



联合国
粮食及
农业组织

Food and Agriculture
Organization of the
United Nations

Organisation des Nations
Unies pour l'alimentation
et l'agriculture

Продовольственная и
сельскохозяйственная организация
Объединенных Наций

Organización de las
Naciones Unidas para la
Alimentación y la Agricultura

منظمة
الأغذية والزراعة
للأمم المتحدة

F

COMMISSION DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE

Point 4 de l'ordre du jour provisoire

Dix-septième session ordinaire

Rome, 18-22 février 2019

«INFORMATION DE SÉQUENCAGE NUMÉRIQUE» CONCERNANT LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE - PERTINENCE DU POINT DE VUE DE LA SÉCURITÉ ALIMENTAIRE

TABLE DES MATIÈRES

	Paragraphes
I. Introduction	1-2
II. Informations générales	3-6
III. Rôle de l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture.....	7-22
IV. Statut juridique de l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture.....	23-27
V. Travaux réalisés dans d'autres instances.....	28-39
VI. Indications que la Commission est invitée à donner	40

Le code QR peut être utilisé pour télécharger le présent document. Cette initiative de la FAO vise à instaurer des méthodes de travail et des modes de communication plus respectueux de l'environnement. Les autres documents de la FAO peuvent être consultés à l'adresse www.fao.org.

MY588/f



CGRFA 17

I. INTRODUCTION

1. La Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (la Commission), à sa seizième session ordinaire, a établi un nouvel axe de travail sur l'«information de séquençage numérique» («DSI, *digital sequence information*») concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (RGAA)¹. Elle a demandé au Secrétariat de préparer, sous réserve de la disponibilité des ressources nécessaires, une étude exploratoire de cadrage visant à recueillir des éléments factuels qui intéressent l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA (l'Étude), afin de fournir, entre autres, des informations sur la terminologie utilisée dans ce domaine, une description des acteurs concernés, les types d'utilisation et leur portée, notamment:

- la caractérisation,
- la sélection et l'amélioration génétique,
- la conservation,
- le recensement des RGAA,

ainsi que sur la pertinence de l'«information de séquençage numérique» sur les RGAA du point de vue de la sécurité alimentaire et de la nutrition, afin de faciliter l'examen par la Commission des répercussions sur la conservation et l'utilisation durable de ces ressources, y compris l'échange, l'accès et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation².

2. Le présent document fournit des informations générales aux fins de la préparation de l'Étude et en résume les observations principales. Il examine ensuite les moyens que la Commission pourrait envisager dans le cadre d'une étude plus approfondie de la pertinence de l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA pour la conservation et l'utilisation durable des différents sous-secteurs des RGAA, et des incidences que ces informations pourraient avoir sur le partage des avantages qui en découlent et/ou sur l'information elle-même.

II. INFORMATIONS GÉNÉRALES

3. La Commission, à sa seizième session ordinaire, a demandé au Secrétaire d'inviter les États Membres à communiquer des renseignements sur l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA et sur les répercussions éventuelles du point de vue de la conservation et de l'utilisation durable de ces ressources, y compris l'échange, l'accès et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation, ainsi que de réunir ces informations et de les transmettre au Secrétaire exécutif de la Convention sur la diversité biologique (CDB), afin de contribuer en temps voulu au processus établi par la décision CBD COP XIII/16³. Le document intitulé *Submissions by Members and observers on "digital sequence information" on genetic resources for food and agriculture*⁴ (documents présentés par des Membres et des observateurs sur l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture) compile les observations reçues, qui ont également été communiquées au Secrétaire exécutif de la CDB⁵.

4. Le Secrétariat a chargé l'Université de Canterbury, Christchurch (Nouvelle-Zélande), de préparer l'Étude, élaborée en collaboration avec l'Université de Bâle (Suisse). Le rapport a été soumis à l'examen critique de deux autres experts indépendants. Conformément à la demande de la Commission, le Bureau a examiné un premier projet d'étude exploratoire. Il a invité les régions à adresser leurs observations concernant ce document, par l'intermédiaire de leurs membres, au plus tard le 7 février 2018. Il a recommandé que le document révisé à la lumière des observations reçues soit d'abord présenté, pour avis, aux groupes de travail techniques intergouvernementaux de la Commission, au groupe d'experts sur les ressources génétiques des micro-organismes et des invertébrés pour l'alimentation et l'agriculture, et à l'équipe de spécialistes des questions techniques et juridiques relatives à l'accès et au partage des avantages. Le Bureau a demandé au Secrétariat de

¹ CGRFA-16/17/Rapport/Rev.1, annexe C.

² CGRFA-16/17/Rapport/Rev.1, paragraphe 86

³ CGRFA-16/17/Rapport/Rev.1, paragraphe 88.

⁴ CGRFA-17/19/4/Inf.1.

⁵ <https://www.cbd.int/abs/dsi-gr/ahteg.shtml#submissions>.

présenter l'Étude, telle que révisée en tenant compte de toutes les observations reçues, au Secrétaire exécutif de la CDB, en tant que contribution au processus établi par la décision CBD COP XIII/16, et à la Commission.

5. Conformément à la demande de la Commission⁶, le projet d'étude exploratoire de cadrage visant à recueillir des éléments factuels qui intéressent l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA, tel que révisé à la lumière des observations adressées par les membres du Bureau, a été examiné par les groupes de travail intergouvernementaux sur les ressources zoogénétiques⁷, les ressources génétiques aquatiques⁸, les ressources génétiques forestières⁹ et les ressources phytogénétiques¹⁰ pour l'alimentation et l'agriculture, et par le groupe d'experts sur les ressources génétiques des micro-organismes et des invertébrés pour l'alimentation et l'agriculture désigné par les membres du Bureau¹¹ de la Commission. Une version nouvellement révisée de l'Étude a ensuite été examinée par l'équipe de spécialistes des questions techniques et juridiques relatives à l'accès et au partage des avantages, qui a adressé ses observations concernant cette étude¹². L'Étude est présentée à la Commission pour information, dans le document intitulé *Étude exploratoire de cadrage visant à recueillir des éléments factuels qui intéressent les «informations génétiques numériques» concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture*. À la demande de la Commission, le document a été transmis au Secrétaire exécutif de la CDB, en tant que contribution au processus établi par la décision CBD COP XIII/16¹³.

6. Étant donnée la vitesse à laquelle les progrès sont effectués dans le présent domaine de recherche, au sein duquel deux types d'innovations technologiques sont réunies, l'Étude prend en considération les évolutions possibles dont les parties prenantes et les décideurs souhaiteront peut-être tenir compte en abordant l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA. L'Étude examine la manière dont cette information est actuellement utilisée et dont elle pourrait être utilisée à l'avenir, ainsi que les incidences de son utilisation future sur les secteurs de l'alimentation et de l'agriculture. Elle a pour objectif de faciliter les débats portant sur la possibilité, à l'heure actuelle ou à l'avenir, d'utiliser ces informations au lieu du matériel génétique lui-même, dans le cadre de la recherche-développement appliquée aux RGAA, ainsi que de créer de la valeur pour les ressources génétiques au moyen de ces informations. L'Étude a également pour objectif de permettre aux décideurs de s'adapter aux mutations scientifiques que suscitent les évolutions quantitative et qualitative de la collecte de ces informations, de leur transmission, de leur mise en application et de leur valeur intrinsèque, même lorsque celles-ci sont dissociées du matériel génétique biologique initial. Les domaines abordés sont les suivants:

- la terminologie utilisée;
- la situation actuelle des biotechnologies (identification, caractérisation, sélection, amélioration génétique et conservation des RGAA) appliquées à la gestion des RGAA et des écosystèmes agricoles, ainsi que les évolutions possibles;
- les types d'utilisations actuelles et éventuellement futures de l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA dans le domaine des biotechnologies, et la portée de ces utilisations;
- les acteurs intéressés par l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA et la pertinence de ces informations du point de vue la sécurité alimentaire et de la nutrition, à l'heure actuelle et à l'avenir.

⁶ CGRFA-16/17/Rapport Rev.1, paragraphes 90, 91.

⁷ CGRFA/WG-AnGR-10/18/Rapport.

⁸ CGRFA/WG-AqGR-2/18/Rapport.

⁹ CGRFA/WG-FGR-5/18/Rapport.

¹⁰ CGRFA/WG-PGR-9/18/Rapport.

¹¹ CGRFA/EG-MIGR-1/18/Rapport.

¹² CGRFA-17/19/3,1, paragraphes 6-11.

¹³ CBD/COP/14/INF/29.

III. RÔLE DE L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE» CONCERNANT LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE

7. Il n'existe pour l'heure pas de définition reconnue par tous de l'expression l'«information de séquençage numérique». C'est en effet ce que reflètent les décisions adoptées au titre de la CDB et du Protocole de Nagoya sur l'accès aux ressources génétiques et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation (le Protocole de Nagoya), ainsi que la décision de la Commission de mettre en place un nouvel axe de travail sur l'«information de séquençage numérique». De multiples expressions sont utilisées dans ce domaine (notamment, «données sur les séquences génétiques», «informations sur les séquences génétiques», «informations génétiques», «dématérialisation» ou «utilisation *in silico*»). Il convient donc de réfléchir plus avant à l'expression à adopter¹⁴. La Conférence des Parties à la Convention sur la diversité biologique, à sa quatorzième réunion, a noté que l'expression «information de séquençage numérique» n'était peut-être pas la plus appropriée, et l'a donc utilisée en tant que terme «générique». Elle a également mis en place un processus fondé sur la science et les politiques pour l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques¹⁵, afin de «clarifier le concept d'«information de séquençage numérique», y compris la terminologie et le champ d'application pertinents [...]»¹⁶.

8. Les différentes expressions associées à l'«information de séquençage numérique» ont des significations différentes pour chacun. L'Étude a démontré que la communauté scientifique n'utilise généralement pas l'expression «information de séquençage numérique», et souligne le fait que la science est en évolution constante, ce qui donne aux définitions précises un caractère potentiellement arbitraire et normatif.

9. L'Étude définit donc cette expression de la manière suivante: l'«information de séquençage numérique» désigne le type d'information qui peut être ajoutée aux bases de données actuellement utilisées et répertoriées dans la revue scientifique *Nucleic Acid Research* (NAR)¹⁷. La Commission souhaitera donc peut-être continuer pour l'instant à utiliser cette expression de manière «générique».

10. L'expression «information de séquençage numérique concernant les RGAA» utilisée actuellement comprend divers types de renseignements, généralement conservés dans des bases de données électroniques, relatifs à divers matériels biologiques contenus dans les RGAA, qui sont utilisés pour les gérer ou en tirer profit. Une partie de ces informations correspond à des renseignements relatifs à la composition de l'ADN (ou de l'ARN) des RGAA et se présente généralement sous forme de séquences nucléotidiques. L'«information de séquençage numérique» peut parfois suffire à la synthèse d'un trait spécifique, sans recours à du matériel génétique. L'«information de séquençage numérique» autre que l'ADN ou l'ARN est souvent essentielle à l'identification ou à la synthèse de certains traits; d'autre part, l'«information de séquençage numérique» relative à l'ADN ou à l'ARN peut ne pas être nécessaire à l'identification ou à la synthèse de traits.

11. L'Étude met en évidence la contribution de l'«information de séquençage numérique» à la sécurité alimentaire et à la nutrition, en tant qu'outil fondamental utilisé pour la caractérisation des RGAA, la sélection, la création de nouveaux produits, la sécurité et la traçabilité des aliments et de la gestion des RGAA, ainsi que l'optimisation dans un contexte environnemental. Elle met l'accent sur le fait que l'«information de séquençage numérique» est une composante essentielle des technologies utilisées pour la caractérisation, la conservation et l'utilisation durable des RGAA. Elle montre que cette information est à la base des technologies de synthèse d'ADN et d'autres types de matériel génétique. Ces technologies pourraient un jour permettre de synthétiser toutes sortes de matériels génétiques grâce à l'«information de séquençage numérique».

12. L'«information de séquençage numérique» permet d'exploiter une ressource génétique sans la posséder ni avoir accès son ADN. L'Étude n'a pas relevé de différences réelles ou potentielles importantes entre les technologies appliquées dans les différents sous-secteurs des RGAA. Elle a

¹⁴ CGRFA-16/17/Rapport Rev.1, paragraphe 87.

¹⁵ Décision 14/20, paragraphe 8.

¹⁶ Décision 14/20, paragraphe 9 a), voir également section V ci-après.

¹⁷ Étude de référence n° 68, p. 10 (en anglais seulement).

montré que cette information était largement utilisée dans tous les sous-secteurs des RGAA et de manière routinière dans toutes les recherches menées dans le domaine des sciences biologiques. L'Étude a conclu que l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA est au cœur de l'élaboration de produits et qu'elle devrait prendre de l'importance parallèlement à l'augmentation de la disponibilité d'un volume croissant de ces informations concernant les RGAA.

13. L'«information de séquençage numérique» joue également un rôle important dans les systèmes de gouvernance de la sécurité sanitaire des aliments, y compris s'agissant de l'étiquetage des produits et de l'identification des constituants alimentaires, importants pour la conservation des espèces menacées. Elle est utilisée à la fois pour diagnostiquer les maladies affectant toutes formes de RGAA et pour élaborer des produits thérapeutiques.

14. L'«information de séquençage numérique» prenant la forme d'études portant sur diverses espèces contribue à la conservation de ces espèces. Elle est souvent utilisée pour identifier les espèces et pour mesurer la diversité génétique. Elle permet également de sélectionner le matériel génétique destiné à l'entreposage, d'effectuer des tests de viabilité (grâce à l'analyse métabolomique), et de garantir la pureté dans le temps. L'«information de séquençage numérique» peut également être utilisée pour sélectionner du matériel aux fins d'activités diverses, telles que la sélection, l'insémination artificielle, la synchronisation des chaleurs, la fécondation *in vitro* et le clonage; ainsi que les tests de descendance.

15. L'«information de séquençage numérique» contribue à l'utilisation durable des ressources génétiques à divers niveaux: de l'application directe aux RGAA à la gestion de ces ressources, en passant par la découverte et l'élaboration de pesticides, de bioengrais et de probiotiques nouveaux¹⁸. Elle contribue également à la viabilité économique de l'utilisation des RGAA. Les nouveaux produits issus de ces ressources permettent d'améliorer à la fois la sécurité des revenus et la stabilité financière des agriculteurs. L'«information de séquençage numérique» est un élément essentiel pour l'élaboration de nouveaux produits.

16. L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour fournir de la valeur indépendamment du matériel biologique, aux fins de la caractérisation, de la conservation et de l'utilisation durable des RGAA. Dans certains cas, cette valeur est obtenue en réassociant l'information au matériel biologique correspondant. C'est le cas notamment de l'utilisation de la génomique environnementale pour l'identification des bactéries probiotiques utilisées pour l'amendement du sol. Ainsi, l'incapacité à détecter une espèce particulière de bactérie dans le sol pourrait amener à la recherche d'amendements à base de probiotiques, ou à l'ajout d'un nutriment particulier qui permettrait d'amplifier l'espèce bactérienne initialement indétectable jusqu'à l'obtention de concentrations appropriées. Le tableau 1 présente des exemples d'utilisations courantes de l'«information de séquençage numérique» dans les différents sous-secteurs des ressources génétiques. L'étude initiale¹⁹ peut être consultée pour de plus amples renseignements.

17. Avec l'accroissement de la capacité mondiale à générer et à échanger des séquences d'ADN, l'«information de séquençage numérique» permet à elle seule de faire un usage appréciable des informations issues des RGAA, aux fins de la caractérisation de la biodiversité et de l'amélioration de ces ressources par le biais de la sélection. En outre, il est possible aujourd'hui, ou dans un avenir proche, d'obtenir, de transférer et de reconstruire des parties importantes de l'information génétique issue de microorganismes, sans nécessairement posséder le microorganisme en question ni transférer son ADN d'un emplacement à un autre.

18. Il va de soi que l'«information de séquençage numérique» peut être générée à partir de RGAA de tous types: microbes, plantes ou animaux. Elle contribue à la conservation et à diverses activités de la chaîne de valeur qui s'appuient sur la description taxonomique, l'identification de traits, la sélection, la certification, les matières premières et les nouveaux produits. Les exemples présentés dans l'Étude portent autant sur les microbes que sur les végétaux et les animaux, afin de montrer que le secteur n'est pas dépendant du volume d'informations utilisé.

¹⁸ Voir Étude de référence n° 52.

¹⁹ Voir Étude de référence n° 68.

19. La valeur d'une ressource génétique n'est plus limitée à sa biologie. L'ampleur et la rapidité avec lesquelles les informations relatives aux organismes sont collectées peut générer des utilisations et des revenus futurs, indépendamment de l'organisme à partir duquel le matériel génétique a été initialement obtenu. L'«information de séquençage numérique» a atteint le niveau des «mégadonnées». L'utilisation de ces mégadonnées peut permettre de créer de la valeur pour les RGAA, autre que celle qui résulte de la possession, de l'utilisation ou de la gestion de ces ressources, tout en apportant de l'aide et des produits à ceux qui possèdent, utilisent et gèrent les RGAA.

20. L'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA est stockée par des moyens électroniques/numériques. Le volume des informations détenues à titre privé est inconnu. Le public a accès au contenu et à la fonctionnalité d'environ 1700 bases de données en ligne, avec des infrastructures situées principalement dans les pays développés. La disponibilité de cette information pour le public n'est cependant pas synonyme d'accessibilité. En effet, des compétences en bioinformatique sont nécessaires pour accéder à ces volumes importants de données.

21. L'«information de séquençage numérique» permet à différents types de sociétés et d'acteurs de participer à la caractérisation, à la conservation et à l'utilisation durable des RGAA. Des chaînes de valeur se développent actuellement dans tous les domaines: des nanobiotechnologies aux séquenceurs manuels utilisés dans les exploitations agricoles, aux conseils personnalisés en matière de gestion, en passant par la biologie synthétique et la bioinformatique. Les coûts décroissants du séquençage et de la synthèse faciliteront l'accès des chercheurs, des agriculteurs et du public aux outils nécessaires.

22. Le séquençage et la synthèse d'ADN coûtent de moins en moins cher mais les coûts associés au travail avec d'autres types de matériel biologique ainsi que le coût élevé des équipements électroniques et de la formation des spécialistes, continuent cependant de rendre difficile pour certains pays d'utiliser ou de tirer pleinement profit de l'utilisation de l'«information de séquençage numérique».

IV. STATUT JURIDIQUE DE L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE» CONCERNANT LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTAION ET L'AGRICULTURE

23. Le Protocole de Nagoya dispose que «les avantages découlant de l'utilisation des ressources génétiques et des applications et de la commercialisation subséquentes sont partagés de manière juste et équitable avec la Partie qui fournit lesdites ressources et qui est le pays d'origine de ces ressources ou une Partie qui a acquis les ressources génétiques conformément à la Convention»²⁰.

24. Les avis sont partagés sur la question de savoir si l'«information de séquençage numérique» peut être considérée comme une ressource génétique. Les opinions divergent également au sujet des conditions dans lesquelles le séquençage d'ADN, c'est à dire le processus permettant de déterminer l'ordre des nucléotides de l'ADN ou de l'ARN, ainsi que les activités de criblage peuvent être qualifiées d'« utilisation». Du point de vue juridique, le fait de considérer l'«information de séquençage numérique» comme étant une ressource génétique pourrait être synonyme d'obligations telles que le consentement préalable en connaissance de cause, les conditions convenues d'un commun accord et le partage des avantages. Si l'«information de séquençage numérique» est considérée comme étant uniquement le produit de l'utilisation d'une ressource génétique, il pourrait y avoir obligation de partager les avantages découlant de cette information ou de ses applications et de sa commercialisation ultérieures²¹. La question se pose aussi de savoir si le droit au partage des avantages est annulé à partir d'un certain «seuil» ou s'étend à toute utilisation ultérieure qui génère des avantages.

²⁰ Protocole de Nagoya, article 5.1.

²¹ Voir le rapport du Groupe spécial d'experts techniques chargé de l'«information de séquençage numérique» sur les ressources génétiques (CBD/DSI/AHTEG/2018/1/4), annexe, paragraphe 7 f).

TABLEAU 1 : EXEMPLES D'UTILISATIONS COURANTES DE L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE» CONCERNANT LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE

Ressources zoogénétiques
<ul style="list-style-type: none"> • Un exemple de l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» pour la caractérisation des ressources zoogénétiques est la sélection génomique, qui fait appel à des marqueurs génétiques portant sur l'ensemble du génome pour prédire la valeur génétique de certains animaux. Le raccourcissement des intervalles entre les générations permet d'accélérer le processus de sélection. • L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour diagnostiquer et prévenir des maladies. • L'outil de correction de séquence génomique CRISPR/Cas9 guidé par l'«information de séquençage numérique» du gène BCO2 a été utilisé sur les zygotes unicellulaires de mouton tan, donnant naissance à des animaux portant le gène BCO2 modifié, sur un seul allèle ou sur les deux. Les animaux bialléliques (portant des mutations sur les deux gènes BCO2) présentaient des graisses beaucoup plus jaunes. • L'«information de séquençage numérique» du microbiome de la panse des ruminants et son utilisation dans la gestion des ressources zoogénétiques. De nombreuses études métagénomiques du microbiome de la panse des ruminants ont été réalisées. Elles ont permis de générer de l'«information de séquençage numérique» qui sera utilisée à la fois pour augmenter l'efficacité de l'alimentation et réduire les émissions de gaz à effet de serre.
Ressources génétiques aquatiques
<ul style="list-style-type: none"> • L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour caractériser les gènes qui contribuent à la plasticité phénotypique du poisson. • Cette information contribue à la cryoconservation du sperme, et dans une moindre mesure des ovules, des embryons et de certaines larves d'invertébrés; aux technologies de reproduction et à la détection d'hybrides; ainsi qu'au diagnostic et à la prévention des maladies. • La vérification de l'étiquetage des produits à l'aide de l'«information de séquençage numérique» peut être utilisée pour la traçabilité et le respect des lois régissant de la conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques aquatiques.
Ressources génétiques forestières
<ul style="list-style-type: none"> • L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour répertorier les espèces, les sous-espèces et les hybrides, ainsi que pour sélectionner le matériel génétique destiné au stockage ou à la micropropagation. • Son utilisation en génomique prédictive pourrait contribuer à la conservation des arbres en permettant de déterminer l'environnement le plus adapté à leur génotype et en facilitant leur migration. • Elle offre un potentiel considérable pour la sélection d'arbres forestiers, en contribuant à diminuer les problèmes posés par les niveaux élevés d'hétérozygotie, le nombre important d'espèces sauvages et la longueur du temps de reproduction.
Ressources phytogénétiques
<ul style="list-style-type: none"> • L'«information de séquençage numérique» est à la base de la sélection assistée par marqueurs des programmes de sélection assistée par les technologies génomiques. Elle contribue à la sécurité alimentaire et à la nutrition en fournissant des outils de sélection améliorés. • Elle favorise l'utilisation des marqueurs moléculaires, des technologies génomiques, de la cryoconservation, de l'entreposage <i>in vitro</i> en croissance ralentie, du croisement éloigné, de l'hybridation somatique, de la micropropagation et des biotechnologies appliquées au diagnostic de maladies. • Elle est également utilisée pour la protection contre les organismes nuisibles. L'«information de séquençage numérique» issue de profils génomiques et métagénomiques est utilisée pour élaborer des pesticides agissant sur l'ADN ou sur l'ARN, souvent désignés sous le terme de «pesticides biologiques» ou de «pesticides biologiques agricoles» afin de les distinguer des pesticides chimiques de synthèse.

Ressources génétiques des microorganismes et des invertébrés
<ul style="list-style-type: none"> • L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour générer des marqueurs moléculaires et pour les analyses génomiques permettant de caractériser les ressources génétiques des microorganismes et des invertébrés, mais aussi pour la détection des agents pathogènes et des agents de contamination alimentaire. • Elle est utilisée pour l'élaboration de marqueurs moléculaires, les technologies génomiques, la cryoconservation et la détection de pathogènes.

- L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour générer des marqueurs moléculaires et pour les analyses génomiques permettant de caractériser les ressources génétiques des microorganismes et des invertébrés, mais aussi pour la détection des agents pathogènes et des agents de contamination alimentaire.
- Elle est utilisée pour l'élaboration de marqueurs moléculaires, les technologies génomiques, la cryoconservation et la détection de pathogènes.

25. Des inquiétudes ont été exprimées quant au fait que l'«information de séquençage numérique» obtenue grâce aux avancées technologiques pourrait entraver la mise en œuvre des dispositions relatives à l'accès et au partage des avantages. En effet, les utilisateurs n'auraient plus à demander l'accès aux ressources biologiques initiales, ce qui leur permettrait de contourner les procédures relatives à l'accès et au partage des avantages. On constate en revanche que conformément à l'article 5 du Protocole de Nagoya, les avantages découlant «des applications et de la commercialisation subséquentes» de l'utilisation des ressources génétiques doivent également être partagés.

26. Certains craignent que des coûts supplémentaires de mise en conformité ou de souscription ne constituent un frein à la distribution des ressources destinées à la recherche en amont, notamment au cas où l'information n'était pas générée ou était maintenue secrète. D'autres soutiennent que l'absence d'un cadre juridique régissant l'accès à l'«information de séquençage numérique» et le partage de ses avantages pourrait inciter les pays à restreindre l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» extraite des ressources génétiques qu'ils fournissent.

27. Malgré les divergences d'opinions, il semble être admis que la question de l'«information de séquençage numérique» et ses incidences sur la conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques, de même que le partage juste et équitable des avantages, méritent un examen plus approfondi.

V. TRAVAUX RÉALISÉS DANS D'AUTRES INSTANCES

Convention sur la diversité biologique/Protocole de Nagoya

28. La Conférence des Parties (COP) à la Convention sur la diversité biologique (CDB), à sa treizième réunion, et la COP siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya, à sa deuxième réunion, ont adopté, au titre de la CDB et du Protocole de Nagoya, des décisions concernant l'«information de séquençage numérique», par lesquelles elles reconnaissent la nécessité d'une approche coordonnée, qui évite les doubles emplois (documents CBD COP XIII/16 et NP-2/14 respectivement). Elles ont décidé de prendre en compte, lors de leurs prochaines réunions, des incidences éventuelles de l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» sur les ressources génétiques, dans le cadre des trois objectifs de la CDB et de l'objectif du Protocole de Nagoya.

29. Les Parties ont également convenu d'un processus permettant de faciliter la prise en compte de cette question, notamment: des consultations avec les gouvernements, les populations autochtones et les communautés locales, ainsi que les organisations et les parties prenantes concernées²²; la préparation d'une étude exploratoire de cadrage permettant de clarifier la terminologie et les concepts employés, et d'évaluer la portée et les modalités et conditions relatives à l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» dans le cadre de la CDB et du Protocole de Nagoya²³; la mise en place d'un groupe spécial d'experts techniques qui se penchera, entre autres, sur le champ d'application technique et les incidences d'ordre juridique et scientifique de la terminologie existante relative à l'«information de séquençage numérique»²⁴.

²² Voir le document intitulé *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* ([CBD/SBSTTA/22/INF/2](#) & [CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2/Add.1](#)).

²³ Voir le document intitulé *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* ([CBD/DSI/AHTEG/2018/1/3](#)).

²⁴ Voir le rapport du Groupe spécial d'experts techniques chargé de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques ([CBD/SBSTTA/22/INF/4](#)).

30. En examinant cette question lors de la quatorzième réunion de la Conférence des Parties, les Parties ont noté «des divergences d'opinions [...] au sujet du partage des avantages découlant de l'utilisation de «l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques» et se sont engagées à travailler à résoudre ces divergences au moyen d'un «processus fondé sur la science et les politiques»²⁵, avec pour objectif de «renforcer la réalisation du troisième objectif de la Convention sur la diversité biologique (CDB) et du paragraphe 7 de l'article 15, sans préjudice aux circonstances dans lesquelles s'applique cet article»²⁶. Ce processus comprend des consultations, la mise en place d'un groupe spécial élargi d'experts techniques et la préparation de quatre études validées par des pairs, portant notamment sur:

- i) le concept et le champ d'application de l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques» et la manière dont cette information est actuellement utilisée, en se fondant sur l'étude exploratoire déjà réalisée²⁷;
- ii) les évolutions actuellement observées dans le domaine de la traçabilité de l'information numérique, y compris la prise en compte de cette traçabilité dans le cadre des bases de données et la manière dont cela pourrait éclairer les débats portant sur l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques;
- iii) les bases de données publiques, et éventuellement privées, de l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques, y compris les modalités et conditions dans lesquelles l'accès est autorisé ou contrôlé, le champ d'application biologique et la taille des bases de données, le nombre et l'origine des adhésions, les politiques de gouvernance, les fournisseurs et les utilisateurs de ces informations, et l'encouragement des propriétaires de bases de données privées à fournir les informations nécessaires;
- iv) la manière dont les mesures applicables au niveau national, abordent le partage des avantages découlant des utilisations commerciale et non-commerciale de l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques, ainsi que l'utilisation de ces informations en recherche-développement²⁸.

31. Les résultats obtenus par le groupe spécial élargi d'experts techniques seront étudiés par un groupe de travail intersessions à composition non limitée, mis en place par la Conférence des Parties à l'appui de la préparation du cadre mondial sur la biodiversité pour l'après-2020²⁹. Le groupe de travail intersessions à composition non-limitée doit adresser des recommandations la Conférence des Parties, à sa quinzième réunion, sur la manière d'aborder l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques, dans le contexte du cadre mondial sur la biodiversité pour l'après-2020³⁰. Le groupe de travail intersessions à composition non-limitée est également prié de présenter les résultats de ses délibérations à la COP siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya, à sa quatrième réunion, afin que celle-ci les examine³¹.

Traité international sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture

32. Le Traité international sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (le Traité) a organisé une séance spéciale sur l'information génomique, qui a eu lieu avant sa septième session, le 28 octobre 2017 à Kigali (Rwanda). Une étude commandée par le Secrétariat du Traité sur les incidences potentielles des nouveaux parcours de recherche de la biologie synthétique et de la génomique sur le Traité international sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (*Potential implications of new synthetic biology and genomic research trajectories on the*

²⁵ Décision 14/20, paragraphe 8.

²⁶ Décision 14/20, paragraphe 6.

²⁷ *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* ([CBD/DSI/AHTEG/2018/1/3](https://www.cbd.int/doc/2018/1/3/CBD/DSI/AHTEG/2018/1/3)).

²⁸ Décision 14/20, paragraphe 11.

²⁹ Voir Décision 14/34.

³⁰ Décision 14/20, paragraphe 12.

³¹ Décision NP-3/12, paragraphe 3.

*International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture*³²⁾ a été et présentée lors de cette manifestation spéciale.

33. L'Organe directeur du Traité, à sa septième session, s'est penché sur la question de l'«information de séquençage numérique» dans le cadre du projet de Programme de travail pluriannuel pour 2018-2025. Il a décidé d'étudier, à sa huitième session, les éventuelles incidences de l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques sur les objectifs du Traité, et d'envisager leur insertion, au cours de cette réunion, dans le Programme de travail pluriannuel. Il a également invité les Parties contractantes, les autres gouvernements, les parties prenantes concernées et les personnes possédant l'expertise appropriée sur cette question, à lui fournir des informations concernant, entre autres, la terminologie utilisée dans ce domaine, les acteurs concernés, les différents types d'utilisation et leur portée (notamment la caractérisation, la sélection et l'amélioration génétique, la conservation, le recensement des ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (RPGAA) et la pertinence de l'«information de séquençage numérique» concernant les RPGAA du point de vue de la sécurité alimentaire et de la nutrition). Ces informations permettront de faciliter la prise en compte par l'Organe directeur, à sa huitième session, des incidences potentielles de l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» concernant les RPGAA sur les objectifs du Traité international, y compris sur l'échange, l'accès et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation³³.

34. S'agissant du Système multilatéral d'accès et de partage des avantages, l'Organe directeur a mis en place un Groupe de contact chargé de l'aider à faire avancer le processus visant à améliorer le Système. Le Groupe de travail à composition non limitée chargé d'améliorer le fonctionnement du Système multilatéral d'accès et de partage des avantages, dont l'Organe directeur a prolongé le mandat pour l'exercice biennal 2018-2019, doit se pencher sur les questions ayant trait à l'information génétique associée au matériel issu du Système multilatéral, notamment dans le cadre de l'Accord type de transfert de matériel³⁴.

35. S'agissant du Système mondial d'information sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture du Traité, l'Organe directeur a décidé d'inclure dans le cadre de référence du Comité scientifique consultatif sur le Système mondial d'information, pour l'exercice biennal 2018-2019, la prise en compte des questions d'ordre scientifique et technique ayant trait aux informations génétiques générées à partir de l'utilisation de RPGAA et liées à la mise en œuvre du Système mondial d'information³⁵.

Organisation mondiale de la santé

36. Le Cadre de préparation en cas de grippe pandémique pour l'échange des virus grippaux et l'accès aux vaccins et autres avantages (PIP)³⁶, adopté en 2011 par l'Assemblée mondiale de la Santé, a pour objectif d'améliorer la préparation et la réaction et de renforcer la protection en cas de grippe pandémique, aux fins de créer un système juste, transparent, équitable et efficace, qui place sur un pied d'égalité l'échange de virus de la grippe susceptibles de provoquer une pandémie humaine, l'accès aux vaccins et le partage des avantages.

37. Le Groupe d'examen, mis en place en 2016 conformément au Cadre PIP, a constaté que les principes de ce Cadre étaient aussi pertinents qu'en 2011 et a conclu que «certaines questions essentielles doivent être abordées afin que le Cadre PIP demeure pertinent, notamment concernant la manière dont les données sur les séquences génétiques doivent être maniées au titre de ce Cadre»³⁷.

³² http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/faoweb/plant-treaty/GB7/gb7_90.pdf.

³³ Résolution 13/2017.

³⁴ Résolution 2/2017.

³⁵ Résolution 5/2017, paragraphe 9. Voir aussi le document intitulé [Invitation to submit views and other information on "Digital sequence information"](#) du 3 décembre 2018.

³⁶ http://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/44796/9789241503082_eng.pdf?sequence=1.

³⁷ Groupe d'examen du Cadre PIP 2016. [Review of the Pandemic Influenza Preparedness Framework, Report by the Director General](#). Geneva:Organisation mondiale de la Santé, p. 13.

38. Le Cadre PIP fait référence aux «données sur les séquences génétiques»³⁸ et encourage les pays à échanger ces données de façon rapide, systématique et en temps utile³⁹. Ces données ne sont cependant pas définies en tant que matériel biologique. Par conséquent, le régime relatif au partage des avantages, applicable aux matériels biologiques au titre du Cadre PIP, ne prend pas pleinement en considération les données sur les séquences génétiques. Le Groupe d'examen du Cadre PIP a donc conclu qu'il est urgent d'apporter des précisions concernant le maniement des données sur les séquences génétiques au titre du Cadre PIP, afin de veiller à ce que les principes appliqués soient les mêmes que ceux qui régissent le partage de matériel génétique.

39. En mai 2017, suite au rapport du Groupe d'examen du Cadre PIP⁴⁰, l'Assemblée mondiale de la Santé a demandé au Directeur général de l'OMS de réaliser, entre autres, une analyse approfondie et délibérée des questions soulevées par le Groupe d'examen du Cadre PIP, notamment concernant les données sur les séquences génétiques. À l'issue de consultations intensives et suite à la publication d'un projet d'analyse en septembre 2018, l'Organisation mondiale de la Santé a publié une analyse le 14 décembre 2018⁴¹. Cette analyse présente les incidences potentielles des approches possibles à la grippe saisonnière et aux données sur les séquences génétiques, conformément au Cadre PIP. Le Conseil exécutif de l'OMS, à sa cent quarante-quatrième session, examinera un projet de décision sur cette question, qui sera présenté à l'Assemblée mondiale de la Santé, à sa soixante-douzième session⁴².

VI. INDICATIONS QUE LA COMMISSION EST INVITÉE À DONNER

40. La Commission souhaitera peut-être:

- i. envisager la nécessité de procéder à une analyse plus approfondie de l'«information de séquençage numérique» dans le cadre des préparatifs à sa prochaine session;
- ii. demander aux organes subsidiaires de la Commission et à la Commission elle-même de se pencher sur la question de l'«information de séquençage numérique» et sur ses incidences sur la conservation et l'utilisation durable des RGAA, ainsi que sur le partage des avantages découlant de leur utilisation
- iii. inviter les pays et les parties prenantes concernées à apporter leur appui au renforcement des capacités humaines et à fournir un soutien financier afin de permettre aux pays, notamment aux pays en développement, d'utiliser et de mettre à profit l'«information de séquençage numérique»;
- iv. demander à la FAO d'aborder les questions relatives au statut et à l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA, dans ses futurs rapports sur *l'État des ressources génétiques* et *l'État de la biodiversité pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde*.

³⁸ L'expression «séquences génétiques» désigne l'ordre des nucléotides au sein d'une molécule d'ADN ou d'ARN. Ces séquences contiennent l'information génétique qui détermine les caractéristiques biologiques d'un organisme ou d'un virus (Cadre PIP, section 4.1).

³⁹ Cadre PIP, section 5.2.1.

⁴⁰ Groupe d'examen du Cadre PIP 2016. [Review of the Pandemic Influenza Preparedness Framework, Report by the Director General. Geneva: Organization mondiale de la santé.](#)

⁴¹ Organisation mondiale de la santé. 2018. [Approaches to seasonal influenza and genetic sequence data under the PIP Framework.](#)

⁴² http://apps.who.int/gb/ebwha/pdf_files/EB144/B144_23-fr.pdf.