



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

## Point 5 de l'ordre du jour provisoire

### Dix-neuvième session ordinaire

Rome, 17-21 juillet 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 .....	19-38
V. Réglementation de l'accès à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques et du partage des avantages en découlant.....	39-44
VI. Indications que la Commission est invitée à donner .....	45

## I. INTRODUCTION

1. À sa 16<sup>e</sup> session ordinaire, la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (ci-après la «Commission») a créé un axe de travail sur l'information de séquençage numérique<sup>1</sup>. À sa 17<sup>e</sup> session ordinaire, lorsqu'elle a examiné le rôle de l'information de séquençage numérique eu égard à la sécurité alimentaire, elle est convenue qu'un nouvel examen de la notion d'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (RGAA) était nécessaire<sup>2</sup>. À sa 18<sup>e</sup> session ordinaire, elle 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 RGAA et 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-développement<sup>3</sup>.

2. La Commission a demandé à sa Secrétaire:

- 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 intellectuelle<sup>4</sup>;
- 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 RGAA<sup>5</sup>;
- 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 exploitée<sup>6</sup>;
- 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 RGAA<sup>7</sup>;
  - 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 techniques intergouvernementaux de la Commission (ci-après les «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

---

<sup>1</sup> CGRFA-16/17/Report Rev.1, paragraphe 86.

<sup>2</sup> CGRFA-17/19/Report, paragraphe 23.

<sup>3</sup> CGRFA-18/21/Report, paragraphe 32.

<sup>4</sup> CGRFA-18/21/Report, paragraphe 35.

<sup>5</sup> CGRFA-18/21/Report, paragraphe 36.

<sup>6</sup> CGRFA-18/21/Report, paragraphe 38.

<sup>7</sup> CGRFA-18/21/Report, paragraphe 39.

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 futurs<sup>8</sup>.

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 rend compte des débats en cours sur la réglementation de l'accès à l'information de séquençage numérique et le partage des avantages en découlant (section V). On trouvera de plus amples informations sur la production, le stockage, l'obtention et l'utilisation de l'information de séquençage numérique 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)*<sup>9</sup>.

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

### *Définition de l'information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques*

4. Il n'existe pas de définition universellement admise de la notion d'information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques. 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. Reconnaissant les différentes compréhensions du concept et de la portée de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, ainsi que les différents points de vue concernant la nécessité de définir ce concept et cette portée, la Conférence des Parties à la CDB, à sa 15<sup>e</sup> réunion, est convenue de continuer à utiliser le terme «information de séquençage numérique» pour les discussions futures<sup>10</sup>. L'expression «information de séquençage numérique» est donc également employée dans le présent document 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<sup>e</sup> 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)<sup>11</sup>.

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*

<sup>8</sup> CGRFA-18/21/Report, paragraphe 37.

<sup>9</sup> CGRFA-19/23/5/Inf.1.

<sup>10</sup> CBD/COP/DEC/15/9, paragraphe 1.

<sup>11</sup> CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7.

*Research*<sup>12</sup>. 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 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 de la Commission en 2021<sup>13</sup>, témoignent clairement de l'importance de l'information de séquençage numérique et des technologies apparentées pour l'ensemble des sous-secteurs des RGAA. 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 Commission<sup>14</sup> 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 le projet d'étude intitulé *The role of digital sequence information in the conservation and sustainable use of genetic resources for food and agriculture: Opportunities and challenges*<sup>15</sup>, 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 monde<sup>16</sup>. 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 complète<sup>17</sup>, 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

<sup>12</sup> Étude de référence n° 68.

<sup>13</sup> CGRFA-18/21/5, Tableau 2.

<sup>14</sup> CBD/WG2020/3/INF/9.

<sup>15</sup> CGRFA-19/23/5/Inf.1.

<sup>16</sup> 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>.

<sup>17</sup> 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>.

(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 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. L'information de séquençage numérique relative aux ressources génétiques est donc indispensable à l'élaboration de produits, y compris à l'amélioration des RGAA, et 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 années<sup>18</sup>. 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

---

<sup>18</sup> 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.

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 données<sup>19</sup>.

### ***Exploitation de l'information de séquençage numérique***

15. 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 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. À l'heure actuelle, ces infrastructures sont majoritairement financées par les fonds publics.

### **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 (ci-après le «Traité»), 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 CDB<sup>20</sup>. 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

---

<sup>19</sup>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>.

<sup>20</sup> <https://www.cbd.int/article/dsi-webinar-series-2020>.

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 liens vers la retransmission vidéo et les présentations données sont disponibles sur la page web consacrée à l'atelier<sup>21</sup>.

#### 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 numérique<sup>22</sup>. 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<sup>e</sup> réunion de la Conférence des Parties à la CDB et à la 2<sup>e</sup> 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 Nagoya<sup>23</sup>. 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 intéressées<sup>24</sup>; 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 Nagoya<sup>25</sup>; 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 numérique<sup>26</sup>.

21. À sa 14<sup>e</sup> 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 numérique<sup>27</sup>. Elle a mis en place un processus qui prévoit notamment la communication d'avis et d'informations par les Parties<sup>28</sup>, la commande de quatre études<sup>29</sup> et la réalisation de travaux par un groupe spécial d'experts

<sup>21</sup> [https://www.fao.org/cgrfa/meetings/dsi\\_workshop\\_2022/fr/](https://www.fao.org/cgrfa/meetings/dsi_workshop_2022/fr/).

<sup>22</sup> CGRFA-18/21/Report, paragraphes 37 et 39.

<sup>23</sup> Décisions CBD COP XIII/16 et NP-2/14.

<sup>24</sup> 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).

<sup>25</sup> 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).

<sup>26</sup> Voir *Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources* (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7).

<sup>27</sup> CBD/COP/DEC/14/20.

<sup>28</sup> *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).

<sup>29</sup> 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).

techniques<sup>30</sup>. 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<sup>e</sup> 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<sup>e</sup> réunion. À sa 3<sup>e</sup> réunion, la Conférence des Parties siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya s'est félicitée du processus mis en place par la Conférence des Parties à la CDB<sup>31</sup>.

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<sup>e</sup> 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<sup>e</sup> réunion<sup>32</sup>. À sa 4<sup>e</sup> 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<sup>e</sup> réunion en décembre 2022<sup>33</sup>. La 5<sup>e</sup> réunion du Groupe de travail à composition non limitée s'est tenue du 3 au 5 décembre 2022<sup>34</sup>.

23. Lors de la première partie de la 3<sup>e</sup> 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 nécessaires<sup>35</sup>. À la deuxième partie de sa 3<sup>e</sup> 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<sup>36</sup>. Le groupe consultatif informel a tenu huit réunions en ligne et poursuivi ledit examen<sup>37</sup>. À la suite de la 4<sup>e</sup> 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 prédéfinis<sup>38</sup>.

24. La 15<sup>e</sup> réunion de la Conférence des Parties a abouti à l'adoption du Cadre mondial de la biodiversité de Kunming-Montréal<sup>39</sup>, dans lequel est évoquée, au titre de l'objectif C et de la cible 13, l'information de séquençage numérique dans le contexte du partage juste et équitable des avantages

---

<sup>30</sup> *Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources* (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7).

<sup>31</sup> CBD/NP/MOP/DEC/3/12.

<sup>32</sup> Recommandation WG2020-3/2.

<sup>33</sup> Recommandation WG2020-4/2.

<sup>34</sup> CBD/WG2020/REC/5/2.

<sup>35</sup> CBD/WG2020/3/INF/8.

<sup>36</sup> Recommandation WG2020-3/2.

<sup>37</sup> CBD/WG2020/4/INF/4.

<sup>38</sup> CBD/WG2020/5/INF/1.

<sup>39</sup> CBD/COP/DEC/15/4.



qui découlent de l'utilisation «des ressources génétiques et de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques.» La Conférence des Parties est également convenue que «les avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques devraient être partagés de manière juste et équitable» et a décidé «d'établir, dans le Cadre mondial de la biodiversité de Kunming-Montréal, un mécanisme multilatéral de partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, y compris un fonds mondial»<sup>40</sup>. Elle a créé un groupe de travail spécial à composition non limitée sur le partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, chargé de suivre l'élaboration du mécanisme multilatéral, y compris les éléments identifiés dans l'annexe à la décision (voir l'encadré 1), et de faire des recommandations à la Conférence des Parties à sa 16<sup>e</sup> réunion.

25. La Conférence des Parties a également considéré qu'«une solution pour un partage juste et équitable des avantages liés à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques devrait notamment: a) être efficace, réalisable et pratique; b) créer plus d'avantages, y compris monétaires et non monétaires, que de coûts; c) être effective; d) garantir aux fournisseurs et aux utilisateurs d'informations de séquençage numérique sur les ressources génétiques une sécurité et une transparence juridique; e) ne pas entraver la recherche et l'innovation; f) être compatible avec le libre accès aux données; g) ne pas être contraire aux obligations juridiques internationales; h) se renforcer mutuellement avec d'autres instruments relatifs à l'accès et au partage des avantages; i) tenir compte des droits des peuples autochtones et des communautés locales, notamment en ce qui concerne les connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qu'ils détiennent»<sup>41</sup>. En outre, elle a reconnu que les avantages monétaires et non monétaires découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique devraient notamment être exploités à l'appui de la conservation et de l'utilisation durable de la diversité biologique et ainsi profiter aux peuples autochtones et aux communautés locales. Elle a également décidé d'examiner l'ensemble de ces critères, y compris l'efficacité du mécanisme multilatéral, à sa 18<sup>e</sup> réunion (prévue pour 2028).

26. Dans le cadre de la mise en place du système multilatéral, les enseignements tirés par d'autres mécanismes de financement internationaux, comme le Fonds pour le partage des avantages du Traité, le Cadre de préparation en cas de grippe pandémique de l'OMS et le Programme de microfinancements du Fonds pour l'environnement mondial, seront compilés.

**Encadré 1: Annexe à la décision 15/9 de la Conférence des Parties à la CDB. Information de séquençage numérique sur les ressources génétiques**

**Questions à approfondir**

- a) Gouvernance du fonds.
- b) Questions relatives au partage des avantages.
- c) Contributions au fonds.
- d) Possibilité d'étendre volontairement le mécanisme multilatéral aux ressources génétiques ou à la diversité biologique.
- e) Versement d'avantages monétaires, incluant l'information sur l'origine géographique comme l'un des critères.
- f) Partage des avantages non monétaires, y compris les informations sur l'origine géographique comme l'un des critères.
- g) D'autres options stratégiques pour le partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, y compris celles identifiées par une analyse plus approfondie, comme indiqué aux paragraphes 6 et 7 de la décision.
- h) Développement des capacités et transfert de technologies.
- i) Suivi et évaluation et examen de l'efficacité.
- j) Adaptabilité du mécanisme à d'autres instruments ou fonds de mobilisation de ressources.

<sup>40</sup> CBD/COP/DEC/15/9.

<sup>41</sup> CBD/COP/DEC/15/9.

- k) Interface entre les systèmes nationaux et le mécanisme multilatéral de partage des avantages.
- l) Relation avec le Protocole de Nagoya.
- m) Rôle, droits et intérêts des peuples autochtones et des communautés locales, y compris les connaissances traditionnelles associées.
- n) Rôle et intérêts de l'industrie et du monde universitaire.
- o) Liens entre la recherche et la technologie et le mécanisme multilatéral de partage des avantages.
- p) Principes de la gouvernance des données.

***Traité international sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture***

27. À sa 7<sup>e</sup> session, l'Organe directeur du Traité 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<sup>e</sup> session les éventuelles incidences de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques pour les objectifs du Traité international, et d'envisager d'intégrer cette question dans le Programme de travail pluriannuel lors de cette réunion.

28. À sa 8<sup>e</sup> 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<sup>e</sup> 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. Il a également intégré l'information de séquençage numérique à son Programme de travail pluriannuel pour ses 9<sup>e</sup> et 10<sup>e</sup> sessions.

29. À sa 9<sup>e</sup> 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 et celle de la CDB et de son Protocole de Nagoya se renforcent mutuellement. Il a également demandé au Secrétaire de l'Organe directeur 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 génétique<sup>42</sup>.

30. 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 numérique<sup>43</sup>. Il a en outre demandé au Secrétaire du Traité 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, dans l'évaluation de ces informations et données prévue dans le Programme de travail pluriannuel<sup>44</sup>.

<sup>42</sup> IT/GB/9/22/Report, résolution 16/2022.

<sup>43</sup> IT/GB/9/22/Report, résolution 3/2022.

<sup>44</sup> IT/GB/9/22/Report, résolution 7/2022.

### *Organisation mondiale de la Santé*

31. 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.

32. 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)<sup>45</sup>, 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. Toutefois, s'il est vrai que le Cadre PIP mentionne les «données sur les séquences génétiques»<sup>46</sup> et encourage tous les pays à partager ces données de façon rapide, systématique et dans les meilleurs délais<sup>47</sup>, 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»<sup>48</sup>.

33. En application de la décision WHA72(13), l'OMS a mis au 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»<sup>49</sup>. L'Assemblée mondiale de la Santé a examiné le rapport sur la mise en œuvre de la décision WHA72(13) en mai 2021.

34. Le partage d'informations de séquençage numérique/de 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 (CA+ de l'OMS), négociations que l'Assemblée mondiale de la Santé a décidé d'entamer à sa 2<sup>e</sup> session extraordinaire, en décembre 2021<sup>50</sup>. Comme indiqué dans le document intitulé *Accès aux ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture et partage des avantages en découlant*<sup>51</sup>, l'Assemblée mondiale de la Santé a établi un organe intergouvernemental de négociation chargé de rédiger et de négocier un CA+ de l'OMS. À sa 3<sup>e</sup> réunion, en décembre 2022, l'organe

---

<sup>45</sup> OMS. 2011. *Cadre de préparation en cas de grippe pandémique pour l'échange des virus grippaux et l'accès aux vaccins et autres avantages*. Genève.

<sup>46</sup> «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).

<sup>47</sup> Cadre PIP, section 5.2.1.

<sup>48</sup> 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.

<sup>49</sup> EB148/21.

<sup>50</sup> SSA2(5).

<sup>51</sup> CGRFA-19/23/4.2.

intergouvernemental de négociation a examiné un projet préliminaire conceptuel rédigé par son Bureau qui «se veut un lien entre l'avant-projet de travail et le futur projet préliminaire de CA+ de l'OMS»<sup>52</sup>. Dans le projet préliminaire de CA+ de l'OMS, établi par le Bureau de l'organe intergouvernemental de négociation et soumis à l'examen de ce dernier à sa 4<sup>e</sup> réunion, tenue en mars 2023, il est proposé de créer un système OMS multilatéral d'accès aux agents pathogènes et de partage des avantages découlant de leur utilisation, qui permettra de partager des agents pathogènes à potentiel pandémique et des séquences génomiques, ainsi que les avantages qui en découlent<sup>53</sup>. On y trouve également une proposition de définition des «séquences génomiques».

35. À sa 5<sup>e</sup> réunion, en avril 2023, l'organe intergouvernemental de négociation a poursuivi l'examen du projet préliminaire de CA+ de l'OMS et est convenu de la voie à suivre. Il tiendra, conformément au calendrier convenu et aux résultats escomptés, quatre sessions supplémentaires afin de respecter le délai fixé par l'Assemblée mondiale de la Santé et fera part de ses conclusions à la Soixante-Dix-Septième Assemblée mondiale de la Santé, en mai 2024<sup>54</sup>.

***Accord 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. Après plus de 15 ans de débats et de négociations de la part des États membres de l'ONU et des observateurs, lesquels ont débouché sur la reprise de la 5<sup>e</sup> session 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, le texte d'un projet d'accord a été parachevé et arrêté le 4 mars 2023. Le projet d'accord, dénommé «Accord 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»<sup>55</sup> (ci-après l'«Accord»), doit encore être adopté.

37. L'Accord porte sur le partage des avantages en ce qui concerne les ressources génétiques marines et l'information de séquençage numérique y relative<sup>56</sup>.

***Organisation mondiale de la propriété intellectuelle***

38. L'information de séquençage numérique pourrait également faire partie des questions couvertes par l'instrument juridique international concernant la propriété intellectuelle, les ressources génétiques et les savoirs traditionnels associés aux ressources génétiques, qui fait actuellement l'objet de négociations au sein du Comité intergouvernemental de la propriété intellectuelle relative aux ressources génétiques, aux savoirs traditionnels et au folklore<sup>57</sup>, créé par l'Assemblée générale de l'OMPI en 2000<sup>58</sup>.

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

39. 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)<sup>59</sup>.

<sup>52</sup> A/INB/3/3.

<sup>53</sup> A/INB/4/3.

<sup>54</sup> A/INB/5/3 Rev.1.

<sup>55</sup> <https://www.un.org/bbnj/>.

<sup>56</sup> CGRFA-19/23/4.2, paragraphes 18 à 24.

<sup>57</sup> <https://www.wipo.int/tk/fr/igc/index.html>.

<sup>58</sup> CGRFA-19/23/4.2, paragraphes 25 à 28.

<sup>59</sup> *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).

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.

40. 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 conclusions du dernier rapport des coresponsables sur les travaux du groupe consultatif informel<sup>60</sup> 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)<sup>61</sup>.

**Encadré 2: 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 à 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

<sup>60</sup> 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).

<sup>61</sup> CBD/WG2020/5/3, p. 3-4.

12. Le coût de la mise en place et de la mise en œuvre est raisonnable et/ou minimal
<b>C. Facilite une bonne gouvernance</b>
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
<b>D. Cohérent et adaptable</b>
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.*

41. Le groupe consultatif informel a examiné ces options en y appliquant une grille d'évaluation comportant les critères présentés à l'encadré 2 et la plupart de ses membres étaient d'avis 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 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.

42. Les critères énumérés à l'encadré 2 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 RGAA, 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. Maintenant qu'il a été décidé d'établir un mécanisme multilatéral concernant l'information de séquençage numérique, certaines options peuvent être devenues obsolètes, mais d'autres restent pertinentes.

43. Les débats actuellement tenus au sujet de l'information de séquençage numérique portent essentiellement sur deux modèles: l'approche multilatérale et l'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.

44. Des critères de décaissement des fonds déposés dans le fonds mondial devraient être définis pour les deux approches. L'interface entre, d'un côté, les mesures nationales en matière d'accès et de partage des avantages qui s'appuient sur un partage bilatéral des avantages et, de l'autre, le mécanisme multilatéral de partage des avantages fait partie des questions que devra examiner, dans le cadre de l'élaboration du mécanisme multilatéral, le groupe de travail spécial à composition non limitée sur le

partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques<sup>62</sup>.

## VI. INDICATIONS QUE LA COMMISSION EST INVITÉE À DONNER

45. La Commission souhaitera peut-être:

- i) prendre note des informations figurant dans le présent document et dans le projet d'étude intitulé *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) inviter les membres à coordonner leurs futurs travaux sur l'information de séquençage numérique, notamment en ce qui concerne l'accès et partage des avantages, entre les ministères compétents à l'échelle nationale, de sorte que les processus en cours dans les différentes instances soient cohérents et complémentaires;
- iii) 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 continuer, en collaboration avec les secrétariats de la CDB et du Traité et selon qu'il conviendra, à organiser en ligne des ateliers à participation non limitée sur l'information de séquençage numérique, de façon à tenir les membres, les observateurs et les autres parties prenantes de la Commission informés de l'évolution des technologies et des politiques ayant trait à l'information de séquençage numérique.

---

<sup>62</sup> Voir l'alinéa k) de l'encadré 1.