



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

Point 7 de l'ordre du jour provisoire

GROUPE DE TRAVAIL TECHNIQUE INTERGOUVERNEMENTAL SUR LES RESSOURCES PHYTOGÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE

Onzième session

Rome, 18-20 avril 2023

INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE ET RESSOURCES GÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE

TABLE DES MATIÈRES

	Paragraphes
I. Introduction	1-3
II. Le rôle de l'information de séquençage numérique dans l'alimentation et l'agriculture	4-16
III. Atelier mondial sur l'information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture	17-18
IV. Travaux réalisés dans d'autres instances	19-43
V. Réglementation de l'accès à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques et du partage des avantages en découlant	44-50
VI. Indications que le Groupe de travail est invité à donner	51

I. INTRODUCTION

1. À sa 18^e session ordinaire, la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture a pris note des applications actuelles et potentielles de l'information de séquençage numérique aux fins de la conservation et de l'utilisation durable des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (RGAA). Elle a insisté sur les possibilités d'innovation offertes par l'information de séquençage numérique en matière de recherche-développement sur les RGAA ainsi que sur les difficultés que rencontrent de nombreux pays qui cherchent à développer les capacités techniques, institutionnelles et humaines nécessaires à l'utilisation de cette information au service de la recherche-développement¹.

2. Eu égard à l'information de séquençage numérique, la Commission, à sa dernière session, a formulé plusieurs demandes. Elle a notamment demandé à la Secrétaire de la Commission:

- d'élaborer un document reprenant les pratiques et données d'expérience les plus importantes concernant la manière dont l'information de séquençage numérique est produite, stockée, obtenue et utilisée aux fins de la recherche-développement sur les RGAA, y compris des renseignements utiles sur la protection de la propriété intellectuelle²;
- de présenter à la Convention sur la diversité biologique (CDB) une liste d'exemples d'applications actuelles et potentielles de l'information de séquençage numérique aux fins de la conservation et de l'utilisation durable des RGAA³;
- d'organiser un atelier intersessions, en collaboration avec les secrétariats des organisations et instruments concernés, afin de faire mieux connaître aux parties intéressées l'importance de l'information de séquençage numérique pour la conservation et l'utilisation durable des RGAA et le partage des avantages qui en découlent, d'analyser ce qui se fait de plus avancé en matière d'information de séquençage numérique relative aux ressources génétiques, de communiquer les incidences que pourraient avoir les technologies apparentées sur la recherche-développement sur les RGAA et d'examiner les problèmes à régler pour que l'information de séquençage numérique puisse être utilisée et pleinement exploitée⁴;
- de continuer à suivre l'évolution des travaux au sein d'autres instances en ce qui concerne l'information de séquençage numérique en vue:
 - d'en examiner les effets sur l'accès aux RGAA, leur utilisation et le partage des avantages qui en découlent afin de cerner, s'il y a lieu, les principaux aspects qu'il convient de prendre en compte lorsqu'il est question d'information de séquençage numérique, de faciliter l'accès aux RGAA et de créer des conditions dans lesquelles il sera favorisé, ainsi que pour améliorer la capacité de produire, d'utiliser, de mettre en commun et d'obtenir des données aux fins de la conservation, de la mise en valeur et de l'utilisation durable des RGAA⁵;
 - de concourir à l'analyse des possibilités, y compris les mécanismes multilatéraux relatifs à l'accès et au partage des avantages, étudiées dans le cadre de la CDB, et de présenter aux groupes de travail, à l'Équipe de spécialistes des questions techniques et juridiques relatives à l'accès et au partage des avantages et à la Commission un rapport sur ce que cela suppose pour les RGAA, notamment les éventuelles possibilités, difficultés et lacunes associées aux différentes options, afin qu'ils l'examinent à leurs prochaines sessions et en tiennent compte pour leurs travaux futurs⁶.

¹ CGRFA-18/21/Report, paragraphe 32.

² CGRFA-18/21/Report, paragraphe 35.

³ CGRFA-18/21/Report, paragraphe 36.

⁴ CGRFA-18/21/Report, paragraphe 38.

⁵ CGRFA-18/21/Report, paragraphe 39.

⁶ CGRFA-18/21/Report, paragraphe 37.

3. Le présent document donne des renseignements sur la production, le stockage, l'obtention et l'utilisation de l'information de séquençage numérique aux fins de la recherche-développement sur les RGAA (section II). Il présente ensuite un compte rendu de l'atelier mondial intersessions tenu en novembre 2022 sur l'information de séquençage numérique et les RGAA (section III) ainsi qu'une synthèse des travaux réalisés dans d'autres instances (section IV). Enfin, il expose les solutions actuellement à l'étude pour réglementer l'accès à l'information de séquençage numérique et le partage des avantages en découlant (section V). Au moment de la rédaction du présent rapport, la 15^e réunion de la Conférence des Parties à la CDB (7-19 décembre 2022) n'avait pas encore eu lieu. Les conclusions pertinentes de cette réunion seront communiquées au Groupe de travail lors de la session. On trouvera de plus amples informations dans l'étude intitulée *The role of digital sequence information in the conservation and sustainable use of genetic resources for food and agriculture: Opportunities and challenges* (Le rôle de l'information de séquençage numérique dans la conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture: possibilités et défis)⁷.

II. LE RÔLE DE L'INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE DANS L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE

4. Il n'existe pas de définition universellement admise de l'expression «information de séquençage numérique». Cette notion peut avoir un champ d'application allant des séquences d'ADN et d'ARN aux métabolites et autres macromolécules, en passant par les séquences de protéines, mais elle peut aussi englober des informations et des connaissances traditionnelles connexes. Jusqu'à ce jour, les tentatives visant à aboutir à un consensus sur la définition de l'information de séquençage numérique ou sur la terminologie à utiliser n'ont pas porté leurs fruits. L'expression «information de séquençage numérique» est donc employée à titre provisoire en attendant qu'un accord soit trouvé concernant une définition précise de ce terme ou concernant l'emploi d'un terme de remplacement.

5. Comme indiqué à la Commission à sa dernière session, le Groupe spécial d'experts techniques chargé de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques (ci-après le «Groupe spécial d'experts techniques»), établi à la 14^e réunion de la Conférence des Parties à la CDB, a divisé le champ d'application potentiel de l'information de séquençage numérique en trois groupes, sur la base du degré de traitement biologique et de la proximité avec la ressource génétique sous-jacente. Le groupe 1 comprend l'ADN et l'ARN. Le groupe 2, en plus de l'ADN et de l'ARN, comprend les protéines et les modifications épigénétiques. Le groupe 3, en plus de tous les éléments des groupes 1 et 2, comprend les métabolites et autres macromolécules. Les informations connexes, autres que les informations génétiques et biochimiques, n'ont pas été considérées comme étant de l'information de séquençage numérique (connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques, données comportementales, informations sur les liens écologiques, par exemple)⁸.

6. Quelle que soit la définition retenue pour l'information de séquençage numérique, le risque est qu'elle ne puisse pas englober les avancées technologiques à venir. En 2018, Heinemann, Coray et Thaler ont donc proposé que l'information de séquençage numérique, ou tout autre terme qui sera adopté, englobe le type d'information qui figure, ou pourrait à terme figurer, dans les bases de données telles que celles qui sont actuellement utilisées et répertoriées par la revue scientifique *Nucleic Acids Research*⁹. Publiée depuis 1974, *Nucleic Acids Research* (NAR) est une revue scientifique en accès libre soumise à un comité de lecture. Depuis 1991, le premier numéro de chaque année présente une vue d'ensemble des bases de données biologiques.

7. Un consensus au sujet de la définition de l'information de séquençage numérique dépendra, en définitive, des règles régissant l'accès à cette information et le partage des avantages en découlant; et, inversement, l'élaboration de ces règles dépendra de ce qui sera au bout du compte considéré comme une information de séquençage numérique. Dans le contexte des RGAA, l'information de séquençage numérique sur les RGAA peut se rapporter aux informations de ce type obtenues à partir des RGAA. Cependant, les activités de recherche-développement sur les RGAA et l'information de séquençage

⁷ CGRFA/WG-PGR-11/23/7/Inf.1.

⁸ CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7.

⁹ Étude de référence n° 68.

numérique concernant les RGAA pourraient bien impliquer du matériel génétique et des informations de séquençage numérique obtenus à partir d'organismes qui ne sont pas des RGAA. La question reste donc ouverte de savoir si l'information de séquençage numérique concernant les RGAA comprend l'information de séquençage numérique issue d'organismes qui ne sont pas des RGAA (notamment l'information associée à de nouveaux traits exprimés par des organismes qui ne sont pas des RGAA), lorsque celle-ci est utilisée dans le cadre d'activités de recherche-développement sur les RGAA.

Importance de l'information de séquençage numérique pour l'alimentation et l'agriculture

8. Les applications actuelles et potentielles de l'information de séquençage numérique montrent que la production, le stockage, l'obtention et l'utilisation de cette information sont essentiels à la caractérisation de tous les types de biodiversité pour l'alimentation et l'agriculture, et sont des outils importants pour mettre en place une agriculture durable. Les exemples d'applications actuelles et potentielles de l'information de séquençage numérique qui sont pertinentes aux fins de la conservation et de l'utilisation durable des RGAA, examinés par les groupes de travail techniques intergouvernementaux de la Commission en 2021, témoignent clairement de l'importance de l'information de séquençage numérique et des technologies apparentées pour l'ensemble des sous-secteurs des RGAA¹⁰. Dans leur étude parue en 2018, Heinemann, Coray et Thaler ne relèvent pas de différences avérées ni potentielles importantes entre les technologies appliquées dans les différents sous-secteurs des RGAA.

9. Comme demandé par la Commission, la liste répertoriant l'ensemble des exemples a été présentée à la CDB par la Secrétaire de la Commission¹¹ afin de communiquer des informations sur l'importance que pourrait avoir, à l'avenir, l'information de séquençage numérique au regard de la caractérisation, de la conservation et de l'utilisation durable des RGAA et du partage juste et équitable des avantages qui en découlent, ainsi que sur son intérêt et ses incidences possibles s'agissant de ces ressources.

10. Comme indiqué dans l'étude intitulée *The role of digital sequence information in the conservation and sustainable use of genetic resources for food and agriculture: Opportunities and challenges*¹², les avancées réalisées dans le séquençage de l'ADN offrent la possibilité d'améliorer la sécurité alimentaire et l'utilisation durable de la biodiversité mondiale, notamment au profit des personnes les plus pauvres au monde¹³. De nombreuses publications mettent en évidence l'impact des études relatives à l'information de séquençage numérique sur la recherche-développement dans le domaine des RGAA. Les technologies dites «omiques», un ensemble d'outils et de techniques de recherche qui permettent aux chercheurs de recueillir des données sur les systèmes biologiques à une échelle très vaste ou presque complète¹⁴, comprennent le séquençage de génomes individuels et de génomes de communautés entières (génomique, métagénomique), la caractérisation et la quantification de l'expression génique (transcriptomique, métatranscriptomique) ainsi que l'étude des métabolites (métabolomique), de la teneur en protéines (protéomique) et de la phosphorylation (phosphoprotéomique). Ces technologies peuvent favoriser l'ingénierie génétique, par exemple chez les végétaux et les micro-organismes, la compréhension et la surveillance des écosystèmes, ainsi que la santé humaine et animale.

11. Des recherches effectuées dans la base de données CAB Abstracts du Centre for Agriculture and Bioscience International (CABI), qui contient 10,9 millions d'entrées, ont permis de trouver de nombreux exemples de publications qui montrent la contribution importante de l'information de séquençage numérique à l'amélioration de la production végétale et à la lutte contre les nouvelles

¹⁰ CGRFA-18/21/8.2, paragraphes 32 à 35; CGRFA-18/21/9.1, paragraphes 26 à 30; CGRFA-18/21/10.1, paragraphes 31 à 39 et annexe C; CGRFA-18/21/12.1, paragraphes 46 à 50.

¹¹ CBD/WG2020/3/INF/9.

¹² CGRFA/WG-PGR-11/23/7/Inf.1.

¹³ Cowell, C., Paton, A., Borrell, J.S., Williams, C., Wilkin, P., Antonelli, A., Baker, W.J. *et al.* 2022. «Uses and benefits of digital sequence information from plant genetic resources: Lessons learnt from botanical collections». *Plants People Planet*, vol. 4, p. 33-43. <https://doi.org/10.1002/ppp3.10216>.

¹⁴ Hurgobin, B. et Lewsey, M.G. 2022. «Applications of cell- and tissue-specific 'omics to improve plant productivity». *Emerging Topics in Life Sciences*, vol. 6, p. 163-173. <https://doi.org/10.1042/ETLS20210286>.

maladies et le changement climatique. Les recherches ont également mis en lumière une augmentation du nombre de publications sur l'information de séquençage numérique, qui est passé de 20 000 en 2002 à 1 180 915 en 2022 (soit près de 12 pour cent des entrées). Les publications scientifiques sur l'atténuation du changement climatique et l'amélioration des rendements des principales cultures mondiales ont également fait l'objet de recherches. Les exemples trouvés comprennent: la découverte de gènes candidats permettant d'améliorer la tolérance du blé aux stress abiotiques; la contribution de l'information de séquençage numérique à la compréhension et à la manipulation de la tolérance du riz à la sécheresse et à la chaleur; l'utilisation de technologies fondées sur l'information de séquençage numérique pour améliorer les rendements et la teneur en amidon du maïs; le renforcement, grâce à l'information de séquençage numérique, de la résistance aux maladies et de la tolérance à la sécheresse et au sel du pois chiche. Ces exemples illustrent le rôle croissant de l'information de séquençage numérique dans la recherche sur l'atténuation du changement climatique, l'amélioration de la production végétale et la réduction des incidences des maladies.

12. En résumé, l'information de séquençage numérique est largement utilisée dans tous les sous-secteurs des RGAA et constitue une composante courante de la quasi-totalité des travaux de recherche qui sont menés dans le domaine des sciences biologiques. On pourrait en conclure que l'information de séquençage numérique concernant les RGAA est indispensable à l'élaboration de produits, y compris à l'amélioration des RGAA, et que cette information devrait devenir plus importante (qu'elle soit obtenue à partir des RGAA ou non), en particulier en raison de sa disponibilité croissante.

Production et stockage de l'information de séquençage numérique

13. On doit essentiellement la production de l'information de séquençage numérique à l'accélération, à la baisse des coûts et à la plus grande précision des technologies de séquençage que l'on a observées ces dernières années¹⁵. Les données sont stockées dans de nombreuses bases de données, publiques ou privées. Une quantité considérable d'informations de séquençage numérique est stockée dans quelque 1 700 bases de données et répertoires d'information biologique et d'informations connexes accessibles au public dans le monde. La Collaboration internationale de bases de données sur le séquençage des nucléotides (International Nucleotide Sequence Data Collaboration, INSDC) entre GenBank (États-Unis d'Amérique), les archives de nucléotides européennes (Royaume-Uni de Grande-Bretagne et d'Irlande du Nord) et la banque de données ADN (Japon) a donné naissance au principal registre d'informations de séquençage numérique accessibles au public. Les trois bases de données échangent régulièrement des données et tiennent à jour l'ensemble des informations publiées. Peu d'informations sont disponibles sur les bases de données privées.

Accès aux bases de données publiques

14. L'INSDC applique une politique uniforme de partage des données qui donne accès librement et sans restriction à l'ensemble des entrées, sans aucune limite d'utilisation ni aucune exigence en matière de licence et sans application de frais de diffusion ou d'utilisation. Des séquences brevetées peuvent être déposées auprès de l'INSDC. Cependant, l'INSDC ne joindra aux entrées aucune déclaration qui aurait pour effet de limiter l'accès aux données ou l'utilisation de celles-ci ou d'interdire que certains types de publications ne s'appuient sur ces données¹⁶.

Exploitation de l'information de séquençage numérique

15. Cependant, l'accès sans restriction aux bases de données publiques ne signifie pas que l'information de séquençage numérique peut être utilisée par tous de la même façon. Des capacités techniques, institutionnelles et humaines considérables sont nécessaires pour accéder au potentiel

¹⁵ Laird, S.A. et Wynberg, R.P. 2018. *A 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/SBSTTA/22/INF/3. Montréal (Canada), secrétariat de la Convention sur la diversité biologique.

¹⁶ Arita, M., Karsch-Mizrachi, I. et Cochrane, G. pour la Collaboration internationale de bases de données sur le séquençage des nucléotides (International Nucleotide Sequence Database Collaboration). 2021. «The international nucleotide sequence database collaboration». *Nucleic Acids Research*, vol. 49, n° D1, p. D121-D124. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa967>.

d'innovation que représente l'information de séquençage numérique et en tirer pleinement parti. À des degrés divers et selon la situation en matière de technologie, de nombreux pays n'ont pas suffisamment accès aux infrastructures techniques et aux ressources financières et humaines nécessaires pour tirer pleinement parti du potentiel qu'offre cette information. Certaines circonstances peuvent entraver l'accès à l'information de séquençage numérique et l'utilisation de cette information, notamment le manque de bio-informaticiens formés, les connaissances limitées en informatique et la rareté des possibilités d'éducation, de formation et de collaboration scientifique, ainsi que d'autres facteurs tels que l'absence d'infrastructures informatiques, d'un réseau électrique stable et de connexion internet à haut débit. Afin de faciliter l'utilisation de l'information de séquençage numérique dans le cadre des activités de recherche-développement menées dans les pays en développement, il convient de renforcer ou de développer les capacités, de soutenir le transfert de technologie, les collaborations et les partenariats de recherche, de consolider les infrastructures scientifiques et de dégager les fonds nécessaires.

16. Les problèmes causés par le manque de capacités techniques, institutionnelles et humaines nécessaires pour accéder à l'information de séquençage numérique et faire usage de cette information sont étroitement liés aux difficultés rencontrées quant au stockage, à la distribution et aux outils d'analyse. Compte tenu de la croissance exponentielle des données génomiques, les infrastructures permettant le stockage et la distribution de l'information de séquençage numérique pourraient évoluer à l'avenir. Ces infrastructures sont actuellement financées en grande partie par les fonds publics, mais il se peut que ces fonds ne soient pas toujours disponibles et suffisants. Ainsi, d'autres modèles de financement pourraient devoir être considérés. Ces modèles pourraient entraîner une restriction de l'accès à l'information de séquençage numérique. Toutefois, ils pourraient aussi permettre un financement durable des infrastructures nécessaires aux sciences du vivant sans restriction de l'accès à cette information, intégrer la prise en compte de considérations d'équité et même fournir un cadre relatif aux dispositions sur le partage des avantages, qui prévoirait par exemple le paiement de cotisations pour l'inscription, le dépôt de données, l'accès aux données ou l'adhésion.

III. ATELIER MONDIAL SUR L'INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE CONCERNANT LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE

17. Conformément à la demande de la Commission, l'Atelier mondial sur l'information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture a eu lieu en ligne les 14 et 15 novembre 2022. L'atelier était organisé en collaboration avec la CDB, le Traité international sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, CABI et l'initiative des banques de gènes du CGIAR. Il a rassemblé plus de 500 participants venus de toutes les régions. Cette manifestation a constitué un complément important à la série d'ateliers et de webinaires qui ont été tenus ces trois dernières années sur l'information de séquençage numérique, y compris par la CDB¹⁷. Le premier jour, les présentations et la table ronde qui a suivi portaient essentiellement sur le rôle de l'information de séquençage numérique dans la conservation et l'utilisation durable des RGAA. Le deuxième jour était l'occasion d'entendre les avis des parties prenantes sur l'accès à l'information de séquençage numérique, l'utilisation de celle-ci et le partage des avantages qui en sont tirés; les débats portaient également sur l'information de séquençage numérique dans le contexte de la souveraineté des données autochtones et sur les principes, cadres et défis y relatifs.

18. L'atelier a permis de faire mieux connaître aux parties intéressées des secteurs de l'alimentation et de l'agriculture le rôle que joue l'information de séquençage numérique dans la conservation et l'utilisation durable des RGAA et le partage des avantages qui en découlent. Il a aussi permis de faire le point sur l'utilisation actuelle de l'information de séquençage numérique dans les secteurs de l'alimentation et de l'agriculture, et de réfléchir aux incidences que pourraient avoir les technologies apparentées pour la recherche-développement sur les RGAA. Enfin, les participants ont examiné les défis à relever en ce qui concerne l'accès à l'information de séquençage numérique et son exploitation maximale. Les intervenants et conférenciers ont semblé s'entendre sur le fait qu'un consensus mondial sur le statut de l'information de séquençage numérique et sur l'échange des

¹⁷ <https://www.cbd.int/article/dsi-webinar-series-2020>.

données correspondantes pourrait profiter à l'ensemble des parties intéressées. Le programme de l'atelier, les présentations données par les orateurs principaux et les liens vers la retransmission vidéo sont disponibles sur la page web consacrée à l'atelier¹⁸.

IV. TRAVAUX RÉALISÉS DANS D'AUTRES INSTANCES

19. À sa dernière session, la Commission a prié le secrétariat de continuer à suivre l'évolution des travaux au sein d'autres instances en ce qui concerne l'information de séquençage numérique¹⁹. Cette question fait l'objet de débats dans plusieurs instances, notamment dans le cadre de la CDB, du Protocole de Nagoya et de la Convention des Nations Unies sur le droit de la mer ainsi qu'au sein de l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) et de l'Organisation mondiale de la propriété intellectuelle (OMPI).

Convention sur la diversité biologique et Protocole de Nagoya

20. Les participants à la 13^e réunion de la Conférence des Parties à la CDB et à la 2^e réunion de la Conférence des Parties siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya ont adopté des décisions sur l'information de séquençage numérique dans lesquelles ils reconnaissent la nécessité d'adopter une approche coordonnée et évitant la duplication des efforts concernant cette question au titre de la CDB et du Protocole de Nagoya²⁰. Les Parties sont convenues d'un processus facilitant l'examen de la question, qui prévoit notamment: des concertations avec les pouvoirs publics, les peuples autochtones et les populations locales ainsi que les organisations et les parties intéressées²¹; l'élaboration d'une étude exploratoire visant à recueillir des éléments factuels afin de clarifier la terminologie et les concepts et de déterminer les modalités et la portée de l'utilisation de l'information de séquençage numérique dans le contexte de la CDB et du Protocole de Nagoya²²; la création d'un groupe spécial d'experts techniques chargé, entre autres, de se pencher sur la portée technique et les incidences juridiques et scientifiques de la terminologie existante relative à l'information de séquençage numérique²³.

21. À sa 14^e réunion, la Conférence des Parties à la CDB a examiné les incidences possibles du recours à l'information de séquençage numérique sur la réalisation des trois objectifs de la CDB et s'est engagée à s'employer à résoudre les divergences de vues entre les Parties concernant le partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique²⁴. Elle a mis en place un processus qui prévoit notamment la communication d'avis et d'informations par les Parties²⁵, la commande de quatre études²⁶ et la réalisation de travaux par un groupe spécial d'experts techniques²⁷. À sa 3^e réunion, la Conférence des Parties siégeant en tant que réunion des Parties au

¹⁸ https://www.fao.org/cgrfa/meetings/dsi_workshop_2022/fr/.

¹⁹ CGRFA-18/21/Report, paragraphes 37 et 39.

²⁰ Décisions CBD COP XIII/16 et NP-2/14.

²¹ Voir *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 et CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2/Add.1).

²² Voir *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).

²³ 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) (en anglais).

²⁴ CBD/COP/DEC/14/20.

²⁵ *Compilation of views and information on digital sequence information on genetic resources submitted pursuant to paragraphs 9 and 10 of decision 14/20* (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/INF/1).

²⁶ Voir *Synthesis of views and information related to digital sequence information on genetic resources* (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/2); *Digital sequence information on genetic resources: concept, scope and current use* (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/3); *Combined study on digital sequence information in public and private databases and traceability* (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/4); *Fact-finding Study on How Domestic Measures Address Benefit-sharing Arising from Commercial and Non-commercial Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources and Address the Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources for Research and Development* (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/5).

²⁷ *Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources* (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7).

Protocole de Nagoya s'est félicitée du processus mis en place par la Conférence des Parties à la CDB. Il a été décidé que les conclusions des délibérations du Groupe spécial d'experts techniques seraient examinées par le Groupe de travail à composition non limitée sur le cadre mondial de la biodiversité pour l'après-2020 (ci-après le «Groupe de travail à composition non limitée»), qui devrait adresser des recommandations à la Conférence des Parties à la CDB, à sa 15^e réunion, sur la manière d'aborder l'information de séquençage numérique dans le contexte du Cadre mondial de la biodiversité pour l'après-2020, ainsi que présenter ses résultats à la Conférence des Parties siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya, à sa 4^e réunion.

22. Le Groupe de travail à composition non limitée s'est penché sur la question de l'information de séquençage numérique lors de la première partie, tenue en ligne en août 2021, et de la deuxième partie, tenue à Genève en mars 2022, de sa 3^e réunion. Il a adopté une recommandation sur l'information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques, qui comprend en annexe un projet de décision pour examen par la Conférence des Parties à la CDB. Il a également recommandé que la Conférence des Parties siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya examine la recommandation adoptée ainsi que toute décision préparée par la Conférence des Parties à la CDB à sa 15^e réunion²⁸. À sa 4^e réunion, tenue en juin 2022, le Groupe de travail à composition non limitée a poursuivi son examen du projet de décision de la Conférence des Parties à la CDB sur l'information de séquençage numérique et a adopté une recommandation qui présente les éléments d'un projet de décision de la Conférence des Parties à la CDB. Il a également décidé de tenir sa 5^e réunion en décembre 2022²⁹. Les résultats de cette réunion ainsi que de la 15^e réunion de la Conférence des Parties à la CDB seront présentés lors de la réunion du Groupe de travail technique intergouvernemental.

23. Lors de la première partie de la 3^e réunion du Groupe de travail à composition non limitée, les coprésidents de celui-ci ainsi que la Secrétaire exécutive de la CDB ont également établi un groupe consultatif informel des coprésidents concernant l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques. Le groupe consultatif informel a tenu cinq réunions en ligne de septembre à novembre 2021 et a examiné les conséquences des approches stratégiques, des options et des modalités que l'on pourrait adopter pour partager les avantages issus du recours à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques. Il a également repéré les points de convergence éventuelle et de divergence ainsi que les domaines dans lesquels des travaux complémentaires sur la question pourraient être nécessaires³⁰. À la deuxième partie de sa 3^e réunion, le Groupe de travail à composition non limitée a demandé que le groupe consultatif informel intègre des représentants de la communauté scientifique, du secteur privé, des organisations de la société civile et des bases de données concernés par l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, et poursuive son examen des conséquences des approches stratégiques, des options et des modalités que l'on pourrait adopter pour partager les avantages issus du recours à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques. Le groupe consultatif informel a tenu huit réunions en ligne et poursuivi ledit examen³¹. À la suite de la 4^e réunion du Groupe de travail à composition non limitée, le groupe consultatif informel a tenu cinq réunions en ligne pour examiner les options stratégiques proposées en utilisant une grille d'évaluation comportant des critères prédéfinis³². Les principaux résultats de ces consultations sont examinés ci-après, à la section V.

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

24. À sa 7^e session, l'Organe directeur du Traité international s'est penché sur la question de l'information de séquençage numérique dans le contexte du projet de programme de travail pluriannuel 2018-2025. Il a décidé d'étudier à sa 8^e session les éventuelles incidences de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques pour les objectifs du Traité

²⁸ Recommandation WG2020-3/2.

²⁹ Recommandation WG2020-4/2.

³⁰ CBD/WG2020/3/INF/8.

³¹ CBD/WG2020/4/INF/4.

³² CBD/WG2020/5/INF/1.

international, et d'envisager d'intégrer cette question dans le Programme de travail pluriannuel lors de cette réunion.

25. À sa 8^e session, l'Organe directeur a adopté la résolution 13/2019 sur le Programme de travail pluriannuel, dans laquelle il a notamment demandé au Secrétaire de l'informer à sa 9^e session de l'état d'avancement des débats et des résultats des processus menés au sein de la CDB et de la Commission dans la mesure où ils concernent les éventuelles incidences de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques pour les objectifs du Traité international. Il a également intégré l'information de séquençage numérique à son Programme de travail pluriannuel pour ses 9^e et 10^e sessions.

26. À sa 9^e session, l'Organe directeur a pris note des débats les plus récents du Groupe de travail à composition non limitée de la CDB sur l'information de séquençage numérique et a demandé au Secrétaire de continuer à suivre les débats sur l'information de séquençage numérique et les données de séquençage génétique menés dans d'autres enceintes et de se coordonner avec les secrétariats de la CDB et de la Commission pour tous travaux connexes, afin d'assurer la cohérence et d'éviter les chevauchements d'activités. Il a encouragé les Parties à la CDB, lorsque celles-ci examineraient les décisions qui pourraient être prises pour trouver une solution en faveur d'un partage juste et équitable des avantages liés à l'utilisation de l'information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques, de garder à l'esprit la nécessité de veiller à ce que la mise en œuvre du Traité international et celle de la CDB et de son Protocole de Nagoya se renforcent mutuellement. Il a également demandé au Secrétaire d'inviter les Parties contractantes et les parties prenantes à fournir des informations concernant leurs besoins en matière de renforcement des capacités s'agissant d'accéder à l'information de séquençage numérique/aux données de séquençage génétique et d'utiliser ces informations et données, et à partager leurs expériences à cet égard. Enfin, il a demandé aux Parties contractantes et aux autres donateurs qui en ont la capacité de promouvoir la fourniture de ressources financières et d'une assistance technique afin de réduire l'écart existant entre les pays développés et les pays en développement en matière de capacités dans le domaine de l'information de séquençage numérique/des données de séquençage génétique³³.

27. Ayant décidé de reprendre le processus d'amélioration du Système multilatéral, l'Organe directeur a demandé aux coprésidents du Groupe de travail spécial à composition non limitée chargé d'améliorer le fonctionnement du Système multilatéral d'accès et de partage des avantages, désormais reconstitué, d'examiner sans tarder la question de l'information de séquençage numérique³⁴. Il a en outre demandé au Secrétaire du Traité international d'inclure les incidences possibles des informations de séquençage numérique/données de séquençage génétique sur les droits des agriculteurs énoncés à l'article 9 du Traité international dans l'évaluation de ces informations et données prévue dans le Programme de travail pluriannuel³⁵.

Organisation mondiale de la Santé

28. La pandémie de covid-19 a renouvelé l'intérêt porté à la question de l'échange d'agents pathogènes humains, y compris des informations de séquençage numérique y relatives.

29. Le Cadre de préparation en cas de grippe pandémique pour l'échange des virus grippaux et l'accès aux vaccins et autres avantages (Cadre PIP)³⁶, adopté en 2011 par l'Assemblée mondiale de la Santé, vise à améliorer la préparation et la riposte en cas de grippe pandémique et à renforcer la protection contre cette dernière, le but étant de créer un système juste, transparent, équitable, efficace et garantissant des conditions équitables pour l'échange des virus grippaux susceptibles de donner lieu à une pandémie humaine et pour l'accès aux vaccins et le partage des avantages.

³³ IT/GB/9/22/Report, résolution 16/2022.

³⁴ IT/GB/9/22/Report, résolution 3/2022.

³⁵ IT/GB/9/22/Report, résolution 7/2022.

³⁶ OMS. 2011. [Cadre de préparation en cas de grippe pandémique pour l'échange des virus grippaux et l'accès aux vaccins et autres avantages.](#)

Toutefois, s'il est vrai que le Cadre PIP mentionne les «données sur les séquences génétiques³⁷» et encourage tous les pays à partager ces données de façon rapide, systématique et dans les meilleurs délais³⁸, lesdites données ne sont pas incluses dans la définition des matériels biologiques liés à la préparation en cas de grippe pandémique. Le régime de partage des avantages applicable à ces matériels au titre du Cadre PIP ne prend donc pas pleinement en compte les données sur les séquences génétiques. Un groupe indépendant d'experts établi en 2015 par le Directeur général de l'OMS, bien qu'estimant que les principes du Cadre PIP sont toujours aussi pertinents qu'en 2011, a conclu que «certaines questions essentielles doivent être abordées de manière urgente si l'on veut que le Cadre PIP reste pertinent, notamment la question de savoir comment traiter les données sur les séquences génétiques»³⁹.

30. En application de la décision WHA72(13), l'OMS a mis un point une enquête visant l'ensemble des parties prenantes et portant sur les pratiques et dispositions actuelles concernant l'échange d'agents pathogènes humains, la mise en œuvre de mesures relatives à l'accès à ces agents pathogènes et au partage des avantages qui en découlent, ainsi que les éventuels résultats et autres incidences pour la santé publique. Le rapport sur la mise en œuvre de la décision WHA72(13) indique, entre autres, que «[l]'échange en temps voulu d'agents pathogènes, de données sur leurs séquences génétiques et de métadonnées pertinentes est d'une importance capitale pour permettre une identification précoce, une évaluation solide des risques, le lancement d'interventions reposant sur des données factuelles et la conception et le déploiement ultérieurs de contre-mesures comme les outils diagnostiques, les vaccins et les traitements». Il révèle également que «[p]resque tous les répondants [à l'enquête] ont indiqué que l'échange de données sur les séquences génétiques devrait être différencié de l'échange d'échantillons physiques, notant que l'avantage en termes de santé publique est lié à la possibilité de partager, presque instantanément et sans frais, des séquences dans le monde entier»⁴⁰. L'Assemblée mondiale de la Santé a examiné le rapport sur la mise en œuvre de la décision WHA72(13) en mai 2021.

31. Le partage des données sur les séquences génétiques pourrait aussi jouer un rôle crucial dans les négociations relatives à une convention, un accord ou un autre instrument international de l'OMS sur la prévention, la préparation et la riposte face aux pandémies, négociations que l'Assemblée mondiale de la Santé a décidé d'entamer à sa 2^e session extraordinaire, en décembre 2021⁴¹.

32. L'Assemblée mondiale de la Santé a établi un organe intergouvernemental de négociation chargé de déterminer dans un premier temps les éléments de fond de l'instrument, puis de commencer l'élaboration d'un avant-projet à soumettre, en fonction des progrès accomplis, à l'examen de l'organe de négociation à sa 2^e réunion. Dans le préambule de l'avant-projet, présenté à la 2^e réunion de l'organe de négociation, tenue en juillet 2022, on souligne «l'importance de promouvoir l'échange précoce, sécurisé, transparent et rapide d'échantillons et de données sur les séquences génétiques des agents pathogènes, en tenant compte des lois, règlements, obligations et cadres nationaux et internationaux pertinents, notamment, selon qu'il conviendra, le Règlement sanitaire international (2005), la Convention sur la diversité biologique et son Protocole de Nagoya sur l'accès aux ressources génétiques et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation, ainsi que le Cadre de préparation en cas de grippe pandémique pour l'échange des virus grippaux et l'accès aux vaccins et autres avantages»⁴².

³⁷ «Séquences génétiques» s'entend de l'ordre des nucléotides présents dans une molécule d'ADN ou d'ARN. Elles contiennent l'information génétique qui détermine les caractéristiques biologiques d'un organisme ou d'un virus (Cadre PIP, section 4.2).

³⁸ Cadre PIP, section 5.2.1.

³⁹ Groupe chargé de l'examen du Cadre de préparation en cas de grippe pandémique. 2016. *Examen du Cadre de préparation en cas de grippe pandémique: rapport du Directeur général*. Organisation mondiale de la Santé, Genève (Suisse), p. 13.

⁴⁰ EB148/21.

⁴¹ SSA2(5).

⁴² A/INB/2/3.

33. En outre, l'avant-projet évoque «des mesures visant à garantir l'accès et le partage des avantages, ce qui comprendrait, entre autres, le partage rapide, régulier et opportun des agents pathogènes et des séquences génomiques au moyen d'une plateforme mondiale normalisée fonctionnant en temps réel; et l'accès en temps utile à des produits de riposte aux pandémies qui soient abordables, sûrs et efficaces, y compris des outils de diagnostic, des vaccins, des équipements de protection individuelle et des traitements». Il mentionne également «des mesures visant à mettre en place un système complet d'accès et de partage des avantages, y compris, entre autres, en veillant à la cohérence avec les éléments pertinents de la Convention sur la diversité biologique et de son Protocole de Nagoya, en faisant fond sur les mécanismes ou les principes figurant dans les instruments actuels ou précédents ou en les adaptant» et «des mesures visant à promouvoir et à faciliter la reconnaissance du système en tant que système spécialisé complet pour l'accès et le partage des avantages, au niveau national»⁴³.

34. À sa 2^e réunion, l'organe intergouvernemental de négociation est convenu que l'avant-projet constituait «une base de discussions utile» et que l'instrument devrait être juridiquement contraignant et que des éléments juridiquement contraignants, mais aussi non contraignants, devraient y figurer⁴⁴.

Convention des Nations Unies sur le droit de la mer

35. L'information de séquençage numérique est également examinée dans le contexte des débats de la Conférence intergouvernementale chargée d'élaborer un instrument international juridiquement contraignant se rapportant à la Convention des Nations Unies sur le droit de la mer et portant sur la conservation et l'utilisation durable de la biodiversité marine des zones ne relevant pas de la juridiction nationale.

36. Le *Nouvel avant-projet d'accord révisé se rapportant à la Convention des Nations Unies sur le droit de la mer et portant sur la conservation et l'utilisation durable de la biodiversité marine des zones ne relevant pas de la juridiction nationale*⁴⁵, en date du 1^{er} juin 2022, mentionne les informations de séquençage numérique dans plusieurs dispositions, y compris celles sur l'emploi des termes, l'application, la transmission de l'information au centre d'échange, le partage juste et équitable des avantages et le suivi et la transparence.

37. Le nouvel avant-projet a été examiné et de nouveau révisé lors de la 5^e session de la Conférence intergouvernementale. Le 21 août 2022, une version actualisée⁴⁶ a été élaborée et, le 26 août 2022, un nouvel avant-projet d'accord révisé a été présenté⁴⁷. D'après la Présidente de la Conférence intergouvernementale, on constatera à la lecture de ces documents, qui ne sont pas accessibles au grand public, «que les délégations ne sont pas nécessairement tombées d'accord sur tous les aspects des thèmes énoncés, mais qu'il se dégage une voie dans laquelle un nombre appréciable d'entre elles étaient satisfaites de poursuivre les travaux, moyennant d'importants compromis sur certains points clefs»⁴⁸.

38. La 5^e session de la Conférence intergouvernementale, tenue en août 2022, n'a pas permis de faire aboutir les négociations relatives à l'instrument. La Présidente de la Conférence a donc suspendu les travaux de cette dernière, qui reprendront dans un avenir proche.

Organisation mondiale de la propriété intellectuelle

39. L'information de séquençage numérique est également examinée dans le contexte des droits de propriété intellectuelle. L'utilisation de cette information a été étudiée dans le cadre des prescriptions de divulgation relatives aux brevets ayant trait aux ressources génétiques et aux connaissances traditionnelles, au sein du Comité intergouvernemental de la propriété intellectuelle relative aux ressources génétiques, aux savoirs traditionnels et au folklore de l'OMPI.

⁴³ *Ibid.*

⁴⁴ A/INB/2/5.

⁴⁵ A/CONF.232/2022/5.

⁴⁶ A/CONF.232/2022/CRP.12 et A/CONF.232/2022/CRP.12/Add.1.

⁴⁷ A/CONF.232/2022/CRP.13 et A/CONF.232/2022/CRP.13/Add.1.

⁴⁸ A/CONF.232/2022/9.

40. Depuis la dernière session de la Commission, le Comité intergouvernemental s'est réuni en février-mars 2022 pour sa 42^e session ainsi qu'en mai-juin 2022 pour sa 43^e session, en vue de mener des négociations sur les ressources génétiques, en particulier sur les questions non résolues, et d'examiner les possibilités d'élaboration d'un instrument juridique. Les deux sessions ont permis d'accomplir des progrès considérables et de parvenir à une grande convergence de vues concernant le texte du Président sur le projet d'instrument juridique international sur la propriété intellectuelle relative aux ressources génétiques et aux savoirs traditionnels associés aux ressources génétiques⁴⁹ en tant que «point de départ ciblé, efficace et équilibré aux fins d'un renforcement de l'action»⁵⁰.

41. La disposition centrale du texte du Président exigerait des parties à l'instrument juridique international qu'elles rendent obligatoire la divulgation du pays d'origine des ressources génétiques lorsque la demande de brevet est «[sensiblement/directement] fondée sur» des ressources génétiques ou sur des savoirs traditionnels connexes. D'après le texte, «on entend par “[sensiblement/directement] fondé sur” que les ressources génétiques ou savoirs traditionnels connexes doivent s'être avérés nécessaires ou importants pour la mise au point de l'invention revendiquée, et que l'invention revendiquée doit dépendre des propriétés spécifiques des ressources génétiques ou des savoirs traditionnels connexes». Une question toujours sujette à controverse consiste à savoir si, pour déclencher l'obligation de divulgation, l'inventeur ou l'inventrice doit avoir un accès physique à la ressource génétique ou si l'accès à l'information de séquençage numérique suffit.

42. En juillet 2022, l'Assemblée générale de l'OMPI a décidé de convoquer une conférence diplomatique en vue de la conclusion d'un instrument juridique international concernant la propriété intellectuelle, les ressources génétiques et les savoirs traditionnels associés aux ressources génétiques. La conférence diplomatique s'appuiera sur le texte du Président et toute autre contribution des États membres et devra avoir lieu au plus tard en 2024.

43. L'Assemblée générale de l'OMPI a également décidé de convoquer un comité préparatoire au cours du second semestre de 2023, afin d'établir les modalités d'organisation de la conférence diplomatique. Le comité préparatoire examinera à cette occasion le projet de règlement intérieur qui sera présenté pour adoption à la conférence diplomatique, la liste des personnes invitées à participer à la conférence, et le texte des projets de lettres d'invitation, ainsi que tout autre document ou question d'organisation concernant la conférence diplomatique. Il approuvera également la proposition de base concernant les dispositions administratives et finales de l'instrument juridique international⁵¹.

V. RÉGLEMENTATION DE L'ACCÈS À L'INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE SUR LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES ET DU PARTAGE DES AVANTAGES EN DÉCOULANT

44. À l'heure actuelle, très peu de pays semblent exiger un consentement préalable donné en connaissance de cause et des modalités convenues d'un commun accord pour ce qui est de l'accès aux informations de séquençage numérique seules (plutôt qu'aux ressources génétiques physiques)⁵². Certains pays ne restreignent pas l'accès, mais exigent que les avantages qui découlent des informations de séquençage numérique obtenues à partir de leurs ressources génétiques soient partagés. D'aucuns craignent qu'en l'absence d'un accord mondial sur l'accès à l'information de séquençage numérique et le partage des avantages en découlant, de plus en plus de pays en viennent à adopter des mesures nationales en la matière.

45. Au niveau mondial, les consultations tenues ces cinq dernières années, en particulier dans le cadre de la CDB, ont permis d'aboutir à plusieurs solutions possibles pour réglementer l'accès à l'information de séquençage numérique et le partage des avantages en découlant. D'après les

⁴⁹ WIPO/GRTKF/IC/43/5.

⁵⁰ WO/GA/55/12 Prov., paragraphe 309.

⁵¹ *Ibid.*

⁵² *Fact-finding Study on How Domestic Measures Address Benefit-sharing Arising from Commercial and Non-commercial Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources and Address the Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources for Research and Development* (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/5).

conclusions du dernier rapport des coresponsables sur les travaux du groupe consultatif informel⁵³ qui a été créé au titre de la CDB, au moins 11 options et sous-options se dégagent:

- 1) Option 0 Maintien du statu quo.
- 2) Option 1 L'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques est gérée de la même façon que les ressources génétiques, pour lesquelles les règles nationales sur le consentement préalable donné en connaissance de cause et les conditions convenues d'un commun accord s'appliquent.
- 3) Option 2.1 L'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques nécessite une règle nationale sur les conditions convenues d'un commun accord, mais aucune règle sur le consentement préalable donné en connaissance de cause.
- 4) Option 2.2 L'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques nécessite une norme mondiale sur les conditions convenues d'un commun accord, mais aucune norme sur le consentement préalable donné en connaissance de cause.
- 5) Option 3.1 L'accès à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques exige un paiement.
- 6) Option 3.2a Paiement et/ou taxe sur les services et produits, comme contribution à la recherche.
- 7) Option 3.2b Financements obligatoires et labels reliés aux contributions volontaires.
- 8) Option 3.2c Taxe sur les produits résultant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques.
- 9) Option 4 Renforcement de la collaboration technologique et scientifique, et renforcement des capacités.
- 10) Option 5 Aucun partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques.
- 11) Option 6 Taxe de 1 pour cent sur les ventes au détail de produits qui utilisent la biodiversité (proposition africaine)⁵⁴.

46. Le groupe consultatif informel a examiné ces options en y appliquant une grille d'évaluation comportant les critères présentés au tableau 1 et la plupart de ses membres ont estimé que les options 3.2b, 3.2c et 6 devraient être davantage analysées (ou ont jugé que de plus amples informations étaient nécessaires). L'option 4 a obtenu le meilleur score dans la grille d'évaluation, et tous les membres étaient d'avis que cette option devait être examinée plus avant, au moins comme faisant partie de la solution, conjuguée à une autre option ou plusieurs autres options. Il importe de noter que tous les critères n'ont bien évidemment pas le même poids. Une évaluation en profondeur des différentes options au regard des critères exige donc non seulement une compréhension commune, voire un consensus en ce qui concerne les critères, mais aussi en ce qui concerne leur poids respectif.

47. Les critères énumérés au tableau 1 sont d'ordre général. Le «potentiel de contribution à la conservation et à l'utilisation durable de la biodiversité» (A.5) est certes l'un des critères d'évaluation des options, mais aucun critère ne rend compte de la nature particulière des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture, de leurs caractéristiques distinctives et des problèmes exigeant des solutions spécifiques. Néanmoins, l'un des critères est la «cohérence avec les autres instances qui examinent l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques» (D.18), ce qui témoigne d'une volonté de prendre en compte le traitement de l'information de séquençage numérique dans d'autres secteurs.

⁵³ *Co-leads' report on the work of the Informal Co-Chairs' Advisory Group on digital sequence information on genetic resources since the fourth meeting of the Open-ended Working Group on the Post-2020 Global Biodiversity Framework (CBD/WG2020/5/INF/1).*

⁵⁴ CBD/WG2020/5/3, p. 4.

Tableau 1. Liste des critères et des sous-critères:

A. Efficace pour atteindre les objectifs
1. Potentiel de production d'avantages monétaires prévisibles
2. Potentiel de production d'avantages non monétaires prévisibles
3. L'accès aux bases de données publiques reste libre
4. Ne nuit pas à la recherche et l'innovation
5. Potentiel de contribution à la conservation et à l'utilisation durable de la biodiversité
B. Efficace et faisable en termes de mise en œuvre
6. Techniquement faisable
7. Juridiquement faisable
8. Juridiquement clair et sûr en termes de mise en œuvre
9. Simple sur le plan administratif
10. Applicable dans les deux prochaines années
11. Permet d'établir une distinction entre les utilisations commerciales et non commerciales de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques
12. Le coût de la mise en place et de la mise en œuvre est raisonnable et/ou minimal
C. Facilite une bonne gouvernance
13. Facile à comprendre par les fournisseurs et les utilisateurs
14. Facile à appliquer par les fournisseurs
15. Facile à faire respecter par les utilisateurs
16. N'entraîne PAS une recherche de la juridiction la plus favorable
17. Facilite le partage des avantages avec les peuples autochtones et les communautés locales
D. Cohérent et adaptable
18. Cohérence avec les autres instances qui examinent l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques
19. Souple et adaptable face aux futures évolutions technologiques et scientifiques

Source: CBD/WG2020/5/3.

48. Les débats actuellement tenus au sujet de l'information de séquençage numérique portent essentiellement sur deux modèles: une approche multilatérale et une approche mixte. Les deux approches ont pour point commun de ne pas restreindre l'accès à l'information de séquençage numérique. Toutefois, l'utilisation de cette information exigerait de partager les avantages qui en sont issus. Dans le cadre de l'approche multilatérale, les avantages, qui pourraient par exemple être générés par le prélèvement d'une taxe sur les produits résultant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique, seraient déposés dans un fonds mondial qui pourrait également recevoir des contributions volontaires de n'importe quelle source. Dans le cadre de l'approche mixte, les modalités de partage des avantages seraient négociées avec le pays d'origine de la ressource génétique à partir de laquelle les informations de séquençage numérique ont été obtenues, à condition que le pays d'origine soit connu. Dans le cas où les informations de séquençage numérique proviendraient de ressources génétiques issues de plusieurs pays, les avantages devraient être partagés entre tous les pays d'origine concernés au moyen d'un mécanisme multilatéral. Dans le cas où il serait impossible de déterminer le pays d'origine de la ressource génétique dont sont issues les informations de séquençage numérique, les avantages devraient être déposés dans un fonds mondial, comme selon l'approche multilatérale. Des critères de décaissement des fonds déposés dans le fonds mondial devraient être définis pour les deux approches.

49. Jusqu'à présent, une attention limitée a été accordée à la relation entre les mesures existantes en matière d'accès et de partage des avantages fondées sur le principe de la liberté de contracter et un régime multilatéral ou mixte d'accès libre qui serait appliqué à l'information de séquençage numérique obtenue à partir de ressources génétiques. La coexistence de ces différents régimes signifierait que l'accès à une même information génétique et son utilisation seraient régis par des régimes différents de partage des avantages, selon la façon dont on a eu accès à l'information génétique.

50. Il convient d'examiner plus avant l'absence de prise en compte du secteur dont relève l'information de séquençage numérique. En effet, en raison de cette absence de prise en compte, il pourrait être difficile de traiter l'information de séquençage numérique comme un phénomène propre à

un secteur, étant donné que les scientifiques l'utilisent sans se soucier de savoir si elle a été à l'origine obtenue en vue d'une utilisation ou d'un but précis dans un secteur donné. L'information de séquençage numérique obtenue à partir de ressources génétiques autres que les RGAA pourrait être utile à la recherche-développement sur les RGAA. Les futurs débats menés sur l'information de séquençage numérique dans les différentes instances montreront la voie à suivre pour résoudre ces questions complexes tout en maintenant l'accès libre à cette information et en veillant à ce que les avantages qui en sont tirés soient partagés de façon juste et équitable.

VI. SUITE QUE LE GROUPE DE TRAVAIL EST INVITÉ À DONNER

51. Le Groupe de travail souhaitera peut-être:

- i) prendre note des informations figurant dans le présent document et de l'étude intitulée *The role of digital sequence information in the conservation and sustainable use of genetic resources for food and agriculture: Opportunities and challenges* (Le rôle de l'information de séquençage numérique dans la conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture: possibilités et défis);
- ii) recommander à la Commission de demander au secrétariat:
 - a. d'inviter les membres à communiquer des renseignements sur les mesures nationales en matière d'accès et de partage des avantages s'appliquant à l'information de séquençage numérique, ainsi que sur leurs incidences avérées ou potentielles sur la conservation et l'utilisation durable des RGAA, notamment l'échange, l'accès et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation, et de rassembler ces renseignements pour les présenter à la Commission;
 - b. de continuer à suivre les travaux réalisés sur l'information de séquençage numérique dans d'autres instances, en vue d'examiner leurs éventuelles incidences, y compris les possibilités et difficultés qu'ils pourraient créer pour la Commission et ses membres;
 - c. de faire régulièrement rapport sur l'évolution de ces travaux, y compris, selon que de besoin, en amont de la prochaine session ordinaire de la Commission, par exemple dans le cadre de webinaires;
 - d. de continuer, selon qu'il conviendra, à tenir en ligne des ateliers à participation non limitée sur l'information de séquençage numérique, de façon à tenir les membres et observateurs de la Commission informés de l'évolution des technologies et des politiques ayant trait à l'information de séquençage numérique.