مشاهده و تا حدودی مستقل از محیط هستند و
ب) ویژگی‌های ارزیابی (evaluation traits) که اغلب وابسته به محیط هستند و تعیین آن‌ها مستلزم انجام آزمایش‌های خاص یا استفاده از تجهیزات ویژه است. به‌عنوان‌مثال، رنگ گل یا تعداد شاخه‌ها در دسته اول و میزان قند یا مقاومت به بیماری‌ها در دسته دوم قرار می‌گیرند. حجم داده‌های فنوتیپی با گذر زمان به‌صورت خطی افزایش می‌یابد، زیرا با تکرار فرایند باززایی مواد و انجام آزمایش‌های بیشتر، داده‌های بیشتری تولید می‌شود.

داده‌های اُمیکس (Omics data)

این داده‌ها حاصل آزمایش‌های با توان و تکرار بالا (high-throughput experiments) هستند، حجم بسیار عظیمی از داده‌ها را تولید و ژنوم (DNA)، ترنسکریپتوم (mRNA)، پروتئوم (پروتئین‌ها) یا متابولوم (ترکیبات درگیر در فرایندهای متابولیکی) را در سلول‌های گیاهی توصیف می‌کنند. داده‌های جدید متنوعی که از این نوع آزمایش‌ها حاصل می‌شوند نیز (مانند داده‌های phenomics) در این دسته جای می‌گیرند. حجم داده‌های اُمیکس با گذشت زمان به‌صورت نمایی افزایش می‌یابد.

مدیریت داده

در اغلب بانک‌های ژن، داده‌های شناسنامه‌ای و فنوتیپی به‌صورت محلی و در نرم‌افزارهایی مبتنی بر سیستم‌های مدیریت پایگاه داده تجاری ذخیره می‌شوند که به‌عنوان سیستم‌های مستندسازی بانک ژن شناخته می‌شوند. داده‌های اُمیکس، که امروزه در مقیاس وسیع و روبه‌افزایش تولید می‌شوند، معمولاً در سیستم‌های مستندسازی بانک ژن گنجانده نمی‌شوند و به‌جای آن، در سامانه‌های اختصاصی دیگری نگهداری می‌شوند، این سامانه‌ها ممکن است توسط مؤسسه میزبان بانک ژن یا در پایگاه‌های داده عمومی مدیریت شوند. نکته مهم اینکه بخش زیادی از اطلاعات فنوتیپی و اُمیکس که توسط کاربران بانک ژن در آزمایش‌های علمی یا اصلاحی تولید می‌شود، در دسترس بانک ژن قرار نمی‌گیرد. این اطلاعات معمولاً در پایگاه‌های داده محلی ذخیره می‌شوند و برای مدیران بانک ژن یا سایر کاربران قابل دسترسی نیستند. به‌طور خلاصه، مدیریت داده‌ها در بانک‌های ژن شامل ذخیره‌سازی محلی داده‌های اساسی و استفاده از سامانه‌های تخصصی برای داده‌های پیچیده‌تر مانند اُمیکس است، اما چالش عمده، عدم تبادل کامل و آزاد داده‌های حاصل از تحقیقات کاربران با بانک ژن است که می‌تواند بر کارایی مدیریت و استفاده بهینه از منابع ژنتیکی تأثیرگذار باشد. همچنین، بانک‌های ژن مهم همچون مرکز منابع ژنتیکی هلند (CGN) و بانک‌های بین‌المللی در پلتفرم CGIAR نمونه‌های قابل‌توجهی از مدیریت داده‌های جامع و اشتراک‌گذاری داده‌ها به شیوه‌ای مشابه هستند. این سیستم‌های مدیریت داده برای عملکرد مؤثر بانک‌های ژن و پاسخگویی به چالش‌های مرتبط با حفاظت و استفاده بهینه از منابع ژنتیکی به‌ویژه در مواجهه با تغییرات اقلیمی و امنیت غذایی در آینده، حیاتی هستند.

منشأ داده‌های بانک ژن

داده‌های شناسنامه‌ای در بانک‌های ژن پیش از ورود نمونه به مجموعه، توسط کارکنان بانک ژن جمع‌آوری می‌شوند و اعتبارسنجی و بهبود داده‌ها برحسب نیاز انجام می‌شود. به‌عنوان‌مثال، داده‌های شناسنامه‌ای در بانک ژن مرکز منابع ژنتیکی هلند (CGN)، با درج شناسه دیجیتال (Digital Object Identifier-DOI) توسعه یافته‌اند، این شناسه توسط دبیرخانه معاهده بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی ارائه می‌شود و امکان اتصال اطلاعات را در سیستم مستندسازی محلی CGN به اطلاعات سایر پایگاه‌های داده، فراهم می‌آورد. داده‌های فنوتیپی توصیفی توسط کارکنان CGN طی فرایند احیای مواد ژرم‌پلاسم براساس فهرست‌های شاخص‌های ثابت تولید می‌شوند. در مقابل، داده‌های ارزیابی توسط کاربران مواد گیاهی تولید می‌شوند و در اختیار CGN قرار می‌گیرند. این داده‌ها نتایج انواع آزمایش‌ها هستند، این آزمایش‌ها گاهی از طریق پروژه‌های مشترک، مانند پروژه‌های تأمین‌شده توسط اتحادیه اروپا، که شامل استفاده از مواد CGN در آزمایش‌های خود هستند، نهایی و در مرحله‌ای از پروژه یا پس از آن منتشر می‌شوند. یکی دیگر از منابع مهم داده‌های فنوتیپی، غربالگری‌های مشترکی است که CGN با گروه‌هایی از کاربران برای آزمون ویژگی‌های خاص، به‌ویژه مقاومت به بیماری، برگزار می‌کند. داده‌های تولیدی معمولاً توسط شرکت‌کنندگان به اشتراک گذاشته می‌شوند و CGN پس از دوره محرمانگی ۳ تا ۵ ساله، این داده‌ها را به‌صورت عمومی منتشر می‌کند. منبع نهایی داده‌های فنوتیپی، کاربران عادی CGN هستند، آن‌ها موظفند داده‌های غیرمحرمانه خود را براساس ماده ۶.۹ از موافقت‌نامه انتقال مواد ژنتیکی (SMTA) به اشتراک بگذارند، البته این منبع محدود است زیرا اجرای سخت کپی‌رایت می‌تواند منجر به ورود داده‌های نادرست به پایگاه داده CGN شود. داده‌های اُمیکس مرتبط با مواد موجود در بانک ژن CGN همواره در پروژه‌های تأمین‌شده توسط منابع خارجی تولید می‌شوند، این پروژه‌ها یا توسط کاربران با توافق CGN انجام می‌شوند که مقدار زیادی از مواد بانک ژن را برای تجزیه‌وتحلیل در دسترس قرار می‌دهند و در مقابل داده‌ها هم باید منتشر شوند، یا در پروژه‌های مشترکی تولید می‌شوند که CGN مواد را فراهم می‌کند و داده‌های حاصل پس از آن عمومی می‌شوند.

اشتراک گذاری داده

بانک ژن مرکز منابع ژنتیکی هلند به‌طور فعال داده‌های خود را به سه روش اصلی به اشتراک می‌گذارد. نخست، داده‌ها از طریق وب‌سایت بانک ژن که هر دو ماه یکبار به‌روز می‌شود، به‌صورت کامل و قابل‌دانلود در قالب فایل‌های اکسل، شامل تمامی داده‌های شناسنامه‌ای و فنوتیپی موجود ارائه می‌شوند، همچنین دسترسی به داده‌ها تحت وب نیز فراهم شده است. روش دوم شامل بارگذاری داده‌ها در پایگاه‌های داده تجمیعی است. بانک ژن هلند هر دو ماه یکبار، داده‌های شناسنامه‌ای خود را به فهرست جستجوی اروپایی منابع ژنتیکی گیاهی (EURISCO) و سامانه جهانی اطلاعات تنوع زیستی (GBIF) ارسال می‌کند، این فرایند تا حد زیادی خودکار است. داده‌های فنوتیپی CGN نیز در EURISCO بارگذاری شده‌اند، اگرچه این کار هنوز به‌صورت استاندارد انجام نمی‌شود. داده‌های EURISCO و GBIF به‌صورت رایگان در دسترس عموم هستند و داده‌های EURISCO با پایگاه داده جهانی Genesys به اشتراک گذاشته می‌شوند، همچنین داده‌های EURISCO و Genesys به سامانه اطلاع‌رسانی و هشدار زودهنگام برای منابع ژنتیکی غذایی و کشاورزی سازمان فائو (WIEWS) نیز منتقل می‌شوند. روش سوم اشتراک‌گذاری داده‌ها توسط CGN، استفاده از In-tegrated Publishing Toolkit-ITP ارائه‌شده از سوی GBIF است که امکان انتشار داده‌ها را به‌صورت کاملاً استاندارد و مبتنی بر اصطلاحات ثبت‌شده فراهم می‌کند. این روش موجب می‌شود داده‌ها برای سایر سامانه‌ها بدون دخالت انسانی و کاملاً FAIR (قابل جستجو، دسترسی، تعامل و استفاده مجدد) باشند. بانک ژن CGN تمایل دارد، داده‌های فنوتیپی خود را نیز با این روش منتشر کند، اما در حال حاضر اصطلاحات مربوط به داده‌های فنوتیپی در این قالب در دسترس نیستند. داده‌های اُمیکس CGN بیشتر در پایگاه‌های داده عمومی نگهداری می‌شوند، این داده‌ها معمولاً توسط پروژه‌هایی تولید می‌شوند که اعتبار آن‌ها از طریق منابع خارجی تأمین شده است. مجموعه‌ای محدود از داده‌های متابولومیک روی وب‌سایت CGN منتشر شده اما هنوز داده‌های ژنومی ارائه نشده است. بانک ژن CGN در تلاش است روش‌هایی را برای بهبود شناسایی و ارتباط داده‌های اُمیکس مرتبط با مواد خود ایجاد کند، که معرفی DOI برای هر نمونه ژرم‌پلاسم از سوی دبیرخانه ITPGRFA گام مهمی در این مسیر بوده است. این شناسه‌ها که به‌راحتی قابل اعمال و بدون هزینه هستند، به‌عنوان شناسه‌های یکتا و دائمی برای مواد ژرم‌پلاسم عمل می‌کنند و امکان لینک خودکار اطلاعات را از منابع مختلف فراهم می‌آورند. استفاده از DOI نه‌تنها دسترسی به اطلاعات را به‌طور چشمگیری بهبود می‌بخشد، بلکه پیگیری نمونه‌ها را نیز از محل جمع‌آوری، ذخیره در بانک‌های ژن و نحوه استفاده در تحقیقات و اصلاح ممکن می‌سازد. بانک ژن CGN با رویکردی شفاف و استفاده از فناوری‌های نوین، داده‌های خود را به‌صورت مستمر و در قالب‌های مختلف در دسترس عموم و سایر پایگاه‌ها قرار می‌دهد، که الگویی قابل‌توجه برای بانک‌های ژن در سطح بین‌المللی است.

تعریف DSI

اصطلاح اطلاعات توالی دیجیتال (DSI) به‌عنوان اصطلاح موقتی در مباحث بین‌المللی به‌خصوص در چهارچوب کنوانسیون تنوع زیستی و پروتکل ناگویا استفاده می‌شود و تاکنون توافق مشخصی بر سر تعریف دقیق آن حاصل نشده است (Laird *et al*., 2020). در نشست سال ۲۰۱۸ گروه کارشناسان فنی موقت (AHTEG) زیرنظر CBD و پروتکل ناگویا، انواع داده‌هایی که می‌توانند در حوزه DSI گنجانده شوند، به شرح زیر فهرست شد (CBD, 2018):

الف) داده‌های خوانش توالی اسیدنوکلئیک و داده‌های مرتبط؛
ب) اطلاعات مونتاژ توالی، حاشیه‌نویسی و نقشه‌برداری ژنتیکی؛
ج) اطلاعات مربوط به بیان ژن؛
د) داده‌ها درباره ماکرومولکول‌ها و متابولیت‌های سلولی؛
هـ) اطلاعات درباره روابط بوم‌شناسی و عوامل غیرزیستی محیط؛
و) عملکرد، مانند داده‌های رفتاری؛
ز) ساختار، شامل داده‌های مرفولوژیکی و فنوتیپی؛
ح) اطلاعات مربوط به تاکسونومی؛
ط) روش‌های استفاده.

بااین‌حال، در گروه AHTEG، اختلاف‌نظرهایی وجود داشت، اینکه کدام‌یک از این انواع داده‌ها باید در تعریف DSI گنجانده شوند. برخی معتقد بودند، DSI فقط باید محدود به گروه اول باشد، درحالی‌که برخی دیگر پشتیبان گنجاندن تمام ۹ نوع داده بودند. مطالعه‌ای که توسط CBD سفارش داده شد (Houssen *et al*., 2020) تعریفی کوتاه‌تر و منسجم‌تر ارائه کرده است و DSI را به چهار گروه تجمعی از اطلاعات تقسیم‌بندی نمود و سعی شد، تعریف کاربردی‌تری ارائه شود. به‌طورکلی،DSI به اطلاعات دیجیتالی مرتبط با منابع ژنتیکی گفته می‌شود که در پژوهش‌های زیست‌فناوری، بهداشت عمومی، کشاورزی و تنوع زیستی اهمیت فراوانی دارد، اما همچنان مرز دقیق آن و چهارچوب‌های قانونی مربوطه محل بحث و چالش است.

براساس نتایج جلسه ۲۰۲۰ گروه کارشناسان فنی موقت (AHTEG) در چهارچوب کنوانسیون تنوع زیستی، چهار دسته کلی برای اطلاعات توالی دیجیتال مرتبط با منابع ژنتیکی ارائه شده است:

۱. محدود: شامل داده‌های توالی نوکلئیک‌اسید DNA و RNA؛
۲. میانی۱: شامل داده‌های RNA، DNA و پروتئین‌ها؛
۳. میانی۲: شامل داده‌های RNA، DNA، پروتئین‌ها و متابولیت‌ها؛
۴. گسترده: شامل داده‌های RNA، DNA، پروتئین‌ها، متابولیت‌ها و دانش‌های سنتی، تعاملات بوم‌شناختی و موارد دیگر.

در این جلسه توافق شد، سه گروه اول به‌عنوان بخشی از DSI شناخته شوند، درحالی‌که اطلاعات مرتبط با گروه چهارم که شامل دانش سنتی و تعاملات اکولوژیکی است، در دامنه DSI قرار نمی‌گیرد (CBD, 2020). مقرر بود این نتایج در جلسه سوم گروه کاری باز (OEWG)، درباره چهارچوب جهانی تنوع زیستی پس از ۲۰۲۰ موردبحث قرار گیرند که جلسه به‌دلیل همه‌گیری کووید ۱۹ به تعویق افتاد و توصیه‌هایی به کنفرانس COP15 ارائه شد. شایان ذکر است، فارغ از نتایج COP15، برخی کشورها تعاریف وسیع‌تری ارائه داده و مفاهیم خود را در قوانین ملی مربوط به دسترسی و تسهیم منافع (ABS) گنجانده‌اند. برای نمونه، قانون ABS کشور مالزی شامل منابع زیستی و هرگونه اطلاعات مرتبط

با منابع ژنتیکی، جمعیت‌ها و اجزای زیستی است (Lawson *et al.*, 2019). این طبقه‌بندی‌ها و رویکردها نشان‌دهنده پیچیدگی و تداوم اختلاف‌نظرها پیرامون تعریف دقیق DSI در سطح بین‌المللی است و بر اهمیت تعیین چهارچوب‌های قانونی و معنایی روشن برای تضمین عدالت در استفاده و نگهداری از منابع ژنتیکی تأکید دارد.

سناریوهای دسترسی و تسهیم منافع

سناریوهای متنوعی برای مواجهه با اطلاعات توالی دیجیتال مرتبط با منابع ژنتیکی در چهارچوب دسترسی و تسهیم منافع (ABS) مطرح شده است. این سناریوها را می‌توان به چهار دسته کلی تقسیم کرد (جدول ۱):

سناریو ۱: وضعیت کنونی

در این وضعیت، برخی کشورها DSI را در چهارچوب پروتکل ناگویا لحاظ کرده‌اند و آن را به‌عنوان منابع ژنتیکی در قوانین خود تعریف می‌کنند، درحالی‌که برخی دیگر چنین نمی‌کنند. با گنجاندن DSI در قوانین ABS، کاربران ناچار به رعایت قوانین ملی کشور ارائه‌دهنده DSI هستند و ممکن است دسترسی آزاد به این اطلاعات محدود شود. در حال حاضر، بیش از ۱۵ کشور،DSI را در قوانین ABS خود گنجانده‌اند که سبب پیچیدگی‌های زیادی شده است. این کشورها ممکن است شروطی را در شرایط توافق متقابل (MAT) مرتبط با دسترسی به منابع ژنتیکی در نظر بگیرند که مانع انتشار عمومی DSI بدون اجازه کشور ارائه‌دهنده باشد. همچنین داده‌های مرتبط با کشورها (country tags) برای شناسایی DSI در پایگاه‌های داده استفاده می‌شود تا کاربران بتوانند مجوزهای لازم PIC ، یا MAT را دریافت کنند.

سناریو ۲: سیستم‌های دسترسی و تسهیم منافع دوجانبه

در این حالت، DSI همانند منابع ژنتیکی فیزیکی است و دسترسی و تسهیم منافع بین کشور ارائه‌دهنده و استفاده‌کننده براساس قراردادهای دوطرفه تنظیم می‌شود. این سیستم ممکن است محدودیت‌های فراوانی برای استفاده آزاد از DSI ایجاد کند و اجرای آن ازنظر فنی و حقوقی دشوار است. برخی پیشنهاد می‌کنند، DSI به‌دلیل ماهیت غیرمادی و فناوری‌های پیشرفته، خارج از چهارچوب ABS باشد تا دسترسی و نوآوری محدود نشود و بهره‌برداری آزاد باشد. این سناریو بیشتر ترکیبی از سناریو ۱ و موارد متناسب با قوانین ملی کشورهاست که برخی شامل DSI هستند و برخی خیر. این وضعیت منجر به پیچیدگی‌ها و ناهماهنگی‌های فراوان در قوانین بین‌المللی و داخلی شده است. اجرای کامل ABS بر DSI به‌دلیل بار حقوقی و فنی بالا و چالش‌های قراردادی در پایگاه‌های داده عمومی، به‌شدت چالش‌برانگیز است. در حال حاضر، مذاکرات بین‌المللی همچنان در جریان است تا چهارچوبی منسجم و قابل‌قبول برای دستیابی به تعادل میان بهره‌برداری علمی و حفظ حقوق کشورهای دارنده منابع ژنتیکی تعریف شود. در نظام فعلی پروتکل ناگویا، به‌طورکلی کسب رضایت آگاهانه قبلی (PIC) و تنظیم توافق‌نامه شرایط متقابل (MAT) برای استفاده از منابع ژنتیکی شامل DNA و داده‌های توالی ژنتیکی لازم است، مگر آن که کشورها به‌طور صریح DSI را از چهارچوب قوانین دسترسی و تسهیم منافع مستثنی کنند (Hiemstra *et al.*, 2019). بااین‌حال، داده‌های توالی DNA معمولاً به‌طور مستقل استفاده نمی‌شوند، بلکه ارزش آن‌ها از طریق مقایسه با داده‌های توالی دیگر کشورها و منابع مختلف حاصل می‌شود (Laird & Wynberg, 2018). این موضوع باعث می‌شود، سیستم فعلی PIC و MAT که برای یک یا گروهی از منابع ژنتیکی مربوط به یک کشور تعریف شده است، برای داده‌های توالی ژنتیکی مناسب نباشد، زیرا برای مقایسه توالی‌ها باید از همه کشورهای مرتبط مجوز گرفته شود که در عمل غیرممکن و پیچیده است. همچنین، تعیین سهم دقیق هر بخش از DSI در تولید نهایی و میزان تسهیم منافع مربوطه بسیار دشوار خواهد بود. درنتیجه، پیشنهادهایی برای سیستم‌های دوجانبه جایگزین ارائه شده است که در آن‌ها از PIC و MAT استفاده نمی‌شود، بلکه هدف، ایجاد دسترسی آزاد است، درعین‌حال تضمین می‌شود که منافع با کشورهای ارائه‌دهنده منبع ژنتیکی مرتبط به DSI به اشتراک گذاشته شود. برای این منظور، داده‌های DSI باید در پایگاه‌های داده به برچسب‌های مربوط به کشور متصل شوند تا کاربران در هنگام استفاده تجاری از این داده‌ها به تعهدات تسهیم منافع آگاه شوند (Anon, 2020). برخی از طرح‌های پیشنهادی در این چهارچوب از فناوری‌هایی مانند بلاک‌چین برای ردیابی استفاده از DSI یا مجوزهای عمومی تعیین‌کننده شرایط استفاده از DSI ، بهره می‌برند (Scholz *et al.*, 2020).

سناریو ۳: سیستمی چندجانبه برای دسترسی و تسهیم منافع

در این سناریو یک سیستم چندجانبه پیشنهاد شده است که مدیریت واحدی را برای بهره‌برداری و تسهیم منافع DSI ایجاد می‌کند. این سیستم می‌تواند مزایای شفافیت، عدالت و سهولت را در مدیریت داشته باشد، به‌خصوص در مواردی که کاربران متعدد از DSI بهره‌مند می‌شوند. سیستم چندجانبه دسترسی و تسهیم منافع (سناریو ۳) برای اطلاعات توالی دیجیتال راهکاری برای رفع چالش‌های موجود در سیستم‌های دوجانبه است، مانند نیاز به پیگیری و ردیابی دقیق منبع منابع ژنتیکی که DSI از آن استخراج شده است. در این سیستم، دسترسی و تسهیم منافع از هم جدا می‌شوند، یعنی منافع حاصل از استفاده DSI به‌طور مستقیم با کشورهای ارائه‌دهنده منابع مرتبط تقسیم نمی‌شود، بلکه از طریق صندوق چندجانبه‌ای مدیریت و توزیع می‌شود. مزیت اصلی این رویکرد حل مسئله دشواری تعیین سهم دقیق هر بخش از DSI در محصول نهایی است، مسئله‌ای که مشابه چالشی است که در ارزیابی ارزش هر بخش از منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی (PGRFA) در تولید ارقام جدید به وجود می‌آید، جایی که معمولاً مواد ژنتیکی متعددی ترکیب می‌شوند. این مشکل، دلیل اصلی توسعه سیستم چندجانبه در معاهده بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی بوده

است. این سیستم چندجانبه تعاملی شفاف‌تر و عادلانه‌تر بین اعضای مشارکت‌کننده فراهم می‌کند، به‌ویژه در شرایطی که داده‌ها و مواد به‌صورت جهانی به اشتراک گذاشته می‌شوند و تعیین منشأ برای هر بخش داده بسیار پیچیده است. عملکرد آن از طریق استانداردهایی مانند موافقت‌نامه انتقال مواد ژنتیکی(SMTA) تضمین و مزایای مالی و غیرمالی منصفانه میان اعضا توزیع می‌شود. به‌طورکلی، سیستم چندجانبه دسترسی و تسهیم منافع بستری را برای همکاری جهانی به‌منظور حفظ و بهره‌برداری پایدار از منابع ژنتیکی فراهم می‌کند که بر مبنای اعتماد و شفافیت بنا شده است و می‌تواند الگوی مناسبی برای مدیریت اطلاعات توالی دیجیتال در مقیاس بین‌المللی باشد. در سناریوی ۳، دسترسی به DSI از طریق سیستم چندجانبه دسترسی و تسهیم منافع برای اطلاعات توالی دیجیتال انجام می‌شود، بنابراین مشمول مقررات پروتکل ناگویا نخواهد بود. در این رویکرد، سیستم تسهیم منافع چندجانبه برای DSI می‌تواند با عنوان یک ابزار بین‌المللی تخصصی همانند ITPGRFA ، به رسمیت شناخته شود، همچنین امکان تمایز میان انواع مختلف DSI، مانند DSI مربوط به منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی یا DSI حاصل از پاتوژن‌های انسانی و گنجاندن آن‌ها در ابزارهای تخصصی مربوط به آن منبع ژنتیکی وجود دارد. انواع مختلفی از این سناریو پیشنهاد شده است که شامل اجباری‌بودن تسهیم منافع هنگام تجاری‌سازی محصول مبتنی بر DSI، سیستم‌های اشتراک مبتنی بر حق اشتراک و مالیات بر تجهیزات استفاده‌شده در توالی‌یابی است. اگرچه در این موارد شرایطی برای دسترسی و بهره‌برداری از DSI اعمال می‌شود، اما دسترسی برای اعضای سیستم چندجانبه باز باقی می‌ماند. همچنین پیشنهاد شده است، امکان ورود داوطلبانه منابع ژنتیکی به این سیستم چندجانبه به‌منظور تسهیم منافع مربوط به DSI فراهم شود. این سناریو که DSI و منابع ژنتیکی در یک سیستم چندجانبه با دسترسی باز اما غیررایگان پوشش داده شوند، مفهومی را با عنوان باز بودن محدود bounded openness مطرح می‌کند که در مطالعات پیشین مانند Vogel و همکاران (۲۰۱۱) ارائه شده است.

بانک ژن CGN با هدف تسهیل دسترسی به نمونه‌های خود برای پژوهش، اصلاح نژاد و آموزش در حوزه‌های غذا و کشاورزی، از موافقت‌نامه انتقال مواد ژنتیکی در چهارچوب معاهده بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی استفاده می‌کند و داده‌های مرتبط با نمونه‌ها (شامل داده‌های شناسنامه‌ای، فنوتیپی، یا اُمیکس) را نیز در دسترس کاربران قرار می‌دهد تا اثربخشی پژوهش و اصلاح نژاد را افزایش دهد. بااین‌حال، اگر استفاده از این داده‌ها دچار محدودیت‌هایی شود و قوانین سختگیرانه‌تری برای استفاده از DSI اعمال شود، CGN ممکن است نتواند داده‌ها را بدون قید و شرط در دسترس قرار دهد. میزان این محدودیت‌ها بستگی به تعریف نهایی DSI و سناریوی تنظیم مقررات دسترسی و تسهیم منافع (ABS) دارد. برای مثال، ممکن است داده‌ها تحت سیستم‌های چندجانبه، در قالب صندوق‌های مشترک و با قوانین مشخص منتشر شوند که برخی محدودیت‌ها را برای حق استفاده اعمال می‌کنند، یا در سناریوی دسترسی آزاد، داده‌ها کاملاً آزاد باشند و تنها قوانین کلی برای استفاده عادلانه و توسعه ظرفیت اعمال شوند. بنابراین، بانک‌های ژن باید برای مدیریت داده‌های خود آمادگی داشته باشند که در صورت تغییر سیاست‌ها و تعاریف DSI، ظرفیت فنی و حقوقی لازم را برای محدود یا باز نگه‌داشتن دسترسی و به اشتراک‌گذاری داده‌ها فراهم کنند. این امر مستلزم سرمایه‌گذاری در زیرساخت‌های مدیریت داده، هماهنگی با سیاست‌های بین‌المللی و توانمندسازی کاربران و تأمین‌کنندگان داده است.

سناریو ۴: دسترسی آزاد

در این سناریو، برخلاف سناریوهای پیشین، توافق می‌شود که هیچ الزام خاصی برای تسهیم منافع مالی مرتبط با دسترسی به DSI یا استفاده از آن وجود ندارد و دسترسی به DSI آزاد است. استدلال‌هایی در حمایت از این سناریو مطرح می‌شوند، نخست اینکه در دسترس بودن آزاد اطلاعات خود نوعی از تسهیم منافع به‌شمار می‌آید، همچنین، استفاده از DSI به اشکال گوناگونی از تسهیم منافع غیرمستقیم منجر می‌شود، مانند در دسترس قرار گرفتن ارقام گیاهی اصلاح‌شده. برای افزایش این نوع تسهیم منافع غیرمستقیم، افزایش همکاری و تقویت ظرفیت در کشورهای با درآمد پایین و متوسط پیشنهاد می‌شود (Gaffney *et al*., 2020). در گونه‌ای از این گزینه، ممکن است دسترسی جهانی و کاملاً آزاد به DSI وجود نداشته باشد و کشورها بتوانند ائتلافی از داوطلبان تشکیل دهند که در میان اعضای خود تبادل آزاد DSI (و شاید منابع ژنتیکی) داشته باشند، اما دسترسی برای سایرین محدود شود (Hiemstra *et al*., 2019).

پیامدهای تعاریف DSI و سناریوهای مرتبط با دسترسی و تسهیم منافع بر عملکرد بانک‌های ژن

مرکز منابع ژنتیکی هلند (CGN) در نظر دارد، نمونه‌های موجود در مجموعه خود را برای پژوهش، اصلاح نباتات یا آموزش درزمینه غذا و کشاورزی به‌سادگی در دسترس قرار دهد و برای این منظور از موافقت‌نامه انتقال مواد ژنتیکی (SMTA) تحت معاهده بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی استفاده کند. همچنین، این مرکز بر آن است که اطلاعات گردآوری‌شده درباره این نمونه‌ها (شامل داده‌های شناسنامه‌ای، داده‌های فنوتیپی، یا داده‌های اُمیکس) را به‌راحتی در اختیار کاربران قرار دهد تا کارایی پژوهش‌ها و برنامه‌های اصلاح نژاد بعدی افزایش یابد.

بااین‌حال، تنظیم مقررات مربوط به دسترسی و استفاده از این اطلاعات می‌تواند به این معنا باشد که CGN دیگر نتواند این داده‌ها را بدون محدودیت در استفاده‌های بعدی ارائه کند. اینکه تا چه حد چنین محدودیتی اعمال شود، بستگی به تعریف DSI و نوع مقرراتی دارد که پیش‌تر در سناریوهای مختلف ذکر شد. وقتی سه نوع داده مرتبط با ماده ژنتیکی که در بانک‌های ژن متمایز شده‌اند (داده‌های شناسنامه‌ای، داده‌های فنوتیپی و داده‌های اُمیکس) با انواع اطلاعات پیشنهادی که می‌توانند در اصطلاح DSI گنجانده

شوند، مقایسه می‌شود، واضح است که هرچه تعریف DSI گسترده‌تر باشد، داده‌های بیشتری از بانک‌های ژن تحت تأثیر قرار خواهند گرفت. داده‌های شناسنامه‌ای و فنوتیپی تنها زمانی در DSI لحاظ می‌شوند که تعاریف بسیار گسترده‌ای پذیرفته شود. تصور اینکه چگونه سیستم‌های مستندسازی بانک‌های ژن می‌توانند در صورت پذیرش تعاریف گسترده‌تر DSI، همچنان در دسترس و قابل‌استفاده عمومی باقی بمانند، دشوار است، به‌ویژه وقتی که انتشار و استفاده از داده‌های شناسنامه‌ای و فنوتیپی مشمول قوانین دسترسی و توزیع منافع شود. داده‌های شناسنامه‌ای و فنوتیپی برای مدیریت بانک‌های ژن حیاتی هستند. اما به‌طور واضح آن‌ها داده‌هایی هستند که نمونه ژرم‌پلاسم را شناسایی می‌کنند و به‌عنوان سرنخ یا معیار اولیه برای انتخاب ماده برای استفاده به کار می‌روند. بنابراین، در دسترس بودن این نوع اطلاعات ارزش منابع ژنتیکی را افزایش می‌دهد، چراکه به کاربران اجازه می‌دهد ماده‌ای را انتخاب کنند که خواسته‌ها را برآورده کند و ویژگی‌های مطلوب داشته باشد. ازاین‌رو، پذیرش تعاریف گسترده‌تر DSI به‌شدت ارزش ماده و میزان استفاده از آن را در بانک ژن کاهش می‌دهد.

استفاده از تعاریف محدودتر DSI همراه با دسترسی محدود به این اطلاعات، در کوتاه‌مدت تأثیر کمتری بر بانک‌های ژن خواهد داشت، زیرا هنوز استفاده از این نوع اطلاعات در بانک‌های ژن بسیار محدود است. در حال حاضر، بسیاری از منابع ژنتیکی گیاهی که در بانک‌های ژن نگهداری می‌شوند، در حال تعیین توالی هستند و امکان استفاده از این داده‌های نوین برای بهبود خدمات بانک‌های ژن از طریق بهبود ترکیب مجموعه و افزایش کارایی انتخاب مواد با ویژگی‌های مطلوب در حال بررسی است.

سناریوهای دسترسی و تسهیم منافع چه معنایی برای بانک‌های ژن دارند؟ در بررسی این سناریوها فرض بر این است که تعریف DSI محدود یا میانی است. درغیراین‌صورت، اگر دسترسی به داده‌های شناسنامه‌ای و داده‌های فنوتیپی محدود شود، عملکرد بانک‌های ژن به‌شدت مختل خواهد شد.

سناریو ۱: وضعیت کنونی

در وضعیت فعلی، دسترسی به DSI تنها در کشورهایی ممکن است که این مفهوم را در قوانین داخلی خود گنجانده‌اند (خواه با تصریح مستقیم در قوانین، یا با این بیان که DSI به‌منزله منبع ژنتیکی تلقی می‌شود). اگر توافق‌نامه بین‌المللی درباره نحوه رسیدگی به جنبه‌های دسترسی و تسهیم منافع DSI حاصل نشود، پیش‌بینی می‌شود، کشورهای بیشتری آن را در قوانین ملی خود بگنجانند. ازآنجایی‌که این امر به شیوه‌های گوناگونی انجام خواهد شد، پیچیدگی زیادی به وجود می‌آید. در این حالت، شرایط به اشتراک‌گذاری اطلاعات مربوط به نمونه‌های بانک ژن، برای هر نمونه متفاوت خواهد بود. چنین وضعیتی می‌تواند بانک‌های ژن را به این تصمیم سوق دهد که برای پرهیز از پیچیدگی‌های ناشی از استفاده این داده‌ها برای خود و کاربرانشان، از گنجاندن مواد ژنتیکی برخی کشورها در مجموعه‌هایشان خودداری کنند. این وضعیت مشابه همان چیزی است که برای منابع ژنتیکی روی داده است. به‌دلیل پیچیدگی کنونی مقررات داخلی مربوط به دسترسی به منابع ژنتیکی، که پس از تصویب CBD و پروتکل ناگویا ایجاد شده است، تبادل بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی، همچنین استفاده از آن‌ها به‌شدت، کاهش و تسهیم منافع نیز کمتر از حدانتظار تحقق یافته است (Brink & Van Hintum, 2020; Laird et al., 2020). در این زمینه باید توجه داشت، نبود دسترسی به منابع ژنتیکی و احتمالا DSI یک کشور خاص، تنها بر کاربران بالقوه تأثیر نمی‌گذارد، بلکه همان کشور را نیز متأثر می‌کند، زیرا منجر به کاهش فرصت‌های تسهیم منافع، همچنین انزوای علمی آن کشور می‌شود، به‌ویژه وقتی که منابع ژنتیکی آن کمتر در پژوهش‌های علمی استفاده شوند و پژوهشگرانش کمتر در همکاری‌های علمی بین‌المللی مشارکت داشته باشند. در شرایطی که کشورها خواستار درج مقررات مربوط به DSI در موافقت‌نامه MAT مرتبط با دسترسی به منابع ژنتیکی‌ای شوند، که DSI از آن‌ها مشتق شده، ممکن است انتشار این نوع داده‌ها بدون رضایت کشور ارائه‌دهنده ممنوع باشد. اگر داده‌های شناسنامه‌ای و فنوتیپی در تعریف DSI گنجانده شوند، بانک‌های ژن مجبور خواهند بود برای انتشار حتی این اطلاعات پایه نیز از کشورهای مبدأ اجازه بگیرند. درنهایت باید توجه داشت، CGN و سایر بانک‌های ژن برای توزیع مواد در مجموعه‌های خود از موافقت‌نامه انتقال مواد ژنتیکی تحت معاهده بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی استفاده می‌کنند. ازآنجایی‌که این SMTA تنها شامل منابع ژنتیکی است و اطلاعات را دربرنمی‌گیرد، ممکن است کشورها تمایل کمتری به در اختیار گذاشتن منابع ژنتیکی خود به بانک‌های ژن تحت این موافقت‌نامه نشان دهند. به این دلایل، حفظ وضعیت موجود (سناریوی ۱) گزینه چندان مطلوبی برای بانک‌های ژن به‌شمار نمی‌آید.

سناریو ۲: نظام‌های دوجانبه دسترسی و تسهیم منافع

اگر به‌سادگی توافق شود که DSI معادل منابع ژنتیکی است و برای دسترسی به آن و استفاده از آن باید رضایت آگاهانه قبلی و موافقت‌نامه MAT در دسترس باشد (در مواردی که برای منابع ژنتیکی چنین الزامی وجود دارد)، نتیجه آن افزایش پیچیدگی و کاهش سطح دسترسی خواهد بود، همان‌گونه که در سناریوی ۱ توضیح داده شد، حتی بدتر که آشکارا روندی نامطلوب برای بانک‌های ژن خواهد بود. گونه‌های دیگر نظام‌های دوجانبه برای دسترسی و تسهیم منافع در خصوص DSI که نیازمند PIC و MAT نباشند، اما مثلاً شامل الزام به تسهیم منافع با کشورهای ارائه‌دهنده منابع ژنتیکی در صورت استفاده تجاری از DSI باشند، می‌توانند برای بانک‌های ژن کمتر سنگین و پیچیده باشند. به‌ویژه زمانی که تسهیم منافع دوجانبه درمورد DSI به‌جای اینکه به مرحله دسترسی وابسته باشد، به مرحله استفاده (برای هر هدف، یا فقط برای اهداف تجاری) مرتبط شود، بانک‌های ژن که معمولاً فقط مواد و اطلاعات

را در اختیار دیگران قرار می‌دهند، بدون آن‌که خودشان از آن بهره‌برداری کنند، قادر خواهند بود DSI را منتشر کنند بدون آنکه مجبور باشند از همه کشورهای ارائه‌دهنده منبع ژنتیکی مربوطه اجازه بگیرند. البته، بانک‌های ژن باید برای DSIهایی که در اختیار می‌گذارند، برچسب کشور مبدأ درج کنند تا کاربران ثالث بتوانند تعهدات تسهیم منافع خود را انجام دهند. بااین‌حال، ازآنجایی‌که درج اطلاعات مبدأ منبع ژنتیکی در داده‌های شناسنامه‌ای هم‌اکنون یک رویه استاندارد در بانک‌های ژن است و DSI ارائه‌شده نیز معمولاً فقط به منابع ژنتیکی موجود در همان بانک‌های ژن مربوط می‌شود، شناسایی کشورهای مبدأ چنین منابعی ساده است. در عمل، به‌ویژه اگر نظام PIC و MAT برای DSI نیز اعمال شود، انتظار می‌رود که کاربران DSI تمرکز بیشتری بر داده‌های مربوط به موادی داشته باشند که پیش از زمان اجرای این نظام جمع‌آوری شده‌اند. بانک‌های ژن ممکن است در پاسخ، مجموعه‌های خود از منابع ژنتیکی و داده‌های مرتبط را تنها از طریق تبادل مواد قدیمی و اطلاعات میان بانک‌های ژن گسترش دهند. جمع‌آوری مواد جدید دشوارتر و کمتر جذاب خواهد شد، مشابه اثرهایی که پس از اجرای قوانین داخلی مرتبط با ABS بر پایه CBD و پروتکل ناگویا مشاهده شد (Brink & Van Hintum, 2020). پیچیدگی و دشواری‌های عملی حاصل از این وضعیت، گردآوری منابع ژنتیکی ارزشمند را کاهش می‌دهد یا حتی متوقف می‌کند و درنتیجه از جلوگیری از فرسایش ژنتیکی ناشی از بحران اقلیمی ممانعت می‌کند و فعالیت‌های اصلاح نژاد لازم را برای تولید ارقام موردنیاز جهت تأمین غذای جمعیت روبه‌رشد جهان دشوارتر می‌سازد. اثر دیگر محدودکردن دسترسی و در پی آن، محدودشدن استفاده از DSI، این است که تولید و مدیریت این نوع اطلاعات به‌تدریج از حوزه عمومی به بخش خصوصی منتقل می‌شود. این پدیده مشابه رویدادی است که پیش از اجرای پروتکل ناگویا درزمینه منابع ژنتیکی مشاهده شد، زمانی‌که شرکت‌های خصوصی برای کاهش وابستگی به بانک‌های ژن عمومی، مجموعه‌های اختصاصی خود را ایجاد کردند. این انتقال از بخش عمومی به خصوصی آشکارا نامطلوب است، زیرا حجم داده‌های در دسترس عمومی برای پژوهش‌های علمی، اعم از عمومی یا خصوصی، کاهش می‌یابد. نکته مهم دیگر، تعیین دامنه زمانی اعمال مقررات مربوط به دسترسی و تسهیم منافع از DSI است: آیا این مقررات فقط شامل DSIهایی خواهد بود که پس از اجرای آن به دست آمده‌اند (دستاوردهای جدید)، یا DSIهایی را که پیش از آن وارد پایگاه‌های داده عمومی شده‌اند نیز، دربرمی‌گیرد؟ برای نمونه، تمام داده‌هایی که از زمان لازم‌الاجرا شدن CBD گردآوری شده‌اند. درمورد مقررات دسترسی به منابع ژنتیکی طبق پروتکل ناگویا (که در تاریخ ۱۲ اکتبر ۲۰۱۴ لازم‌الاجرا شد)، بیشتر کشورها فقط منابع ژنتیکی به‌دست‌آمده در یا پس از آن تاریخ را مشمول آن می‌دانند، درحالی‌که برخی کشورها مواد جمع‌آوری‌شده پیش از آن تاریخ را نیز ذیل این پروتکل قرار می‌دهند (بسته به تاریخ اجرا و مفاد قوانین داخلی). مثال ویژه در این زمینه کشور برزیل است که دسترسی را به‌صورت پژوهش بر یا با میراث ژنتیکی تعریف می‌کند، به این معنا که دسترسی می‌تواند در زمانی بسیار بعدتر از زمان جمع‌آوری رخ دهد. اگر مقررات دسترسی به DSI شامل داده‌هایی شود که پیش از لازم‌الاجرا شدن آن به‌دست‌آمده یا وارد پایگاه‌های داده عمومی شده‌اند، توانایی بانک‌های ژن برای در دسترس قرار دادن این اطلاعات، بیشتر از حالتی محدود خواهد شد که فقط داده‌های پس از زمان اجرا مشمول شوند.

سناریو ۳: نظام‌های چندجانبه دسترسی و تقسیم منافع

نظام‌های چندجانبه دسترسی و تسهیم منافع ازنظر کاربران، کمتر از نظام‌های دوجانبه (به‌ویژه نظام ناگویا مبتنی بر رضایت آگاهانه قبلی و موافقت‌نامه MAT) پیچیده‌اند. ازاین‌رو، اجرای نظام‌های چندجانبه برای دسترسی و تسهیم منافع درزمینه DSI گزینه‌ای مناسب‌تر برای بانک‌های ژن تلقی می‌شود، زیرا مشکلات فنی و هزینه‌های اجرایی کمتری به همراه دارد. بااین‌حال، ممکن است بخشی از پیچیدگی همچنان باقی بماند، به‌ویژه اگر نیاز باشد میان کاربرانی که به نظام چندجانبه پیوسته‌اند و آن‌هایی که نپیوسته‌اند تمایز قائل شد. بدیهی است، اگر منابع ژنتیکی نیز در یک نظام چندجانبه تسهیم منافع برای DSI گنجانده شوند، میزان پیچیدگی بیشتر کاهش خواهد یافت. کاهش پیچیدگی درزمینه دسترسی به منابع ژنتیکی اهمیت زیادی دارد، زیرا تردیدهایی فزاینده درمورد کارآمدی رویکرد دوجانبه مندرج در پروتکل ناگویا به وجود آمده، چراکه این نظام فعالیت‌های پژوهشی و حفاظتی دانشگاهی را بسیار دشوارتر کرده، درحالی‌که منافع قابل‌توجهی برای حفاظت از تنوع زیستی تولید نکرده است (Laird *et al*., 2020). درمورد منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی، ممکن است راه‌حلی چندجانبه برای مسئله DSI تا حدی با گنجاندن DSI مربوط به PGRFA در موافقت‌نامه SMTA تحت معاهده بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی اجرا شود. بااین‌حال، این راه‌حل وضعیت مربوط به داده‌های DSI حاصل از PGRFAهایی را که در پیوست I این معاهده ذکر نشده‌اند و درنتیجه جزو نظام چندجانبه آن محسوب نمی‌شوند، حل نخواهد کرد. همچنین کاربردهایی که فراتر از حوزه‌هایی مانند آموزش، پژوهش و اصلاح نژاد برای غذا و کشاورزی باشند (که در SMTA پیش‌بینی شده‌اند) نیز مشمول نخواهند بود (Aubry *et al*., 2019). درمورد نظام‌های چندجانبه تسهیم منافع برای DSI نیز ضروری است مشخص شود، آیا مقررات دسترسی و تسهیم منافع فقط بر داده‌های DSI به‌دست‌آمده پس از اجرای این مقررات اعمال خواهد شد یا بر داده‌هایی که پیش‌تر به دست آمده‌اند نیز صدق می‌کند، همان‌گونه که در سناریوی دوم بیان شد.

سناریو ۴: دسترسی آزاد

در کوتاه‌مدت، این سناریو تأثیر بسیار محدود یا حتی بدون تأثیر بر عملیات بانک‌های ژن خواهد داشت. در سناریوی ائتلاف داوطلبان، که در آن اعضای این ائتلاف به‌طور آزاد به همه منابع ژنتیکی و

اطلاعات مرتبط که درون ائتلاف مدیریت می‌شوند، دسترسی دارند، تنها مسئله از دیدگاه بانک ژن، تمایز قائل‌شدن میان درخواست‌هایی است که بخشی از این نظام هستند و آن‌هایی که نیستند. بعید به نظر می‌رسد این گزینه، که شامل تسهیم منافع مستقیم مالی نمی‌شود، اما نوعی تسهیم منافع غیرمالی را به رسمیت می‌شناسد، موردپذیرش همه کشورها قرار گیرد. چنین رویکردی کمکی به ایجاد اعتماد میان کشورها نخواهد کرد، حتی ممکن است توافق بر سر سایر مسائل مرتبط با CBD، پروتکل ناگویا و معاهده بین‌المللی ITPGRFA را نیز به خطر اندازد. بنابراین، این وضعیت می‌تواند در بلندمدت اثرهای زیان‌باری بر قابلیت دسترسی منابع ژنتیکی و نیز تسهیم منافع غیرمالی بر جای بگذارد. از سوی دیگر، با توجه به وابستگی متقابل و نزدیک کشورها و اهمیت حیاتی تبادل و بهره‌برداری فعال از این منابع برای مقابله با آثار تغییر اقلیم و رشد جمعیت، می‌توان، تبادل آزاد منابع ژنتیکی و اطلاعات مرتبط را برای همه طرف‌های ذی‌نفع مفید دانست.

نتیجه‌گیری

داشتن امکان در دسترس قرار دادن اطلاعات ژنتیکی و سایر داده‌های مرتبط با منابع ژنتیکی موجود در مجموعه‌ها، برای بانک‌های ژن اهمیت زیادی دارد، زیرا این امر توان آن‌ها را در پاسخ‌گویی به نیازهای جمعیت روبه‌رشد جهانی در شرایط اقلیمی متغیر افزایش می‌دهد. محدودیت این امکان از طریق مقررات مربوط به دسترسی و تسهیم منافع بر DSI می‌تواند عملکرد بانک‌های ژن را با خطر مواجه کند. بنابراین، آثار عملی پیشنهادهای مختلف درمورد تعریف DSI و سناریوهای گوناگون دسترسی و تسهیم منافع باید با دقت ارزیابی شوند. در خصوص تعریف DSI، گسترش دامنه آن فراتر از داده‌های توالی ژنی می‌تواند به‌شدت توانایی بانک‌های ژن را در انتشار داده‌های شناسنامه‌ای و فنوتیپی محدود کند و پیامدهای نامطلوبی برای مدیریت بانک‌های ژن و دسترسی به منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی به همراه داشته باشد. استفاده از تعاریف محدودتر از DSI، همراه با سطحی از دسترسی محدود، در کوتاه‌مدت تأثیر مستقیم کمتری بر بانک‌های ژن خواهد داشت. درمورد سناریوهای مختلف تنظیم دسترسی و تسهیم منافع مرتبط با DSI، سناریوی ۴ (دسترسی آزاد) با وجود دشواری‌های سیاسی در تحقق آن، از دیدگاه بانک‌های ژن جذاب‌ترین گزینه است، زیرا پیچیدگی را به حداقل می‌رساند و از خصوصی‌سازی DSI جلوگیری می‌کند. دسترسی عمومی کامل به بیشترین میزان ممکن از داده‌های DSI همچنین، استفاده بهینه از منابع ژنتیکی کشاورزی را برای مقابله با تهدیدهای فوری ناشی از بحران اقلیمی و رشد جمعیت امکان‌پذیر می‌سازد. تداوم وضعیت موجود (سناریوی ۱) احتمالاً به پیچیدگی بیشتر منجر خواهد شد، زیرا انتظار می‌رود کشورهای بیشتری DSI را در قوانین ملی مربوط به دسترسی و تسهیم منافع بگنجانند، آن هم به شیوه‌های متنوع. این افزایش پیچیدگی، عملکرد بانک‌های ژن را مختل می‌کند و حتی ممکن است باعث شود، برخی بانک‌ها از نگهداری مواد ژنتیکی کشورهای خاص صرف‌نظر کنند. این مسئله نه‌تنها بر کاربران بالقوه تأثیر منفی خواهد داشت، بلکه کشورهای تنظیم‌کننده دسترسی به DSI را نیز تحت تأثیر قرار می‌دهد، زیرا منابع ژنتیکی آن‌ها کمتر در پژوهش‌های علمی بررسی می‌شوند و پژوهشگرانشان مشارکت کمتری در همکاری‌های علمی بین‌المللی خواهند داشت. تأثیر این پیچیدگی‌ها بر عملکرد بانک‌های ژن درصورتی‌که تعریف گسترده‌ای از DSI پذیرفته شود، شدیدتر خواهد بود. توافق بر سر نظام‌های دوجانبه دسترسی و تقسیم منافع (سناریوی ۲) نیز خطر افزایش پیچیدگی و کاهش دسترسی را به همراه دارد، به‌ویژه اگر DSI معادل منابع ژنتیکی تلقی شود و وجود PIC و MAT برای دسترسی یا استفاده از آن الزامی باشد. گونه‌های دیگر از نظام‌های دوجانبه برای DSI که الزام به PIC و MAT ندارند، می‌توانند برای بانک‌های ژن کمتر دست‌وپاگیر باشند، به‌ویژه درصورتی‌که تسهیم منافع دوجانبه

جدول ۱– سناریوها/گزینه‌های DSI

دسترسی آزاد به DSI	نظام‌های چندجانبه دسترسی و تسهیم منافع	نظام‌های دوجانبه دسترسی و تسهیم منافع	وضعیت کنونی	منبع
سناریوی ۴: تبادل آزاد در چهارچوب ائتلاف داوطلبان	سناریوی ۳: DSI خارج از دامنه Nagoya، اما با تسهیم منافع چندجانبه	سناریوی ۲: DSI معادل منابع ژنتیکی، بدون اقدامات اضافی	سناریوی ۱: DSI خارج از دامنه پروتکل Nagoya	Hiemstra و همکاران (۲۰۱۹)
گزینه ۵: دسترسی آزاد همراه با توسعه ظرفیت‌ها	گزینه ۳: دسترسی باز، تسهیم منافع در استفاده تجاری از طریق صندوق چندجانبه گزینه ۴: دسترسی باز، تسهیم منافع از طریق حق اشتراک یا عوارض، صندوق چندجانبه	گزینه ۱: ناگویا– نظام تسهیم منافع دوجانبه گزینه ۲: دسترسی باز، تسهیم منافع دوجانبه در استفاده تجاری با برچسب کشور مبدأ		نخستین گفت‌وگوی جهانی درباره DSI (Anon., 2020)
گزینه ۰: وضعیت موجود، DSI و تسهیم منافع غیرمالی	گزینه ۱: عوارض خرد گزینه ۲: حق عضویت گزینه ۳: هزینه‌های (cloud-based fees)	گزینه ۴: مجوزهای رایج برای DSI گزینه ۵: قرارداد مبتنی بر بلاکچین، DSI باز		Scholz و همکاران (2020)

براساس استفاده از DSI تنظیم شود و نه براساس دسترسی به آن. همانند سناریوی ۱، اثرهای پیچیدگی ایجادشده در صورت انتخاب تعریف گسترده از DSI شدیدتر خواهد بود. نظام‌های چندجانبه دسترسی و تسهیم منافع، برای عملکرد بانک‌های ژن مناسب‌تر از نظام‌های دوجانبه‌اند و ساده‌تر از آن‌ها به نظر می‌رسند، چراکه نیاز به نظام‌های پیچیده رهگیری و ردیابی یا توافق‌های موردی میان کاربران و کشورهای ارائه‌دهنده برای هر واحد از DSI ندارند. درمورد منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی، راه‌حل چندجانبه برای مسئله DSI می‌تواند تا حدودی از طریق گنجاندن این داده‌ها در موافقت‌نامه SMTA تحت معاهده بین‌المللی ITPGRFA اجرا شود. بااین‌حال، این راه‌حل وضعیتی را که مربوط به DSI حاصل از PGRFA های خارج از پیوست I این معاهده و کاربردهایی فراتر از آموزش، پژوهش و اصلاح نباتات است، برطرف نخواهد کرد. برای نظام‌های دوجانبه و چندجانبه تسهیم منافع درمورد DSI، تعیین این نکته ضروری است، آیا مقررات مربوط تنها بر داده‌های DSI به‌دست‌آمده پس از اجرای آن اعمال می‌شود یا داده‌های پیشین را نیز دربرمی‌گیرد. اگر این مقررات شامل داده‌هایی شود که پیش از لازم‌الاجرا شدن وارد پایگاه‌های عمومی شده‌اند، توانایی بانک‌های ژن برای در دسترس گذاشتن داده‌ها باز هم نسبت به زمانی‌که تنها شامل داده‌های جدید شود، محدودتر خواهد شد. امید است، این مقاله بتواند در جهت‌گیری مباحثات مربوطه مؤثر باشد و برای بانک‌های ژن، کاربران مواد و اطلاعات بانک‌های ژن و درنهایت برای مقابله با چالش‌های امنیت غذایی کنونی و آینده جهان مفید واقع شود.

منابع

Anon. 2020. Report first global dialogue on digital sequence information on genetic resources, 6–8 November 2019, Pretoria, South Africa. The ABS Capacity Development Initiative, the South African National Department of Environment, Forestry and Fisheries, and the Norwegian Government.

Brink, M., & van Hintum, T. 2020. Genebank operation in the arena of access and benefit-sharing policies front. Plant Science, 10. https:// doi.org/10.3389/fpls.2019.01712.

CBD. 2018.Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on digital sequence information on genetic resources. Convention on Biological Diversity, Montreal, Canada, 13–16 February 2018, 10 pp.

CBD. 2020. Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on digital sequence information on genetic resources. Convention on Biological Diversity, Montreal, Canada, 17–20 March 2020, 18 pp.

Gaffney, J., Tibebu, R., Bart, R., Beyene, G., Girma, D., Kane, N. A., Mace, E. S., Mockler, T., Nickson, T. E., Taylor, N., &Zastrow-Hayes, G. 2020. Open access to genetic sequence data maximizes value to scientists, farmers, and society. Global Food Security,26,100411.https://doi.org/10.1016/j.gfs.2020.100411

Hiemstra, S. J., Brink, M., & van Hintum, T. J. L. 2019. Digital Sequence Information (DSI): Options and impact of regulating access and benefit sharing—Stakeholder perspectives. CGN report 42. Centre for Genetic Resources, the Netherlands (CGN), Wageningen, The Netherlands, 22 pp.

Houssen, W., Sara, R., & Jaspars, M. 2020. Digital sequence information on genetic resources: Concept, scope and current use. Convention on Biological Diversity Montreal.

Laird, S. A., & Wynberg, R. P. 2018. 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. Convention on Biological Diversity Montreal.

Laird, S., Wynberg, R., Rourke, M., Humphries, F., Ruiz Muller, M., & Lawson, C. 2020. Rethink the expansion of access and benefit sharing. Science, 367(6483), 1200–1202. https://doi.org/10.1126/ science.aba9609

Lawson, C., Humphries, F., & Rourke, M. 2019. The future of information under the CBD, Nagoya Protocol, Plant Treaty, and PIP Framework. Journal of World Intellectual Property, 22(3–4), 103–119. https://doi. org/10.1111/jwip.12118

Scholz, A., Hillebrand, U., Freitag, J., Cancio, I., Ribeiro, C., Haringhuizen, G., Oldham, P., Saxena, D., Seitz, C., Thiele, T., & van Zimmeren, E. 2020. Finding compromise on ABS & DSI in the CBD: Requirements & policy ideas from a scientific perspective. Wissensbasierte Lösungsansätze für Digitale Sequenzinformation (WiLDSI), 42 pp.

UNEP. 1992. Convention on biological diversity. Text and annexes. United Nations Environmental Programme (UNEP), Secretariat of the Convention on Biological Diversity.

UNEP. 2011. Nagoya Protocol on access to genetic resources and the fair and equitable sharing of benefits arising from their utilization to the convention on biological diversity. Text and annex. United Nations Environmental Programme (UNEP), Secretariat of the Convention on Biological Diversity.

Vogel, J. H., Álvarez-Berríos, N., Quiñones-Vilches, N., MedinaMuñiz, J. L., Pérez-Montes, D., Arocho-Montes, A., Val-Merniz, N., Fuentes-Ramírez, R., Marrero-Girona, G., Mercado, E. V. & Santiago-Ríos, J. 2011. The economics of information, studiously ignored in the Nagoya Protocol on access to genetic resources and benefit sharing. Law, Environment and Development Journal, 7(1), 52–65.