

基因驱动研究： 为何重要



THE
ROYAL
SOCIETY

本文件由 Language Buró
www.languageburo.com

从英语翻译而来

封面图片

冈比亚按蚊

Jim Gathany-CDC 版权所有。

基因驱动研究：为何重要

概述

基因驱动是使特定 DNA 序列产生偏向性遗传的系统。许多此类系统均为自然发生，而科学家现正在研究利用合成生物学技术开发此类新系统的潜能。旨在让人类获益的合成基因驱动正处于开发阶段，但是，目前所处阶段尚无法知晓其益处是否大于风险。进一步的研究将有助于减少不确定性并确定潜在的风险和益处。重要的是，任何正在进行的研究都能得到适当的管理，并与公开辩论相结合。因此，英国皇家学会建议，《联合国生物多样性公约》避免采取任何支持国际暂停基因驱动研究（包括实验性现场试验）的立场。

旨在让人类获益的合成基因驱动正处于开发阶段，但是，目前所处阶段尚无法知晓其益处是否大于风险。

合成生物学和基因驱动

合成生物学以现有技术为基础，利用工程学原理来设计和聚合新生物组分和系统，从而改变现有生物体的 DNA。近年来，由于基因组编辑技术的出现，开发合成基因驱动变得越来越可行。与许多合成生物学应用不同的

是，基因驱动旨在用于野生种群，例如携带疾病的昆虫。因此，含有基因驱动的生物体是为了一定目的特意被释放到环境中的。一些基因驱动也被设计成以自我维持的方式在特定的野生种群内传播。也正是这些特征引发了关于该技术的重要国际争论¹。

1. 《2015 年 Sackler 论坛：合成生物学趋势、获得功能以及监管影响》。英国皇家学会（2016 年）。

科学家们还在研究评估和减轻基因驱动所带来的某些风险的方法。

基因驱动应用

基因驱动正在针对各种目的和领域进行开发。也许这其中最为突出的目的是为减少传播疟疾的蚊子的数量²。在这种背景下，基因驱动已被提议作为一种解决疾病的新方法，该疾病每年仍造成 2 亿人感染，导致 50 万人死亡³。

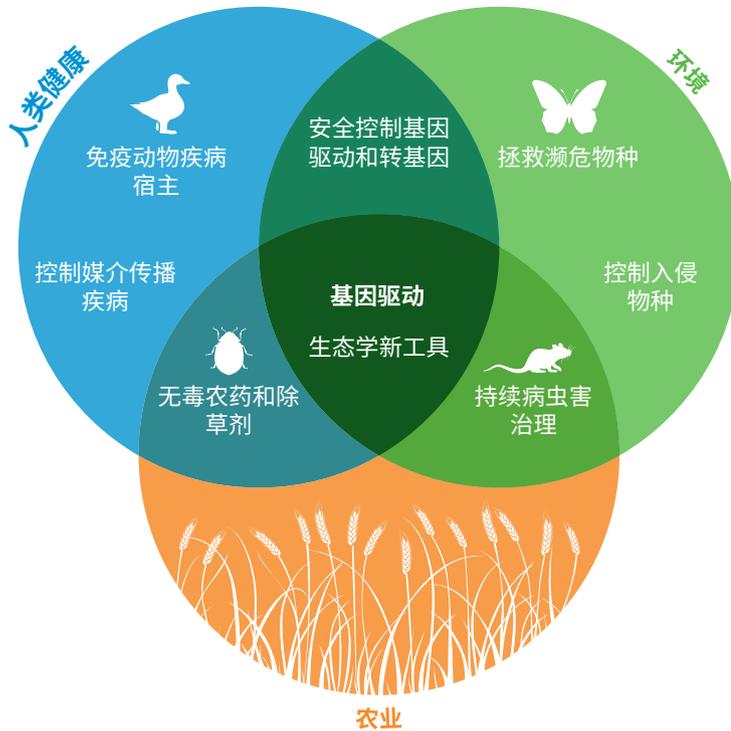
正在开发的其他应用包括提供控制或根除入侵物种的针对性方法⁴。图 1 总结了一些有关基因驱动的拟议应用。

管理风险和益处

尽管基因驱动可能带来益处，但由于减少或消除种群的更广泛生态后果尚不确定，因此，基因驱动也存在风险。因此，约束策略、保障措施以及对其使用的适当管理至关重要^{5,6}。致力于基因驱动的研究人员意识到了这些风险，并呼吁对技术的潜在影响进行密切评估；不仅是在科学层面上，而且在更广泛的意义上，包括社会影响、公众认知和接受、生态和健康影响、生物安全和生物安全问题，以及监管和其他形式的治理如何管理风险并促进益处⁷。

-
2. 更多信息见《2015 年 Sackler 论坛：合成生物学趋势、获得功能以及监管影响》的第 23 页的信息栏 2。英国皇家学会（2016 年）
 3. 《世界疟疾报告》。世界卫生组织（2015 年）。
 4. Esvelt, K.M., Smidler, A.L., Catteruccia, F., Church, G.M. 《关于针对改变野生种群的指导 RNA 的基因驱动》。《eLife》。2014; 3: e03401
 5. 《2015 年 Sackler 论坛：合成生物学趋势、获得功能以及监管影响》。英国皇家学会（2016 年）。
 6. Hammond, A., Galizi, R., Kyrou, K., Simoni, A., Siniscalchi, C., Katsanos, D., Gribble, M., Baker, D., Marois, E., Russell, A., Burt, A., Windcihler, N., Crisanti, A., Nolan, T., 2016 年。《针对疟蚊载体冈比亚按蚊中雌性繁殖的 CRISPR-Cas9 基因驱动系统》。《自然-生物技术》。34: 78 - 83。
 7. 同注释 5。

图 1



基因驱动的推测性可能用途。在这其中，控制媒介传播疾病和控制入侵物种是两个最活跃的研究领域⁸。

8. 图片复制自《2015年 Sackler 论坛：合成生物学趋势、获得功能以及监管影响》的第 22 页的图 5。英国皇家学会（2016 年）。

为实施此类密切评估，科学界呼吁从研究开始就保持透明，包括在进行一些研究项目之前与公众进行讨论，当然，也要在将基因修饰生物释放到环境中之前进行讨论⁹。发展跨学科研究小组也很重要，这些研究小组应将合成生物学家、生态学家、进化生物学家、环境科学家和社会科学家等召集在一起，以从一开始就检查潜在的风险。上述方法的一个典型范例是 Target Malaria（进攻疟疾），一家非营利研究联盟，该联盟旨在开发和共享用于疟疾控制的技术。该联盟包括来自非洲、北美和欧洲的科学家、利益相关者参与小组、风险评估专家和监管专家¹⁰。

科学家们还在研究评估和减轻基因驱动所带来的某些风险的方法。应根据从已进行基因修饰但不具有基因驱动的生物体的释放中获得的经验教训，逐个评估生物体¹¹。防止基因驱动研究产生意想不到的影响的一个最简单办法可能是地理或生态限制，如借助海外实验室或进行海外现场试验。就疟疾基因驱动工作而言，目前正在英国的封闭实验室进行冈比亚按蚊的初步研究¹²。在不太可能从实验室逃脱的情况下，这些蚊子将因凉爽气候而无法生存，并且没有可与之交配的本地野生种群。此外，澳大利亚正在考虑在岛屿上进行使用基因驱动来控制啮齿动物入侵物种的探索实验。假设地理或生态限制试验圆满完成，在这些

9. 同注释 5。

10. targetmalaria.org/who-we-are/（2018 年 10 月 12 日检索）。

11. 同注释 5。

12. 同注释 5。

地区进行任何非试验性释放之前，还必须在预定释放地点进行现场试验。特定位置提供安全有效遏制的程度将根据具体情况进行评估。

释放基因驱动后，潜在的遏制机制包括限制基因驱动运作的世代数以便部分地限制基因驱动¹³，或开发针对目标种群的 DNA 序列的驱动。也有可能释放“反向驱动”或其他工程性状，这些性状可以删除最初引入的性状¹⁴。

建议

考虑到基因驱动的潜在益处，继续研究该技术非常重要。同样重要的是，评估将基因驱动生物体释放到环境中的风险的研究也要同时进行。今后任何基因驱动的使用都应先进行公开辩论，讨论与替代性社会、经济或技术解决方案相比，使用基因驱动的相对可取性。考虑到这项工作大部分处于早期阶段，任何禁止对基因驱动进行研究的举动都会导致辩论无法进行，从而导致无法清楚了解该技术可以做什么以及是否可以安全使用。因此，英国皇家学会建议，《联合国生物多样性公约》避免采取任何支持国际暂停基因驱动研究（包括实验性现场试验）的立场。

13. Noble, C., Min, J., Loejarz, J., Buchthal, J., Chavez, A., Smidler, A.L., DeBeedictis, E.A., Church, G.M., Nowak, M.A., Esvelt, K.M. 2016 年。《针对当地种群变化的菊花链基因驱动》。BioRxiv。

14. Oye, J., Esvelt, K., Appleton, E., Catteruccia, F., Church, G., Kuiken, T., Lightfoot, S.B.Y., McNamara, J., Smidler, A., Collins, J.P. 2014 年。《监管基因驱动》。《科学》。345(6197): 626 – 628

基因驱动问答

什么是基因驱动？

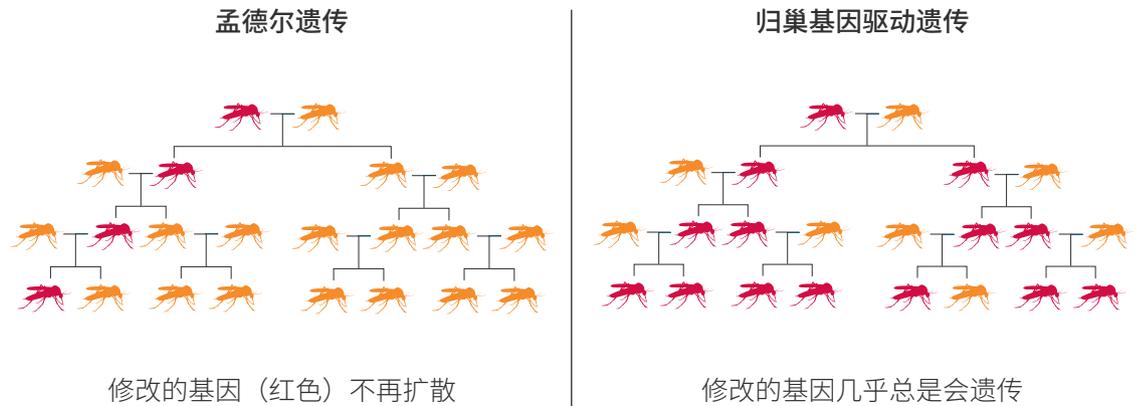
基因驱动是使特定 DNA 序列产生偏向性遗传的系统。它们可以用来延长引入性状的持久性，否则这些性状会很快从种群中消失，因为被引入的性状会使生物处于不利地位。它们还可以通过种群传播所需的性状。许多此类系统均为自然发生，这些系统可为使用合成生物学技术开发新基因驱动提供灵感。合成基因驱动使用如 CRISPR/Cas9 等基因组编辑技术，将特定基因遗传的可能性从 50% 提高至高达 100%。

图 2 显示了基因遗传的常规模式（在格雷戈·孟德尔 (Gregor Mendel) 发现后称为孟德尔遗传）与基因驱动下的遗传之间的差异，基因驱动旨在以最大的可能比率传播到整个种群中，这被称之为“归巢驱动”。即使当基因驱动被设计为具有最大的可能传播比率时，来自实验室研究的实验证据表明，这种遗传模式是很难实现的，因为群体中的一些个体在该驱动被设计成目标的遗传密码中会有小的变异¹⁵。这些个体不易受到基因驱动的影响，而且因为它们更有可能在释放抑制种群的基因驱动的环境中生存，所以他们更有可能将其对基因驱动的遗传抗性传递给下一代。这被称之为“进化抗性”，其将在问题 4 的回答中进行进一步讨论。

15. Champer, J., Buchman, A., Akbari, O. S. 2016 年。《虚拟进化：工程基因驱动操纵野生种群的命运》。《自然评论-遗传学》。17(3): 146 – 159。

图 2

孟德尔遗传与基因驱动遗传对比



虽然归巢驱动是最常讨论的基因驱动类型，但科学家们正在致力于其他旨在以更有限的方式传播的驱动。

这些有意受限的基因驱动将在问题 3 的回答中进行进一步讨论。是归巢驱动适合，还是更受限的驱动适合，都要取决于开发的目的。

为何要进行基因驱动开发？

许多基因驱动的拟议应用包含减少特定动物种群的数量，例如传播疟疾的蚊子。这些被称之为“种群抑制驱动”。种群抑制驱动是通过限制种群繁殖，而非直接造成动物死亡。例如，基因驱动可以确保生物体的所有后代均为雄性，因此随着时间的推移，没有雌性可以与其交配，从而导致种群崩溃。基因驱动还可以用于增加具有特殊性状的种群的比例，例如对莱姆病具有免疫力的小鼠。这些被称之为“种群转变驱动”。

人们正在探索抑制特定动物种群或增加或消除特定性状的潜力，以帮助应对人类健康、生物多样性保护和农业方面的挑战。

人类健康

旨在改善人类健康的基因驱动会以传播疾病的动物为目标。这一领域的众多工作以基因驱动潜力为重点，以帮助减少感染疟疾人数。在这种情况下，科学家们正在研究减少可传播疟疾的蚊子数量和改变蚊子基因的两种方法，以防止它们携带疟原虫（从而防止它们将疟疾传播给人类）。

这一领域的众多工作以基因驱动潜力为重点，以帮助减少感染疟疾人数。

生物多样性保护

在自然环境保护领域，基因驱动被作为一种控制或清除入侵物种的方法加以研究。它们还被建议作为增加濒危物种对疾病和其他威胁的抗性的一种手段，例如，以向鸟类传播禽疟的蚊子为目标¹⁶。

关于入侵物种的众多工作以去除岛屿上威胁地面筑巢鸟类的啮齿动物为重点。这种方法得到了如岛屿保护组织等非营利组织的支持。在这种情况下，与现有的诱捕、猎杀或投毒计划相

比，正在加以研究的基因驱动是一种根除啮齿动物的潜在的更有效、更人道的方式。基因驱动也被认为是控制其他入侵物种的一种方式，包括新西兰黄蜂¹⁷和澳大利亚的甘蔗蟾蜍¹⁸。

农业

科学家已对一处于概念验证阶段的种群转变驱动进行证明，该驱动可在幼虫以樱桃等软果为食的果蝇物种中构成多种种群抑制策略的基础¹⁹。还对使用种群转变驱动使作物病虫害更容易受到农药和除草剂影响进行了讨论²⁰。

-
16. 《新兴的基因驱动：推进科学，解决不确定性以及将研究与公共价值相一致》。国家科学、工程和医学学院（2016年）。
 17. Lester, P.J., Beggs, J.R., Brown, R.L., Edwards E.D., Groenteman R., Toft, R.J., Twidle, A.M., Ward, D.F. 2013年。《防治新西兰最泛滥、分布最广且最具破坏力的无脊椎害虫的展望：群居黄蜂》。《新西兰科学评论》。70(4): 56 – 62
 18. 《澳大利亚的基因驱动》。澳洲科学院。（2016年）。
 19. Buchman, A., Marshall, J.M., Ostrovski, D., Yang, T., Akbari, O.S.《合成工程美狄亚基因驱动系统在全球作物病虫害樱桃果蝇中的应用》。2018年。《美国国家科学院院刊》。115(18): 4735 – 4730
 20. Medina, R.F. 2018年。《基因驱动与农业病虫害管理》。《负责任创新杂志》。5(Sup1), S255 – S262。

如何使基因驱动传播受限？

如在问题 1 的回答中所讨论的内容，科学家们正在研究旨在有限的时间内或在有限的区域内传播的驱动。这些非常适合针对特定种群，例如在单独岛屿上作为入侵物种的老鼠，而非针对老鼠物种的所有种群。

一种限制基因驱动传播范围的方法旨在设计基因，以使其仅在种群中以特定比例进行传播。这便会引入一个阈值，低于该阈值时，驱动不会传播，而这正是将这些驱动称之为“阈值相关驱动”的原因^{21,22}。这些驱动的作用方式是通过释放大量基因驱动生物体到特定种群中，从而使它们超过该种群中的阈值。如果这

些基因驱动生物体中的任何一个传播到临近种群中，那么野生生物体的数量将超过驱动数量，因此该驱动不会在那个种群中扩散。

也可以通过释放更多没有基因驱动的生物体，阻止最初释放的基因驱动生物体在种群中的驱动传播，从而使基因驱动生物体的比例低于其传播所需的阈值。有几种可能的分子设计可以实现阈值相关驱动，其中至少有两种已在果蝇实验室种群中得到了证明^{23,24}。

科学家们正在研究旨在有限的时间内或在有限的区域内传播的驱动。

-
21. Alpey, L. 2014 年。《蚊子的遗传控制》。《昆虫学年度评论》。59(1): 205 – 224
 22. Marshall, J.M.、Akbari, O.S. 2018 年。《基于 CRISPR 的基因驱动在野外是否能得到限制？一个分子和种群生物学问题》。《ACS 化学生物学》。13 (2): 424 – 430
 23. Buchman, A.、Ivy, T.、Marshall, J.、Akbari, O.S.、Hay, B.A. 2018 年。《工程染色体相互易位驱动果蝇中的高阈值、可逆种群替代》。《ACS 合成生物学》。7(5): 1359 – 1370
 24. Reeves, R. G.、Bryk, J.、Altrock, P.M.、Denton, J.A.、Reed, F.A. 2014 年。《昆虫种群负超显性遗传转化的第一步》。《PLoS ONE》。9(5): e97557



图片
褐鼠，Andrew_Howe 版权所有。

限制基因驱动传播的另一种建议方法是对其进行设计，以使其有效性随时间降低。图 3 展示了一种用于限制基因驱动作用时间的理论方法，称为“菊花链基因驱动”。在此示例中，基因驱动的作用取决于引入基因组不同部分的多个 DNA 序列的相互作用。由于这些序列之一不是自我维持或“驱动”的，因此其在种群中的发生率会随时间而逐渐降低，因此基因驱动的有效性也会随之降低²⁵。

最后，一种可能适用于针对岛屿种群的基因驱动的机制是寻找那些种群所特有的基因变体，然后明确开发针对这些变体的驱动。

25. Smidler, A., Noble, C., Olejarz, J., Buchthal, J., Min, J., Esvelt, K. 2017 年。《针对当地种群变化的菊花链基因驱动》。 *Responsive Science*。

图 3

自我维持基因驱动（左）与菊花链基因驱动（右）对比²⁶。

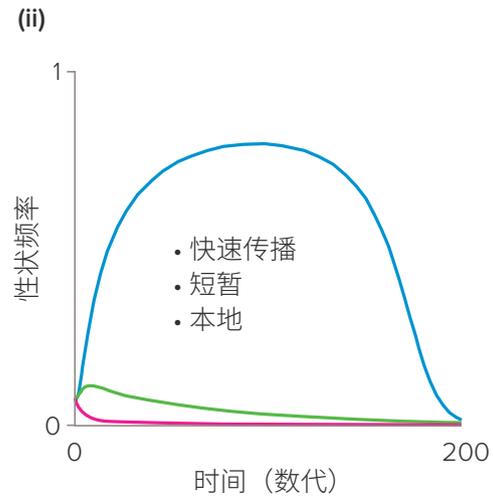
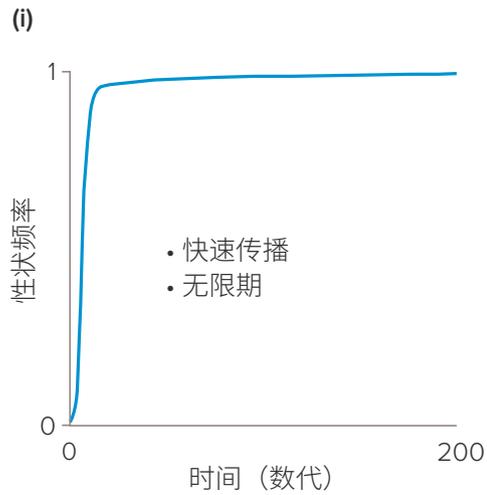
(i) 通过将基因的非驱动版本转变为基因的驱动版本，自我维持的基因驱动在各代之间可得以维持。假设已将驱动设计为以最大的可能比率传播，它对种群的生存和繁殖率没有影响，并且对驱动没有进化出抗性，那么它可以传播到 100% 的种群中，如图 (i) 所示。

(ii) 菊花链基因驱动系统涉及在生物体基因组的的不同位置引入几种遗传变化。在示例中，蓝线表示传递所需性状（如疾病抗性）的遗传变化（性状 A），绿线（性状 B）表示确保数代之间性状 A 遗传的基因驱动，而红线（性状 C）是确保性状 B 遗传的基因驱动。由于没有任何可确保性状 C 随时间的遗传，因此具有这种遗传变化的生物体比例将随着每一代的增加而降低。没有性状 C，就无法在数代之间维持性状 B，没有性状 B 也就无法维持性状 A。这种遗传模式如图 (ii) 所示。

26. 改编自图 1, Smidler, A., Noble, C., Olejarz, J., Buchthal, J., Min, J., Esvelt, K. 2017 年。《针对当地种群变化的菊花链基因驱动》。 *Responsive Science*。

图解

性状 A 性状 B 性状 C



单一基因驱动生物体是否可根除整个物种？

有数个因素不利于合成基因驱动的传播。

从理论上讲，具有抑制驱动的单生物体释放或逃脱可能导致该物种的崩溃，因此实验室和模型研究的证据提出了这样的问题，即这是否可能在实践中发生。

首先，生物体必须携带一种旨在在整个物种中有效的驱动，而不是该物种的一个种群。如在问题 3 的回答中所进行的讨论，科学家正在努力开发随时间推移而逐渐减弱或仅影响特定种群的基因驱动。

其次，有数个因素不利于合成基因驱动的传播。其中一个因素是生物体之间在基因驱动的靶标基因上有微小遗传差异。因为基因组编辑技术 CRISPR / Cas9 是通过识别 DNA 特定序列来发挥作用，所以如果生物体的基因驱动靶标基因的变体序列稍有不同，则该基因驱动在该生物体中将不起作用。这种结果已在实验室实验中得到证明。在一项这样的实验中，携带基因驱动的生物体数量在释放后的四代中迅速增加，但是该基因驱动的存在随后逐渐减少，直到该实验在 25 代后停止²⁷。

27. Hammond, A. M., Kyrou, K., Bruttini, M., North, A., Galizi, R., Karlsson, X., Kranjc, N., Carpi, F.M., D'Aurizio, R., Crisanti, A., Nolan, T. 2017 年。《在数代疟蚊中产生抗基因驱动的突变形成和挑选》。《PLoS 遗传学》。13(10): e1007039。

在 2018 年 9 月，科学家发表了一项基因驱动的研究，该基因驱动确实影响了关在笼子中的实验室蚊子种群中的全部蚊子。但是，他们还确定了数个为何该基因驱动如果释放到野生蚊子种群中则可能无法复制该结果的原因²⁸。其中最重要的是从之前释放的转基因昆虫（不是携带基因驱动的昆虫）中观察到，这些实验室开发的生物体在野外生存的可能性要比野生生物体小，因此它们不太可能有交配并将修饰的基因传递下去的机会。

由于没有合成基因驱动被释放到野生种群中，因此我们只能使用模型来尝试预测其后果。此类模型通常假定数百个基因驱动生物体被一次释放，而且即使是在这种情况下，这也并非总是获得将一个种群完全去除的结果，所以更严格说是消灭一个物种了²⁹。但是，其他研究种群转变驱动力的模型表明，尽管基因驱动不可能仅从一个生物体的释放而广泛传播，但它们可能从两个或多个生物体的释放而被广泛传播³⁰。这强调了在有意释放任何基因驱动之前进行详尽的建模研究的必要性。

28. Kyrou, K., Hammond, A.M., Galizi, R., Kranjc, N., Burt, A., Beaghton, A.K., Nolan, T., Crisanti, A. 2018 年。《针对双性的 CRISPR-Cas9 基因驱动可导致笼内冈比亚按蚊的种群受到完全抑制》。《自然-生物技术》。线上发行。

29. Eckhoff, P.A., Wenger, E.A., Godfray, C.J., Burt, A. 2017 年。《蚊子基因驱动对消除疟疾的影响》。《美国国家科学院院刊》。114(2): E255 – E264

30. Noble, C., Adlam, B., Church, G.M., Esvelt, K.M. 和 Nowak, M.A. 2017 年。《当前 CRISPR 基因驱动系统可能在野生种群中具有高度入侵性》。《*Elife*》。19(7): e33423

使用基因驱动控制动物种群的更广泛生态后果是什么？

重要的是要评估该种群或物种对更广泛的生态系统所产生的影响，以及消除该种群或物种可能带来的后果。

在使用基因驱动来减少或根除特定种群或物种的情况下，重要的是要评估该种群或物种对更广泛的生态系统的影响，以及消除该种群或物种可能带来的后果。这就是从事基因驱动研究的小组应包括种群生物学家、生态学家和其他环境科学家的原因。

评估可以借鉴对减少动物种群的其他干预措施的结果的研究，例如在有本地地面筑巢鸟类的岛屿上喷洒杀虫剂杀死蚊子或使啮齿类动物中毒。将此方法应用于冈比亚按蚊，这是大约40种传播疟疾的蚊子物种中最重要的物种

之一（总共约有3,500种蚊子），研究人员得出结论，因为没有其他物种仅以这些蚊子为食，所以它们不太可能是食物链的关键组成³¹。该研究表明，有必要在释放基因驱动的每个位置，以物种为基础对可能的生态后果进行评估，同时还要考虑到基因驱动可能扩散到释放区域以外的位置。

关于释放旨在抑制某物种的合成基因驱动而引发的担忧之一是该基因驱动可能会意外地从目标物种传播到无关物种，例如从蚊子传播到蜜蜂。遗传物质在无关物种之间转移的过程

31. Collins, C. M.、Bonds, J. A.、Quinlan, M. M. 和 Mumford, J. D. 2018 年。《消除或降低疟蚊（广义的冈比亚按蚊）的密度对当地生态系统中互相影响的捕食者和竞争者的影响》。《医学昆虫学与兽医昆虫学》。ePub 版先于印刷版。

称为水平基因转移。尽管有关动物之间的历史水平基因转移的证据正在增多，但动物之间功能基因序列的转移却极为罕见。而且，为了使基因驱动在不相关的物种中奏效，该物种必须具有与该基因驱动最初靶向的物种完全相同的基因变体。

尽管在实验室实验中显示对蚊子 100% 有效的一个基因驱动针对的是所有昆虫共有的一个基因，但除最近缘的蚊子物种之外，其他所有昆虫都有该基因的不同变体。因此，在一个蚊子物种中靶向该基因的基因驱动在其他昆虫物种中将不起作用。

尽管功能基因驱动在物种之间转移的可能性非常低，但美国国家科学院报告《*新兴的基因驱动：推进科学，解决不确定性以及将研究与公共价值相一致*》建议称在任何环境释放基因驱动之前，应评估水平基因转移的风险。

是否正在为人类开发基因驱动？

基因驱动在人类种群中传播特性需要几个世纪的时间。

尽管可以为有性繁殖的任何物种开发基因驱动，但是它们的作用方式意味着它们最适合快速繁殖的物种。以人类的世代时间（从生物体诞生到拥有自己的子代的时间）来衡量，这一过程需要数十年的时间，因此基因驱动在人类种群中传播特性需要几个世纪的时间。相比之下，蚊子的世代时间约为四周，因此基因驱动可能会在几年内改变蚊子种群的遗传。

基因驱动会在没有当地参与的情况下释放吗？

许多领导基因驱动开发的科学家也在开发与群落（这些科学家建议其使用基因驱动的群落）的合作方法，以确保他们不会做群落不同意的任何事情。例如，Target Malaria（致力于对传播疟疾的蚊子采用基因驱动的非营利研究联盟）有一支团队专门致力于与 Target Malaria 开展研究的政府和群落进行合作，以确保相关人员了解 Target Malaria 建议采取的行动并解决因此而产生的任何担忧³²。这些团队包括具有不同背景的人员，包括社会学、人类学、政治学、地理学和传播学。他们的经历也各不相同，包括学术研究人员、非政府组织工作人员、公共计划实施者和企业部门专家³³。

同样，有一个基因驱动的研究项目，其中的基因驱动可使小鼠对莱姆病产生免疫力，从而中断该疾病向人类的传播，该项目从项目一开始就需要群落（向其释放该基因驱动的群落）的参与。这种参与让研究人员暂停了对基因驱动的研究，转而优先开发对莱姆病免疫的小鼠，但这种特性将通过孟德尔遗传而不是基因驱动来传播、扩散³⁴。

32. targetmalaria.org/who-we-are/（2018年12月10日发布）。

33. targetmalaria.org/wp-content/uploads/pdf/target-malaria-response-to-NAS-recommendations.pdf（2018年12月10日发布）

34. nytimes.com/2016/06/08/science/ticks-lyme-disease-mice-nantucket.html（2018年12月10日发布）

英国皇家学会

英国皇家学会是由来自科学、工程和医学各个领域的许多世界上最杰出的科学家组成的自治团体。自 1660 年成立以来，该学会的基本宗旨是认可、促进和支持科学卓越性，并鼓励科学的发展和利用以造福人类。

学会的战略重点强调致力于最前沿的科学、好奇心驱动的研究以及发展和利用科学造福社会。学会的战略重点是：

- 促进科学卓越性
- 支持国际协作
- 向所有人展示科学的重要性

更多信息

英国皇家学会

6 – 9 Carlton House Terrace

London SW1Y 5AG

电话 +44 20 7451 2500

电子邮箱 science.policy@royalsociety.org

网址 royalsociety.org



英国皇家学会成立于 1660 年，
是英国的独立科学研究院，
致力于促进科学卓越发展

注册慈善机构编号 207043

发行日期：2018 年 11 月 DES5819