



联合国  
粮食及  
农业组织

Food and Agriculture  
Organization of the  
United Nations

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

Продовольственная и  
сельскохозяйственная организация  
Объединенных Наций

Organización de las  
Naciones Unidas para la  
Alimentación y la Agricultura

منظمة  
الغذية والزراعة  
للأمم المتحدة

S

# COMISIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA

## Tema 4 del programa provisional

### 17.<sup>a</sup> reunión ordinaria

Roma, 18-22 de febrero de 2019

## “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS” DE RECURSOS GENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA Y SU IMPORTANCIA PARA LA SEGURIDAD ALIMENTARIA

### ÍNDICE

	Párrafos
I. Introducción .....	1-2
II. Antecedentes .....	3-6
III. La función de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura .....	7-22
IV. El estatuto jurídico de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura .....	23-27
V. Avances en otros foros .....	28-39
VI. Orientación que se solicita .....	40

*Es posible acceder a este documento utilizando el código de respuesta rápida impreso en esta página. Esta es una iniciativa de la FAO para minimizar su impacto ambiental y promover comunicaciones más verdes. Pueden consultarse más documentos en el sitio [www.fao.org](http://www.fao.org).*



CGRFA 17

## I. INTRODUCCIÓN

1. La Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura (en adelante, la Comisión), en su 16.<sup>a</sup> reunión ordinaria, estableció una nueva línea de trabajo sobre el tema “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura (RGAA)<sup>1</sup> y pidió a la Secretaría que preparara, con sujeción a la disponibilidad de los recursos necesarios, un estudio exploratorio de investigación y delimitación del alcance de dicho tema (en adelante, el estudio) a efectos de proporcionar información, entre otras cosas, sobre la terminología empleada en este ámbito, los agentes que trabajan con “información digital sobre secuencias” de RGAA y los tipos y ámbitos de utilización de dicha información, tales como:

- la caracterización,
- la selección y el mejoramiento genético,
- la conservación,
- la identificación de los RGAA,

así como la importancia de la “información digital sobre secuencias” de RGAA para la seguridad alimentaria y la nutrición, con miras a facilitar el examen por la Comisión de las implicaciones del empleo de “información digital sobre secuencias” de RGAA para la conservación y el uso sostenible de estos recursos, con inclusión del intercambio, el acceso y la distribución justa y equitativa de los beneficios derivados de su utilización<sup>2</sup>.

2. En el presente documento se ofrecen algunos antecedentes de la preparación del estudio y se resumen sus principales observaciones. Posteriormente, se analizan formas y medios que la Comisión tal vez desee considerar para seguir estudiando la pertinencia de la “información digital sobre secuencias” de RGAA para la conservación y la utilización sostenible de los distintos subsectores de RGAA y sus implicaciones para la distribución de los beneficios derivados de los RGAA o la “información digital sobre secuencias” de RGAA.

## II. ANTECEDENTES

3. La Comisión, en su 16.<sup>a</sup> reunión ordinaria, pidió a la Secretaría que invitara a los miembros a presentar información sobre el uso de “información digital sobre secuencias” de RGAA y sus posibles implicaciones para la conservación y utilización sostenible de los RGAA, con inclusión del intercambio, el acceso y la distribución justa y equitativa de los beneficios derivados de su uso, y que compilase esta información y la remitiera al Secretario Ejecutivo del Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB) como contribución oportuna al proceso establecido en la decisión CBD COP XIII/16<sup>3</sup>. En el documento *Submissions by Members and observers on “digital sequence information” on genetic resources for food and agriculture* (Comunicaciones de los miembros y observadores sobre el tema “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura)<sup>4</sup> se recogen las comunicaciones recibidas, que también se pusieron a disposición de la Secretaría Ejecutiva del CDB<sup>5</sup>.

4. La Secretaría encargó a la Universidad de Canterbury en Christchurch (Nueva Zelandia) que preparara el estudio, el cual se elaboró en colaboración con la Universidad de Basilea (Suiza). El informe se sometió a la revisión por pares de otros dos expertos independientes de los autores. Tal y como había solicitado la Comisión, la Mesa examinó un primer borrador del estudio. Invitó a las regiones a que presentaran observaciones sobre el documento, a través de sus respectivos miembros de la Mesa, a más tardar el 7 de febrero de 2018 y recomendó que el documento, revisado a la luz de las observaciones recibidas, se remitiera en primer lugar a los grupos técnicos intergubernamentales de la Comisión, el Grupo de expertos en recursos genéticos de microorganismos e invertebrados para la alimentación y la agricultura y el Equipo de especialistas técnicos y jurídicos en materia de acceso y distribución de beneficios para recabar observaciones. La Mesa pidió que la Secretaría presentara el

<sup>1</sup> CGRFA-16/17/Informe/Rev.1, *Apéndice C*.

<sup>2</sup> CGRFA-16/17/Informe/Rev.1, párr. 86.

<sup>3</sup> CGRFA-16/17/Informe/Rev.1, párr. 88.

<sup>4</sup> CGRFA-17/19/4/Inf.1.

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

estudio, revisado a la luz de todas las observaciones recibidas, al Secretario Ejecutivo del CDB, como contribución al proceso del Convenio establecido en la decisión CBD COP XIII/6, y a la Comisión.

5. Según lo solicitado por la Comisión<sup>6</sup>, los grupos de trabajo intergubernamentales sobre los recursos zoogenéticos<sup>7</sup>, los recursos genéticos acuáticos<sup>8</sup>, los recursos genéticos forestales<sup>9</sup> y los recursos fitogenéticos<sup>10</sup> para la alimentación y la agricultura, así como el Grupo de expertos en recursos genéticos de microorganismos e invertebrados para la alimentación y la agricultura designado por los miembros de la Mesa de la Comisión<sup>11</sup>, examinaron el proyecto de estudio exploratorio de investigación y delimitación del alcance del tema “información digital sobre secuencias” de RGAA. El Equipo de especialistas técnicos y jurídicos en materia de acceso y distribución de beneficios analizó posteriormente una versión recientemente revisada del estudio y formuló observaciones al respecto<sup>12</sup>. El estudio figura en el documento titulado *Exploratory fact-finding scoping study in “digital sequence information” on genetic resources for food and agriculture* (Estudio exploratorio de investigación y delimitación del alcance del tema “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura), para información de la Comisión. Conforme a la solicitud de esta última, el documento se compartió con el Secretario Ejecutivo del CDB, como contribución al proceso establecido en la decisión CBD COP XIII/16<sup>13</sup>.

6. Dada la enorme rapidez con la que se producen avances en esta esfera de investigación en la que, de hecho, convergen dos innovaciones tecnológicas, en el estudio se tiene en cuenta la posible evolución futura, un aspecto que tanto las partes interesadas como los responsables de la formulación de políticas tal vez deseen tomar en consideración al abordar el tema de la “información digital sobre secuencias” de RGAA. En el estudio se examina la forma en la que se está utilizando actualmente la “información digital sobre secuencias” de RGAA, cómo se podría utilizar en el futuro y cuáles son las implicaciones de su utilización, o cuáles podrían ser en el futuro, para el sector de la alimentación y la agricultura. El estudio pretende contribuir al debate acerca de si la “información digital sobre secuencias” puede sustituir al material genético en el presente o en el futuro, y de qué manera, para llevar a cabo actividades de investigación y desarrollo sobre los RGAA y crear valor a partir de los recursos genéticos mediante la “información digital sobre secuencias”. Abriga asimismo el propósito de ayudar a los responsables de la formulación de políticas a adaptarse a los cambios científicos introducidos por cambios cuantitativos y cualitativos en la recopilación, transmisión, aplicaciones y valor inherente de la información incluso cuando pueda estar separada del material genético biológico original. El estudio abarca:

- la terminología utilizada en este ámbito;
- la situación actual de las biotecnologías, incluidas la identificación, la caracterización, la selección y mejoramiento genético y la conservación de los RGAA, en la gestión de los RGAA y los agroecosistemas y los posibles adelantos futuros;
- los tipos y ámbitos de la utilización actual y la posible utilización futura de la “información digital sobre secuencias” de RGAA en las biotecnologías;
- los agentes que trabajan con “información digital sobre secuencias” de RGAA y la importancia, en el presente y en el futuro, de la “información digital sobre secuencias” de RGAA para la seguridad alimentaria y la nutrición.

<sup>6</sup> CGRFA-16/17/Informe Rev.1, párrafos 90 y 91.

<sup>7</sup> CGRFA/WG-AnGR-10/18/Report.

<sup>8</sup> CGRFA/WG-AqGR-2/18/Report.

<sup>9</sup> CGRFA/WG-FGR-5/18/Report.

<sup>10</sup> CGRFA/WG-PGR-9/18/Report.

<sup>11</sup> CGRFA/EG-MIGR-1/18/Report.

<sup>12</sup> CGRFA-17/19/3.1, párrs. 6-11.

<sup>13</sup> CBD/COP/14/INF/29.

### III. LA FUNCIÓN DE LA “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS” DE RECURSOS GENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA

7. No existe una definición convenida universalmente del término “información digital sobre secuencias”, lo que se refleja en las decisiones pertinentes adoptadas en el marco del CDB y su Protocolo de Nagoya sobre Acceso a los Recursos Genéticos y Participación Justa y Equitativa en los Beneficios que se Deriven de su Utilización (en adelante, el Protocolo de Nagoya) y en la decisión de la Comisión de establecer una nueva línea de trabajo relativa a la “información digital sobre secuencias”. Se reconoce que “se han utilizado múltiples denominaciones en este ámbito (como ‘datos sobre secuencias genéticas’, ‘información sobre secuencias genéticas’, ‘información genética’, ‘recursos genéticos desmaterializados’ o ‘utilización *in silico*’, entre otras) y que es necesario seguir considerando cuáles son los términos apropiados que deben utilizarse”<sup>14</sup>. En la CBD COP/XIV se señaló que el término “información digital sobre secuencias” podría no ser el más apropiado y que, por tanto, se utilizaba de modo provisional. Se estableció asimismo “un proceso basado en la ciencia y políticas en relación con la información digital sobre secuencias de recursos genéticos”<sup>15</sup> para, entre otras cosas, “esclarecer el concepto, incluida la terminología y el alcance pertinentes, de la información digital sobre secuencias [...]”<sup>16</sup>.

8. No todas las personas que utilizan los diversos términos relacionados con la “información digital sobre secuencias” se refieren pues a lo mismo con ellos. En el estudio se observó que la comunidad científica, de forma notable, no utiliza el término “información digital sobre secuencias” y se señala que la ciencia está en constante evolución, lo que hace que las definiciones precisas sean potencialmente arbitrarias o prescriptivas.

9. Por tanto, en el estudio se emplea una definición ilustrativa de la “información digital sobre secuencias”, a saber: Por “información digital sobre secuencias” se entiende el tipo de información que figura en las bases de datos del tipo actualmente en uso, o que se podría añadir a estas, y que está cotejada por la revista científica *Nucleic Acids Research (NAR)*<sup>17</sup>. Así pues, la Comisión tal vez desee seguir utilizando el término “información digital sobre secuencias” de modo provisional por el momento.

10. La “información digital sobre secuencias” de RGAA utilizada actualmente comprende diversos tipos de información que suelen almacenarse en bases de datos electrónicas sobre varios materiales biológicos que se encuentran en los RGAA, utilizados para gestionar RGAA u obtener valor de estos. Alguna información digital sobre secuencias de RGAA, pero no toda, corresponde a información sobre la composición del ácido desoxirribonucleico (ADN), o el ácido ribonucleico (ARN), que se presenta normalmente como una secuencia de nucleótidos. A veces la “información digital sobre secuencias” puede ser suficiente para sintetizar un rasgo sin necesidad de acceder al material genético biológico. La “información digital sobre secuencias” de RGAA distinta del ADN o el ARN será a menudo fundamental para determinar o sintetizar algunos rasgos; en otros casos, puede que la “información digital sobre secuencias” del ADN o ARN no sea necesaria para determinar o sintetizar rasgos.

11. En el estudio se señala que la “información digital sobre secuencias” de RGAA contribuye a la seguridad alimentaria y la nutrición como instrumento fundamental para la caracterización de los RGAA, la selección y el mejoramiento genético, la creación de nuevos productos, la inocuidad alimentaria y la rastreabilidad y la gestión de los RGAA, incluida la optimización del contexto medioambiental. Se subraya que la “información digital sobre secuencias” es un componente esencial de las tecnologías utilizadas para la caracterización, la conservación y la utilización sostenible de los RGAA. La “información digital sobre secuencias”, según el estudio, sustenta tecnologías de síntesis del ADN y algunos tipos de material genético. Tal vez estas tecnologías podrían permitir algún día sintetizar todos los tipos de material genético o biológico mediante la “información digital sobre secuencias”.

<sup>14</sup> CGRFA-16/17/Informe/Rev.1, párr. 87.

<sup>15</sup> Decisión 14/20, párrafo 8.

<sup>16</sup> Decisión 14/20, párrafo 9 a); véase también la sección V más adelante.

<sup>17</sup> Estudio informativo n.º 68, pág. 10 (solo en inglés).

12. La “información digital sobre secuencias” facilita la obtención de valor a partir de un recurso genético sin estar en posesión del mismo o de su ADN. El estudio no observó diferencias reales o potenciales significativas en las características de las tecnologías tal y como se aplican en los diferentes subsectores de los RGAA. En el estudio se determinó que la “información digital sobre secuencias” se utilizaba ampliamente en todos los subsectores de los RGAA. La “información digital sobre secuencias” es un componente habitual de casi toda la investigación en materia de ciencias biológicas. El estudio concluye que la “información digital sobre secuencias” de RGAA es fundamental para el desarrollo de productos y se prevé que su importancia vaya en aumento, sobre todo al incrementarse el volumen de “información digital sobre secuencias” de RGAA de interés que estará disponible.

13. La “información digital sobre secuencias” también desempeña una importante función en los sistemas de gobernanza relacionados con la inocuidad de los alimentos, incluido el etiquetado de productos, y la identificación de los componentes de los alimentos, que puede ser importante para la conservación de especies amenazadas. Se utiliza para diagnosticar enfermedades de los RGAA en todas sus formas, así como para formular terapias de tratamiento.

14. La “información digital sobre secuencias” en forma de encuestas por especies contribuye a la conservación de las mismas. Dicha información se utiliza con frecuencia para identificar especies y evaluar la diversidad genética dentro de cada una. Se emplea también para seleccionar material destinado al almacenamiento y puede utilizarse para comprobar la viabilidad, a través de análisis metabólicos, y garantizar la pureza a lo largo del tiempo. Sin embargo, también se puede utilizar a fin de seleccionar material para distintas actividades, como el mejoramiento, la inseminación artificial, la sincronización del estro, la fecundación *in vitro* y la clonación, pudiendo emplearse asimismo para controlar o realizar pruebas de progenie.

15. La “información digital sobre secuencias” contribuye también a la utilización sostenible en muchos niveles, desde la aplicación directa a los RGAA hasta la gestión de recursos genéticos, pasando por el descubrimiento y formulación de nuevos plaguicidas, fertilizantes biológicos y probióticos<sup>18</sup>. Contribuye asimismo a la sostenibilidad económica de la utilización. Los nuevos productos derivados de RGAA aumentan la seguridad en materia de ingresos, así como la sostenibilidad financiera de los agricultores. La “información digital sobre secuencias” es un elemento fundamental del desarrollo de nuevos productos.

16. La “información digital sobre secuencias” se utiliza para aportar valor desvinculado del material biológico a fin de apoyar la caracterización, la conservación y la utilización sostenible de los RGAA. En algunos casos, este valor proviene de la revinculación de la “información digital sobre secuencias” con el material biológico, como en su utilización de la metagenómica para identificar bacterias probióticas que se añaden como enmiendas del suelo. La incapacidad para detectar una especie de bacteria en el suelo podría ser el desencadenante de la búsqueda de una enmienda probiótica o la adición de un nutriente que pudiera amplificar el nivel de la especie de indetectable a biológicamente pertinente. En el Cuadro 1 figuran algunos ejemplos de los usos actuales de la “información digital sobre secuencias” en los distintos subsectores de recursos genéticos. Debería consultarse el estudio original<sup>19</sup> para obtener más información.

17. Ante el aumento de la capacidad mundial de generar secuencias del ADN y compartirlas, la “información digital sobre secuencias” es suficiente para hacer un uso significativo de la información obtenida de los RGAA para la caracterización de la biodiversidad y la mejora de los RGAA mediante la selección. Además, hoy en día o en el futuro próximo es posible utilizar únicamente la “información digital sobre secuencias” para obtener, transferir y reconstruir partes significativas de la información genética de organismos sin haber estado en posesión de estos o haber transferido su ADN de un lugar a otro.

18. Es evidente que se puede generar, y se genera, “información digital sobre secuencias” a partir de todo tipo de RGAA, a saber, microbios, plantas y animales. Contribuye a la conservación y a diversas actividades de las cadenas de valor que se basan en la descripción taxonómica, la identificación de los rasgos, la selección, la certificación, materias primas y nuevos productos. Los

<sup>18</sup> Véase el Estudio informativo n.º 52 (solo en inglés).

<sup>19</sup> Véase el Estudio informativo n.º 68 (solo en inglés).

ejemplos que figuran en el estudio se distribuyen entre microbios, plantas y animales para mostrar de forma independiente por sector el volumen de “información digital sobre secuencias” aplicada.

19. El valor de un recurso genético ya no se limita a su biología. La escala y la rapidez de la recopilación de información sobre organismos puede generar usos e ingresos futuros con independencia del organismo que aportó originalmente el material genético. La “información digital sobre secuencias” ha alcanzado la escala de lo que se denominan “macrodatos”. La utilización de macrodatos puede crear un valor para los RGAA muy diferente de la posesión, utilización o gestión de los mismos, proporcionando al mismo tiempo asistencia y productos a quienes ciertamente poseen, utilizan y gestionan RGAA.

20. La “información digital sobre secuencias” de RGAA se almacena en medios electrónicos o digitales. Se desconoce el volumen de “información digital sobre secuencias” que se encuentra en manos privadas. La “información digital sobre secuencias” de acceso público comprende el contenido y funcionalidad de aproximadamente 1 700 bases de datos en línea con infraestructura principalmente en países desarrollados. Sin embargo, debido al gran volumen de datos y a las aptitudes bioinformáticas necesarias para acceder a la “información digital sobre secuencias”, la disponibilidad pública de dicha información no implica necesariamente accesibilidad.

21. Gracias a la “información digital sobre secuencias”, diferentes tipos de industrias y agentes participan en la caracterización, la conservación y la utilización sostenible de los RGAA. Se desarrollan cadenas de valor para todo, desde bionanotecnologías, pasando por la biología sintética y la informática biológica, hasta secuenciadores portátiles en explotaciones agrícolas y asesoramiento de gestión personalizado. La disminución del costo de la secuenciación y síntesis facilitará el acceso de los investigadores, el público y los agricultores a las herramientas pertinentes.

22. A pesar de la reducción del costo de la secuenciación y síntesis del ADN, el costo de trabajar con otros tipos de material biológico, y el elevado costo de las infraestructuras electrónicas y la capacitación especializada, seguirá haciendo que para algunos países resulte difícil utilizar la “información digital sobre secuencias” o beneficiarse plenamente de ello.

#### **IV. EL ESTATUTO JURÍDICO DE LA “INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS” DE RECURSOS GENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA**

23. Según el Protocolo de Nagoya, “los beneficios que se deriven de la utilización de recursos genéticos, así como las aplicaciones y comercialización subsiguientes, se compartirán de manera justa y equitativa con la Parte que aporta dichos recursos que sea el país de origen de estos o una Parte que haya adquirido los recursos genéticos de conformidad con el Convenio”<sup>20</sup>.

24. Existen diferentes opiniones respecto de si la “información digital sobre secuencias” se puede considerar un “recurso genético”. También hay opiniones variadas en cuanto a si la secuenciación del ADN, esto es, el proceso o determinación del orden de los nucleótidos en el ADN o ARN, y las actividades de selección, se consideran “utilización”, o en qué condiciones se considera como tal. Los efectos jurídicos de entender la “información digital sobre secuencias” como equivalente a un recurso genético podrían consistir en obligaciones sobre el consentimiento fundamentado previo, condiciones mutuamente acordadas y la distribución de beneficios. Los efectos jurídicos de entender la “información digital sobre secuencias” solo como el producto de utilización de un recurso genético podrían suponer obligaciones correspondientes a la distribución de beneficios derivados de la “información digital sobre secuencias” o las aplicaciones o comercialización subsiguientes de la “información digital sobre secuencias”<sup>21</sup>. La “información digital sobre secuencias” suscita asimismo la pregunta de si el derecho a la distribución de beneficios se extingue en algún punto límite o si se extiende a todas las reutilizaciones posteriores que generen beneficios.

---

<sup>20</sup> Artículo 5.1 del Protocolo de Nagoya.

<sup>21</sup> Véase el informe del Grupo especial de expertos técnicos en información digital sobre secuencias de recursos genéticos (CBD/DSI/AHTEG/2018/1/4), párrafo 7 f) del Anexo (solo en inglés).

**CUADRO 1: EJEMPLOS DE USOS ACTUALES DE LA INFORMACIÓN DIGITAL SOBRE SECUENCIAS DE RECURSOS GENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA**

<b>Recursos zoogenéticos</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Un ejemplo de la utilización de “información digital sobre secuencias” para la caracterización de los recursos zoogenéticos es la selección genómica, en la que se utilizan marcadores de todo el genoma para predecir el valor genético de cada animal. El intervalo generacional acortado agiliza el proceso de mejoramiento.</li> <li>• La “información digital sobre secuencias” se utiliza para el diagnóstico y prevención de enfermedades.</li> <li>• El instrumento de edición de genes CRISPR/Cas9, orientado por la “información digital sobre secuencias” del gen BCO2, se utilizó en la fase unicelular de cigotos de oveja Tan y se crearon animales modificados con alteración del gen BCO2 bialélica o monoalélica. Los animales bialélicos, esto es, aquellos con ambos genes BCO2 mutados, presentaban una grasa mucho más amarilla.</li> <li>• La “información digital sobre secuencias” del bioma ruminal y su utilización en la gestión de los recursos zoogenéticos. Se han concluido varios estudios metagenómicos importantes del microbioma ruminal y se ha generado “información digital sobre secuencias” que se aplica al doble desafío de incrementar la eficacia del pienso y reducir las emisiones de gases de efecto invernadero.</li> </ul>
<b>Recursos genéticos acuáticos</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• La “información digital sobre secuencias” se utiliza para caracterizar los genes que contribuyen a la plasticidad fenotípica en los peces.</li> <li>• La “información digital sobre secuencias” contribuye a la crioconservación de esperma y, en menor medida, huevos y embriones de peces y larvas de algunos invertebrados, a las tecnologías reproductivas y la detección de híbridos, y al diagnóstico y prevención de enfermedades.</li> <li>• La verificación del etiquetado de productos mediante la “información digital sobre secuencias” puede utilizarse a efectos de rastreabilidad y observancia de las leyes que fomentan la conservación y la utilización sostenible de los recursos genéticos acuáticos.</li> </ul>
<b>Recursos genéticos forestales</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• La “información digital sobre secuencias” se utiliza para facilitar la identificación de especies, subespecies e híbridos, así como para seleccionar material genético a efectos de su almacenamiento o micropropagación.</li> <li>• La “información digital sobre secuencias” utilizada en la genómica predictiva puede ayudar en la conservación de árboles al determinar el entorno apropiado para el genotipo y contribuir a su migración.</li> <li>• La “información digital sobre secuencias” tiene gran potencial para el mejoramiento genético forestal, al ayudar a reducir los desafíos derivados de los altos niveles de heterocigosis de los árboles forestales, el gran número de especies no domesticadas y los prolongados intervalos entre generaciones.</li> </ul>
<b>Recursos fitogenéticos</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• La “información digital sobre secuencias” sustenta la selección asistida por marcadores en programas de mejoramiento mediante técnicas genómicas. Al proporcionar instrumentos más perfeccionados de mejoramiento, la “información digital sobre secuencias” contribuye a la seguridad alimentaria y la nutrición.</li> <li>• La “información digital sobre secuencias” apoya el uso de marcadores moleculares, tecnologías ómicas, la crioconservación, el almacenamiento <i>in vitro</i> en crecimiento lento, el cruzamiento amplio, la hibridación somática, la micropropagación y las biotecnologías para el diagnóstico de enfermedades.</li> <li>• La “información digital sobre secuencias” se utiliza para la lucha contra las plagas. La “información digital sobre secuencias” derivada de los perfiles genómicos y metagenómicos se utiliza para diseñar plaguicidas basados en el ADN o ARN, que a menudo se conocen como tipos de “biológicos” o “biológicos agrícolas” para diferenciarlos de los ingredientes activos sintéticos de plaguicidas químicos.</li> </ul>

### **Recursos genéticos de microorganismos e invertebrados**

- La “información digital sobre secuencias” se utiliza para crear marcadores moleculares y para el análisis ómico en la caracterización de recursos genéticos de microorganismos e invertebrados, así como para la detección de patógenos y agentes causantes de putrefacción en alimentos.
- La “información digital sobre secuencias” se utiliza para la elaboración de marcadores moleculares, disciplinas ómicas, la crioconservación y la detección de patógenos.

25. Se han manifestado preocupaciones respecto de que la “información digital sobre secuencias”, debido a los avances tecnológicos, puede cuestionar la aplicación de mecanismos de acceso y distribución de beneficios (ADB) al hacer innecesario que los usuarios logren acceso a los recursos biológicos originales, lo que posiblemente les permitirá eludir los procedimientos de acceso y distribución de beneficios. Por otro lado, se ha señalado que en virtud del artículo 5 del Protocolo de Nagoya también se han de compartir los beneficios derivados de las “aplicaciones o comercialización subsiguientes” de la utilización de recursos genéticos.

26. Algunos temen que los posibles costos adicionales de cumplimiento o suscripción correspondientes a la “información digital sobre secuencias” puedan frenar la distribución de activos para fases iniciales de investigación, ya que la información no se generaría o se mantendría en secreto. Otros sostienen que la falta de un marco jurídico para el acceso y distribución de los beneficios derivados de la “información digital sobre secuencias” podría incitar a los países a restringir el uso de la “información digital sobre secuencias” obtenida de los recursos genéticos que aportan.

27. A pesar de las diferencias de opinión, parece haber acuerdo en cuanto a que la “información digital sobre secuencias” y su repercusión en la conservación, la utilización sostenible de los recursos genéticos y la distribución justa y equitativa de los beneficios merecen seguir siendo objeto de reflexión.

## **V. AVANCES EN OTROS FOROS**

### ***Convenio sobre la Diversidad Biológica y Protocolo de Nagoya***

28. La Conferencia de las Partes (COP) en el CDB, en su 13.<sup>a</sup> reunión, y la Conferencia de las Partes que actúa como reunión de las Partes en el Protocolo de Nagoya, en su segunda reunión, aprobaron decisiones en cuanto a la “información digital sobre secuencias” en las que se reconoció la necesidad de un enfoque sobre este asunto coordinado y sin duplicaciones en el contexto del Convenio y del Protocolo de Nagoya (decisiones CBD COP XIII/16 y NP-2/14, respectivamente). Decidieron considerar en sus próximas reuniones cualquier posible repercusión del uso de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos para los tres objetivos del CDB y para el objetivo del Protocolo de Nagoya, respectivamente.

29. Las Partes acordaron asimismo un proceso para facilitar la consideración de este asunto, que comprendía lo siguiente: consultas con gobiernos, pueblos indígenas y comunidades locales, así como organizaciones y partes interesadas pertinentes<sup>22</sup>; la preparación de un estudio de investigación y delimitación del alcance para aclarar la terminología y los conceptos y evaluar el alcance y las condiciones de la utilización de “información digital sobre secuencias” en el contexto del CDB y el Protocolo de Nagoya<sup>23</sup>; y la creación de un grupo especial de expertos técnicos para considerar, entre

<sup>22</sup> Véase el documento titulado *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](#) y [CBD/DSI/AHTEG/2018/1/2/Add.1](#)) (Síntesis de las opiniones y de la información sobre las posibles implicaciones del uso de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos para los tres objetivos del Convenio y el objetivo del Protocolo de Nagoya, solo en inglés).

<sup>23</sup> Véase el documento titulado *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](#)) (Estudio de investigación y delimitación del alcance sobre la información digital de secuencias de los recursos genéticos en el contexto del Convenio sobre la Diversidad Biológica y del Protocolo de Nagoya, solo en inglés).



otras cosas, el alcance técnico y las repercusiones jurídicas y científicas de la terminología existente relativa a la “información digital sobre secuencias”<sup>24</sup>.

30. Al considerar el asunto en la 14.<sup>a</sup> reunión de la COP, las Partes, observando una divergencia de opiniones entre ellas en cuanto a la distribución de beneficios derivados de la utilización de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos, se comprometieron a trabajar para resolver esta divergencia mediante un proceso basado en la ciencia y las políticas<sup>25</sup> con el objetivo de reforzar la consecución del tercer objetivo del CDB y el párrafo 7 del Artículo 15, sin perjuicio de las circunstancias a las que se aplica este artículo<sup>26</sup>. En el proceso figuran consultas, el establecimiento de un Grupo especial de expertos técnicos ampliado y la preparación de cuatro estudios revisados por pares sobre los aspectos siguientes:

- i) el concepto y alcance de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos y cómo se utiliza esta actualmente, basándose en el estudio de investigación y delimitación del alcance existente<sup>27</sup>;
- ii) los adelantos actuales en el ámbito de la rastreabilidad de la información digital, en particular la forma en la que las bases de datos abordan este aspecto, y la manera en que estos podrían fundamentar los debates acerca de la “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos;
- iii) las bases de datos públicas y, en la medida de lo posible, privadas de “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos, incluidos los términos y condiciones con arreglo a los cuales se concede o controla el acceso, el alcance biológico y el volumen de las bases de datos, la cantidad de muestras y su origen, las políticas rectoras y los proveedores y usuarios de la “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos, y el estímulo a los propietarios de bases de datos privadas para que proporcionen la información necesaria;
- iv) la manera en la que las medidas nacionales tratan la distribución de beneficios derivados de la utilización de “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos de índole comercial y no comercial y la forma en la que abordan la utilización de información digital sobre secuencias de recursos genéticos con fines de investigación y desarrollo<sup>28</sup>.

31. Un Grupo de Trabajo especial de composición abierta entre períodos de sesiones, establecido por la COP, examinará las conclusiones del Grupo especial de expertos técnicos ampliado para apoyar la preparación del marco mundial de la diversidad biológica posterior a 2020<sup>29</sup>. El Grupo de trabajo de composición abierta entre períodos de sesiones deberá formular recomendaciones para la 15.<sup>a</sup> reunión de la COP sobre cómo abordar la información digital sobre secuencias de recursos genéticos en el contexto del marco mundial de la diversidad biológica posterior a 2020<sup>30</sup>. También se solicita que el Grupo de trabajo de composición abierta entre períodos de sesiones presente el resultado de sus deliberaciones para someterlas al examen de la COP, que actúa como reunión de las Partes en el Protocolo de Nagoya en su cuarta reunión<sup>31</sup>.

### ***Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura***

32. El Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (en adelante, el Tratado) celebró un acto especial sobre información genómica antes de su séptima reunión, el cual tuvo lugar el 28 de octubre de 2017 en Kigali (Rwanda). En dicho acto se presentó el estudio titulado *Potential implications of new synthetic biology and genomic research trajectories on the International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture*

---

<sup>24</sup> Véase el informe titulado *Report of the Ad Hoc Technical Expert Group on Digital Sequence Information on Genetic Resources* ([CBD/SBSTTA/22/INF/4](#)) (Informe del Grupo especial de expertos técnicos en información digital sobre secuencias de recursos genéticos, solo en inglés).

<sup>25</sup> Decisión 14/20, párrafo 8.

<sup>26</sup> Decisión 14/20, párrafo 6.

<sup>27</sup> *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](#)) (solo en inglés).

<sup>28</sup> Decisión 14/20, párrafo 11.

<sup>29</sup> Véase la Decisión 14/34.

<sup>30</sup> Decisión 14/20, párrafo 12.

<sup>31</sup> Decisión NP-3/12, párrafo 3.

(Posibles implicaciones de nuevas trayectorias de la biología sintética y la investigación genómica en el Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura)<sup>32</sup>, encargado por la Secretaría del Tratado.

33. El Órgano Rector del Tratado, en su séptima reunión, consideró la “información digital sobre secuencias” en el contexto del proyecto de programa de trabajo plurianual para 2018-2025. El Órgano Rector decidió considerar en su octava reunión las posibles implicaciones en relación con los objetivos del Tratado del uso de “información digital sobre secuencias” de recursos genéticos, así como la posibilidad de incluir dicho tema en su programa de trabajo plurianual; Asimismo, el Órgano Rector invitó a las Partes Contratantes, otros gobiernos, las partes interesadas pertinentes y particulares con conocimientos especializados pertinentes sobre el asunto a proporcionar al Órgano Rector información sobre, entre otras cosas, la terminología empleada en este ámbito, los agentes que se ocupan de “información digital sobre secuencias” de recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura (RFAA), los tipos de usos de la “información digital sobre secuencias” de RFAA y el grado de utilización de la misma, tales como la caracterización, la selección y el mejoramiento genético, la conservación, la identificación de los RFAA, así como la importancia para la seguridad alimentaria y la nutrición de la “información digital sobre secuencias” de RFAA, con miras a facilitar el examen por el Órgano Rector, en su octava reunión, de las posibles implicaciones en relación con los objetivos del Tratado Internacional del uso de “información digital sobre secuencias” de RFAA, con inclusión del intercambio, el acceso y la distribución justa y equitativa de los beneficios derivados de su utilización<sup>33</sup>.

34. En lo que respecta al Sistema multilateral de acceso y distribución de beneficios, el Órgano Rector estableció un Grupo de contacto para lograr avances en la mejora del Sistema multilateral. Se espera que el Grupo de trabajo especial de composición abierta para mejorar el funcionamiento del Sistema multilateral de acceso y distribución de beneficios, cuyo mandato fue prorrogado por el Órgano Rector para el bienio 2018-19, examine cuestiones referentes a la información genética relacionada con material del Sistema multilateral, en particular en el contexto del Acuerdo normalizado de transferencia de material<sup>34</sup>.

35. Con respecto al Sistema mundial de información del Tratado, el Órgano Rector decidió incluir en el mandato del Comité Asesor Científico sobre el Sistema mundial de información para el bienio 2018-19 el estudio de las cuestiones científicas y técnicas pertinentes para la información sobre secuencias genéticas, en la medida en que sean generadas por la utilización de RFAA y estén relacionadas con la aplicación del Sistema mundial de información<sup>35</sup>.

### ***Organización Mundial de la Salud***

36. El Marco para el intercambio de virus gripales y el acceso a las vacunas y otros beneficios como parte de la preparación para una gripe pandémica (PIP, por sus siglas en inglés)<sup>36</sup>, aprobado en 2011 por la Asamblea Mundial de la Salud, tiene como objetivo mejorar la preparación y respuesta ante una pandemia de gripe y fortalecer la protección frente a la gripe pandémica, con el objetivo de disponer de un sistema justo y transparente, equitativo, eficiente y eficaz para realizar, en pie de igualdad, el intercambio de virus gripales potencialmente pandémicos para el hombre y el acceso a las vacunas y la compartición de otros beneficios.

37. El Grupo de Examen del Marco de PIP, creado en 2016 de acuerdo con el Marco de PIP, si bien señaló que los principios del Marco seguían siendo tan pertinentes como en 2011, concluyó que “hay cuestiones clave que se deben abordar urgentemente para que el Marco de PIP siga siendo pertinente, como el modo de manejar los [datos sobre secuencias genéticas] con arreglo al Marco de PIP”<sup>37</sup>.

<sup>32</sup> [http://www.fao.org/fileadmin/user\\_upload/faoweb/plant-treaty/GB7/gb7\\_90.pdf](http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/faoweb/plant-treaty/GB7/gb7_90.pdf)

<sup>33</sup> Resolución 13/2017.

<sup>34</sup> Resolución 2/2017.

<sup>35</sup> Resolución 5/2017, párr. 9 Véase también la [Invitación a enviar opiniones e información sobre la “Información digital sobre secuencias”](#) del 3 de diciembre de 2018.

<sup>36</sup> [http://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/44867/9789243503080\\_spa.pdf?sequence=1](http://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/44867/9789243503080_spa.pdf?sequence=1)

<sup>37</sup> Grupo de Examen del Marco de PIP. 2016. [Examen del Marco de Preparación para una Gripe Pandémica, informe de la Directora General](#). Ginebra: Organización Mundial de la Salud, p.13.

38. Aunque en el Marco de PIP se hace referencia a los “datos sobre secuencias genéticas”<sup>38</sup> y se anima a todos los países a compartir estos datos de forma rápida, oportuna y sistemática<sup>39</sup>, los datos sobre secuencias genéticas no figuran en la definición de los materiales biológicos PIP. Por tanto, el régimen de distribución de los beneficios aplicable con arreglo al Marco PIP a los materiales biológicos PIP no incluye plenamente datos sobre secuencias genéticas. El Grupo de Examen del Marco PIP concluyó, por consiguiente, que es necesario aclarar urgentemente el manejo de los datos de secuencias genéticas con arreglo al Marco PIP para garantizar que se guía por los mismos principios que el intercambio de materiales biológicos PIP.

39. En mayo de 2017, la Asamblea Mundial de la Salud pidió a la Directora General de la OMS, en respuesta al informe del Grupo de Examen del Marco de PIP<sup>40</sup>, que, entre otras cosas, realizara un análisis exhaustivo y deliberativo de las cuestiones planteadas por dicho grupo, en particular en relación con los datos de secuenciación genética. Después de llevar a cabo consultas intensivas y publicar un proyecto de análisis en septiembre de 2018, la Organización Mundial de la Salud publicó el análisis el 14 de diciembre de 2018<sup>41</sup>. En el análisis se exponen las repercusiones potenciales de los posibles enfoques en materia de gripe estacional y datos de secuenciación genética aplicados en el Marco PIP. El Consejo Ejecutivo de la OMS examinará un proyecto de decisión sobre este asunto en su próxima 144.ª reunión, para someterlo a la consideración de la 72.ª Asamblea Mundial de la Salud<sup>42</sup>.

## VI. ORIENTACIÓN QUE SE SOLICITA

40. La Comisión tal vez desee:

- i. considerar la necesidad de realizar nuevos análisis de la “información digital sobre secuencias” en preparación de su próxima reunión;
- ii. solicitar que los órganos auxiliares de la Comisión y la Comisión aborden en sus próximas reuniones la “información digital sobre secuencias” y sus repercusiones en la conservación y la utilización sostenible de los RGAA, así como la distribución de los beneficios derivados de estos, incluidos aspectos subsectoriales específicos de la “información digital sobre secuencias”;
- iii. invitar a los países y partes interesadas pertinentes a que proporcionen apoyo para el fomento de la capacidad y financiero a fin de permitir que todos los países, especialmente los países en desarrollo, hagan uso de la “información digital sobre secuencias” y se beneficien de ella;
- iv. pedir a la FAO que aborde la situación y utilización de la “información digital sobre secuencias” de RGAA en futuros informes sobre el estado de los recursos genéticos y la biodiversidad para la alimentación y la agricultura en el mundo.

---

<sup>38</sup> Por “secuencias genéticas” se entiende el orden en que aparecen los nucleótidos en una molécula de ADN o ARN. Contienen la información genética que determina las características biológicas de un organismo o virus (Marco PIP, sección 4.1).

<sup>39</sup> Marco PIP, sección 5.2.1.

<sup>40</sup> Grupo de Examen del Marco de PIP. 2016. [Examen del Marco de Preparación para una Gripe Pandémica, informe de la Directora General](#). Ginebra: Organización Mundial de la Salud.

<sup>41</sup> Organización Mundial de la Salud. 2018. [Enfoques del marco de preparación para una gripe pandémica en materia de gripe estacional y datos de secuenciación genética](#).

<sup>42</sup> [http://apps.who.int/gb/ebwha/pdf\\_files/EB144/B144\\_23-sp.pdf](http://apps.who.int/gb/ebwha/pdf_files/EB144/B144_23-sp.pdf)