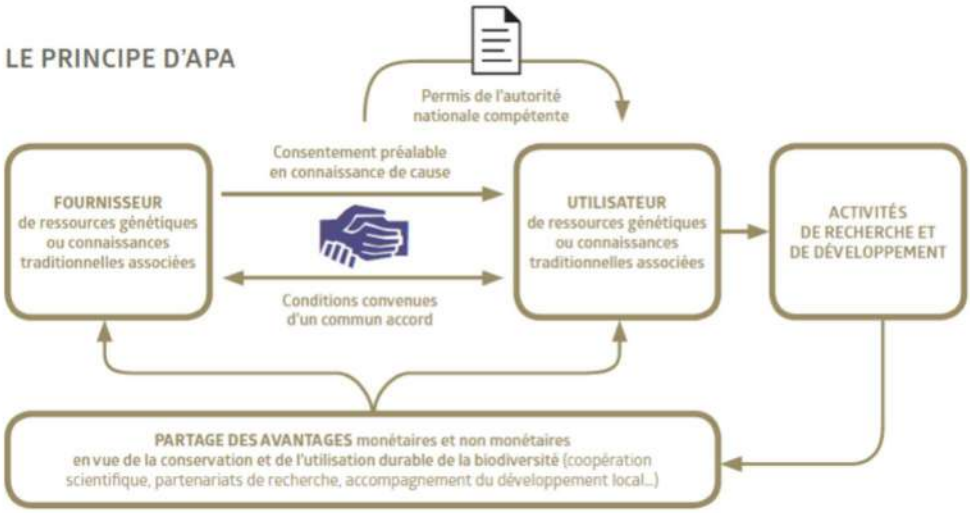
R102: L'APA face à la numérisation du vivant, par C. Aubertin et J-L. Pham

par Anne T | 22 Mar 2022 | 2 commentaires



La Société Française d'Ecologie et d'Evolution (SFE2) vous propose ce Regard de Catherine Aubertin et Jean-Louis Pham, respectivement économiste et généticien, sur l'APA et le Protocole de Nagoya face à la numérisation du vivant..

Cet article est une version légèrement modifiée et adaptée pour ces Regards du chapitre 16 de l'ouvrage collectif *La nature en partage – Au-delà du Protocole de Nagoya*. Ed. scientifique C. Aubertin et A. Nivart, IRD Editions/MNHN novembre 2021. (https://www.ird.fr/lird-et-le-mnhn-publient-louvrage-la-nature-en-partage-autour-du-protocole-de-nagoya)
(https://en.ird.fr/ird-and-mnhn-publish-book-nature-common-beyond-nagoya-protocol)

MERCI DE PARTICIPER à ces regards et débats sur la biodiversité en postant vos commentaires et questions sur les forums de discussion qui suivent les articles; les auteurs vous répondront.

———

L'Accès et le Partage des avantages (APA) face à la numérisation du vivant

Catherine Aubertin (1) et Jean-Louis Pham (2)

(1) : économiste de l'environnement, UMR Paloc, IRD-MNHN/SU
(2) : généticien, UMR Diade, IRD

Regard RO19, édité par Anne Teyssèdre

——

Mots-clés : Convention sur la Diversité biologique (CDB), préservation de la biodiversité, Protocole de Nagoya, Accès et Partage des Avantages (APA), gouvernance de la biodiversité, relations Nord-Sud, biopiraterie, information sur les séquences génétiques (DSI).

——

- Introduction
- Encart : le Protocole de Nagoya
- Des résultats décevants
- Une fuite en avant
- Les DSI (Digital Sequence Information)
  - Que sont les DSI?
  - Rappel historique

- D'âpres discussions
  - Deux manières de voir
  - S'entendre sur une définition, arrêter une terminologie
  - Résoudre les questions techniques
- Les options débattues
- La poursuite du marchandage
- Sigles et définitions
- Remerciements
- Bibliographie
- Pour en savoir plus
- Forum de discussion sur ce regard

——

Introduction

Tout autant que le financement de la conservation de la biodiversité, le mécanisme d'accès aux ressources génétiques et de partage des avantages découlant de leur utilisation (APA), établi par la Convention sur la diversité biologique (CDB, 1992) et mis en œuvre par le Protocole de Nagoya adopté en 2010 (voir l'**encart** ci-dessous), est devenu l'un des principaux sujets d'affrontement des négociations de la 15ème Conférence des parties (COP 15) de la CDB, qui opposent pour simplifier pays industriels riches en technologies et pays en développement riches en biodiversité. Au-delà des tensions liées à la mondialisation et à des échanges inégaux, cette opposition est également révélatrice des transformations de nos sociétés face aux innovations numériques et biotechnologiques, qui changent à la fois nos relations à notre environnement et la répartition de la valeur créée par sa mise en exploitation. C'est ce qu'illustre la crispation sur les DSI – *Digital Sequence Information* –, que nous analysons ici.

Encart : Le protocole de Nagoya

Adopté en octobre 2010 par les Etats Parties à la Convention sur la Diversité Biologique (CDB) lors de la COP 10 de Nagoya, au Japon, et entré en vigueur en octobre 2014, le protocole de Nagoya précise le cadre juridique du principe d'accès aux ressources génétiques et de partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation (APA, en anglais *Access and Benefit-Sharing – ABS*) défini par la CDB.

Précisons qu'au sens de la CDB, les ressources génétiques sont le « matériel génétique ayant une valeur effective ou potentielle », ce qui recouvre de fait toute la biodiversité, le protocole de Nagoya étendant même le périmètre de l'APA aux dérivés des ressources génétiques que sont les produits du métabolisme. La CDB reconnaît de plus la contribution des communautés autochtones et locales à la conservation et à l'utilisation durable de la biodiversité. Elle introduit la notion de « connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques » dont ces communautés sont détentrices et les place dans le champ d'application de l'APA.

Le Protocole de Nagoya vise à encourager la préservation de la biodiversité par les Etats et populations locales « fournisseurs » en les faisant bénéficier des retombées de l'exploitation de la biodiversité par les « utilisateurs » au travers d'un mécanisme de partage d'avantages qui peut se faire sous forme monétaire ou non-monétaire. La Convention sur la diversité biologique (adoptée en 1992) confère aux États la souveraineté sur leurs ressources génétiques. De ce fait, la mise en œuvre du protocole de Nagoya est du ressort de chaque Etat partie au protocole (au nombre de 132 en février 2022), qui définit les réglementations relatives à l'APA concernant ses ressources génétiques et désigne une autorité nationale compétente pour leur exécution.

Parmi les principes de base pour les recueils d'échantillons biologiques et/ou de connaissances traditionnelles associées, deux étaient déjà largement entrés dans les pratiques de recherche : 1. l'identification de la ressource afin de renseigner ses caractéristiques, sa date de prélèvement et son origine géographique ; 2. l'accord de transfert de matériel biologique (MTA : *Material Transfer Agreement*) entre le partenaire fournisseur et l'utilisateur. Avec le protocole de Nagoya, s'y ajoutent alors depuis 2010 : 3. un consentement préalable en connaissance de cause acquis auprès du pays fournisseur et des représentants des communautés détentrices de savoirs (PIC : *Prior Informed Consent*) ; enfin, 4. un contrat établi entre utilisateurs et fournisseurs de ressources génétiques et de connaissances traditionnelles associées précisant les conditions convenues d'un commun accord en matière de partage des avantages (MAT : *Mutually Agreed Terms*).

Le protocole de Nagoya incite les équipes de recherche à impliquer les acteurs locaux dès l'origine de la démarche de recherche, à donner aux populations locales une voix dans le processus de valorisation et de sa méthode, à établir un contrat qui engage les parties dès le début. Il renforce l'exigence de tracer les échantillons biologiques et les savoirs associés, de documenter les conditions de leur recueil et de conserver ces documents.

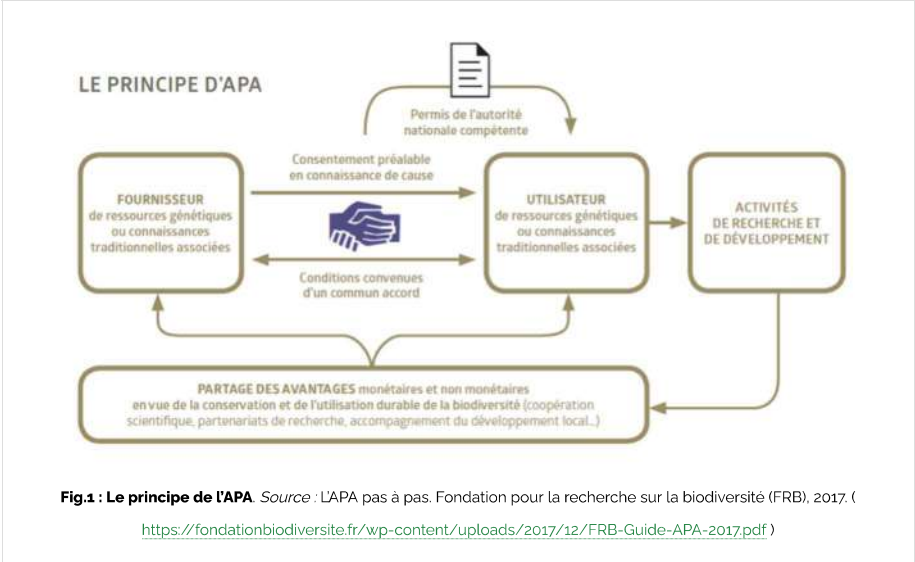


Fig.1 : Le principe de l'APA. *Source :* L'APA pas à pas. Fondation pour la recherche sur la biodiversité (FRB), 2017. (https://fondationbiodiversite.fr/wp-content/uploads/2017/12/FRB-Guide-APA-2017.pdf)

Protocole de Nagoya : https://www.cbd.int/abs/doc/protocol/nagoya-protocol-fr.pdf

---

Des résultats décevants

Alors que l'objectif du Protocole de Nagoya, tel que spécifié dans son introduction, est de contribuer « à stimuler la conservation de la diversité biologique en consolidant les occasions de partage juste et équitable des avantages découlant de l'utilisation des ressources génétiques », sa mise en œuvre n'a pas rencontré le succès escompté. Plus de dix ans après son adoption en 2010, il faut reconnaître que les retours monétaires du mécanisme APA sont négligeables et soumis à de longues tractations, alors que les formalités qui y sont attachées sont dénoncées comme ralentissant la recherche et l'innovation. Comment expliquer que malgré ce constat, partagé autant par les pays fournisseurs que par les pays utilisateurs de ressources génétiques, le cadre du protocole de Nagoya ne semble pas remis en question ?

Le Centre d'échanges sur l'APA administré par le secrétariat de la CDB continue en effet d'enregistrer les ratifications des pays parties au protocole [1]. Ils sont aujourd'hui au nombre de 132, adhérant aux principes théoriques de l'APA, mais aussi aux obligations concrètes du protocole (66 restant non-parties en février 2022). En ratifiant le protocole, les Etats parties s'engagent à adopter ainsi des législations nationales souvent contraignantes, à la mise en application coûteuse, calquées sur le modèle APA du protocole, apparemment sans se préoccuper de la viabilité d'un tel modèle.

Au niveau international, les documents préparatoires du *Cadre mondial de la biodiversité pour l'après 2020* qui sera négocié à la prochaine COP 15 [2] proposent de compter le nombre de pays ayant obtenu des avantages monétaires ou non monétaires provenant d'un accès accordé aux ressources génétiques et aux connaissances traditionnelles associées en vue de les utiliser, ainsi que la quantité d'avantages monétaires ainsi obtenus afin de « répondre aux besoins des populations grâce à l'utilisation durable et au partage des avantages » [3].

Cette proposition ambitieuse laisse perplexe, tant les exemples d'APA enregistrés par le Centre d'échange sur l'APA sont encore peu nombreux et surtout peu documentés, tandis que les frustrations dans le monde de la recherche s'expriment bruyamment (Divakaran *et al.*, 2018 ; Deplazes-Zemp *et al.*, 2018 ; Rourke, 2018).

Alors qu'on aurait pu penser à une remise à plat du protocole au vu de ses premiers résultats, on assiste à une fuite en avant, une sorte de course-poursuite entre les avancées des pratiques scientifiques et le champ d'application de la CDB qui peine à s'y adapter.

[1] https://absch.cbd.int/en/countries

[2] La COP15 devait initialement se tenir à Kunming (Chine) en octobre 2020. Du fait de la pandémie de Covid, elle a été plusieurs fois repoussée.

[3] CBD/POST2020/PREP/2/1, 17 Août 2020

Une fuite en avant

Contre toute évidence, le mythe de l'or vert entretenu par la CDB est toujours vivace pour ceux qu'elle a désignés comme les « fournisseurs ». Pourtant, les pratiques de bioprospection de ressources biologiques ont perdu pour nombre d'« utilisateurs » leur caractère privilégié, et ce bien avant la signature de la CDB en 1992. Le modèle de l'accès à la ressource physique détenue par un pays ou une communauté ne tenait déjà pas compte des pratiques de la recherche pharmaceutique, qui développait alors le screening à haut débit, en quête de principes actifs à partir de milliers de molécules fournies par l'industrie chimique.

Le périmètre des ressources biologiques concernées par l'APA, tout d'abord limité à celles contenant des unités fonctionnelles de l'hérédité – ressources génétiques au sens de la CDB –, s'est progressivement élargi quand il est devenu évident que les retours financiers les plus importants ne proviendraient pas de l'utilisation des gènes, mais des molécules à la base des médicaments. Le protocole de Nagoya s'est alors étendu aux dérivés, dont il donne cette définition : « "Dérivé" : tout composé biochimique qui existe à l'état naturel résultant de l'expression génétique ou du métabolisme de ressources biologiques ou génétiques, même s'il ne contient pas d'unités fonctionnelles de l'hérédité » (art. 2c). L'APA promu par le protocole concerne donc les molécules naturelles, provenant du métabolisme d'organismes vivants ou morts, incluant des extraits bruts. Les enzymes, les huiles essentielles, les résines, etc. sont des dérivés.

Aujourd'hui, les négociations portent sur une autre extension du champ d'application de l'APA par la CDB : les DSI *(digital sequence information)*, littéralement l'« information de séquençage numérique », pour lesquelles la terminologie à adopter n'est pas encore définie.

Les DSI (Digital Sequence Information)

Que sont les DSI ?

Toutes les nouvelles sciences en « omique » – génomique, protéomique, transcriptomique, métabolomique, etc.– produisent des milliards de données numériques. Les DSI sont le produit de technologies de séquençage génétique ou biologique devenues de moins en moins chères et de plus en plus rapides.

Les avancées de la génomique et de la bio-informatique, des méthodes d'analyse statistique et la combinaison avec d'autres données permettent d'extraire de ces DSI des résultats, utilisables par différentes disciplines et à différentes échelles, qui notamment éclairent les mécanismes d'interactions moléculaires et l'histoire évolutive des organismes vivants. La recherche sur le vivant vit désormais à l'heure de la biodiversité *in silico*. Elle se déroule en grande partie devant un ordinateur relié à un centre de calcul, et exploite ce que l'on peut appeler des ressources génétiques dématérialisées. L'information et les connaissances ainsi contenues dans une séquence d'ADN peuvent être extraites, transformées et échangées indépendamment du matériel génétique physique auquel elles se rapportent. Pour les chercheurs des sciences du vivant, avoir accès aux DSI s'apparente davantage à l'accès à un service plutôt qu'à un bien matériel, ce qui était le statut de la ressource génétique lors de la rédaction du protocole.

L'essor des DSI, continu depuis les années 1990 et s'accélérant depuis 2010 (Stephens et al. 2015), s'inscrit dans le contexte du développement des capacités de calcul et des méthodes de traitement des données de masse *(big data)*, et de l'accès libre ou facilité *(open access)* aux principales banques de séquences. La base de données internationale de séquences de nucléotides (International Nucleotide Sequence Database Collaboration, INSDC) a été reconnue comme acteur clé par la CDB pour la connaissance et la protection de la biodiversité. Elle regroupe les données de trois bases gérées au niveau national ou régional : NCBI aux USA, DDBJ au Japon et EMBL-EBI pour l'Union européenne. Les données y sont accessibles à tous en un clic, pour peu de disposer d'un ordinateur et d'une connexion internet. On peut y télécharger les séquences de génomes en libre accès (CETAF, 2017).

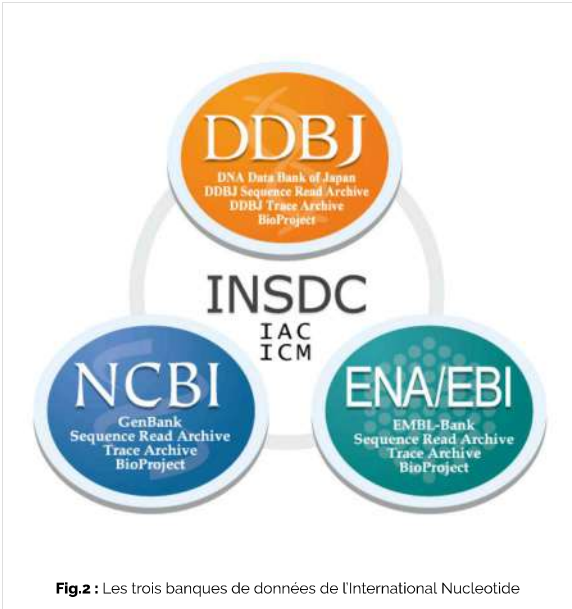


Fig.2 : Les trois banques de données de l'International Nucleotide

Sequence Database Collaboration, INSDC. (*Source :* INSDC)

Ces banques de séquences sont bien entendu alimentées par les chercheurs. Ils sont invités – voire contraints – par les principales revues scientifiques à déposer leurs séquences pour que leurs articles puissent être validés et publiés. *Nature* et *Science* exigent le dépôt des données de séquences comme condition de publication (Rourke, 2018), à l'image des revues de botanique qui demandent le dépôt du spécimen de référence dans un herbier, suivant ainsi les injonctions du code international de nomenclature botanique. Ces pratiques de mise à disposition des données sont le lot de la communauté scientifique et peuvent être renforcées par des politiques de recherche nationales. Ainsi, en France, la loi pour la République numérique du 26 octobre 2016 demande que toutes les données recueillies, produites ou publiées avec de l'argent public soient mises à disposition des citoyens. Ces incitations aux « données ouvertes » *(open data)* contrastent avec les restrictions à l'accès aux ressources génétiques *in situ* ou *ex situ*, telles que promues par le protocole de Nagoya. Les scientifiques ressentent donc des injonctions contradictoires.

Ces nouvelles pratiques ont révolutionné la recherche mobilisant des ressources génétiques. Les DSI font figure de nouvel « or vert », et les interrogations *via* internet des banques de données génomiques sont vues comme les activités de prospection de substances naturelles *in situ* dans les années 1980-1990 que la CDB devait réguler, susceptibles de nourrir autant de promesses de richesses que d'accusations de biopiraterie. La Convention sur la diversité biologique se trouve ainsi aujourd'hui confrontée à ce qui apparaît pour les uns comme l'idéal d'une science ouverte progressant par la mise en commun du matériel biologique, des données et des connaissances, et pour les autres comme une nouvelle forme de biopiraterie (Aubertin, 2018).

Rappel historique

On peut situer l'origine du débat sur les DSI lors de la réunion de 2015 du groupe spécial d'experts du protocole de Carthagène sur la biosécurité – autre protocole de la CDB entré en vigueur en 2003 –, chargé d'examiner les effets négatifs et positifs potentiels de la biologie de synthèse (Keiper et Atanassova, 2020). L'utilisation d'« informations génétiques numériques » obtenues à partir d'une ressource génétique sans partage juste et équitable des avantages est pointée. Les États parties au protocole de Nagoya sont alors invités à clarifier la question [4].

À la COP 13 de Cancun, en 2016, les thèmes de travail des deux protocoles de la CDB se sont ainsi rejoints : les risques de la biologie synthétique, étudiés par le protocole de Carthagène, et l'application du mécanisme d'accès et de partage des avantages (APA) à l'information sur les ressources génétiques sous forme de données de séquençage, relevant du protocole de Nagoya.

Car l'utilisation des données de séquençage dépasse désormais de loin la seule connaissance académique de la biodiversité. Les progrès des techniques d'édition du génome (dont le célèbre CRISPR-Cas9) ouvrent des perspectives vertigineuses de manipulations du vivant, susceptibles d'affecter la biodiversité, ainsi que des perspectives économiques non moins colossales pour les entreprises de l'agroalimentaire, de la pharmacie, de la cosmétique. Les premières sont perçues comme échappant au contrôle démocratique et au principe de précaution. Plusieurs négociateurs et de nombreuses ONG demandent un moratoire sur le « forçage génétique ». Les secondes (celles par exemple d'entreprises semencières éditant le génome de plantes cultivées en se basant sur l'information de séquences de gènes « favorables ») apparaissent libérées des mécanismes APA avec l'utilisation sans contrepartie de DSI en accès libre. De plus, ces nouvelles techniques bénéficient principalement aux chercheurs et industriels des pays développés qui disposent des capacités technologiques et humaines nécessaires (bio-informatique, biologie moléculaire).

On comprend alors que les pays ne disposant pas de ces capacités s'insurgent contre ce qui apparaît comme une incohérence et une injustice : l'accès à la ressource dématérialisée est gratuit et facile. La majeure partie des séquences génétiques numérisées est accessible *via* des bases de données publiques qui ne requièrent ni l'origine de la ou des ressources dont sont issues les séquences, ni l'identification des contributeurs ou utilisateurs, ni l'acceptation de conditions générales comme la signature d'accords à l'entrée ou à la sortie de ces bases. Les DSI échappent ainsi au mécanisme d'accès et de partage des avantages et les accusations de biopiraterie ressurgissent alors avec une nouvelle intensité.[5]

La discussion reprend les interrogations à la base de la CDB : comment répondre à la possibilité d'une appropriation des DSI par le biais des droits de propriété intellectuelle ? Comment faire respecter le partage des avantages potentiels à partir de l'utilisation des DSI ? L'accès libre aux DSI dans les banques de données est-il un contournement du protocole de Nagoya ?

À la COP 14 de Sharm-el-Sheikh (Égypte), en novembre 2018, les négociations ont conclu que l'accès aux DSI ne pouvait être réglé dans le cadre du protocole et ont reporté sur la CDB le soin de proposer un système de partage.

[4] CDB/SYNBIO/AHTEG/2015/1/3 ; §31 et §66 (i) https://www.cbd.int/doc/meetings/synbio/synbioahteg-2015-01/official/synbioahteg-2015-01-03-en.pdf

[5] Voir par ex. Prat F., 2021,https://www.infogm.org/7107-biopiratage-des-sequences-numerisees-deux-exemples. Autre exemple : la célèbre réserve mondiale de semences de Svalbard se voit accusée de conserver à terme des graines mortes que seules les grandes multinationales semencières sauront exploiter par le biais des informations de séquences encore extractibles.

D'âpres discussions

Deux manières de voir

Depuis 2016, la question des DSI est inscrite à l'ordre du jour de la CDB. Un programme de travail dédié est engagé, aussi bien dans le cadre de la CDB [6] que dans celui du protocole de Nagoya [7]. Une étude est commandée (Laird et Wynberg, 2018), un groupe d'experts formé. Celui-ci, après de longues délibérations, émet une « recommandation » (un ensemble de considérations devant conduire à une décision sur la prise en compte des DSI par le protocole de Nagoya lors de la COP14) entièrement sous crochets, reflétant l'absence de consensus entre les Parties [8].

Deux appels à soumissions sont lancés par le secrétariat de la CDB en 2016 et 2018. Les États, mais aussi les ONG, les centres de recherche et les entreprises, sont appelés à éclairer la question en donnant leurs points de vue. Ces *position papers* sont déposés sur le site de la CDB : https://www.CBD.int/*DSI*-gr/2019-2020/submissions/. Ils nous permettent de dresser la scène des débats (Nothias, 2020).

On ne s'étonnera pas de retrouver, de manière très caricaturale, deux camps opposés. Les pays du Nord et nombre de sociétés savantes bataillent contre l'inclusion des DSI dans le champ de la CDB. Instruits par l'expérience difficile de l'application du protocole de Nagoya, ils mettent en avant la nécessaire fluidité de l'information pour l'innovation scientifique et industrielle [9]. Les pays du Sud, arguant que, de toute évidence, les DSI sont issues du matériel génétique, exigent quant à eux un encadrement de l'accès aux bases de données et un partage juste et équitable des avantages tirés de leur utilisation, conformément au protocole de Nagoya. Insatisfaits du peu de retombées financières générées par le protocole, ils accusent son champ d'application d'être trop étroit : il devrait s'appliquer à toutes formes matérielles et immatérielles du vivant et ne pas être borné dans le temps, permettant toute rétroactivité. La dispute porte alors sur la définition des DSI et sur les modalités d'application de l'APA.

[6] Décision COP-13/16 sur les *DSI*, 16 décembre 2016 https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-13/cop-13-dec-16-en.pdf

[7] Décision NP-2/14 sur les *DSI*, 16 décembre 2016 : https://www.cbd.int/doc/decisions/np-mop-02/np-mop-02-dec-14-en.pdf

[8] *Recommandation adopted by the SBSSTA n°22/1 on DSI*, 7 juillet 2018, [CBD/SBSTTA/REC/22/1] : https://www.cbd.int/doc/recommendations/sbstta-22/sbstta-22-rec-01-en.pdf

[9] Voir par ex. The Alliance of Science Organisations in Germany, 2018, https://www.fraunhofer.de/en/press/research-news/2018/February/the-alliance-of-science-organisations-in-germany-sees-open-access-to-digital-sequence-information-at-risks.html ;

S'entendre sur une définition, arrêter un terminologie

Jusqu'à aujourd'hui, le groupe de travail dédié ne s'est toujours pas accordé sur une définition des DSI. Or, d'un point de vue juridique, il est essentiel de définir la terminologie à employer pour savoir si un mécanisme APA peut être appliqué.

Pour les faire entrer dans le champ d'application de la CDB, il faudrait considérer les DSI comme des « ressources génétiques » (article 2 de la CDB) ou, du moins, comme un cas d'« utilisation de ressources génétiques », c'est-à-dire comme « activités de recherche et développement sur la composition génétique et/ou biochimique de ressources, notamment par l'application de la biotechnologie » ou encore, à l'image des connaissances traditionnelles associées, comme une information associée à une ressource génétique.

Fig. 3 : Crevette empereur *Periclimenes imperator* sur son hôte holothurie *Bohadschia ocellata*, dans l'océan indien (agrandissement). Bien qu'immatérielles, les informations portées par les séquences génétiques ou protéomiques de ces deux espèces sont-elles elles-mêmes des ressources génétiques? Telle est une des questions discutées à la CBD.

(Cliché Nick Hobgood, cc BY SA 3.0)

Le Brésil n'a pas attendu pour inclure l'information génétique comme composante de son patrimoine génétique dans sa loi de 2015. Il réclame des procédures d'APA pour les séquences numériques issues de sa biodiversité déposées dans les banques de données génétiques. L'Éthiopie définit les ressources génétiques comme « tout matériel de ressource biologique contenant des informations génétiques ayant des valeurs réelles ou potentielles pour l'humanité et comprend les dérivés et les DSI ». L'Inde estime que la valeur du matériel génétique « réside dans les informations génétiques qu'il contient, que ce soit sous une forme tangible, intangible ou potentielle ». L'Argentine, quant à elle, interprète le terme DSI comme « information numérique sur les séquences de ressources génétiques » et en déduit que l'information est une composante de la ressource génétique, les DSI étant donc incluses dans le matériel génétique.

Pour leur part, les pays industrialisés affirment que les DSI sont des données immatérielles, intangibles, qui n'entrent pas dans le champ d'application de la CDB, ni dans celui du protocole de Nagoya. Ils insistent sur la distinction à opérer entre les données, qui sont des résultats de recherche, et les informations associées à une ressource génétique. Ainsi l'Australie qualifie les DSI d'« entités non physiques de nature électronique », ne contenant pas de matériel génétique. La France propose l'expression « données numériques de séquençage de ressources génétiques ».

De manière générale, les pays industrialisés rappellent que les banques de gènes sont dépositaires d'éléments très variés. Ils tentent de préciser les contours des DSI et les classent en plusieurs groupes (ADN et ARN, protéines et modifications épigénétiques, métabolites et autres macromolécules…) qui demanderaient des traitements différents. Ils soulignent que la majorité des séquences que l'on trouve dans les banques de gènes sont des séquences humaines ou issues des pays développés où elles sont en libre accès, et ne sont donc pas concernées par le protocole.

Résoudre les questions techniques

Les arguments avancés ne se cantonnent pas à la définition des DSI. Les attaques déjà critiques contre les contraintes du protocole ressurgissent : les tracasseries administratives, la difficulté de traiter de grandes quantités de données, la notion de partage des avantages. Sont mis en avant les retards importants et les obstacles bureaucratiques pour l'obtention des permis d'accès et de collecte, et l'incertitude juridique existante. À l'époque du haut débit dans l'acquisition de données issues de la génomique, le temps nécessaire à l'obtention d'autorisations d'accès et d'utilisation est mal vécu.

Les difficultés techniques propres aux DSI, et déjà rencontrées avec les micro-organismes marins, sont mises en avant (WiLDSI, 2020). Pour mener une recherche dans de nombreuses disciplines, il faudrait demander de multiples autorisations. La biologie de l'évolution (pour le calcul de phylogénies), la recherche sur les substances actives (pour le criblage d'immenses quantités de séquences d'ADN) ou la recherche sur les maladies infectieuses (pour l'étude de nouveaux agents pathogènes) exigent l'accès à des milliers, voire des millions, de séquences. Comment alors identifier la provenance et la valeur de chaque séquence ?

La séquence ne peut en tant que telle être brevetée. De nombreuses séquences identiques ou très proches se retrouvent dans de nombreux organismes, du fait de l'origine partagée d'organismes même très éloignés. Au sein d'une même espèce, une séquence peut varier entre individus et des mutations naturelles peuvent contribuer à cette variation sur de courtes périodes. Les produits commerciaux potentiels viendront d'une combinaison de séquences : comment caractériser alors l'utilisation de la valeur de chaque séquence ?

Les pays industrialisés mettent en avant que l'accès libre aux DSI est favorable aux avancées scientifiques et à la réussite des objectifs mondiaux pour la biodiversité que défend la CDB. Les DSI sont des outils clés pour les études de taxonomie ; elles permettent d'identifier les espèces, de les décrire, de les comparer afin de comprendre la variabilité génétique des populations, le rôle des gènes dans le développement des organismes et la résilience au changement climatique, connaissances qui permettent d'agir en faveur de la conservation et la gestion de la biodiversité (CETAF, 2017 ; Laird et Wynberg, 2018). Leur mise à disposition en libre accès, aussi bien pour les pays utilisateurs que fournisseurs, participe ainsi aux deux premiers objectifs de la CDB – conservation et usage durable – et répond à l'objectif 19 d'Aichi : « D'ici à 2020, les connaissances, la base scientifique et les technologies associées à la diversité biologique, ses valeurs, son fonctionnement, son état et ses tendances, et les conséquences de son appauvrissement, sont améliorées, largement partagées, transférées, et appliquées. » Restreindre l'accès aux DSI serait aller à l'encontre des buts de la CDB.

Cette mise à disposition gratuite est le fait d'une politique scientifique internationale, financée par les pays qui ont créé ces banques et les maintiennent à disposition. Les *position papers* des pays industrialisés soutiennent que le libre accès est justifié par une volonté de démocratiser la science en la mettant à portée de tous et qu'il constitue une forme de partage des avantages, mais cela n'est pas acceptable pour les pays du Sud qui souhaitent garder un contrôle sur leur patrimoine génétique et obtenir davantage de retours monétaires.

Les options débattues

La Convention sur la Diversité Biologique a été signée dans un mouvement de mondialisation, où certes triomphaient les logiques marchandes, mais où s'imposait aussi l'urgence de répondre aux problèmes d'environnement globaux exigeant une coopération internationale. À l'heure de la remise en cause de la mondialisation et de l'affirmation des égoïsmes nationaux, il

est difficile d'imaginer de renégocier la CDB sans lui porter atteinte et, plus encore, de revoir le protocole de Nagoya, qui n'est même pas encore mis en œuvre par tous les pays l'ayant ratifié.

Pour qu'un accord soit trouvé, il faut imaginer un système de partage qui ne compromette pas la facilité d'accès voulue par les États utilisateurs tout en assurant un retour aux pays fournisseurs de la ressource naturelle initiale de la séquence.

Il serait possible de s'inspirer du mécanisme de partage multilatéral du Traité international sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (Tirpaa), qui remplace le consentement préalable par un accès facilité et qui, en retour, engage l'utilisateur à alimenter un fonds de partage des avantages destiné prioritairement aux agriculteurs des pays en développement qui conservent et utilisent de manière durable les ressources phytogénétiques[10]. On basculerait ainsi hors des accords bilatéraux promus par le protocole, vers un engagement multilatéral. Certains des scénarios issus du 1er Dialogue mondial sur les DSI (Pretoria, novembre 2019) prônent la création d'un fonds multilatéral de partage des avantages issus de l'exploitation des DSI, voie également explorée dans un rapport revendiquant une « perspective scientifique » (WiLDSI, 2020) et exposée lors des multiples webinaires organisés par le secrétariat de la CDB (https://www.cbd.int/dsi-gr).

L'identification des contributeurs, des usagers et de la provenance des séquences ne semble pas une question insurmontable pour peu que des outils informatiques soient développés afin d'assurer la traçabilité des ressources. Lier l'information sur l'origine physique du matériel à sa séquence digitale peut se faire en incluant les informations associées aux séquences dans les banques de données, en liant les publications de DSI aux ressources génétiques des collections *ex situ* et en indiquant le pays d'origine dans les demandes de brevets. Les offices de brevets chinois et brésilien demandent déjà l'origine de la ressource génétique à la base d'une découverte lors des dépôts de brevets ; la loi française pour la reconquête de la biodiversité de 2016 demande au déposant d'un brevet de communiquer les informations sur la ressource d'origine à l'Institut national de la propriété industrielle (INPI).

Dans tous les cas, les outils du protocole (PIC et MAT) permettent d'envisager le destin des DSI lors de l'accès à la ressource biologique : séquençage ou non, dépôt ou non dans une banque de données en libre accès, partage des éventuels avantages… Des formations spécifiques et des autorisations privilégiées pour que les fournisseurs puissent consulter ces banques pourraient figurer dans la liste de partages des avantages. Des partenariats de recherche en faveur des chercheurs du Sud pourraient être conclus lors de la prochaine COP 15 dans le volet « mobilisation de ressources » de l'accord-cadre pour l'après 2020 (Laird *et al.*, 2020).

Comment imaginer la coexistence de deux systèmes de partage des avantages ? Les ressources génétiques pourraient suivre les procédures du protocole de Nagoya, alors que les DSI suivraient une logique de libre accès à des données trouvables, accessibles, interopérables et réutilisables *(Findable, Accessible, Interoperable, Reusable :* FAIR). Cependant, appliquer un traitement différencié aux DSI, plus souple et suivant un « formalisme » moindre que celui des ressources génétiques, qui resteraient quant à elles soumises au protocole, pourrait de fait rendre le recours à celles-ci à des fins de recherche ou de bioprospection encore moins désirables.

[10] Inf'OGM (2019 janvier), « Internet et biopiraterie, les États ne sont pas d'accord ». E. Meunier, F. Prat

La poursuite du marchandage

Les négociations autour des DSI s'inscrivent dans la continuité des conflits géopolitiques qui, au-delà de différentes visions du monde, reflètent les difficultés à concilier politiques environnementales et développement économique dans le cadre d'un accord multilatéral. Depuis la première conférence de l'ONU sur l'environnement à Stockholm en 1972, les engagements en matière de protection de la biodiversité proposés par les pays du Nord doivent tenir compte des revendications des pays du Sud en termes de soutien au développement durable et de partage des avantages.

L'exigence de cette contrepartie est à l'origine du troisième objectif de la CDB sur le partage juste et équitable des avantages tirés de l'exploitation des ressources génétiques en 1992 lors de la conférence de Rio ; puis en 2010, lors de la conférence de Nagoya, le plan stratégique 2011-2020 connu sous le nom des « Objectifs d'Aichi » a été obtenu dans le même temps que le protocole de Nagoya était signé. Aujourd'hui, l'extension du champ d'application du partage des avantages aux DSI servira sans doute de monnaie d'échange afin que les pays du Sud acceptent de souscrire à la stratégie post-2020 que soutiendra l'Europe à la prochaine COP 15 prévue à Kunming. La COP 15 devra en effet adopter une nouvelle stratégie mondiale pour la biodiversité, le plan stratégique 2011-2020 arrivant à expiration, sans qu'aucun des 20 objectifs d'Aichi n'ait été atteint (SCDB, 2020). Sans un quelconque partage des avantages découlant de l'utilisation des DSI, il sera difficile de parvenir à un accord-cadre pour l'après 2020[11].

Ces revendications sur les séquences numériques en bases de données portent davantage sur un problème de perte d'opportunité économique, bien différent du registre de la biopiraterie que le protocole de Nagoya devait combattre. Le protocole de Nagoya est ici vu comme une arme de guerre économique plutôt que comme un instrument de protection de la biodiversité et des populations traditionnelles !

Il n'est alors pas étonnant que la crispation sur les DSI trouve un écho dans les forums de négociations des Nations unies : à la commission de la FAO en charge des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture, en particulier dans l'enceinte du Tirpaa pour la révision de son système multilatéral d'APA ; dans celle de la conférence intergouvernementale sur la biodiversité marine au-delà des juridictions nationales (BBNJ), où la question du partage des avantages issus de l'exploitation

des ressources génétiques marines est le premier élément de discussion ; dans le groupe de travail de l'article 8j de la CDB concernant les peuples autochtones et communautés locales ; à l'Organisation mondiale de la santé (OMS) concernant l'accès aux pathogènes humains (PIP framework pour le virus de la grippe pandémique), mais aussi animaux à l'OIE (Organisation Mondiale de la Santé Animale) et végétaux à la FAO, lors d'épidémies et pandémies ; et bien sûr à l'Organisation mondiale de la propriété intellectuelle (OMPI). Tous ces forums, où se joue l'affrontement Nord-Sud, semblent attendre une décision de la CDB pour poursuivre leurs travaux.

On peut s'interroger sur l'importance stratégique accordée à la question des DSI, que certains ont qualifiée de *deal breaker* dans les négociations internationales, alors que la question semble dérisoire lorsqu'il s'agit de lutter contre l'effondrement de la biodiversité dans le contexte de l'urgence climatique. Mais on pourra considérer que les négociations de la CDB s'attaquent ainsi à des enjeux tout à fait essentiels d'accaparement de la valeur, mais aussi de pratiques d'appropriation et de manipulation du vivant, de gouvernance de la biodiversité numérisée. Les questions de gouvernance sont également centrales dans les négociations du protocole de Carthagène, qui réclament des moratoires sur la biologie synthétique et les nouvelles techniques de modification du génome, autre point de crispation de la CDB.

Les effets collatéraux du protocole de Nagoya, tel le développement de partenariats de recherche plus ouverts et équilibrés, se révéleront alors plus importants que les effets espérés sur la préservation de la biodiversité.

[11] Bulletins de la Terre, IISD Reporting services (2018 décembre), *Résumé de la COP-14 (20 nov.)*, En ligne sur: http://enb.iisd.org/biodiv/cop14/

Fig. 4 : Logo de la Conférence mondiale sur la biodiversité de Nagoya (COP10, 2010). *Source*: CBD, ONU.

——

Sigles et définitions

APA : Mécanisme sur l'accès aux ressources génétiques et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation

CDB : Convention sur la Diversité Biologique

COP : Conférence des Parties à la Convention sur la Diversité Biologique

DSI (Digital Sequence Information) : Information de séquençage numérique sur les ressources génétiques.

INPI : Institut National de la Propriété Industrielle

INSDC *(International Nucleotide Sequence Database Collaboration)* : Base de Données Internationale de Séquences de Nucléotides

MAT *(Mutually Agreed Terms)* : Conditions convenues d'un commun accord

MTA : (*Material Transfer Agreement) : Accord de transfert de matériel biologique*

OIE : Organisation Mondiale de la Santé Animale

OMPI : Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle

PIC *(Prior Informed Consent)* : Consentement préalable en connaissance de cause

Protocole de Nagoya : voir l'encart en début d'article.

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

—-

Les auteurs de cet article travaillent depuis une vingtaine d'années sur les applications de la Convention sur la diversité biologique et animent le Comité Nagoya de l'IRD. Ce texte est une version légèrement modifiée, adaptée pour ces Regards, du chapitre 16 de l'ouvrage collectif *La nature en partage – Au-delà du Protocole de Nagoya*. Ed. scientifique C. Aubertin et A. Nivart, IRD Editions/MNHN novembre 2021.
https://www.ird.fr/lird-et-le-mnhn-publient-louvrage-la-nature-en-partage-autour-du-protocole-de-nagoya
https://en.ird.fr/ird-and-mnhn-publish-book-nature-common-beyond-nagoya-protocol

Remerciements

Nous remercions le comité Nagoya et le service des éditions de l'IRD pour leur soutien à cette recherche, ainsi qu' Anne Teyssèdre pour l'édition et l'adaptation de cet article aux Regards de la SFE^2.

Bibliographie

Aubertin C., 2018 – « Le Protocole de Nagoya à l'épreuve de la recherche sur la biodiversité. » *In* Pomade A.(dir.) : *Hommes-Milieux : vers un croisement des savoirs pour une méthodologie de l'interdisciplinarité,* Rennes, Presses universitaires de Rennes : 99-111.

CETAF, 2017 – *Submission on the potential implications of the use of Digital Sequence Information*. ABS Core Group, 8 septembre 2017, multigr., 10 p.

Deplazes-Zemp A. *et al.*, 2018 – The Nagoya Protocol could backfire on the Global South. *Nature Ecology & Evolution*, published on line:14 May 2018.

Divakaran P. *et al.*, 2018 – When the cure kills – CBD limits biodiversity research. *Science,* 360 (6396) : 1405-1406.

Keiper F., Atanassova A., 2020 – Regulation of Synthetic Biology: Developments Under the Convention on Biological Diversity and Its Protocols. *Front Bioeng. Biotechnol.*, 8 : 310. Published 2020 Apr 9. doi:10.3389/fbioe.2020.00310

Laird S., Wynberg R-P., 2018 – Fact-finding and scoping study on DSI on genetic resources in the context of the Convention on Biological Diversity and the Nagoya Protocol. *CBD/AHTEG/DSI/2018/1/3*

Laird S. *et al.*, 2020 – Rethink the expansion of access and benefit sharing. *Science*, 367 (6483) : 1200-1202.

Nothias Y., 2020 – *L'état des négociations sur la réglementation des* Digital Sequence Information *à la veille de la COP-15 de la Convention sur la diversité biologique.* Mémoire de master Biologie, Écologie, Évolution, MNHN, 36 p.

Rourke M., 2018 – Access and benefit-sharing in practice: non-commercial research scientists face legal obstacles to accessing genetic resources. *JSPG,* 13 (1), October 2018.

SCDB – Secretariat of the Convention on Biological Diversity, 2020 – *Global Biodiversity Outlook 5*. Montreal. www.cbd.int/GBO5.

Stephens Z.D. et al., 2015 – Big Data: Astronomical or Genomical? PLoS Biol., 13(7):e1002195.

WiLDSI, 2020 –*Finding compromise on ABS & DSI in the CBD: Requirements & policy ideas from a scientific perspective.* https://www.dsmz.de/fileadmin/user_upload/Collection_allg/Final_WiLDSI_White_Paper_Oct7_2020.pdf

Regards connexes :

Ducarme F., 2021. Zi-ran, natura, prakrti, … Quelle nature voulons-nous protéger? *Regards et débats sur la biodiversité, SFE2,* Regard R96, avril 2021.

Prévot A-C., 2014. Les représentations de la nature se simplifient-elles depuis 70 ans ? *Regards et débats sur la biodiversité, SFE2,* Regard R56, avril 2014.

Autres Regards sur Culture et biodiversité : https://sfecologie.org/tag/culture/

—-

Edition, iconographie et mise en ligne: Anne Teyssèdre.

—-