



# COMISIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA

## Tema 5 del programa provisional

### GRUPO DE TRABAJO TÉCNICO INTERGUBERNAMENTAL SOBRE LOS RECURSOS ZOOGENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA

#### 11.ª reunión

19-21 de mayo de 2021

### “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS” DE RECURSOS GENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA: OPORTUNIDADES DE INNOVACIÓN, DESAFÍOS Y REPERCUSIONES

## ÍNDICE

	Párrafos
I. INTRODUCCIÓN.....	1-4
II. HACIA UNA DEFINICIÓN DE “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS” .....	5-14
III. OPORTUNIDADES QUE OFRECE LA “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS” PARA CONTRIBUIR A LA CONSERVACIÓN Y LA UTILIZACIÓN SOSTENIBLE DE LOS RECURSOS GENÉTICOS.....	15-21
IV. CAPACIDAD PARA ACCEDER A LA INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS Y HACER USO DE ELLA .....	22-26
V. REPERCUSIONES DE LA “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS”.....	27-31
VI. OPCIONES PARA TRABAJOS FUTUROS .....	32-34
VII. ORIENTACIÓN QUE SE SOLICITA .....	35

Los documentos pueden consultarse en el sitio [www.fao.org](http://www.fao.org).

## I. INTRODUCCIÓN

1. La Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura (CRGAA), en su 17.<sup>a</sup> reunión ordinaria, celebrada en 2019, tomó nota del documento *Exploratory fact-finding scoping study on “digital sequence information” on genetic resources for food and agriculture (Estudio exploratorio de investigación y delimitación del alcance del tema “información de secuencias digitales” de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura)* (estudio informativo n.º 68)<sup>1</sup>. En él se examina cómo se está utilizando actualmente la “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura (RGAA), cómo se podría utilizar en el futuro y cuáles son las repercusiones de su utilización para el sector de la alimentación y la agricultura.
2. La Comisión convino en que era necesario seguir examinando la “información digital sobre secuencias” de RGAA. Acordó que, en su siguiente reunión, se abordarían estas cuestiones:
  - i. las oportunidades de innovación que ofrece la “información digital sobre secuencias” de RGAA;
  - ii. los desafíos en materia de capacidad para acceder a la “información digital sobre secuencias” y hacer uso de ella;
  - iii. las repercusiones de la “información digital sobre secuencias” para la conservación y la utilización sostenible de los RGAA y la distribución de los beneficios derivados de los RGAA.
3. La Comisión solicitó a sus grupos de trabajo técnico intergubernamentales sobre recursos zoogenéticos, recursos fitogenéticos y recursos genéticos forestales “que examinaran estos asuntos respecto de los ejemplos existentes específicos de cada subsector en relación con la conservación, la utilización sostenible y el desarrollo de recursos genéticos, la seguridad alimentaria y la nutrición y la inocuidad de los alimentos, así como los esfuerzos para luchar contra las plagas y enfermedades de cultivos y animales”<sup>2</sup>. Además, señaló la importancia de trabajar de manera coordinada con los procesos en curso en el marco del Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB) y su Protocolo de Nagoya sobre Acceso a los Recursos Genéticos y Participación Justa y Equitativa en los Beneficios que se Deriven de su Utilización y el Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura.
4. El presente documento tiene la finalidad de contribuir al debate sobre la “información digital sobre secuencias” y reflexiona sobre diferentes opciones para definirla (Sección II). Analiza el potencial de innovación que ofrece la “información digital sobre secuencias” proporcionando, a modo de ejemplo, una selección de sus aplicaciones reales y potenciales en relación con la conservación, el uso sostenible y el desarrollo de los RGAA, que serán examinadas por el Grupo de trabajo (Sección III), y trata algunos de los factores que determinan si ese potencial podrá aprovecharse plenamente (Sección IV). Las repercusiones de la “información digital sobre secuencias” para (la investigación y el desarrollo relacionados con) la conservación y la utilización sostenible de los RGAA y, en particular, para la distribución de los beneficios derivados de la utilización de estos, dependerán de las condiciones legales de acceso y distribución de beneficios (ADB) relativas a la “información digital sobre secuencias” (Sección V). El Grupo de trabajo tal vez desee definir las prioridades para la labor futura de la Comisión a la luz de las oportunidades que ofrece la “información digital sobre secuencias”, sus repercusiones y los desafíos que plantea (Sección VI).

---

<sup>1</sup> Heinemann, J.A., Coray, D.S. y Thaler, D.S. 2018. *Exploratory fact-finding scoping study on “digital sequence information” on genetic resources for food and agriculture (Estudio exploratorio de investigación y delimitación del alcance del tema “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura)*. Estudio informativo n.º 68. Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura (CRGAA). Roma, FAO. (disponible solo en inglés en <http://www.fao.org/3/CA2359EN/ca2359en.pdf>).

<sup>2</sup> CGRFA/-17/19/Informe, párr. 23.

## II. HACIA UNA DEFINICIÓN DE “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS”

5. No existe una definición convenida universalmente del término “información digital sobre secuencias”, algo que se refleja en las decisiones pertinentes adoptadas en el marco del CDB y su Protocolo de Nagoya, así como en la decisión adoptada por la Comisión en 2017 de establecer una nueva línea de trabajo sobre la “información digital sobre secuencias”. Tal como la Comisión reconoció en aquella ocasión, “... se han utilizado múltiples denominaciones en este ámbito (como “datos sobre secuencias genéticas”, “información sobre secuencias genéticas”, “información genética”, “recursos genéticos desmaterializados” o “utilización in silico”, entre otras) y que es necesario seguir considerando cuáles son los términos apropiados que deben utilizarse”<sup>3</sup>.

6. En el Marco de Preparación para una Gripe Pandémica (Marco de PIP) de la Organización Mundial de la Salud (OMS) tampoco se incluye una definición de “información digital sobre secuencias”. Sin embargo, define las “secuencias genéticas” como: “el orden en que aparecen los nucleótidos en una molécula de ADN o ARN. Contienen la información genética que determina las características biológicas de un organismo o virus”. Además, hace referencia a los “datos sobre secuencias genéticas”<sup>4</sup>, término que, no obstante, no define con más detalle. El proyecto de texto revisado de un acuerdo en el marco de la Convención de las Naciones Unidas sobre el Derecho del Mar relativo a la conservación y la utilización sostenible de la diversidad biológica marina de las zonas situadas fuera de la jurisdicción nacional, publicado el 18 de noviembre de 2019, utiliza los términos “in silico”, “información sobre secuencias digitales” y “datos sobre secuencias genéticas”, aunque no ofrece una definición<sup>5</sup>. El Órgano Rector del Tratado no ha decidido aún sobre la terminología oficial respecto de “información digital sobre secuencias”/“datos sobre secuencias genéticas”, por lo que en su último período de sesiones decidió usar estas expresiones hasta que se acuerde la nueva terminología<sup>6</sup>.

7. Una dificultad a que se enfrentan estos procesos a la hora de definir “información digital sobre secuencias” u otros términos similares utilizados es decidir el alcance o el contenido del término. Aunque puede entenderse que el término abarca únicamente las secuencias de ADN y ARN, también podría abarcar las secuencias de aminoácidos de las proteínas y/o la información generada por los procesos cognitivos aplicados a ellas o incluso la información sobre el recurso genético, como los conocimientos tradicionales o los datos fenotípicos<sup>7</sup>.

### Bases de datos biológicas que recoge *Nucleic Acid Research*

8. En el estudio informativo n.º 68 se observó que la comunidad científica, de forma notable, no utiliza el término “información digital sobre secuencias” y se destacó que la ciencia está en constante evolución, lo que hace que las definiciones precisas sean potencialmente arbitrarias o prescriptivas. Por ello, los autores propusieron una definición ilustrativa de la “información digital sobre secuencias”: cualquier tipo de información que pueda contener cualquier base de datos actual o futura como la que recopila la revista científica *Nucleic Acid Research* (NAR)<sup>8</sup>. En esta revista se publican los resultados de investigaciones sobre los aspectos físicos, químicos, bioquímicos y biológicos de los ácidos nucleicos y las proteínas que intervienen en el metabolismo o las interacciones de los ácidos nucleicos. El primer número de cada año se dedica a las bases de datos biológicas<sup>9</sup>.

### El nivel del proceso biológico y la proximidad al recurso genético fundamental como base para distinguir grupos de “información digital sobre secuencias”

<sup>3</sup> CGRFA-16/17/Informe Rev.1, párr. 87.

<sup>4</sup> Marco de PIP, Sección 5.2.

<sup>5</sup> A/CONF.232/2020/3.

<sup>6</sup> IT/GB-8/19/Informe, Resolución 9/2019.

<sup>7</sup> Houssen, W., Sara, R. y Jaspars, M. 2020. *Digital Sequence Information on Genetic Resources: Concept, Scope and Current Use*. CBD/DSI/AHTEG/2020/1/3. pág. 31. CDB (disponible en <https://www.cbd.int/doc/c/fe/f9/2f90/70f037ccc5da885dfb293e88/dsi-ahteg-2020-01-03-en.pdf>).

<sup>8</sup> Véase Heinemann, J.A., Coray, D.S. y Thaler, D.S. 2018. Op. cit.

<sup>9</sup> <https://academic.oup.com/nar>.

9. La Conferencia de las Partes (COP) en el CDB, en su 14.<sup>a</sup> reunión, señaló que la expresión “información digital sobre secuencias” puede no ser la más apropiada y que se utilizaría de modo provisional por el momento. Estableció asimismo “un proceso basado en la ciencia y políticas en relación con la información digital sobre secuencias de recursos genéticos” para, entre otras cosas, “aclarar el concepto, incluidos la terminología pertinente y el alcance, de información digital sobre secuencias [...]”<sup>10</sup>. Como parte de este proceso, inició amplias consultas<sup>11</sup> y tres estudios, uno de los cuales se centró en el concepto y el alcance de la “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos y en cómo se utiliza actualmente<sup>12</sup>. La COP también estableció el Grupo especial de expertos técnicos en información digital sobre secuencias de recursos genéticos ampliado para, entre otras cosas, desarrollar opciones de términos operativos y sus repercusiones para proporcionar claridad conceptual acerca de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos.

10. Teniendo en cuenta el estudio *Digital Sequence Information on Genetic Resources: Concept, Scope and Current Use*, el Grupo especial de expertos técnicos consideró que el nivel del proceso biológico y la proximidad al recurso genético fundamental proporcionan una justificación para agrupar la información que podría abarcar a la “información digital sobre secuencias”. El Grupo especial de expertos técnicos consideró tres grupos de “información digital sobre secuencias” (véase el Cuadro 1). Estos grupos son acumulativos (el grupo 2 incluye todos los elementos del 1, y el 3 contiene todos los elementos de los grupos 1 y 2)<sup>13</sup>. La información asociada, es decir, la que no es información genética y bioquímica, como los conocimientos tradicionales asociados a recursos genéticos, los datos sobre el comportamiento y la información sobre las relaciones ecológicas no se consideró “información digital sobre secuencias”. Sin embargo, es importante señalar que, en consonancia con el Protocolo de Nagoya, las medidas sobre ADB en muchos países contemplan el ADB para los conocimientos tradicionales asociados a los recursos genéticos.

11. El Grupo especial de expertos técnicos también identificó múltiples opciones de terminología para caracterizar la “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos, pero no llegó a conclusiones definitivas al respecto<sup>14</sup>.

**Cuadro 1. Clarificación del alcance de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos<sup>15</sup>**

	Información relativa a un recurso genético			Información asociada
	Información genética y bioquímica			
Referencia de grupo	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	
Descripción de alto nivel de cada grupo	ADN y ARN	Grupo 1 + proteínas + modificaciones epigenéticas	Grupo 2 + metabolitos y otras macromoléculas	
Ejemplos de materia granular	<ul style="list-style-type: none"> <li>Lecturas de secuencias de ácido nucleico.</li> <li>Datos asociados a lecturas de ácido nucleico.</li> <li>Secuencias de ácido nucleico no codificadas.</li> <li>Mapeo genético (por ejemplo, genotipado, análisis de microsatélites, polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), etc.).</li> <li>Anotación estructural.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Secuencias de aminoácidos.</li> <li>Información sobre expresión génica.</li> <li>Anotación funcional.</li> <li>Modificaciones epigenéticas (por ejemplo, patrones de metilación y acetilación).</li> <li>Estructuras moleculares de las proteínas.</li> <li>Redes de interacción molecular.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Información sobre la composición bioquímica de un recurso genético.</li> <li>Macromoléculas (que no sean ADN, ARN y proteínas).</li> <li>Metabolitos celulares (estructuras moleculares).</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Conocimientos tradicionales asociados a recursos genéticos</li> <li>Información asociada a la información digital sobre secuencias en los Grupos 1, 2 y 3 (por ejemplo, factores bióticos y abióticos en el medio ambiente o asociados al organismo).</li> <li>Otros tipos de información asociada a un recurso genético o su utilización.</li> </ul>

<sup>10</sup> Decisión 14/20.

<sup>11</sup> Puede verse una síntesis (únicamente en inglés) en CBD/DSI/AHTEG/2020/1/2.

<sup>12</sup> Houssen, W., Sara, R. y Jaspars, M. 2020. Op. cit..

<sup>13</sup> CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7, Anexo I, párr. 9.

<sup>14</sup> CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7, Anexo I, Cuadro 2.

<sup>15</sup> El cuadro procede de CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7, Anexo I, Cuadro 1.

12. Para cada uno de los grupos, el Grupo especial de expertos técnicos determinó diferentes repercusiones en relación con la rastreabilidad técnica de la “información digital sobre secuencias” hasta la fuente. La proximidad de la “información digital sobre secuencias” al recurso genético fundamental y el proceso biológico asociado a la generación de la “información digital sobre secuencias” determinan si es posible identificar o inferir técnicamente el recurso genético del que se deriva<sup>16</sup>. El Grupo especial de expertos técnicos llegó a la conclusión de que los distintos sectores dependían en diferente medida de los distintos grupos de “información digital sobre secuencias”.

13. Dado que la pertinencia de la definición de “información digital sobre secuencias” y sus repercusiones dependen en última instancia del contexto o el propósito para el que se utilicen las definiciones, la Comisión y sus grupos de trabajo tal vez deseen seguir utilizando la expresión “información digital sobre secuencias” de modo provisional hasta que haya más claridad acerca del contexto en el que desean debatir sobre “información digital sobre secuencias” y el propósito para el que se definiría.

14. La expresión “información digital sobre secuencias de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura” se refiere obviamente a la “información digital sobre secuencias” derivada de los RGAA. Sin embargo, la investigación y el desarrollo sobre los RGAA y la “información digital sobre secuencias” de RGAA bien pueden implicar materiales genéticos e “información digital sobre secuencias” de organismos que no sean RGAA<sup>17</sup>. La cuestión de si la “información digital sobre secuencias” de RGAA incluye la “información digital sobre secuencias” de organismos que no sean RGAA (por ejemplo, la “información digital sobre secuencias” acerca de nuevos rasgos derivada de organismos que no sean RGAA), si se utiliza en la investigación y el desarrollo en los RGAA, es una cuestión pendiente de resolución.

### **III. OPORTUNIDADES QUE OFRECE LA “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS” PARA CONTRIBUIR A LA CONSERVACIÓN Y LA UTILIZACIÓN SOSTENIBLE DE LOS RECURSOS GENÉTICOS**

15. La “información digital sobre secuencias” desempeña una función esencial en las investigaciones ambientales y biológicas, al contribuir a la comprensión de la base molecular de la vida y la evolución y de las formas en que pueden modificarse los genes para proporcionar nuevos productos agrícolas, terapias y curas de enfermedades, nuevas fuentes energéticas y otros nuevos productos. Asimismo, desempeña importantes funciones en la taxonomía, la identificación y mitigación de los riesgos para las especies amenazadas, el seguimiento del comercio ilegal, la determinación del origen geográfico de los productos y la gestión de la conservación.

16. La “información digital sobre secuencias” de RGAA contribuye a la seguridad alimentaria y la nutrición como instrumento fundamental para la caracterización de los RGAA, la selección y el mejoramiento genético, la creación de nuevos productos, la inocuidad alimentaria y la rastreabilidad y la gestión de los RGAA, incluido el desarrollo de medicamentos veterinarios, como las vacunas. La “información digital sobre secuencias” es un componente esencial de las tecnologías utilizadas para la caracterización, la conservación y la utilización sostenible de los RGAA<sup>18</sup>. Es la base de una amplia gama de tecnologías relacionadas con el análisis, la síntesis y la presentación del ADN, el ARN y otras moléculas que intervienen en la heredabilidad y la expresión de los rasgos en la reproducción, el crecimiento y la salud. La biología sintética es una disciplina relativamente novedosa que permite analizar y sintetizar *in vitro* y desde el principio moléculas como el ADN, el ARN, las proteínas e incluso virus mediante la “información digital sobre secuencias”.

17. La “información digital sobre secuencias” permite generar beneficios a partir de un recurso genético basándose en datos e información digitalizados y sin acceso al recurso genético. En el estudio informativo n.º 68 no se observaron diferencias reales o potenciales significativas en las características de las tecnologías tal y como se aplican en los diferentes subsectores de los RGAA. También se determinó que la “información digital sobre secuencias” se utilizaba ampliamente en todos los subsectores de los RGAA. La “información digital sobre secuencias” es un componente habitual de

<sup>16</sup> Houssen, W., Sara R. y Jaspars, M. 2020. Op. cit, pág. 32.

<sup>17</sup> Véase Heinemann, J.A., Coray, D.S. y Thaler, D.S. 2018. Op. cit., pág. 9.

<sup>18</sup> Véase también CGRFA/WG-AnGR-11/21/Inf.12.

casi toda la investigación en materia de ciencias biológicas. En el citado estudio informativo se concluyó que la “información digital sobre secuencias” de RGAA es fundamental para el desarrollo de productos, así como para la mejora de los RGAA, y se prevé un aumento de su importancia, especialmente porque cada vez se dispondrá de una mayor cantidad de “información digital sobre secuencias” en relación con los RGAA. La “información digital sobre secuencias” también puede utilizarse para seleccionar material reproductivo/ o vegetativo a efectos de cría, como la inseminación artificial, la sincronización del estro y la fecundación *in vitro*, y la clonación, o para controlar o realizar pruebas de progenie. La “información digital sobre secuencias” es un elemento fundamental en la innovación de productos y procesos en las biotecnologías verde (agricultura), roja (sanidad y medicina) y blanca (industrial), y se prevé que desempeñe una función cada vez más importante en la biotecnología azul (pesca y acuicultura).

18. La “información digital sobre secuencias” también puede contribuir a la utilización sostenible de los RGAA, pues facilita el descubrimiento y el diseño de nuevas vacunas, pesticidas, biofertilizantes y probióticos. Se utiliza para diagnosticar enfermedades de los RGAA en todas sus formas, así como para formular terapias de tratamiento. Puede representar un elemento fundamental en el desarrollo de nuevos productos derivados de RGAA con vistas a aumentar tanto la seguridad en materia de ingresos como la sostenibilidad financiera de los agricultores.

19. La “información digital sobre secuencias” contribuye a la conservación de las especies. Por ejemplo, una pequeña cantidad de *ADN* recogida en el agua puede permitir a los científicos identificar más *especies* de vertebrados marinos que los estudios tradicionales con redes. Dicha información se utiliza con frecuencia para identificar especies y evaluar la diversidad genética tanto dentro de una especie como entre especies. Se emplea también para seleccionar material destinado al almacenamiento en bancos de germoplasma y puede utilizarse para comprobar la viabilidad y garantizar la pureza a lo largo del tiempo.

20. La “información digital sobre secuencias” también desempeña una importante función en los sistemas de gobernanza del sector alimentario —en particular en el etiquetado de productos— y la identificación de los componentes de los alimentos, algo que podría ser importante para la conservación de especies amenazadas.

21. En el Cuadro 2 se presenta una selección de aplicaciones reales y potenciales de la “información digital sobre secuencias”, que demuestran su importante potencial de innovación, para que sea examinado por el Grupo de trabajo.

**Cuadro 2. Aplicaciones reales y potenciales de la “información digital sobre secuencias” para la conservación y la utilización sostenible de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura**

<b>Recursos zoogenéticos</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• La “información digital sobre secuencias” se utiliza para determinar y comprender con precisión las relaciones entre especies de todo el mundo. Por ejemplo, bases de datos de códigos de barras de la vida como “Barcode of Life” (<a href="https://ibol.org/">https://ibol.org/</a>) permiten a los investigadores identificar especies, lo que posibilita el seguimiento y la conservación de la diversidad biológica. La “información digital sobre secuencias” también se utiliza para evitar que se sigan perdiendo especies amenazadas y en peligro de extinción. Por ejemplo, los investigadores pueden utilizarla para determinar, comprender y mitigar los factores que amenazan a muchas poblaciones de especies vulnerables.</li> <li>• El uso de la “información digital sobre secuencias” ha facilitado la mejora de la caracterización molecular de las razas y ha contribuido a la identificación de regiones genómicas asociadas tanto a rasgos de producción como a características de adaptación, como la tolerancia al calor y la resistencia a las enfermedades, y a determinar las variaciones responsables de numerosos defectos genéticos.</li> <li>• La “información digital sobre secuencias” se utiliza para las colecciones <i>ex situ</i>, las estrategias de muestreo y la evaluación de las colecciones. También permite mejorar la crioconservación comparando los genotipos de los animales de que hay material almacenado con los de animales de las poblaciones vivas y procediendo luego a la recogida selectiva de la diversidad infrarrepresentada.</li> </ul>

- Puede utilizarse para avanzar en el descubrimiento y desarrollo de nuevas razas de ganado, con mejores resultados para la seguridad alimentaria, así como para determinar la adaptabilidad a las grandes altitudes y aumentar la tolerancia a las altas temperaturas y la humedad ambiental.
- La “información digital sobre secuencias” es útil para el diagnóstico y la prevención de enfermedades, y contribuye a la conservación de especies amenazadas, como los polinizadores, fomentando la mejora de la seguridad alimentaria, por lo que resulta fundamental para evitar que se sigan perdiendo especies amenazadas y en peligro de extinción, así como para estudiar la diversidad.
- El análisis genómico permite evaluar los programas de conservación *in situ* a largo plazo.
- La selección genómica, en la que se utilizan marcadores de todo el genoma para predecir el valor genético de cada animal, se utiliza ampliamente en los programas de mejoramiento con fines comerciales.
- Con respecto a la “información digital sobre secuencias” del bioma ruminal y su utilización en la gestión de los recursos zoogenéticos, se han concluido varios estudios metagenómicos importantes del microbioma ruminal y se ha generado “información digital sobre secuencias” que se aplica al doble desafío de incrementar la eficacia del pienso y reducir las emisiones de gases de efecto invernadero.

#### **Recursos genéticos acuáticos**

- La “información digital sobre secuencias” se utiliza para caracterizar los genes y determinar las secuencias genéticas, para el estudio de la genética de poblaciones y la evaluación de las poblaciones.
- Se han utilizado códigos de barras de ADN basados en la “información digital sobre secuencias” para respaldar la conservación de especies, incluidas las que podrían ser objeto de comercio ilegal.
- En los recursos genéticos acuáticos para la alimentación y la agricultura, la “información digital sobre secuencias” es más relevante para los marcadores moleculares, por ejemplo, los códigos de barras, las tecnologías ómicas y las biotecnologías para el diagnóstico de enfermedades, y el establecimiento de una genealogía en los programas de mejoramiento.
- La “información digital sobre secuencias” contribuye a las tecnologías reproductivas y a la detección de híbridos, así como al diagnóstico y la prevención de enfermedades.
- También se utiliza para respaldar la restauración de los arrecifes de coral degradados mediante trasplantes, donde se juzga la idoneidad de los lugares potenciales para reintroducir corales sanos comparando la “información digital sobre secuencias” (composiciones genéticas) de diferentes poblaciones de coral.
- La “información digital sobre secuencias” puede mejorar el acceso a los mercados y la confianza de los consumidores en las cadenas de suministro mediante la rastreabilidad y la detección de la sustitución de productos, y el apoyo a los sistemas de etiquetado y certificación de productos.

#### **Recursos genéticos forestales**

- La “información digital sobre secuencias” se utiliza para la identificación de especies, subespecies e híbridos; ayuda a comprender la información filogenética de las especies y el origen y perfil de las poblaciones, a entender el efecto pleiotrópico de la expresión génica y su diversidad morfológica, y a acelerar el conocimiento de la heredabilidad, la ecofisiología y la biología de las especies de árboles forestales.
- La “información digital sobre secuencias” está contribuyendo a lograr poblaciones fructíferas en programas de mejoramiento tanto recién desarrollados como avanzados, así como a la selección de material genético para su almacenamiento o micropropagación.
- Con la ayuda de herramientas bioinformáticas, la “información digital sobre secuencias” puede dar una idea de la composición genética de los individuos y las poblaciones, haciendo posible la selección en tiempo real para la progenie y los programas de mejoramiento; tiene un poderoso potencial para la mejora de los árboles forestales, así como para aumentar la productividad de las plantaciones forestales y el control prudente de las plagas.

- También ha permitido el llamado enfoque de “breeding-without-breeding” (o mejoramiento sin reproducción), que permite diseñar programas de mejoramiento genético forestal con costos asequibles en muchos países. Este enfoque se basa en la “información digital sobre secuencias” en forma de información genealógica completa de un subconjunto de descendientes.
- Al ser una parte integrante de la gestión forestal sostenible, la conservación de los recursos genéticos forestales necesita información precisa sobre la diversidad genética de individuos y poblaciones de árboles. Mediante el código de barras y otras tecnologías de caracterización basadas en marcadores, junto con la “información digital sobre secuencias”, se pueden diseñar y aplicar mejores estrategias de conservación. La “información digital sobre secuencias” también contribuye a una delimitación más precisa de la taxonomía de las especies.
- Puede ayudar a mantener la diversidad genética mediante el desarrollo de sólidas colecciones *ex situ* de especies en riesgo, identificando poblaciones naturales claras y otras con alta diversidad.
- La “información digital sobre secuencias” utilizada en la genómica predictiva puede ayudar a la conservación de los árboles, al identificar el entorno adecuado para el genotipo y proporcionar información para la migración asistida.
- También puede apoyar el complejo cálculo bioestadístico de la diversidad genética individual y poblacional, señalando los paisajes y las áreas de individuos superiores importantes para su posterior selección y la adopción de medidas de conservación adicionales.
- La “información digital sobre secuencias” acumulada permite comparar un gran número de individuos y poblaciones de la misma especie y de otras afines para determinar el área de distribución actual y proyectar los cambios que se producirán en esa área debido al cambio climático.
- Las tecnologías que recurren a la “información digital sobre secuencias” ayudan a identificar la especie y el origen geográfico de la madera para detectar la tala y el comercio ilegales.

### **Recursos fitogenéticos**

- La “información digital sobre secuencias” es fundamental para evitar que se sigan perdiendo especies amenazadas y en peligro de extinción. La conservación de los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura tiende a incluir cantidades cada vez mayores de “información digital sobre secuencias”, como la iniciativa de códigos de barras de la vida en el ADN (DNA Barcode of Life), iniciativas “locales” como la secuenciación de los genomas de todo un jardín botánico, o grandes esfuerzos del Consorcio de Centros Internacionales de Investigación Agrícola (Consorcio CGIAR) para “organizar digitalmente” sus colecciones.
- La “información digital sobre secuencias” apoya el uso de marcadores moleculares, tecnologías ómicas, la crioconservación, el almacenamiento *in vitro* en crecimiento lento, el cruzamiento amplio, la hibridación somática y la micropropagación. Su uso en biotecnologías para el diagnóstico de enfermedades tiene un valor incalculable en la epidemiología molecular y ayuda a rastrear el origen y la evolución de los patógenos.
- La “información digital sobre secuencias” puede utilizarse para avanzar en el descubrimiento y desarrollo de nuevas variedades de cultivos, con mejores resultados para la seguridad alimentaria, especialmente para la producción de cultivos resistentes a la sequía y a las plagas, y de cultivos modificados para mejorar su valor nutricional y económico. La utilización de la “información digital sobre secuencias” ha permitido a los investigadores identificar rápidamente marcadores genéticos asociados a la tolerancia a la sequía en el sorgo, el maíz, el trigo y otros cultivos.
- El acceso a la “información digital sobre secuencias” proporciona hoy en día una base fundamental para la investigación vegetal y el mejoramiento de cultivos. Los agricultores y fitomejoradores utilizan la “información digital sobre secuencias” para desarrollar nuevas variedades de cultivos más productivos, resistentes y que requieran menos insumos como agua, fertilizantes y pesticidas. Esta información también sustenta la selección asistida por marcadores en programas de mejoramiento mediante técnicas genómicas.
- El acceso continuado a la “información digital sobre secuencias” promueve los esfuerzos de investigación y desarrollo destinados a aumentar la utilización sostenible de la diversidad fitogenética, así como la comprensión del flujo de genes y el manejo de plagas.



- La “información digital sobre secuencias” respalda el mantenimiento de la diversidad genética en el fitomejoramiento. El conocimiento de las interrelaciones genéticas de las líneas parentales es un requisito para la producción de híbridos de maíz, sorgo, girasol y ciertos cultivos hortícolas y frutales. El vigor de los híbridos en estos cultivos se traduce en un rendimiento y una calidad del producto que superan sustancialmente los de las plantas no híbridas.

*Nota:* Se han tomado ejemplos de las siguientes fuentes: Comunicación del Grupo de trabajo sobre ADB del punto focal de la región de Europa para los recursos zoogenéticos acerca de la “información digital sobre secuencias”, 2018; Comunicación del Canadá sobre la “información digital sobre secuencias”, 2018; Comunicación de Alemania sobre la “información digital sobre secuencias”, 2018; Comunicación de la India sobre la “información digital sobre secuencias”, 2017; Comunicación del Japón sobre la “información digital sobre secuencias”, 2017; Comunicación de los Estados Unidos sobre la “información digital sobre secuencias”, 2017; Comunicación de los Estados Unidos sobre la “información digital sobre secuencias”, 2018; Heinemann, J.A., Coray, D.S. y Thaler, D.S. 2018. *Exploratory fact-finding scoping study on “digital sequence information” on genetic resources for food and agriculture (Estudio exploratorio de investigación y delimitación del alcance del tema “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura)*. Estudio informativo n.º 68 (disponible solo en inglés). Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura (CRGAA). Roma, FAO. (disponible en inglés en: <http://www.fao.org/3/CA2359EN/ca2359en.pdf>); Lidder, P. y Sonnino, A. 2011. *Biotechnologies for the management of genetic resources for food and agriculture*. Estudio informativo n.º 52 (disponible solo en inglés). Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura (CRGAA). Roma, FAO (disponible en <http://www.fao.org/3/mb387e/mb387e.pdf>); Clarke, R. 2010. *Normas privadas relativas a la inocuidad alimentaria: su función en la reglamentación de la inocuidad alimentaria y sus repercusiones*. Roma, FAO (disponible en inglés en: <http://www.fao.org/docrep/016/ap236e/ap236e.pdf>); Sultana, S., Ali, M.E., Hossain, M.A.M., Asing, Naquiah, N. y Zaidul, I.S.M. 2018. Universal mini COI barcode for the identification of fish species in processed products. *Food Res. Internatl.*, 105: 19–28; El-Kassaby, Y.A., Cappa, E.P., Liewlaksaneeyanawin, C., Klápště, J. y Lstibůrek, M. 2011. Breeding without breeding: is a complete pedigree necessary for efficient breeding? *PLoS One*, 6: e25737; Liu H., Wei J., Yang T., Mu W., Song B., Yang T. *et al.* 2019. Molecular digitization of a botanical garden: high-depth whole genome sequencing of 689 vascular plant species from the Ruili Botanical Garden. *Gigascience*, 8(4). 10.1093/gigascience/giz007; Halewood M., Lopez Noriega I., Ellis D., Roa C., Rouard M. y Sackville Hamilton R. 2018. Using genomic sequence information to increase conservation and sustainable use of crop diversity and benefit-sharing. *Biopreserv. Biobank*. 16: 368–376. 10.1089/bio.2018.0043; Laird, S.A. y Wynberg, R.P. 2018. *Fact-finding and scoping study on digital sequence information on genetic resources in the context of the Convention on Biological Diversity and the Nagoya Protocol*. 77 pp. (disponible solo en inglés en: <https://www.cbd.int/doc/c/e95a/4ddd/4baea2ec772be28edcd10358/dsi-ahteg-2018-01-03-en.pdf>); Spindel, J.E. y McCouch, S.R. 2016. When more is better: how data sharing would accelerate genomic selection of crop plants. *New Phytol.*, 212, 814–826. doi: 10.1111/nph.14174; Halewood, M., Chiurugwi, T., Sackville Hamilton, R., Kurtz, B., Marden, E., Welch, E. *et al.* (2018). Plant genetic resources for food and agriculture: opportunities and challenges emerging from the science and information technology revolution. *New Phytol.*, 217: 1407–1419. doi: 10.1111/nph.14993.

#### IV. CAPACIDAD PARA ACCEDER A LA “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS” Y HACER USO DE ELLA

22. Nunca se insistirá lo suficiente en la importancia de tener acceso a la “información digital sobre secuencias” y poder hacer uso de ella. Las ciencias de la vida dependen de la disponibilidad de los conjuntos de datos completos de “información digital sobre secuencias” de diferentes fuentes para comparar y comprender la nueva “información digital sobre secuencias”<sup>19</sup>.

23. Son muchos los factores que determinan la capacidad de acceder a la “información digital sobre secuencias” y hacer uso de ella. Una cantidad importante de ese tipo de información se almacena actualmente en unas 1 700 bases de datos y repositorios de información biológica e información conexas de acceso público en todo el mundo. Entre tales bases se cuentan la Base de Datos de ADN del Japón en el Instituto Nacional de Genética, el Archivo Europeo de Nucleótidos en el Instituto Europeo de Bioinformática del Laboratorio Europeo de Biología Molecular y el GenBank en el Centro

<sup>19</sup> Oldham, P. 2020. *Digital Sequence Information - Technical Aspects*. (disponible en inglés en: [https://ec.europa.eu/environment/nature/biodiversity/international/abs/pdf/Final\\_Report\\_technical\\_aspects\\_of\\_DSI.pdf](https://ec.europa.eu/environment/nature/biodiversity/international/abs/pdf/Final_Report_technical_aspects_of_DSI.pdf)); Scholz, A.H., Hillebrand, U., Freitag, J., Cancio, I. *et al.* 2020. *Finding compromise on ABS & DSI in the CBD: Requirements & policy ideas from a scientific perspective*. WiLDSI. (disponible en inglés en: [https://www.dsmz.de/fileadmin/user\\_upload/Collection\\_allg/Final\\_WiLDSI\\_White\\_Paper\\_Oct7\\_2020.pdf](https://www.dsmz.de/fileadmin/user_upload/Collection_allg/Final_WiLDSI_White_Paper_Oct7_2020.pdf)).

Nacional de Información Biotecnológica de los Estados Unidos. Estas tres bases de datos conforman la Colaboración Internacional de Base de Datos de Secuencias de Nucleótidos (INSDC), que es la infraestructura central para compartir “información digital sobre secuencias” que vincula bases de datos y plataformas científicas. No hay mucha información sobre las bases de datos de “información digital sobre secuencias” del sector privado.

24. La mayoría de las revistas científicas exigen que los datos subyacentes a los resultados presentados en un artículo científico estén disponibles en un repositorio de acceso abierto antes de la presentación del original. La citada INSDC, que tiene una política de acceso abierto, sirve por tanto de registro único de toda la “información digital sobre secuencias” disponible públicamente<sup>20</sup>.

25. Sin embargo, la disponibilidad pública de “información digital sobre secuencias” no significa que esta sea accesible para todos de la misma manera. Se necesita una gran capacidad técnica, institucional y humana para poder acceder a ese tipo de información y hacer uso de su potencial de innovación. Aunque en distintos grados y según el estado de desarrollo tecnológico, muchos países en desarrollo carecen de acceso a la infraestructura técnica y a los recursos financieros y humanos necesarios para explotar plenamente el potencial que ofrece la “información digital sobre secuencias”. Entre las circunstancias que pueden influir en el acceso y el uso de esa información se encuentran la escasez de bioinformáticos formados y de conocimientos informáticos, oportunidades educativas y formación y de colaboraciones científicas, pero también factores como la falta de infraestructuras informáticas y el acceso a un suministro eléctrico y una Internet de alta velocidad fiables. Para facilitar el uso de la “información digital sobre secuencias” para la investigación y el desarrollo en los países en desarrollo, es necesario, por tanto, crear o desarrollar capacidades, apoyar la transferencia de tecnología, las colaboraciones y asociaciones de investigación, reforzar la infraestructura científica y proporcionar los fondos necesarios.

26. Íntimamente relacionados con el reto de la capacidad técnica, institucional y humana necesaria para acceder y hacer uso de la “información digital sobre secuencias” se encuentran los desafíos de los instrumentos de almacenamiento, distribución y análisis. Dado el crecimiento exponencial de los datos genómicos, la infraestructura de almacenamiento y distribución de “información digital sobre secuencias” tal vez cambie en el futuro. Aunque el costo de estas infraestructuras se sufraga actualmente mayoritariamente con fondos públicos, es posible que esta financiación no siempre esté disponible ni sea suficiente, por lo que podrán considerarse modelos de financiación alternativos. Estos modelos podrían restringir el acceso a la “información digital sobre secuencias”. Sin embargo, también podrían proporcionar una financiación sostenible para la infraestructura de las ciencias de la vida sin restringir el acceso a dicha información, tener en cuenta las consideraciones de equidad e incluso proporcionar el marco para los acuerdos de distribución de beneficios, por ejemplo, mediante cuotas de suscripción, depósito de datos, y acceso o cuotas de afiliación.

## V. REPERCUSIONES DE LA “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS”

27. Dada su importancia científica y económica, no es de extrañar que la “información digital sobre secuencias” haya planteado la cuestión de si las medidas de ADB existentes para los recursos genéticos abordan adecuadamente dicha información o, en caso de que no sea así, si deben establecerse nuevas normas para ese tipo de información.

28. La mayoría de las medidas de ADB podrían permitir abordar la “información digital sobre secuencias” como parte del acuerdo sobre las condiciones mutuamente convenidas que se negocian cuando se facilitan los recursos genéticos para investigación y desarrollo. El hecho de que la “información digital sobre secuencias” extraída de un recurso genético se califique en sí misma como “recurso genético” es objeto de controversia y, en última instancia, una cuestión de derecho. En la actualidad, el tratamiento de la “información digital sobre secuencias” en el marco de las medidas nacionales de ADB varía de un país a otro. Un estudio reciente muestra que las medidas de ADB de algunos países parecen requerir unas condiciones mutuamente convenidas en un consentimiento

---

<sup>20</sup> Arita, M., Karsch-Mizrachi, I. y Cochrane, G. en nombre de la Colaboración Internacional de Base de Datos de Secuencias de Nucleótidos. 2021. The international nucleotide sequence database collaboration (Colaboración Internacional de Base de Datos de Secuencias de Nucleótidos), *Nucleic Acids Research*, 49(D1): D121–D124. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa967>.

fundamentado previo antes de poder acceder a la “información digital sobre secuencias”. Estos países tratan básicamente el acceso a la “información digital sobre secuencias” y la distribución de los beneficios que se deriven de él como un acceso a los recursos genéticos y una distribución de los beneficios derivados de ellos. Otros países, aunque no restringen el acceso a la “información digital sobre secuencias”, exigen que se compartan los beneficios derivados de su utilización. Otro grupo de países no exige ni consentimiento fundamentado previo ni distribución de beneficios para la utilización de la “información digital sobre secuencias”<sup>21</sup>. Por lo tanto, actualmente los países adoptan diferentes enfoques para abordar la “información digital sobre secuencias” en el marco de sus medidas de ADB, lo que en última instancia también podría afectar a la aplicación y los efectos de las medidas de ADB para la utilización y el intercambio de recursos genéticos, incluidos los RGAA.

29. Entre ambas antípodas, el tratamiento de la “información digital sobre secuencias” como “recurso genético” a efectos del ADB, por un lado, y la ausencia de ADB en relación con la “información digital sobre secuencias”, por otro, se están debatiendo actualmente múltiples opciones para el acceso a la “información digital sobre secuencias” y su utilización. Las posibles opciones incluyen, entre otras, las siguientes:

- i. un acuerdo sobre la distribución de los beneficios derivados de la “información digital sobre secuencias” basado en unas condiciones estándar mutuamente convenidas acordadas a nivel nacional o internacional;
- ii. la introducción de un sistema de pago por utilización o de cuotas de afiliación para el uso de la “información digital sobre secuencias”;
- iii. el establecimiento de una microtasa, una pequeña tasa que tendrían que pagar los usuarios de la “información digital sobre secuencias” y/o los adquirentes de equipos relevantes para la investigación genómica;
- iv. la distribución voluntaria de beneficios por el uso de la “información digital sobre secuencias”.

30. Los beneficios podrían repartirse de forma bilateral o ponerse en común y desembolsarse a través de un mecanismo multilateral; podrían fijarse en función del (grado de) uso de la “información digital sobre secuencias” o del origen geográfico de la secuencia genética original, o con independencia de ellos. La distribución de beneficios puede ser obligatoria o voluntaria, monetaria y/o no monetaria<sup>22</sup>.

31. Dependiendo de la opción elegida, el ADB para la “información digital sobre secuencias” puede tener diferentes repercusiones, incluso en lo que respecta a los costos de transacción, la necesidad de determinar el país de origen del recurso genético original, la facilidad de utilización del sistema y, en última instancia, la caracterización, la conservación y la utilización sostenible de los recursos genéticos, incluidos los RGAA. Si bien las opciones para abordar la “información digital sobre secuencias” y sus repercusiones se asemejan en gran medida a los debates anteriores sobre el ADB para los recursos genéticos, la regulación del ADB para la “información digital sobre secuencias” se enfrenta a un desafío adicional, que es evitar una “doble burocracia para la información digital sobre secuencias y los recursos genéticos”<sup>23</sup> que podría darse si el ADB para la “información digital sobre secuencias” se aborda por conducto de medidas legales, administrativas o políticas adicionales, en lugar de mediante las existentes.

---

<sup>21</sup> Bagley, M., Karger, E., Ruiz Muller, M., Perron-Welch, F. y Thambisetty, S. 2020. *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. CDB (disponible en inglés en: <https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf>).

<sup>22</sup> Pueden verse estas y otras opciones (en inglés) en: <https://www.cbd.int/abs/DSI-webinar/Dsi-Webinar3-Policy-options.pdf>.

<sup>23</sup> Scholz, A.H., Hillebrand, U., Freitag, J., Cancio, I. *et al.* 2020. Op cit..

## VI. OPCIONES PARA TRABAJOS FUTUROS

32. Teniendo en cuenta los debates en curso en otros foros, parece pertinente que la Comisión y sus grupos de trabajo continúen haciendo un seguimiento de las novedades pertinentes en estos foros, para reflexionar sobre las repercusiones de tales evoluciones para el acceso, el uso y la distribución de los beneficios derivados de los RGAA y para determinar, según proceda, los aspectos clave que deberían tenerse en cuenta al abordar la “información digital sobre secuencias” de RGAA.

33. Los Elementos para facilitar la aplicación nacional del acceso y distribución de beneficios en diferentes subsectores de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura, con notas explicativas (Elementos del ADB)<sup>24</sup>, en su última edición, no abordan la cuestión de la “información digital sobre secuencias”. Los Elementos del ADB no son descriptivos y tienen como objetivo ayudar a los gobiernos que consideren elaborar, adaptar o aplicar medidas sobre ADB para que tengan en cuenta la importancia de los RGAA, la función especial que desempeñan para la seguridad alimentaria y las características distintivas de los diferentes subsectores de RGAA, al tiempo que cumplen con los instrumentos internacionales de ADB, según proceda. Los grupos de trabajo y la Comisión podrían considerar la posibilidad de actualizar o complementar los Elementos del ADB, añadiendo una sección que recoja los debates en curso sobre la “información digital sobre secuencias”, o al menos haga referencia a tales debates.

34. No se comprende aún el papel significativo y cada vez más importante que puede desempeñar la “información digital sobre secuencias” para la investigación y el desarrollo y para la distribución de beneficios, también en el sector agroalimentario. Las repercusiones en materia de políticas de la “información digital sobre secuencias” y su impacto en el uso y el intercambio de RGAA y, más en general, en el sector alimentario y agrícola, siguen estando en gran medida sin estudiar y no han sido examinadas a fondo por la Comisión y sus grupos de trabajo. Por lo tanto, el Grupo de trabajo podría recomendar la celebración de un taller entre reuniones para sensibilizar a las partes interesadas acerca de la función de la “información digital sobre secuencias” para la investigación y el desarrollo en relación con los RGAA y el sector alimentario y agrícola en general. El taller podría organizarse de manera conjunta con los instrumentos y organizaciones pertinentes, como el CDB, el Tratado y la OMS.

## VII. ORIENTACIÓN QUE SE SOLICITA

35. El Grupo de trabajo tal vez desee:

- a) examinar la sección correspondiente del Cuadro 2;
- b) recomendar que:
  - i. la Comisión solicite a la FAO que analice los efectos que las diferentes opciones de ADB para la “información digital sobre secuencias” pueden tener sobre la investigación y el desarrollo en el sector agroalimentario, para que sean examinados por los grupos de trabajo y la Comisión;
  - ii. los Elementos para facilitar la aplicación nacional del acceso y distribución de beneficios en diferentes subsectores de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura, con notas explicativas (Elementos del ADB), se complementen con una sección sobre la “información digital sobre secuencias” que recoja los debates en curso o se haga referencia a tales debates y sus posibles repercusiones para los RGAA;
  - iii. se celebre un taller entre reuniones, en colaboración con los instrumentos y organizaciones pertinentes, para sensibilizar a las partes interesadas sobre el papel de la “información digital sobre secuencias” para la investigación y el desarrollo en relación con los RGAA y el sector alimentario y agrícola en general;

---

<sup>24</sup> FAO, 2019. *Elementos del ADB: Elementos para facilitar la aplicación nacional del acceso y distribución de beneficios en diferentes subsectores de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura, con notas explicativas*. FAO, Roma. 84 pág. Licencia: CC BY-NC-SA 3.0 IGO. (disponible también en: <http://www.fao.org/3/ca5088es/ca5088es.pdf>).

- 
- iv. la Comisión solicite a la FAO que apoye a los países en la creación de la capacidad técnica, institucional y humana necesaria para utilizar la “información digital sobre secuencias” de RGAA para la investigación y el desarrollo;
  - v. la Comisión continúe realizando un seguimiento de la evolución de la “información digital sobre secuencias” en otros foros, a fin de considerar las repercusiones de las evoluciones en el acceso, el uso y la distribución de los beneficios derivados de los RGAA, con el fin de determinar, según proceda, los aspectos clave que deberían tenerse en cuenta al abordar la “información digital sobre secuencias” de RGAA.