



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

Point 5 de l'ordre du jour provisoire

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

Onzième session

19-21 mai 2021

«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE» CONCERNANT LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE – POSSIBILITÉS D'INNOVATION, ENJEUX ET IMPLICATIONS

Table des matières

	Paragraphes
I. INTRODUCTION	1-4
II. VERS UNE DÉFINITION DE L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE»	5-14
III. POSSIBILITÉS OFFERTES PAR L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE» AUX FINS DE LA CONSERVATION ET DE L'UTILISATION DURABLE DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES	15-21
IV. ACCÈS À L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE» ET UTILISATION DE CETTE INFORMATION	22-26
V. IMPLICATIONS RELATIVES À L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE»	27-31
VI. POSSIBILITÉS DE TRAVAUX FUTURS	32-34
VII. INDICATIONS QUE LE GROUPE DE TRAVAIL EST INVITÉ À DONNER.....	35

Les documents peuvent être consultés à l'adresse www.fao.org.

I. INTRODUCTION

1. À sa dix-septième session ordinaire (2019), la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (la Commission) a pris note de l'étude exploratoire visant à recueillir des éléments factuels sur l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (*Exploratory fact-finding scoping study on "Digital Sequence Information" on genetic resources for food and agriculture*) (étude de référence n° 68)¹. L'étude analyse la manière dont l'«information de séquençage numérique» (en anglais «Digital sequence information», ou «DSI») concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (RGAA) est utilisée à l'heure actuelle et pourrait l'être à l'avenir, ainsi que les implications que pourrait avoir l'utilisation de cette information sur le secteur de l'alimentation et de l'agriculture.

2. La Commission est convenue qu'un nouvel examen de la notion d'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA était nécessaire. Elle est convenue d'examiner, à sa prochaine session:

- i. les possibilités d'innovation qu'offre l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA;
- ii. les problèmes liés à la capacité d'accès à l'«information de séquençage numérique» et d'utilisation de cette information;
- iii. les implications de l'«information de séquençage numérique» sur la conservation et l'utilisation durable des RGAA et sur le partage des avantages qui en découlent.

3. La Commission a demandé à ses groupes de travail techniques intergouvernementaux sur les ressources zoogénétiques, les ressources génétiques aquatiques, les ressources génétiques forestières et les ressources phytogénétiques (les groupes de travail) de «se pencher sur ces questions en considérant des exemples particuliers dans les divers sous-secteurs liés à la conservation, à l'utilisation durable et à la mise en valeur des ressources génétiques, à la sécurité alimentaire et à la nutrition, ainsi qu'à la sécurité sanitaire des aliments et aux activités de lutte contre les organismes nuisibles et les maladies des cultures et des animaux»². La Commission a également noté qu'il importait d'assurer la coordination avec les processus en cours dans le cadre de la Convention sur la diversité biologique (CDB), du Protocole de Nagoya sur l'accès aux ressources génétiques et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation relatif à la CDB (le Protocole de Nagoya) et du Traité international sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (le Traité).

4. Le présent document a pour objet de contribuer à la réflexion sur l'expression «information de séquençage numérique» en examinant les différentes définitions qu'on peut en donner (section II). Il évalue le potentiel d'innovation qu'offre l'«information de séquençage numérique» et fournit des exemples d'applications actuelles et potentielles de cette information dans le domaine de la conservation, de l'utilisation durable et de la mise en valeur des RGAA, afin que le Groupe de travail les examine (section III). Il aborde également certains facteurs qui permettent de déterminer si ce potentiel peut être pleinement exploité (section IV). Les implications de l'«information de séquençage numérique» sur les activités de recherche-développement relatives à la conservation et à l'utilisation durable des RGAA, notamment en ce qui concerne le partage des avantages découlant de l'utilisation de ces ressources, dépendront des conditions juridiques qui régissent l'accès à l'«information de séquençage numérique» et le partage des avantages qui en découlent (section V). Le Groupe de travail souhaitera peut-être définir les priorités des travaux futurs de la Commission, à la lumière des possibilités qu'offre l'«information de séquençage numérique», des implications que celle-ci pourrait avoir et des problèmes qu'elle pose (section VI).

¹ Heinemann, J. A., Coray, D. S., et Thaler, D. S. 2018. *Exploratory fact-finding scoping study on "Digital Sequence Information" on genetic resources for food and agriculture*. Étude de référence n° 68. Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Rome, FAO (également disponible à l'adresse: <http://www.fao.org/3/CA2359EN/ca2359en.pdf>).

² CGRFA-17/19/Rapport, paragraphe 23.

II. VERS UNE DÉFINITION DE L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE»

5. Il n'existe pour l'heure pas de définition universellement admise de l'expression «information de séquençage numérique». C'est en effet ce que reflètent les décisions adoptées au titre de la CDB et du Protocole de Nagoya, ainsi que la décision prise par la Commission en 2017 de mettre en place un nouvel axe de travail sur l'«information de séquençage numérique». La Commission avait alors indiqué que de multiples expressions étaient utilisées dans ce domaine (notamment «données de séquençage de génome», «informations génétiques», «dématérialisation», ou «utilisation *in silico*») et qu'il convenait de réfléchir plus avant à l'expression à adopter³.

6. Le Cadre de l'Organisation mondiale de la Santé relatif à la préparation en cas de grippe pandémique (Cadre PIP) ne comporte pas de définition de l'«information de séquençage numérique». L'expression «séquences génétiques» y est cependant définie comme étant l'ordre des nucléotides au sein d'une molécule d'ADN ou d'ARN. Ces séquences contiennent l'information génétique qui détermine les caractéristiques biologiques d'un organisme ou d'un virus. Le Cadre PIP fait également référence aux «données de séquençage génétique»⁴ mais ne donne pas de définition de cette expression. L'avant-projet d'accord révisé se rapportant à la Convention des Nations Unies sur le droit de la mer et portant sur la conservation et l'utilisation durable de la biodiversité marine des zones ne relevant pas de la juridiction nationale, publié le 18 novembre 2019, fait mention des expressions «*in silico*», «informations de séquençage numérique» et «données de séquençage génétique», sans cependant en offrir de définition⁵. L'Organe directeur ne s'est pas encore prononcé sur l'expression à employer pour désigner «l'information de séquençage numérique»/les données sur les séquences génétiques et a donc décidé, à sa dernière session, d'utiliser ces expressions jusqu'à ce qu'une terminologie soit fixée⁶.

7. L'un des problèmes auxquels on se heurte dans ce contexte, s'agissant de définir l'expression «information de séquençage numérique» ou d'autres expressions analogues, tient à ce qu'il est difficile d'en délimiter le champ d'application ou d'en établir le contenu sémantique précis. L'expression peut être entendue au sens de séquences d'ADN et d'ARN uniquement, ou se rapporter également à des séquences d'acides aminés de protéines et/ou aux informations générées par les processus cognitifs appliqués à ces séquences, ou encore à des informations concernant les ressources génétiques telles que les connaissances traditionnelles ou les données phénotypiques⁷.

Bases de données biologiques visées par la recherche sur les acides nucléiques

8. L'étude de référence n° 68 révèle que la communauté scientifique n'utilise pas l'expression «information de séquençage numérique» («digital sequence information», en anglais), que la science est en évolution constante et que cela confère aux définitions précises un caractère potentiellement arbitraire ou prescriptif. Les auteurs en proposent donc la définition suivante: tout type d'information pouvant se trouver dans des bases de données existantes ou futures, telles que celles qui ont été répertoriées dans la revue scientifique *Nucleic Acid Research* (NAR)⁸. NAR publie les résultats des recherches menées sur les aspects physique, chimique, biochimique et biologique des acides nucléiques et sur les protéines qui interviennent dans le métabolisme des acides nucléiques et/ou dans les interactions avec ces acides. La revue consacre chaque année son premier numéro aux bases de données biologiques⁹.

³ CGRFA-16/17/Rapport Rev.1, paragraphe 87.

⁴ Cadre PIP, section 5.2.

⁵ A/CONF.232/2020/3.

⁶ IT/GB-8/19/Report, résolution 9/2019.

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

⁸ Voir Heinemann, J. A., Coray, D. S., et Thaler, D. S. 2018. *op. cit.*

⁹ <https://academic.oup.com/nar>.

Degré de traitement biologique et proximité génétique avec des ressources sous-jacentes en tant que paramètres permettant d'établir une distinction entre différents types d'«information de séquençage numérique»

9. À sa quatorzième réunion, la Conférence des Parties à la Convention sur la diversité biologique a noté que l'expression «information de séquençage numérique» n'était peut-être pas la plus appropriée, et l'a donc utilisée comme «substitut provisoire». Elle a également mis en place un processus fondé sur la science et les politiques générales pour l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques, afin de «préciser le concept, y compris la terminologie pertinente et le champ d'application [...]»¹⁰. Dans le cadre de ce processus, elle a lancé des consultations élargies¹¹, ainsi que trois études, dont l'une est axée sur le concept et le champ d'application de l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques et l'utilisation actuelle de cette information¹². La Conférence des Parties a également mis en place un groupe spécial élargi d'experts techniques chargé notamment de proposer des solutions concernant l'aspect opérationnel et les incidences sur la clarté du concept d'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques.

10. En s'appuyant sur l'étude intitulée *Digital Sequence Information on Genetic Resources: Concept, Scope and Current Use* (information de séquençage numérique: concept, champ d'application et utilisation actuelle), le groupe spécial élargi d'experts techniques a estimé que le degré de traitement biologique et la proximité génétique avec des ressources sous-jacentes justifient le regroupement d'informations pouvant contenir de l'«information de séquençage numérique». Le tableau 1 présente les trois groupes d'«information de séquençage numérique». Ces groupes sont de nature cumulative (le deuxième groupe contient tous les éléments du premier groupe et le troisième groupe contient tous les éléments du premier et du deuxième groupe)¹³. Les informations connexes, autres que les ressources 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). Néanmoins, il importe de noter que, conformément au Protocole de Nagoya, les mesures relatives à l'accès et au partage des avantages mises en place dans de nombreux pays s'appliquent aux connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques.

11. Le groupe spécial élargi d'experts techniques a également envisagé plusieurs définitions de l'«information de séquençage numérique» concernant les ressources génétiques, mais n'a formulé aucune conclusion précise à ce sujet¹⁴.

¹⁰ Décision 14/20.

¹¹ Le document CBD/DSI/AHTEG/2020/1/2 (en anglais seulement) présente une synthèse des points de vue.

¹² Houssen, W., Sara, R., et Jaspars, M. 2020. *op. cit.*

¹³ CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7, annexe I, paragraphe 9.

¹⁴ CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7, annexe I, tableau 2.

Tableau 1. Précisions relatives au champ d'application de l'«information de séquençage numérique»¹⁵

	Information associée à une ressource génétique			Informations connexes
	Ressources génétiques et biochimiques			
Groupe de référence	Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	
Description détaillée de chaque groupe	ADN et ARN	Groupe 1 + protéines + modifications épigénétiques	Groupe 2 + métabolites et autres macromolécules	
Exemples de matières granuleuses	<ul style="list-style-type: none"> • Lectures de séquences d'acides nucléiques. • Données associées aux lectures de séquences d'acides nucléiques. • Séquences d'acides nucléiques non codantes. • Cartographie génétique (génotypage, analyse de microsatellite, SNP (polymorphisme de nucléotide simple), par exemple). • Annotation structurale. 	<ul style="list-style-type: none"> • Séquences d'acides aminés. • Informations sur l'expression de gènes. • Annotation fonctionnelle. • Modifications épigénétiques (profils de méthylation, acétylation, par exemple). • Structure moléculaire des protéines. • Réseaux d'interaction moléculaire. 	<ul style="list-style-type: none"> • Informations sur la composition biochimique d'une ressource génétique. • Macromolécules (autres que l'ADN, l'ARN et les protéines). • Métabolites cellulaires (structures moléculaires). 	<ul style="list-style-type: none"> • Connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques. • Informations associées à l'information de séquençage numérique des groupes 1, 2 et 3 (facteurs biotiques et abiotiques présents dans l'environnement ou associés à l'organisme, par exemple). • Autres types d'informations associées à une ressource génétique ou à l'utilisation de cette ressource.

12. Pour chacun des groupes, différentes incidences ont été recensées en termes de traçabilité technique de l'origine de l'«information de séquençage numérique». La proximité de l'«information de séquençage numérique» avec la ressource génétique sous-jacente et le processus biologique associé à la production de l'«information de séquençage numérique» permettent de déterminer s'il est techniquement possible d'identifier ou de déduire la ressource génétique à partir de laquelle cette information a été obtenue¹⁶. Le groupe spécial élargi d'experts techniques a conclu que les différents secteurs s'appuyaient, à divers degrés, sur les différents groupes d'«information de séquençage numérique».

13. La pertinence d'une définition de l'«information de séquençage numérique» et les incidences du recours à celle-ci dépendent, en définitive, du contexte dans lequel la définition sera utilisée. La Commission et ses groupes de travail souhaiteront donc peut-être continuer à utiliser l'expression générique «information de séquençage numérique», en attendant que des précisions soient apportées sur le contexte dans lequel ils souhaitent situer les débats ayant trait à l'«information de séquençage numérique», ainsi que sur les fins auxquelles celle-ci doit être définie.

¹⁵ Le tableau provient du document CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7 (annexe I, tableau 1).

¹⁶ Houssen, W., Sara R., et Jaspars, M. 2020. *op. cit.*, p. 32.

14. L'expression «information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture» se rapporte sans équivoque à l'«information de séquençage numérique» obtenue 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 RGAA¹⁷. 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.

III. POSSIBILITÉS OFFERTES PAR L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE» AUX FINS DE LA CONSERVATION ET DE L'UTILISATION DURABLE DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES

15. L'«information de séquençage numérique» joue un rôle fondamental dans la recherche biologique et environnementale. Elle permet de mieux comprendre la base moléculaire de la vie et de l'évolution, ainsi que la manière dont on peut éventuellement manipuler les gènes pour mettre au point de nouveaux produits agricoles, de nouveaux traitements médicaux, de nouvelles sources d'énergie et d'autres produits nouveaux. Elle apporte également une contribution importante dans d'autres domaines: taxonomie, détection et atténuation des risques pour les espèces menacées, surveillance du commerce illicite, détermination de l'origine géographique des produits et gestion à des fins de conservation.

16. L'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA contribue à la sécurité alimentaire et à la nutrition, en tant qu'outil fondamental utilisé pour la caractérisation des RGAA, la sélection, la création de nouveaux produits, la sécurité et la traçabilité des aliments, la gestion des RGAA et l'élaboration de produits médicinaux vétérinaires tels que les vaccins. Elle est une composante essentielle des technologies utilisées pour la caractérisation, la conservation et l'utilisation durable des RGAA¹⁸. Elle est à la base de technologies qui permettent d'analyser, de synthétiser et de présenter l'ADN, l'ARN et d'autres molécules qui interviennent dans l'héritabilité et l'expression de caractères associés à la reproduction, à la croissance et à la santé. La biologie synthétique est une discipline relativement nouvelle qui permet aujourd'hui d'analyser et de synthétiser, *in vitro* et *de novo*, des molécules telles que l'ADN, l'ARN, les protéines et même les virus, en utilisant l'«information de séquençage numérique».

17. L'«information de séquençage numérique» permet de générer des bénéfices à partir d'une ressource génétique, sur la base de données et d'informations numérisées, sans avoir accès à cette ressource. L'étude de référence n° 68 ne relève pas de différences avérées ni potentielles importantes entre les technologies appliquées dans les différents sous-secteurs des RGAA. Elle montre que l'«information de séquençage numérique» est largement utilisée dans tous les sous-secteurs des RGAA et de manière courante dans pratiquement toutes les recherches menées dans le domaine des sciences biologiques. L'étude de référence n° 68 conclut que l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA est indispensable à l'élaboration de produits, y compris l'amélioration des RGAA, et que cette information devrait devenir plus importante, en particulier en raison de sa disponibilité croissante. L'«information de séquençage numérique» peut également être utilisée pour choisir du matériel de reproduction/multiplication végétative à des fins de sélection, notamment pour l'insémination artificielle, la synchronisation des chaleurs, la fécondation *in vitro*, le clonage, ainsi que le suivi ou le contrôle de la descendance. Elle est essentielle à l'élaboration de nouveaux produits et de nouveaux processus dans les domaines des biotechnologies vertes (agriculture), rouges (prestations sanitaires et médecine) et blanches (industrielles) et devrait jouer un rôle de plus en plus important dans les biotechnologies bleues (pêches et aquaculture).

¹⁷ Voir Heinemann, J. A., Coray, D. S., et Thaler, D. S. 2018. *op. cit.*, p. 9.

¹⁸ Voir aussi CGRFA/WG-AnGR-11/21/Inf. 12.

18. L'«information de séquençage numérique» pourrait également contribuer à l'utilisation durable des RGAA en facilitant la découverte et la conception de vaccins, de pesticides, d'engrais biologiques et de probiotiques nouveaux. Elle est utilisée à la fois pour diagnostiquer les maladies affectant toutes formes de RGAA et pour élaborer des produits thérapeutiques. Elle pourrait représenter un élément crucial de l'élaboration de nouveaux produits à partir des RGAA aux fins de l'amélioration de la sécurité des revenus et de la viabilité financière des agriculteurs.

19. L'«information de séquençage numérique» contribue à la conservation des espèces. Le prélèvement de faibles quantités d'ADN dans l'eau, par exemple, pourrait permettre aux scientifiques d'identifier davantage d'*espèces* de vertébrés marins que ne le permettent les *études* classiques réalisées au moyen de filets. L'«information de séquençage numérique» est souvent utilisée pour identifier les espèces et pour mesurer la diversité génétique au sein d'une espèce et entre espèces. Elle permet également de sélectionner le matériel génétique destiné au stockage, d'effectuer des tests de viabilité et de garantir la pureté au fil du temps.

20. L'«information de séquençage numérique» joue également un rôle important dans les systèmes de gouvernance alimentaire, notamment en ce qui concerne l'étiquetage des produits et l'identification des constituants alimentaires, ce qui peut être important pour la conservation des espèces menacées.

21. Le tableau 2 présente une sélection d'applications actuelles et potentielles de l'«information de séquençage numérique» démontrant son potentiel d'innovation considérable, pour examen par le Groupe de travail.

Tableau 2: Applications actuelles et potentielles de l'«information de séquençage numérique» aux fins de la conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture

Ressources zoogénétiques
<ul style="list-style-type: none"> • L'«information de séquençage numérique» permet de cerner et de comprendre de manière précise les liens qui existent entre les espèces du monde entier. Les bases de données telles que celle de l'initiative Barcode of Life (https://ibol.org/) permettent aux chercheurs d'identifier les espèces aux fins de la surveillance et de la préservation de la diversité biologique. L'«information de séquençage numérique» est également utilisée pour enrayer le processus de perte d'espèces menacées ou en danger. Les chercheurs peuvent par exemple utiliser cette information pour déterminer, comprendre et atténuer les facteurs qui menacent un large éventail de populations d'espèces vulnérables. • L'utilisation de l'«information de séquençage numérique» a permis d'améliorer la caractérisation moléculaire des races et a contribué à localiser des régions génomiques associées à des caractères de production et d'adaptation telles que la tolérance à la chaleur et la résistance aux maladies, ainsi qu'à répertorier les variations responsables de nombreuses anomalies génétiques. • L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour les collections <i>ex situ</i>, les stratégies d'échantillonnage et l'évaluation des collections. Elle permet également d'améliorer la cryoconservation en comparant les génotypes des animaux pour lesquels du matériel a été conservé avec ceux d'animaux faisant partie de populations vivantes. La diversité sous-représentée est ensuite collectée de manière ciblée. • Elle peut être utilisée pour faire progresser la découverte et l'élaboration de nouvelles races d'animaux d'élevage et obtenir de meilleurs résultats en termes de sécurité alimentaire, ainsi que pour déterminer l'adaptabilité aux hautes altitudes et accroître la tolérance aux températures élevées et à l'humidité. • L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour le diagnostic et la prévention des maladies. Elle contribue à la préservation des espèces menacées telles que les pollinisateurs et, ainsi, à la sécurité alimentaire. Elle est donc indispensable pour prévenir la perte d'autres espèces menacées et en danger et pour étudier la diversité. • L'analyse de génome permet d'évaluer les programmes de conservation à long terme <i>in situ</i>.

- La sélection génomique fait appel à des marqueurs génétiques portant sur l'ensemble du génome pour prédire la valeur génétique de certains animaux. Elle est largement utilisée dans le cadre des programmes de sélection commerciaux.
- Au sujet de l'«information de séquençage numérique» du microbiome de la panse des ruminants et l'utilisation de cette information dans la gestion des ressources zoogénétiques, de nombreuses études métagénomiques du microbiome de la panse des ruminants ont été réalisées. Ces études ont permis de générer de l'«information de séquençage numérique» qui sera utilisée à la fois pour augmenter l'efficacité des aliments et réduire les émissions de gaz à effet de serre.

Ressources génétiques aquatiques

- L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour caractériser des gènes et identifier des séquences génétiques, pour l'étude de la génétique des populations et l'évaluation des stocks.
- La technologie du codage à barres de l'ADN fondée sur l'«information de séquençage numérique» a été utilisée à l'appui de la conservation des espèces, y compris celles qui pourraient faire l'objet d'un commerce illicite.
- Dans le domaine des ressources génétiques aquatiques pour l'alimentation et l'agriculture, l'«information de séquençage numérique» est particulièrement pertinente pour les marqueurs moléculaires (codage à barres, par exemple), les technologies génomiques et les biotechnologies utilisées pour le diagnostic des maladies, ainsi que la détermination du pedigree dans le cadre des programmes de sélection.
- L'«information de séquençage numérique» est mise à contribution pour les technologies de reproduction et la détection d'hybrides, ainsi que le diagnostic et la prévention de maladies.
- Elle est utilisée dans le cadre de la restauration, par transplantation, des récifs coralliens dégradés en permettant de localiser les endroits où la réintroduction d'espèces saines est la plus appropriée, notamment par comparaison de l'«information de séquençage numérique» (composition génétique) des différentes populations de corail.
- L'«information de séquençage numérique» peut contribuer à améliorer l'accès aux marchés et la confiance des consommateurs dans les chaînes d'approvisionnement, car elle favorise la traçabilité et la recherche de produits de substitution, ainsi que les systèmes de labellisation et de certification des produits.

Ressources génétiques forestières

- L'«information de séquençage numérique» est utilisée pour répertorier les espèces, les sous-espèces et les hybrides. Elle aide à mieux interpréter les données phylogénétiques relatives aux espèces et à établir l'origine et le profil des populations, à comprendre l'effet pléiotrope associé à l'expression des gènes ainsi que leur diversité morphologique, et à accroître rapidement les connaissances sur l'héritabilité, l'écophysiologie et la biologie des espèces d'arbres de forêt.
- L'«information de séquençage numérique» contribue au rassemblement des populations reproductrices dans le cadre de programmes de sélection avancés nouvellement mis au point, ainsi qu'à sélectionner le matériel génétique destiné au stockage ou à la micropropagation.
- Grâce à des outils bio-informatiques, l'«information de séquençage numérique» peut donner des renseignements sur la constitution génétique des individus et des populations, ce qui permet de procéder à la sélection de descendants en temps réel. Elle offre également un potentiel considérable en ce qui concerne la sélection d'arbres forestiers, l'amélioration de la productivité des plantations forestières et une protection judicieuse contre les organismes nuisibles.
- L'«information de séquençage numérique» a permis de concevoir une approche dite de «sélection sans sélection» («breeding-without-breeding») et d'élaborer des programmes de sélection d'arbres à des coûts abordables dans de nombreux pays. Cette approche repose sur l'«information de séquençage numérique» sous la forme de pedigrees complets obtenus à partir de sous-ensembles de descendants.
- La conservation des ressources génétiques forestières fait partie intégrante de la gestion durable des forêts et doit reposer sur des informations précises relatives la diversité génétique des

individus et des populations. En associant l'«information de séquençage numérique» à des technologies telles que le codage à barre et d'autres techniques d'empreinte d'ADN basées sur les marqueurs moléculaires, il est possible de concevoir et de mettre en œuvre de meilleures stratégies de conservation. L'«information de séquençage numérique» permet également d'obtenir une délimitation plus précise des espèces sur le plan taxonomique.

- L'«information de séquençage numérique» peut contribuer au maintien de la diversité génétique à travers l'établissement de collections robustes d'espèces à risque conservées *ex situ*, en permettant de recenser les populations naturelles et celles qui présentent une diversité élevée.
- Utilisée en génomique prédictive, l'«information de séquençage numérique» pourrait contribuer à la conservation des arbres en permettant de déterminer l'environnement le plus adapté à leur génotype et en fournissant les informations nécessaires à la migration assistée.
- Grâce à l'«information de séquençage numérique», il est également possible d'effectuer des calculs biostatistiques complexes relatifs à la diversité génétique des individus et des populations, en ciblant les paysages et les régions qui abritent des individus supérieurs importants pour la mise en œuvre de mesures supplémentaires de sélection et de conservation.
- L'«information de séquençage numérique» cumulée permet de comparer un grand nombre d'individus et de populations appartenant à une même espèce ou à des espèces apparentées, afin d'en déterminer la zone de répartition actuelle et de prévoir les évolutions qui pourraient être induites par le changement climatique.
- Les technologies qui reposent sur l'«information de séquençage numérique» contribuent à identifier les espèces et à établir l'origine géographique du bois afin de détecter les produits issus de l'abattage et du commerce illégaux d'arbres.

Ressources phytogénétiques

- L'«information de séquençage numérique» est essentielle pour éviter d'aggraver la condition d'espèces menacées ou en danger. Elle est de plus en plus utilisée dans le domaine de la préservation des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, notamment dans le cadre d'initiatives telles que Barcode of Life ou de projets «locaux» tels que le séquençage du génome de jardins botaniques, ou encore d'efforts importants entrepris par le Consortium des centres internationaux de recherche agronomique (CGIAR) pour «gérer de manière numérique» leurs collections.
- L'«information de séquençage numérique» soutient l'utilisation de marqueurs moléculaires, les technologies génomiques, la cryoconservation, l'entreposage *in vitro* en croissance ralentie, le croisement éloigné, l'hybridation somatique et la micropropagation. Dans le domaine de l'épidémiologie moléculaire, l'utilisation de cette information pour le diagnostic de maladies effectué au moyen de biotechnologies est inestimable car elle permet de retracer l'origine et l'évolution des pathogènes.
- L'«information de séquençage numérique» peut être utilisée pour faire avancer la découverte et l'élaboration de nouvelles variétés cultivées permettant d'obtenir de meilleurs résultats en termes de sécurité alimentaire, en particulier la production de variétés résistantes à la sécheresse et aux organismes nuisibles, ainsi que de variétés modifiées dans le but d'en accroître la valeur nutritionnelle et économique. L'«information de séquençage numérique» a permis aux chercheurs de localiser rapidement des marqueurs génétiques associés à la tolérance à la sécheresse pour le sorgho, le maïs, le blé et d'autres espèces cultivées.
- L'accès à l'«information de séquençage numérique» est aujourd'hui à la base de la recherche végétale et de l'amélioration des espèces cultivées. Les agriculteurs et les sélectionneurs de végétaux utilisent cette information pour élaborer de nouvelles variétés cultivées plus productives, plus résilientes et qui nécessitent moins d'intrants tels que l'eau, les engrais et les pesticides. L'«information de séquençage numérique» appuie également la sélection assistée par marqueurs, dans le cadre des programmes de sélection assistée par les technologies génomiques.
- L'accès continu à l'«information de séquençage numérique» contribue à promouvoir les efforts entrepris en matière de recherche-développement pour accroître l'utilisation durable de la diversité phytogénétique et mieux comprendre les flux de gènes et la protection contre les organismes nuisibles.

- Dans le domaine de la sélection végétale, l'«information de séquençage numérique» contribue au maintien de la diversité génétique. La connaissance des interrelations génétiques entre les lignées parentales est nécessaire pour produire des hybrides du maïs, du sorgho, du tournesol et de certaines espèces cultivées de légumes et de fruits. La vigueur des variétés hybrides de ces espèces permet d'obtenir des rendements et une qualité bien supérieurs à ceux des variétés non hybrides.

Note: Exemples tirés de: ABS Task Force of the European Regional Focal Point on Animal Genetic Resources Submission on DSI, 2018; Canada Submission on DSI, 2018; German Submission on DSI, 2018; India Submission on DSI, 2017; Japan Submission on DSI, 2017; USA Submission on DSI, 2017; USA Submission on DSI, 2018; Heinemann, J. A., Coray, D. S., et Thaler, D. S. 2018. *Exploratory fact-finding scoping study on "Digital Sequence Information" on genetic resources for food and agriculture*. Étude de référence n° 68. Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Rome, FAO (également disponible à l'adresse: <http://www.fao.org/3/CA2359EN/ca2359en.pdf>); Lidder, P., et Sonnino, A. 2011. *Biotechnologies for the management of genetic resources for food and agriculture*. Étude de référence n° 52. Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Rome, FAO (également disponible à l'adresse: <http://www.fao.org/docrep/meeting/022/mb387e.pdf>); Clarke, R. 2010. *Private food safety standards: their role in food safety regulation and their impact*. Rome, FAO (également disponible à l'adresse: <http://www.fao.org/docrep/016/ap236e/ap236e.pdf>); Sultana, S., Ali, M. E., Hossain, M. A. M., Asing, Naquiah, N., et 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., et 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. et 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., 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*. 77 p. (également disponible à l'adresse <https://www.cbd.int/doc/c/e95a/4ddd/4baea2ec772be28edcd10358/dsi-ahteg-2018-01-03-en.pdf>); Spindel, J. E., et 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. ACCÈS À L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE» ET UTILISATION DE CETTE INFORMATION

22. L'importance de l'accès à l'«information de séquençage numérique» et de l'utilisation de cette information ne sauraient être sous-estimées. Les sciences du vivant sont fondées sur la disponibilité de séries complètes d'«information de séquençage numérique» issues de différentes sources, qui sont comparées à l'information nouvellement acquise et permettent de mieux comprendre cette information¹⁹.

23. La capacité d'accès à l'«information de séquençage numérique» et d'utilisation de cette information est déterminée par de nombreux facteurs. Une quantité considérable d'«information de séquençage numérique» est actuellement stockée dans quelques 1 700 bases de données et répertoires d'information biologique et d'informations connexes accessibles au public. Ces bases de données sont notamment la banque de données ADN de l'Institut japonais de génétique, les archives de nucléotides du Laboratoire de biologie moléculaire de l'Institut Européen de bioinformatique et GenBank du Centre national pour l'information biotechnologique des États-Unis. Ces trois bases de données sont

¹⁹ Oldham, P. 2020. *Digital Sequence Information - Technical Aspects* (également disponible à l'adresse: 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 (également disponible à l'adresse: https://www.dsmz.de/fileadmin/user_upload/Collection_all/Final_WiLDSI_White_Paper_Oct7_2020.pdf).

réunies dans le cadre de la Collaboration internationale sur le séquençage des nucléotides (International Nucleotide Sequence Database Collaboration, INSDC), qui est l'infrastructure de base permettant d'échanger l'«information de séquençage numérique» et de relier entre elles les bases de données et les plateformes scientifiques. Les bases de données du secteur privé sont, quant à elle, peu connues.

24. La plupart des revues scientifiques exigent que les données sur lesquelles s'appuient les résultats présentés dans un article soient placées en accès libre avant la communication du manuscrit. La Collaboration internationale sur le séquençage des nucléotides a adopté une politique de libre accès et constitue donc un registre unique de l'ensemble des «informations de séquençage numérique» accessibles au public²⁰.

25. Toutefois, la mise à disposition du public ne signifie pas que l'«information de séquençage numérique» soit accessible à tous de la même manière. 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 opportunités 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.

26. Les problèmes causés par le manque de capacités techniques, institutionnelles et humaines nécessaires pour accéder à l'«information de séquençage numérique» et faire usage de cette information sont étroitement liés aux difficultés rencontrées quant au stockage, à la distribution et aux outils d'analyse. Compte tenu de la croissance exponentielle des données génomiques, les infrastructures permettant le stockage et la distribution de l'«information de séquençage numérique» pourraient évoluer à l'avenir. Ces infrastructures sont actuellement financées en grande partie par les fonds publics, mais il se peut que ces fonds ne soient pas toujours disponibles et d'autres modèles de financement doivent être considérés. On pourrait envisager un accès restreint à l'«information de séquençage numérique», ou alors un financement durable des infrastructures nécessaires aux sciences du vivant sans restriction de l'accès à cette information ainsi que la prise en compte des considérations d'équité et l'élaboration d'un cadre relatif aux dispositions sur le partage des avantages, par exemple à travers le paiement de cotisations pour l'inscription, le dépôt de données, l'accès aux données, ou l'adhésion.

V. IMPLICATIONS RELATIVES À L'«INFORMATION DE SÉQUENÇAGE NUMÉRIQUE»

27. Compte tenu de l'importance scientifique et économique de l'«information de séquençage numérique», il n'est pas étonnant que la question se soit posée de savoir si cette information est dûment prise en compte dans les mesures existantes relatives à l'accès aux ressources génétiques et au partage des avantages en découlant, ou, le cas échéant, si de nouvelles réglementations doivent être mises en place.

²⁰ Arita, M., Karsch-Mizrachi, I., et Cochrane, G., pour la Collaboration internationale sur le séquençage des nucléotides (International Nucleotide Sequence Database Collaboration). 2021. The international nucleotide sequence database collaboration, *Nucleic Acids Research*, 49(D1): D121-D124. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa967>.

28. La plupart des mesures relatives à l'accès et au partage des avantages pourraient permettre de prendre en compte l'«information de séquençage numérique» dans le cadre de conditions convenues d'un commun accord, négociées au moment de la mise à disposition de ressources génétiques à des fins de recherche-développement. L'«information de séquençage numérique» extraite à partir d'une ressource génétique peut-elle être définie comme étant elle-même une «ressource génétique»? Cette question fait l'objet de controverse et il s'agit, en définitive, d'une question de droit. À l'heure actuelle, la prise en compte de l'«information de séquençage numérique» dans les mesures nationales relatives à l'accès et au partage des avantages varie selon les pays. Selon une étude menée récemment, les mesures relatives à l'accès et au partage des avantages en vigueur dans certains pays semblent exiger un consentement préalable avant d'avoir accès à l'«information de séquençage numérique». Ces pays considèrent l'accès à cette information et le partage des avantages qui en découlent de la même manière que l'accès aux ressources génétiques et le partage des avantages qui en découlent. D'autres pays ne restreignent pas l'accès à l'«information de séquençage numérique» mais exigent que les avantages qui découlent de leur utilisation soient partagés. D'autres pays encore n'exigent ni le consentement préalable, ni le partage des avantages qui découlent de l'utilisation de l'«information de séquençage numérique»²¹. Différentes approches sont donc adoptées à l'heure actuelle en ce qui concerne l'«information de séquençage numérique», ce qui pourrait, à terme, entraver la mise en œuvre et les effets des mesures relatives à l'accès et au partage des avantages sur l'utilisation et l'échange des ressources génétiques, notamment des RGAA.

29. L'«information de séquençage numérique» peut, d'une part, être considérée comme une «ressource génétique» soumise à des mesures relatives à l'accès et au partage des avantages et, d'autre part, n'être soumise à aucune mesure de ce type. De nombreuses possibilités sont donc actuellement à l'étude concernant l'accès à l'«information de séquençage numérique» et l'utilisation de cette information. On en trouvera ci-après une liste non exhaustive:

- i. un accord sur le partage des avantages qui découlent de l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» fondé sur des conditions convenues d'un commun accord aux niveaux national ou international;
- ii. l'introduction d'un système de redevance prévoyant soit une facturation pour chaque utilisation de l'«information de séquençage numérique», soit une cotisation forfaitaire moyennant une adhésion;
- iii. l'établissement d'une microtaxe, soit un faible montant que doivent payer les utilisateurs de l'«information de séquençage numérique» et/ou les acquéreurs d'équipement destiné à la recherche génomique;
- iv. le partage volontaire des avantages découlant de l'utilisation de l'«information de séquençage numérique».

30. Les avantages pourraient être partagés de manière bilatérale ou être mis en commun et décaissés par l'intermédiaire d'un mécanisme multilatéral; ils pourraient être établis en fonction de (l'étendue de) l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» ou de l'origine géographique de la séquence de gènes initiale, ou indépendamment de cela. Le partage des avantages pourrait être obligatoire ou volontaire, monétaire et/ou non monétaire²².

31. Selon l'option choisie, les mesures relatives à l'accès et au partage des avantages qui découlent de l'utilisation de l'«information de séquençage numérique» pourraient avoir des incidences diverses, notamment en ce qui concerne le coût des transactions, la nécessité de retracer le pays d'origine de la ressource génétique initiale, la facilité d'utilisation du système et, enfin, la

²¹ Bagley, M., Karger, E., Ruiz Muller, M., Perron-Welch, F., et 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. CBD (également disponible à l'adresse: <https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf>).

²² Pour obtenir un aperçu de cette option et d'autres possibilités, voir: <https://www.cbd.int/abs/DSI-webinar/Dsi-Webinar3-Policy-options.pdf>.

caractérisation, la conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques, notamment des RGAA. Les différentes options de traitement de l'«information de séquençage numérique» et les implications que celles-ci pourraient avoir renvoient, dans une certaine mesure, aux discussions antérieures sur l'accès aux ressources génétiques et le partage des avantages qui en découlent. Toutefois, la réglementation de l'accès à l'«information de séquençage numérique» et du partage des avantages qui en découlent présente une difficulté supplémentaire. Il s'agit d'éviter la mise en place d'une «bureaucratie à deux niveaux pour l'«information de séquençage numérique» et les ressources génétiques»²³, dans l'éventualité où l'accès à l'«information de séquençage numérique» et le partage des avantages en découlant seraient pris en compte dans le cadre de mesures juridiques, administratives et politiques supplémentaires plutôt que de mesures déjà existantes.

VI. POSSIBILITÉS DE TRAVAUX FUTURS

32. Compte tenu des débats menés dans le cadre d'autres instances, il semble pertinent que la Commission et ses groupes de travail continuent de suivre les évolutions au sein de ces instances afin de mener des réflexions sur les incidences des faits nouveaux sur l'accès aux RGAA, l'utilisation de ces ressources et le partage des avantages qui en découlent, et de cerner, le cas échéant, les principaux aspects qui doivent être pris en compte s'agissant de l'«information de séquençage numérique» pour les RGAA.

33. L'«information de séquençage numérique» n'est pas mentionnée dans la dernière édition des *Éléments visant à faciliter la concrétisation au niveau national de l'accès et du partage des avantages dans les différents sous-secteurs des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture – avec notes explicatives (Éléments relatifs à l'accès et au partage des avantages)*²⁴, publiée par la Commission. Ce document n'est pas descriptif et a pour objectif d'aider les gouvernements à prendre en compte, lors de l'élaboration, de l'adaptation ou de la mise en œuvre de mesures relatives à l'accès et au partage des avantages, l'importance des RGAA, le rôle particulier que celles-ci jouent dans la sécurité alimentaire et leurs caractéristiques distinctives, tout en se conformant, le cas échéant, aux instruments internationaux en matière d'accès et de partage des avantages. Les groupes de travail et la Commission pourraient envisager d'actualiser ou de compléter les *Éléments relatifs à l'accès et au partage des avantages* en y ajoutant une section traitant des débats en cours sur l'«information de séquençage numérique» ou évoquant au moins ces débats.

34. Il existe toujours un manque de sensibilisation au rôle considérable et de plus en plus important que pourrait jouer l'«information de séquençage numérique» en ce qui concerne la recherche-développement et le partage des avantages, notamment dans les secteurs de l'alimentation et de l'agriculture. Les incidences sur les politiques et les conséquences sur l'utilisation et l'échange de RGAA, et, de manière générale, sur les secteurs de l'alimentation et l'agriculture, sont encore très peu étudiées et n'ont pas été abordées en profondeur par la Commission et ses groupes de travail. Le Groupe de travail souhaitera donc peut-être recommander qu'un atelier de travail intersessions soit organisé afin de faire mieux connaître aux parties intéressées le rôle que joue l'«information de séquençage numérique» dans le domaine de la recherche-développement sur les RGAA et dans les secteurs de l'alimentation et de l'agriculture en général. L'atelier pourrait être organisé en collaboration avec les secrétariats des instruments et organisations pertinents, notamment la Convention sur la diversité biologique (CDB), le Traité international sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (le Traité) et l'Organisation mondiale de la Santé (OMS).

²³ Scholz, A. H., Hillebrand, U., Freitag, J., Cancio, I., et al. 2020. *op cit.*

²⁴ FAO. 2019. *Éléments relatifs à l'accès et au partage des avantages: Éléments visant à faciliter la concrétisation au niveau national de l'accès et du partage des avantages dans les différents sous-secteurs des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture – avec notes explicatives*. FAO, Rome. 84 p. Publié sous licence CC BY-NC-SA 3.0 IGO (également disponible à l'adresse <http://www.fao.org/3/ca5088fr/CA5088FR.pdf>).

VII. INDICATIONS QUE LE GROUPE DE TRAVAIL EST INVITÉ À DONNER

35. Le Groupe de travail souhaitera peut-être:
- a) examiner la section concernée du tableau 2 et
 - b) recommander:
 - i. que la Commission demande à la FAO d'analyser les incidences que les différentes options d'accès et de partage des avantages concernant l'«information de séquençage numérique» pourraient avoir sur les activités de recherche-développement dans les secteurs de l'alimentation et de l'agriculture, afin que les groupes de travail et la Commission les examinent;
 - ii. que les *Éléments visant à faciliter la concrétisation au niveau national de l'accès et du partage des avantages dans les différents sous-secteurs des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture – avec notes explicatives* (Éléments relatifs à l'accès et au partage des avantages) soient complétés par une section ayant trait à l'«information de séquençage numérique», qui étudie ou mentionne les débats en cours et les éventuelles implications pour les RGAA;
 - iii. qu'un atelier de travail intersessions soit organisé, en collaboration avec les secrétariats des instruments et organisations pertinents, afin de faire mieux connaître aux parties intéressées le rôle que joue l'«information de séquençage numérique» en matière de recherche-développement sur les RGAA et dans les secteurs de l'alimentation et de l'agriculture en général;
 - iv. que la Commission demande à la FAO d'aider les pays à développer les capacités techniques, institutionnelles et humaines permettant d'utiliser l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA dans les activités de recherche-développement;
 - v. que la Commission continue de suivre les réflexions et avancées au sein d'autres instances en ce qui concerne l'«information de séquençage numérique» et qu'elle se penche sur leurs implications pour l'accès aux RGAA, l'utilisation de ces ressources et le partage des avantages qui en découlent, afin de cerner, s'il y a lieu, les principaux aspects qui doivent être pris en compte au sujet de l'«information de séquençage numérique» concernant les RGAA.