



environmental affairs

Department:
Environmental Affairs
REPUBLIC OF SOUTH AFRICA



**NORWEGIAN MINISTRY
OF FOREIGN AFFAIRS**

THE ABS
CAPACITY
DEVELOPMENT
INITIATIVE



L'INITIATIVE DE
RENFORCEMENT
DES CAPACITES
POUR L'APA

Premier dialogue mondial sur l'information de sé- quençage numérique sur les ressources génétiques

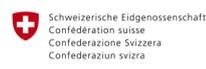
tenu à Pretoria, en Afrique du Sud, du 6 au 8 novembre 2019

Organisé par :

**L'Initiative de renforcement des capacités pour l'APA, le ministère de
l'Environnement, de la Foresterie et de la Pêche de l'Afrique du Sud
et le gouvernement norvégien.**

RAPPORT

funded by



implemented by



Federal Department of Economic Affairs,
Education and Research EAER
State Secretariat for Economic Affairs SECO



Table des matières¹

<i>Bref aperçu du dialogue</i>	2
<i>Attentes des participants</i>	3
<i>Présentations</i>	5
<i>Discussions</i>	12
<i>Options pour la CDB</i>	18
<i>Réflexion sur les résultats du dialogue et voie à suivre</i>	19
<i>Annexe</i>	27

¹ Clause de non-responsabilité : Préparé à l'usage et au profit de ceux qui ont participé au premier dialogue mondial sur l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, ce dialogue qui s'est tenu à Pretoria, en Afrique du Sud, du 6 au 8 novembre 2019 revêt un caractère purement informatif. Il rassemble les contributions et les échanges des participants. Toutefois, le rapport ne prétend pas être une reproduction intégrale de tous les débats et interventions et, conformément à la « règle de Chatham House » qui a régi le présent dialogue, les informations collectées ne révèlent ni l'identité ni l'affiliation des personnes à l'origine de ces dernières. Les présentateurs sont identifiés dans le rapport avec leur permission explicite. Les points de vue exprimés dans ce rapport ne représentent pas les vues ou opinions de la GIZ, des gouvernements d'Afrique du Sud et de Norvège, ou des partenaires de coopération de la GIZ. Le Secrétariat de l'Initiative APA n'assume aucune responsabilité quant à l'exactitude ou à l'exhaustivité du rapport.

Bref aperçu du dialogue

Le premier dialogue mondial sur l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques (RG) a été organisé conjointement par l'Initiative de développement des capacités pour l'APA, le gouvernement norvégien et le ministère de l'Environnement, de la Foresterie et de la Pêche de l'Afrique du Sud. La Norvège et l'Afrique du Sud ont conclu un partenariat stratégique sur les dialogues mondiaux sur l'information de séquençage numérique dans le cadre de la coopération bilatérale entre l'Afrique du Sud et la Norvège. Le dialogue qui s'est tenu du 6 au 8 novembre 2019 à Pretoria a permis d'accueillir 65 participants provenant de 27 pays. Outre les organisateurs et les représentants des pays hôtes, l'atelier a permis de rassembler des gens provenant de divers pays qui participent activement au débat sur l'information de séquençage numérique, mais aussi de pays qui ont déjà pris des mesures pour traiter l'information de séquençage numérique au niveau national, notamment des décideurs de politiques, des négociateurs ou des conseillers gouvernementaux. Parmi les autres participants figuraient des praticiens impliqués dans la production, la distribution ou l'utilisation de l'information de séquençage numérique ainsi que des experts en information de séquençage numérique et questions apparentées. Tous les participants au dialogue ont été traités comme s'ils s'exprimaient en tant qu'individu et non comme représentant d'un pays ou d'une organisation spécifique.

Le dialogue sur l'information de séquençage numérique a permis aux participants de débattre de la question dans un contexte informel et en dehors du processus formel menant à la quinzième conférence des parties (CdP 15) à Kunming, en Chine, conférence au cours de laquelle d'autres décisions seront prises notamment sur la « Manière de traiter les informations de séquençage numérique sur les ressources génétiques dans le contexte du cadre mondial de la diversité biologique pour l'après-2020 ». La réunion de deux jours et demi s'est concentrée sur l'échange d'informations techniques ainsi que sur la compréhension des différents points de vue, des priorités et des attentes des autres participants. L'objectif de ce dialogue était d'accroître la capacité de tous les acteurs à participer efficacement aux discussions sur l'information de séquençage numérique. Les participants se sont penchés sur la compréhension du « concept lié à l'information de séquençage numérique », son exploitation, la question du partage des avantages, les questions techniques relatives aux données, les bases de données, la traçabilité et l'« accès ouvert », les options réglementaires et non réglementaires et les éventuelles implications ainsi que le renforcement des capacités.

La réunion a été ouverte par le gouvernement sud-africain, le gouvernement norvégien et l'Initiative de renforcement des capacités pour l'APA. Les échanges ont commencé par une information des participants sur l'état et la nature des discussions relatives à l'information de séquençage numérique, en identifiant les questions de fond des débats au sein de la CDB et d'autres forums. Créé par l'Initiative APA, le « Guide d'introduction à l'information de séquençage numérique » a été présenté aux participants.² Des présentations ont été faites sur la production, la distribution et l'utilisation de l'information de séquençage numérique. La rencontre a également pris en compte les processus et les approches dans les forums internationaux, en informant les participants sur les développements dans certains forums des Nations Unies. Les participants ont ensuite été invités à discuter et à réfléchir aux options possibles pour l'information de séquençage numérique dans le cadre de la CDB. Les échanges ont

² « Information de séquençage numérique sur les ressources génétiques (DSI) - Guide d'introduction à l'intention des décideurs de politique et des parties prenantes africains » (August 2019), guide disponible à l'adresse http://www.abs-initiative.info/fileadmin/media/Knowledge_Center/Publications/DSI/Introductory_Guide_-_DSI_-_ABS_Initiative_-_FR_-_201908.pdf

également permis d'identifier certaines options et de décrire les liens entre l'utilisation de l'information de séquençage numérique et le partage des avantages, en identifiant les domaines dans lesquels il sera nécessaire d'accroître les connaissances et d'élargir l'engagement des parties prenantes. Les questions à débattre lors du deuxième dialogue mondial ont été brièvement identifiées.

Les participants ont indiqué qu'ils étaient motivés pour faire avancer ce qu'ils avaient appris durant les échanges et pour intégrer ces connaissances dans leur travail. Certains ont noté que l'événement a permis de créer un environnement ouvert pour discuter de cette question controversée. D'autres ont souligné qu'ils auraient aimé voir à la réunion des représentants des populations autochtones et communautés locales (PACL) et des différents secteurs de l'industrie et de la recherche. Les échanges ont été clôturés par l'Initiative APA et les gouvernements norvégien et sud-africain.

Attentes des participants

Le dialogue a débuté par une session visant à saisir les priorités et les attentes des participants. Ces derniers ont été invités à réfléchir sur les trois questions suivantes :

- 1) Que devra-t-il se passer durant ce dialogue mondial pour que vous soyez satisfait des échanges ?
- 2) Quels sont les sujets que vous souhaitez aborder durant ces deux jours et demi ?
- 3) Que faudra-t-il éviter durant cette rencontre ?

Les points clés ont été reproduits dans le tableau ci-dessous :

Que devra-t-il se passer durant ce dialogue mondial pour que vous soyez satisfait des échanges ? Les échanges devront...

- | |
|--|
| <ul style="list-style-type: none">• Conduire à une meilleure compréhension de l'actuel système• Accroître la compréhension de toutes les perspectives présentées• Favoriser le processus relatif à l'information de séquençage numérique• Conduire à un dialogue ouvert• Permettre de saisir la feuille de route et l'objectif des deux Dialogues mondiaux• Mener au pragmatisme et au consensus• Conduire au partage d'idées• Mener à une mise en perspective (empathie et regard sur les choses du point de vue des autres)• Se concentrer sur les opportunités• Apprendre aux gens à mieux se connaître et à communiquer• Conduire à une écoute active• Comblent le fossé entre la science et la politique• Se traduire en « messages à emporter chez soi »• Permettre de sortir des sentiers battus• Conduire à une pensée créative• Permettre de saisir la logique et la perspective des autres• Mener à des résultats « gagnant-gagnant »• Faciliter l'écoute de l'autre• Élargir les connaissances en matière d'information de séquençage numérique en tant que tel• Aboutir à l'ouverture des participants• Permettre de découvrir des perspectives futures envisageables• Créer une compréhension commune du champ d'application et de la terminologie• Établir une bonne solution pragmatique à la question de l'information de séquençage numérique, éventuellement basée sur l'économie de l'information |
|--|

Quels sont les sujets que vous souhaitez aborder durant ces deux jours et demi ?

- Impact sur la recherche
- Concept de l'information de séquençage numérique
- Mécanisme spécialisé de partage des avantages
- « Comment éviter le cauchemar ? »
- Comprendre le cycle de vie de l'information de séquençage numérique
- Comprendre les pratiques scientifiques
- Quel est le vrai problème, qu'est-ce qu'une opportunité ? Quel est l'objectif de la réglementation de l'information de séquençage numérique ?
- Utilisation de l'information de séquençage numérique sous tous les angles
- Simplification des définitions de l'information de séquençage numérique
- Partage des données
- Pérennité (épreuve du futur)
- Partage des avantages (notamment les questions pratiques)
- Renforcement transversal des capacités (science, affaires, droit et politique)
- Conséquences de la réglementation de l'information de séquençage numérique
- Saisir la différence entre « accès ouvert » et « accès gratuit »
- Transparence et définition des limites
- Comprendre les questions relatives à la rétroactivité
- Présentation des avantages et inconvénients de la réglementation de l'information de séquençage numérique, à l'aide d'exemples
- Avantages liés aux 1^{er} et 2^e objectifs de la CDB
- Impact de l'accès restreint à l'information de séquençage numérique sur la santé publique
- Discussion et meilleure compréhension des lignes directrices et des règles relatives aux collections de matériel
- Activités des entreprises liées à l'information de séquençage numérique
- Aspects techniques (la manière dont l'information de séquençage numérique est utilisée tout au long de la chaîne de valeur)
- Rôle et diversité des modèles de bases de données
- Traçabilité
- Liens avec les connaissances traditionnelles (CT)/PAQL et comment les avantages peuvent être partagés avec les détenteurs de CT

Que faudra-t-il éviter durant cette rencontre ?

- Négociations
- Tabous et restrictions dans les discussions
- Domination de certains individus
- Malhonnêteté
- Attaques personnelles
- Dogmatisme
- Répétition de positions de négociation ou discussion de positions politiques
- Blâme et humiliation
- Susceptibilité (prendre les choses personnellement)
- Empêcher que les informations issues de ce dialogue n'alimentent les discussions mondiales
- Discussions non structurées et dispersion des débats

Présentations

Plantation du décor

Plantation du décor : État d'avancement des discussions sur l'information de séquençage numérique, notamment son rôle dans la contribution à la réalisation des trois objectifs de la CDB

Hartmut Meyer (Initiative APA) a présenté l'état d'avancement des discussions sur l'information de séquençage numérique et notamment le rôle de cette information dans la contribution à la réalisation des trois objectifs de la CDB. Il a informé les participants que la question de l'information de séquençage numérique s'est posée, car le séquençage se fait dans des délais de plus en plus courts et à des coûts de plus en plus bas. Il en résulte une production énorme de données biologiques qui sont stockées dans des banques de données accessibles au public. Ces données sont utilisées pour la recherche et le développement, notamment à des fins commerciales. Il a relevé que cela se faisait en grande partie sans application du concept du partage des avantages de la CDB, alors que pour bon nombre de Parties à la CDB le partage est une question essentielle. D'autres acteurs craignent que cela ait un impact négatif sur la réalisation du troisième objectif de la CDB et l'objectif de son protocole de Nagoya. M. Meyer a également souligné le fait qu'il n'y a pas de convention quant à la signification du terme « information de séquençage numérique » au niveau international, que l'expression est devenue un terme générique et que son concept et son champ d'application manquent de clarté. Les parties et les experts qui participent aux réunions ont encore du mal à clarifier le champ d'application et les définitions.

M. Meyer a souligné que l'information de séquençage numérique est discutée dans divers forums des Nations unies et que des positions divergentes sur l'information de séquençage numérique sont apparues au cours des dernières années. Les principaux points de désaccord portent, par exemple, sur la question de savoir si la définition des « ressources génétiques » figurant dans la CDB couvre ou non l'information de séquençage numérique, si l'information de séquençage numérique devrait relever du régime d'accès et de partage des avantages (APA), et si l'accès ouvert à l'information de séquençage numérique peut être considéré comme une forme suffisante de partage des avantages, etc. M. Meyer a informé les participants des différents types de parties prenantes qui sont impliquées dans l'information de séquençage numérique et ses différentes utilisations, en faisant remarquer que différents types de séquences sont utilisés dans un large éventail de disciplines scientifiques, allant de la recherche fondamentale à la recherche appliquée et la recherche à des fins commerciales. L'utilisation de l'information de séquençage numérique joue déjà un rôle important dans les activités susceptibles d'être liées aux trois objectifs de la CDB. M. Meyer a terminé sa présentation en donnant quelques illustrations de l'utilisation de l'information de séquençage numérique, par exemple l'utilisation des séquences du génome du virus Ebola pour mettre au point un médicament.

Kristina Taboulchanas du Secrétariat de la CDB (SCBD) a fait une présentation sur l'état d'avancement des discussions relatives à l'information de séquençage numérique au niveau de la CDB. La question de l'information de séquençage numérique est apparue initialement lors des discussions sur la biologie synthétique dans le cadre de la CDB. Lors de la CdP 13 à Cancún, elle est devenue une question transversale pertinente pour les discussions menées dans le cadre de la CDB et du protocole de Nagoya. Les discussions ont abouti à deux décisions : l'une a été adoptée par la CdP 13 (décision XIII/16) et l'autre par la RdP 2 (décision PP-2/14) – ces décisions ont permis d'établir un processus coordonné et sans double emploi pour les travaux sur ce sujet en 2017/18. La CdP 14 qui s'est tenue à Charm el-Cheikh a

reconnu l'importance de l'information de séquençage numérique pour les trois objectifs de la CDB, que l'accès à l'information de séquençage numérique et son utilisation contribuent à la recherche scientifique ainsi qu'à d'autres activités non commerciales et commerciales, et que de nombreux pays ont besoin de capacités supplémentaires pour accéder à l'information de séquençage numérique, l'utiliser, la produire et l'analyser. Comme il existe une divergence de vues entre les Parties pour ce qui est du partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique, les Parties se sont engagées à œuvrer pour résoudre cette divergence par le biais du processus établi jusqu'à la CdP 15.

En 2019/2020, le processus relatif à l'information de séquençage numérique comprend des études et un examen par les pairs sur des sujets spécifiques³. Mme Taboulchanas a informé les participants que le groupe spécial d'experts techniques chargé de l'information de séquençage numérique (GSET) se réunira du 17 au 20 mars 2020 à Montréal, au Canada, afin de soumettre ses résultats à l'examen de la troisième réunion du groupe de travail à composition non limitée sur le cadre mondial de la biodiversité pour l'après-2020 (GTCNL). Le GTCNL sur le cadre mondial de la diversité biologique pour l'après-2020 est prié d'examiner les résultats du GSET et de faire des recommandations à la CdP 15 sur la manière d'aborder la question de l'information de séquençage numérique dans le contexte du cadre mondial de la diversité biologique pour l'après-2020 et de soumettre le résultat de ses délibérations à la CdP/RdP 4 pour examen.

Information de séquençage numérique : De quoi s'agit-il ?

Trois experts ont été invités à apporter leur contribution sur le concept de l'information de séquençage numérique, sa production et son utilisation ainsi que sa diffusion par le biais de bases de données. Les principaux aspects des présentations sont énumérés ci-après.

Le professeur Marcel Jaspars de l'Université d'Aberdeen a présenté quelques éléments du concept de l'information de séquençage numérique.

- Le professeur Jaspars a donné un aperçu du processus de transcription, de traduction et de biosynthèse, en identifiant les différents types de séquences susceptibles d'être générées à partir de molécules biologiques. Les données de séquence peuvent être générées à partir d'ADN, d'ARN et de protéines.
- Il a souligné diverses questions qui doivent être prises en compte dans la discussion sur l'information de séquençage numérique : quels types de séquences pourraient être regroupés sous le terme devant remplacer la notion d'information de séquençage numérique ; à partir de quelle longueur une séquence n'est plus une « séquence » ; comment traiter les séquences qui sont similaires et quel est le niveau de variation nécessaire pour qu'elles soient considérées comme différentes ? ; quel est le statut des séquences d'ADN, d'ARN et de protéines modifiées ?

³ 1) Concept et champ d'application de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques et comment celle-ci est utilisée en s'appuyant sur une enquête factuelle existante ; 2) Évolution en cours dans le domaine de la traçabilité [de l'information numérique] ; 3) Bases de données publiques et privées, y compris les conditions d'accès, le champ d'application et la taille des bases de données, le nombre d'accès et leurs origines, les politiques de gouvernance en vigueur, les fournisseurs et les utilisateurs de bases de données ; 4) Façon dont les mesures nationales traitent du partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique à des fins commerciales et non commerciales.

- Le professeur Jaspars fait la distinction entre données et informations. Les données permettent de communiquer et de faciliter les échanges quant au monde matériel ; on distingue deux parties : la production de données (ou d'artéfacts matériels en tant que résultats des différentes recherches qui fournissent des preuves de connaissances) ; la dissémination et les moyens et formes par lesquels elle est partagée en tant qu'information ou connaissances (revendications, modèles, théories, communautés, etc.).
- Jusqu'à présent, les discussions relatives à l'information de séquençage numérique ont porté sur la forme de représentation des données ou de l'information et non sur l'activité réalisée à partir de ces données.
- Pour ce qui est de la définition de l'information de séquençage numérique : on peut avoir un groupe étroit et défini (ADN, ARN), un groupe intermédiaire (qui comprend également les séquences de protéines) et un groupe large ou inclusif qui contient tout (RG, ADN, ARN, protéines, etc.).

Le Dr Christian Tiambo de l'Institut international de recherche sur l'élevage (ILRI) a donné des exemples actuels de production et d'utilisation de l'information de séquençage numérique.

- Le Centre pour la santé et la génétique du bétail tropical (*Centre for Tropical Livestock Genetics and Health*) de l'ILRI est chargé de mettre au point et d'appliquer la génomique et les technologies de reproduction avancées pour relever les défis du développement du bétail tropical.
- L'ILRI travaille avec les fournisseurs en mettant fortement l'accent sur le renforcement des capacités dans l'utilisation de l'information de séquençage numérique ; l'APA peut être aussi important pour les échantillons que pour les données (y compris les données de séquençage numérique) générées. L'ILRI garantit (grâce aux accords de transfert de matériel et de partage de données) que toute donnée associée à l'échantillon est couverte de la même manière que pour les échantillons.
- L'ILRI poursuit une politique d'accès mondial. Voici les messages clés de la politique de l'ILRI en matière d'accès mondial et de partage des avantages :
 - pour l'ILRI, la **politique d'accès ouvert** est une règle générale et, en principe, les données fournies par cet institut de recherche sont mises à la disposition de tous, et ce de manière ouverte. Toutefois, il existe des exceptions à cette politique, par exemple lorsque les pays interdisent la publication des données.
 - Les **décisions des pays** quant à l'opportunité et au moment de rendre leur information de séquençage numérique accessible au public **doivent être respectées**.
 - Il convient donc de vérifier que les métadonnées publiques jointes à l'information de séquençage numérique **ne sont pas des données sensibles**.
 - Des conditions de partage des avantages sont utilisées pour tous les pays, **même s'ils ne disposent d'aucun système APA**.

La Dr Amber Scholz de l'Institut Leibniz DSMZ - German Collection of Microorganisms and Cell Cultures GmbH (Collection allemande de microorganismes et de cultures cellulaires) a fait une présentation sur les banques de données et le stockage de l'information de séquençage numérique⁴.

- Les données sont stockées dans des bases de données accessibles au public, dont la plupart se trouvent dans les pays développés.
- Les scientifiques ont mis des données de séquences nucléotidiques (NSD) dans une base de données publique que tout le monde peut consulter et utiliser aux trois fins suivantes :
 - Publication : Les revues ne publieront pas votre article à moins que les données ne se trouvent au sein de la Collaboration des bases de données internationales de séquences nucléotidiques (*International Nucleotide Sequence Database Collaboration, INSDC*) ;
 - Financement : Les organismes de subvention l'exigent très souvent ;
 - Déontologie : Reproductibilité scientifique, intégrité, sécurité des données.
- Pour pouvoir publier, les scientifiques doivent soumettre leurs données de séquences nucléotidiques à l'INSDC. L'INSDC est et restera l'infrastructure de base des données de séquences nucléotidiques.
- L'INSDC compte entre 10 et 15 millions d'utilisateurs au total. Ces derniers sont répartis dans tous les pays du monde.
- Les politiques d'accès aux bases de données publiques de séquences nucléotidiques sont en grande majorité des politiques d'accès ouvert. Les données de séquences nucléotidiques (NSD) proviennent du monde entier, sont utilisées à l'échelle de la planète, cependant, l'utilisation est dominée par une quinzaine de pays.

Processus et approches dans les forums internationaux

Des représentants des secrétariats de l'Organisation mondiale de la santé (WHO), de la Division des affaires maritimes et du droit de la mer des Nations unies (DOALAS), de la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (CGRFA), du Traité international sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (ITPGRFA) et de l'Organisation mondiale de la propriété intellectuelle (WIPO) ont apporté leur contribution à l'évolution de l'information de séquençage numérique dans leurs forums respectifs.

Organisation mondiale de la santé (WHO) :

Soumya Swaminathan a informé les participants par enregistrement vidéo que l'Assemblée mondiale de la santé (WHA) de l'OMS a l'intention de s'engager davantage avec la CDB afin de fournir des informations sur les pratiques et les dispositions actuelles en matière de partage des agents pathogènes, la mise en œuvre des mesures APA et les résultats potentiels en matière de santé publique. Elle a souligné que l'OMS consulte actuellement des organes internes, notamment le Cadre PGP, le département VIH/sida, le département du paludisme ainsi que d'autres départements. L'organisation s'engage actuellement dans une vaste campagne de sensibilisation pour assurer la collecte d'informations et des

⁴ Trois grandes bases de données sont considérées comme constituant les principaux acteurs : Le Laboratoire européen de biologie moléculaire - Institut européen de bioinformatique (EMBL-EBI), la Banque de données ADN du Japon (DDBJ) et GenBank qui est hébergée par le Centre national d'information sur les biotechnologies (NCBI) aux États-Unis. Ensemble, ces bases de données constituent la Collaboration des bases de données internationales de séquences nucléotidiques (International Nucleotide Sequence Database Collaboration, INSDC). Ces bases de données pratiquent la politique de l'accès ouvert et échangent leurs données quotidiennement.

points de vue de tous les acteurs concernés par le sujet, y compris de leurs États membres. L'OMS a constaté qu'une sensibilisation au protocole de Nagoya est nécessaire. Soumya Swaminathan a déclaré que chaque pays a la possibilité d'inclure ou d'exclure l'information de séquençage numérique dans son système APA respectif. Elle a souligné la nécessité de prendre en considération les implications sanitaires, y compris à la suite de processus potentiellement longs. Dans le passé, il y a eu 4 ou 5 cas où des laboratoires ont été incapables de partager des échantillons de grippe dans les délais impartis, car ils étaient engagés dans des négociations de CCCA qui ont duré entre 5 et 8 mois. Il a été noté que de telles situations pourraient être critiques en cas d'épidémie ou de pandémie.

Mme Swaminathan a informé les participants qu'un « rapport intérimaire » sera dressé dans les mois à venir et que le rapport sur les résultats de leur travail de sensibilisation sera finalisé au plus tard en 2020 avant d'être transmis à l'AMS. Un rapport sera également fourni à la CdP. Elle signale qu'il est important que l'OMS discute de la question à différents niveaux et qu'elle essaie de trouver des solutions ou des mécanismes potentiels pour assurer l'échange de spécimens d'agents pathogènes, en particulier d'agents pathogènes humains, dans les meilleurs délais possible, tout en veillant à ce que le partage des avantages ne soit pas entravé.

Division des affaires maritimes et du droit de la mer

Bart L. Smit Duijzenkunst, juriste au Bureau des affaires juridiques des Nations Unies de *DOALOS*, a donné aux participants un aperçu de l'état des négociations de BBNJ⁵ sur les ressources génétiques marines grâce à un enregistrement vocal de sa présentation. Différentes formulations du concept de l'information de séquençage numérique sont sur la table⁶. Au cours des négociations, plusieurs délégations ont souligné que l'accès et le partage des avantages sont interreliés et qu'il convient de les considérer comme un ensemble indivisible. Toutefois, les avis divergent quant à la façon de traduire la chose en accord. En outre, les participants ont été informés que les dispositions relatives au champ d'application, telles qu'elles sont discutées au sein du processus BBNJ, peuvent être divisées en champ d'application géographique, matériel et temporel. Les avis divergent sur la question de savoir si l'information de séquençage numérique peut être réglementée dans le contexte de l'accès ou du partage des avantages. Les avis divergent également sur la question de savoir si l'accès se réfère uniquement à la collecte des ressources génétiques marines *in situ* ou également à l'accès *ex situ* et *in silico*. Ces points de vue sont liés aux différentes perspectives sur la question de savoir s'il convient ou non de réglementer l'accès aux ressources génétiques marines des zones situées au-delà des juridictions nationales et, dans l'affirmative, comment procéder.⁷

Pour ce qui est du partage des avantages, diverses propositions ont été faites pour préciser que les bénéficiaires seraient les États parties, notamment les États en développement, et que l'obligation de partager les avantages incomberait aux États parties, y compris à leurs ressortissants, qui ont accédé aux ressources génétiques marines des zones situées au-delà des juridictions nationales, les ont

⁵ Biodiversité des zones marines situées au-delà des juridictions nationales (BBNJ).

⁶ Données (et information) de séquençage numérique, données (et information) de séquençage génétique, données (et information) de séquençage génétique numérique, informations de séquençage numérique de ressources génétiques, ressources génétiques marines *in silico*.

⁷ Ceux qui prônent que l'accès *in situ* doit être réglementé proposent deux modèles : un modèle fondé sur la notification et un modèle fondé sur l'octroi de licences ou de permis. Ont été proposées diverses conditions et modalités pour un accès *in situ* réglementé, telles que le renforcement des capacités, le transfert de technologie marine et l'obligation de déposer des échantillons, des données et des informations connexes dans des plateformes de type source ouverte.

collectées ou les ont utilisées. La majorité est en faveur d'un partage des avantages non monétaires⁸. Toutefois, il faudra poursuivre les discussions sur le partage des avantages monétaires. Pour ce qui est des modalités de partage des avantages, il conviendra également de poursuivre les discussions sur la question de savoir si les avantages devront être partagés sur une base volontaire ou obligatoire, quelles seront les activités qui déclencheront le partage des avantages, quels seront les types d'avantages qui pourront être partagés, ainsi que comment et quand les avantages pourront être partagés.

Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture

La CRGAA a établi un nouveau domaine de travail sur l'information de séquençage numérique en février 2017. En 2018, la CRGAA a commandé une étude factuelle exploratoire de cadrage sur l'information de séquençage numérique sur les RGAA⁹ pour examiner les implications de l'utilisation de l'information de séquençage numérique pour la conservation et l'utilisation durable des RGAA, y compris l'échange, l'accès et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation. L'étude indique que l'information de séquençage numérique contribue à la sécurité alimentaire en tant qu'outil fondamental pour la caractérisation des RGAA, y compris la sélection, l'amélioration et la gestion. Par ailleurs, l'information de séquençage numérique est un élément essentiel pour la caractérisation, la conservation et l'utilisation durable des RGAA ; l'information de séquençage numérique est à la base de la technologie de synthèse de l'ADN. En outre, l'information de séquençage numérique permet de valoriser plus facilement les ressources génétiques sans les posséder, ni leur ADN. L'information de séquençage numérique est largement utilisée dans tous les sous-secteurs des RGAA. Pour ce qui est du stockage, de l'échange et du partage de l'information de séquençage numérique, celle qui est disponible au public comprend le contenu d'environ 1 700 bases de données en ligne dont l'infrastructure se trouve principalement dans les pays développés. La quantité d'information de séquençage numérique privée est inconnue.

M. Dan Leskien a également fait part de ses réflexions sur le rôle de l'information de séquençage numérique dans la recherche et le développement de produits. Il a informé les participants que l'information de séquençage numérique est une composante de presque toutes les recherches en sciences biologiques. Malgré la baisse du coût du séquençage et de la synthèse de l'ADN, le coût des infrastructures électroniques et le manque de capacités feront qu'il sera difficile pour certains pays de bénéficier de l'utilisation de l'information de séquençage numérique. La prochaine session abordera : les possibilités d'innovation qu'offre l'information de séquençage numérique sur les RGAA ; les défis liés à la capacité d'accéder à l'information de séquençage numérique et de l'utiliser ; et les implications de l'information de séquençage numérique pour la conservation et l'utilisation durable des RGAA ainsi que le partage des avantages tirés des RGAA. La Commission a noté l'importance de la coordination avec les processus en cours dans le cadre de la CDB, de son protocole de Nagoya et du Traité international.

⁸ Il pourrait s'agir, par exemple, de l'accès aux échantillons et aux collections d'échantillons, du partage d'informations avant et après la croisière, du transfert de technologie et du renforcement des capacités, de la mise à disposition d'échantillons, de données et d'informations connexes sur une base d'accès ouvert, ainsi que de la publication d'information de séquençage numérique, en tenant compte des pratiques internationales actuelles dans ce domaine.

⁹ J. A. Heinemann/D. S. Coray/D. S. Thaler

Traité international sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture

L'étude de cadrage menée par E.W. Welch, M. Bagley, T. Kuiken et S. Louafi pour le Traité international, porte sur les questions technologiques, juridiques et le partage des avantages liées à la biologie synthétique. L'information de séquençage numérique constitue un thème pertinent dans cette étude. Il a été souligné que certains chercheurs ont de moins en moins besoin de travailler avec du matériel physique et recourent de plus en plus aux séquences pour leurs travaux. Il a également été noté qu'il est très difficile d'identifier la source des séquences une fois qu'elles ont été modifiées : il arrive que les institutions de banques de données et les entreprises de séquençage ne conservent pas ou ne demandent aucune information quant à la source matérielle de l'information de séquençage numérique. De plus, les brevets ne fournissent souvent pas d'informations sur l'origine géographique ou l'espèce. Dans ce contexte, il a été noté que le potentiel de génération de produits de grande valeur, et donc d'avantages monétaires et non monétaires, au-travers de la biologie synthétique et d'autres technologies génomiques va probablement s'accroître. Pour ce qui est du partage des avantages, une part importante de la valeur de l'information de séquençage numérique réside dans son agrégation dans des bases de données accessibles.

M. Leskien a également jeté un peu de lumière sur les décisions de la septième session de l'organe directeur (GB-7) et sur les préparatifs de la huitième session de l'organe directeur (GB-8). Entre autres, la session du GB-7 a précisé que le terme « information de séquençage numérique » était tiré de la décision CdP XIII/16 de la CDB et qu'il faisait l'objet de discussions plus approfondies. L'Organe directeur a également reconnu qu'il existe une multiplicité de termes dans ce domaine¹⁰ et qu'un examen plus approfondi de la terminologie serait nécessaire. Il a souligné que la question de savoir comment aborder l'information de séquençage numérique dans les négociations en cours (qui portent sur un système d'abonnement et un accord type de transfert de matériel) sera discutée lors de la session du GB-8.

Organisation mondiale de la propriété intellectuelle

Olga Begoña Venero Aguirre a informé les participants des développements au sein de l'OMPI et de son Comité intergouvernemental de la propriété intellectuelle relative aux ressources génétiques, aux savoirs traditionnels et au folklore (*IGC*). La mission de l'OMPI est de diriger le développement d'un système international de propriété intellectuelle équilibré et efficace qui permet l'innovation et la créativité au profit de tous. La Division des savoirs traditionnels de l'OMPI est chargée de faciliter les négociations (sur la base de textes) qui se déroulent actuellement au sein de l'*IGC* de l'OMPI ; de fournir, sur demande, une assistance technique et de renforcer les capacités aux niveaux local, national et régional ; de développer et de mettre à disposition diverses publications et divers matériels ; de maintenir **des bases** de données pratiques et de les tenir à jour ; et de travailler en étroite collaboration avec d'autres organisations internationales. Dans sa présentation, Mme Venero Aguirre a évoqué les activités et les ressources de la Division des savoirs traditionnels, et notamment le Guide sur les questions de propriété intellectuelle dans les accords APA et la Collection en ligne de contrats APA de l'OMPI. Elle a également informé les participants de l'existence de deux normes de l'OMPI qui sont pertinentes en matière d'information de séquençage numérique, à savoir la norme ST.25 qui a pour

¹⁰ y compris, entre autres, les « données de séquences génétiques », les « informations sur les séquences génétiques », les « informations génétiques », les « ressources génétiques dématérialisées », l'« utilisation *in silico* », etc.

objet de normaliser la présentation du listage des séquences de nucléotides et d'acides aminés dans les demandes internationales de brevet, et la norme ST.26 qui porte sur le même sujet.

Discussions

Les sections suivantes présentent les principaux sujets de discussion des sessions suivantes : « Information de séquençage numérique : De quoi parlons-nous », « Amorcer le dialogue » et « Élargir le dialogue ». Cette partie du rapport ne prétend pas reproduire intégralement tous les débats et interventions. Conformément à la règle de Chatham House qui a régi le présent dialogue, l'affiliation des personnes à l'origine de ces informations n'est pas révélée. Les commentaires et observations des différents participants ont été classés par thème et non pas de manière chronologique.

Concept et terminologie :

- La terminologie, le concept et la portée du concept (par exemple données de séquences nucléotidiques ou NSD, *in silico*) nécessiteront un examen plus approfondi.
- La souveraineté sur l'information de séquençage numérique en tant que telle n'est pas reconnue par tous les acteurs. Toutefois, il est admis que l'utilisation de l'information de séquençage numérique ayant un lien direct avec un échantillon physique pourrait être réglementée au travers de CCCA.
- Certains considèrent qu'une définition/compréhension large des ressources génétiques (qui inclut l'information et les données de séquençage numérique) va au-delà des droits souverains et de la CDB.
- Certains acteurs préfèrent une définition restrictive, mais cela risque de les mettre en conflit avec d'autres acteurs.
- Ces parties prenantes, notamment l'industrie, craignent que l'adoption de concepts très généraux conduise à des obligations de grande envergure.

Accès ouvert :

Les participants n'ont pas discuté de la définition des termes « accès ouvert » ou « accès gratuit », mais certains ont souligné que le terme « accès ouvert » ne devait pas être confondu avec le terme « accès inconditionnel ». L'accès inconditionnel pourrait être mieux rendu par le terme « libre accès ».

- Les acteurs veulent que l'accès ouvert soit garanti. Les partisans du partage des avantages souhaitent également que les séquences soient accessibles à la R et D.
- Les scientifiques sont obligés de publier l'information de séquençage numérique pour des raisons de transparence, de contrôle, de respect des conditions stipulées dans les contrats de financement, etc.
- Certes, l'accès ouvert est le modèle prédominant, mais ce n'est pas le seul qui existe au sein des banques de données.
- Il a été noté que cela peut être problématique pour les scientifiques lorsqu'ils utilisent des données provenant de différentes banques de données qui ont des exigences/règles d'accès différentes.
- Les politiques d'accès libre adoptées par les banques de données se sont développées indépendamment de la CDB.

- La situation est tendue entre l'accès ouvert ou le libre accès (en fonction de la définition) et le partage des avantages.
- D'un côté, on doit avoir un accès ouvert à l'information et de l'autre il convient de débattre de la répartition des avantages.
- L'ouverture des données est essentielle pour le progrès (et pour l'innovation).
- Les obstacles à l'accès à l'information de séquençage numérique risquent d'avoir des conséquences indésirables.
- Un large accès avec peu de restrictions entraînerait des avantages pour la société.
- Les restrictions au partage des données pourraient avoir des répercussions sur les objectifs de développement durable (ODD), notamment la recherche sur la santé humaine, les phytopathologies et la nutrition animale.
- Certains considèrent que l'accès ouvert est un élément clé du partage des avantages.
- D'autres pensent que la collaboration et la formation constituent un partage des avantages, mais cela n'est pas toujours constaté et reconnu par les parties en présence.
- Les fournisseurs conviennent que des avantages importants découlent de l'accès ouvert à l'information de séquençage numérique.
- L'accès à l'information ou aux données de séquençage numérique ne devrait pas être utilisé comme un mécanisme de contrôle ou de maintien de l'ordre.
- Il est possible qu'il soit nécessaire d'apporter certaines adaptations au système d'accès ouvert existant, mais les utilisateurs du système doivent savoir quels sont les accords/règles qui sont pertinents pour eux. À cet égard, les meilleures pratiques et les normes pourront jouer un rôle déterminant. Il conviendrait d'assurer l'interopérabilité des services au sein du système tout en dissociant ces derniers des exigences d'accès.

Utilisation de l'information de séquençage numérique à des fins commerciales et non commerciales :

- Certains critiquent le fait que les bases de données sont traitées de manière différente selon qu'il s'agisse de bases de données privées ou publiques.
- L'industrie et la communauté des chercheurs ont des préoccupations communes concernant les restrictions d'accès et les règles d'accès et de partage des avantages susceptibles d'être lourdes. Les scientifiques et l'industrie s'inquiètent des conséquences involontaires de l'imposition de telles règles.
- Il est impossible de dire combien il y a d'utilisateurs de l'information de séquençage numérique à un moment donné, car, en général les banques de données ne requièrent pas l'enregistrement des utilisateurs.
- Les données sont utilisées par des utilisateurs commerciaux. Il serait nécessaire de disposer de beaucoup plus d'informations sur l'utilisation à des fins commerciales dans le cadre de la discussion des options de partage des avantages, mais ce type d'informations est difficile à obtenir.
- Le paysage des utilisateurs est complexe. Beaucoup de recherches commencent par des recherches universitaires pour aboutir à des recherches à des fins commerciales (et déboucher finalement vers des produits). La distinction entre l'utilisation à des fins commerciales et l'utilisation à des fins universitaires s'avère difficile. Certains acteurs pensent qu'il conviendrait de revenir sur ce manque de clarté afin de sauvegarder l'intégrité du processus de R et D.

- Qui dit information dit création de valeur. Il convient de tenir compte des apports et des investissements des utilisateurs dans le processus de R et D.

Partage des avantages :

Lors de la discussion des options de partage des avantages pour l'information de séquençage numérique, les approches bilatérales et multilatérales ont été prises en compte ainsi que le potentiel de découpler / dissocier l'accès aux données et le partage des avantages.

Généralités

- Le partage des avantages joue un rôle clé dans l'incitation à l'utilisation durable et à la conservation. Les technologies actuellement mises au point permettent aux populations de contourner les dispositions relatives au partage des avantages qui est gravé dans la logique de la CDB et du protocole de Nagoya.
- L'accès ouvert à l'information de séquençage numérique et le partage des avantages monétaires ne s'excluent pas mutuellement, comme c'est le cas dans le système des brevets par exemple.
- Le partage des avantages pourrait apporter une valeur ajoutée aux entreprises.
- Les avantages doivent être partagés de manière appropriée avec les pays fournisseurs et les PAUL.
- Le partage des avantages, tant monétaires que non monétaires, pourrait être amélioré, mesuré et évalué plus efficacement. Le partage des avantages pourrait également être mieux adapté à la conservation.
- Certains organismes/instituts veillent à ce que le partage des avantages ait bien lieu, mais beaucoup ont du mal à le comprendre.
- Il est important de partager les expériences positives de partage des avantages et de promouvoir plus de transparence autour de ce partage.
- Les avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique à des fins commerciales doivent être captés par les fournisseurs.
- Si les entreprises tirent des avantages de produits résultant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique, le retour des avantages vers les fournisseurs peut effectivement se faire sur la base de CCCA, mais il ne faut pas compter sur l'effet de « ruissellement » pour que ces avantages se transforment automatiquement en avantages sociétaux.
- Le partage des avantages doit s'accompagner d'un renforcement des capacités en ce qui concerne l'utilisation de l'information de séquençage numérique au sens technique et administratif.

Pour ce qui est des approches multilatérales

- En matière de partage des avantages, il existe des options multilatérales qui pourraient minimiser les coûts de transaction tout en fournissant les ressources nécessaires à la conservation.
- Les coûts de transaction peuvent être réduits grâce à des systèmes multilatéraux. Un système multilatéral d'accès et de partage des avantages a été établi par Le Traité international.
- Même pour un système multilatéral tel que celui qui est visé dans le Traité international, l'utilisation de nombreux éléments différents reste problématique. Une plus grande réflexion sera nécessaire pour que le système multilatéral puisse assurer le partage des avantages (le cumul des redevances étant problématique en soi).

- Un système multilatéral ne se préoccuperait pas de la source de l'information de séquençage numérique.
- La commercialisation pourrait être un élément déclencheur du partage des avantages au sein d'un système multilatéral sur l'information de séquençage numérique.
- Durant les discussions du BBNJ, certains acteurs ont suggéré d'instaurer un système de notification préalable.
- Il existe une tension entre ouverture et partage des avantages. Ce qu'il faut, c'est un système qui assure l'accès ouvert tout en régulant le comportement des parties prenantes. Un système qui permettrait de dissocier le partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique des obligations envers le fournisseur initial de la ressource serait en mesure de le faire (mécanismes multilatéraux, accords spécifiques, etc.).
- Les solutions de partage des avantages pour l'utilisation de l'information de séquençage numérique devront être pratiques, sinon les utilisateurs feront tout pour éviter le système. Il conviendra d'examiner les options possibles et notamment de dissocier l'accès du partage des avantages.
- Si le système multilatéral du Traité international avait permis de partager plus d'argent, les systèmes multilatéraux inspireraient plus de confiance.

Le système APA :

- Il est possible que les textes originaux sur lesquels l'APA se fondait ne soient plus applicables. L'APA a été créé en partant du principe qu'un chercheur se rend dans un autre pays pour se procurer une ressource donnée, entreprend des travaux de R et D et développe un produit. Or, il convient de tenir compte d'autres étapes intermédiaires de valeur ajoutée devenues inévitables. L'APA devient de plus en plus compliqué. Aujourd'hui, il existe des exemples d'un utilisateur qui se procure des ressources génétiques dans 13 pays pour couvrir les besoins d'un seul projet, et qui se retrouve avec 7 contrats différents. L'utilisation de ressources génétiques multiples ou d'informations génétiques (séquencées) provenant de divers pays pourrait devenir une pratique courante. L'un des principaux défis consiste à trouver un moyen de gérer ces nouveaux types d'utilisation.
- De nombreuses parties n'ont pas encore pleinement mis en œuvre la législation sur l'APA, ce qui pose des problèmes aux utilisateurs, par exemple aux chercheurs de l'UE, qui doivent démontrer qu'ils respectent bien la réglementation du pays fournisseur.
- Les principaux défis sont liés à la lenteur des processus, au manque d'informations et au manque de clarté des diverses institutions nationales liées à l'APA.
- Les utilisateurs sont frustrés, car l'accès aux ressources matérielles est souvent retardé, voire impossible.
- Le système du protocole de Nagoya ne fonctionne pas pour les PME, car le système est trop complexe. Il existe une multitude d'entreprises, de la micro-entreprise à la multinationale, sans parler de la variété de leur forme juridique. Or, le système doit fonctionner pour tous les acteurs.
- À différentes étapes du processus, de nouveaux utilisateurs peuvent apparaître en raison de la commercialisation. Tout ceci nécessite une traçabilité.
- Les coûts de transaction en matière d'APA sont trop élevés. Si les coûts de transaction étaient moins élevés, le partage des avantages serait plus élevé et plus simple.

- La communauté scientifique et l'industrie craignent d'être soumises à des obligations supplémentaires. Il est possible que l'extension de l'APA à l'information de séquençage numérique soit plus problématique pour les chercheurs.
- Les avis divergent quant aux obligations APA par rapport à l'information de séquençage numérique.
- L'information de séquençage numérique étant considérée comme le résultat de l'utilisation, il convient de la réglementer.
- Certains suggèrent que l'information de séquençage numérique ne doit pas nécessairement être considérée comme quelque chose de nouveau ou de distinct du système APA existant.
- Des questions se posent lorsque l'information de séquençage numérique est obtenue au travers de tiers - quelles sont alors leurs obligations ? Il y a un manque de contrôle. Certains acteurs partent du principe que cela serait possible si on avait la volonté de remonter à l'origine des données.
- Même si le protocole de Nagoya est en vigueur depuis 2014, nous sommes toujours dans une période d'expérimentation juridique. Le Brésil, par exemple, est passé à un système d'enregistrement. D'autres pays sont toujours à la recherche du cadre juridique qui conviendrait à leur réalité nationale.
- La question se pose de savoir comment saisir et tirer profit de la valeur de la biodiversité et des informations contenues dans les bases de données. Il est possible que les contrats ne soient pas les outils les plus efficaces.
- Les consommateurs sont favorables aux entreprises responsables.
- Des possibilités pourraient s'offrir si le partage des avantages était moins axé sur les transactions bilatérales.
- La confiance et l'accès à la justice doivent être assurés pour que les fournisseurs se sentent en confiance pour pouvoir accorder un accès simplifié.

Gestion et suivi des données et traçabilité :

- La valeur de la Collaboration des bases de données internationales de séquences nucléotidiques (INSDC) tient au fait qu'elle dispose de plusieurs millions de séquences.
- Les bases de données publiques existantes ne sont pas en mesure de mettre en place un verrou d'accès payant (*paywall*).
- Des informations sur la provenance sous la forme d'une balise de pays ont été incluses dans les bases de données relatives à l'information de séquençage numérique. Il s'agit d'une exigence contraignante au sein de l'INSDC depuis 2011.
- Les banques de données ne permettent pas le téléchargement de CCCA avec les séquences, et le concept de sécurisation du partage des avantages découlant de l'information de séquençage numérique reposant sur une CCCA reste donc hypothétique.
- Les banques de données présentent certaines redondances, par exemple parce que certaines séquences brevetées se voient attribuer de nouveaux numéros d'acquisition ou des numéros supplémentaires.
- Il est possible qu'il existe des difficultés techniques quant à l'identification de la source exacte de l'information de séquençage numérique de sorte qu'il est impossible de partager les avantages avec le fournisseur initial de la ressource génétique.

- Il est difficile d'assurer que l'utilisateur respecte toutes les conditions de partage des avantages susceptibles de résulter de l'utilisation de l'information de séquençage numérique. En outre, il serait extrêmement difficile de faire la distinction entre utilisateurs commerciaux et utilisateurs non commerciaux. Il conviendrait d'établir des systèmes de traçabilité spécifiques.
- Il existe une tendance constante à la réduction des coûts de transaction grâce à de nouveaux types de technologies.
- Des projets spécifiques pourront adopter leurs propres technologies pour ce qui est du stockage des données, mais les gens sont encouragés à utiliser le système public. *Blockchain*, par exemple, n'a pas d'interface avec les bases de données d'information de séquençage numérique de sorte que la saisie s'avère difficile.
- La saisie des données dans ce système demande du temps et de l'expertise. Les interfaces soutiennent ces processus.
- Un système centralisé qui permettrait de suivre les échantillons dès le départ pourrait être un outil bien utile. Il pourrait spécifier les exigences légales relatives aux échantillons et aux données.
- La plupart des utilisateurs ne téléchargent pas les dossiers dans leur totalité.
- Les conditions d'octroi de licences pour les dossiers individuels ne sont pas difficiles à définir d'un point de vue technique, mais il est difficile de suivre, de repérer et de s'assurer que les informations reçues sont fiables et à jour.
- La validation des données entrantes nécessite d'importants efforts. Les curateurs de données ne sont pas des experts en droit et il n'y a pas de mise à jour en direct des exigences en matière de licence, ce qui rend un système de suivi des micro licences extrêmement complexe.
- Les coûts environnementaux potentiels du traçage par *blockchain* suscitent certaines inquiétudes.

Droits de propriété intellectuelle :

- L'information de séquençage numérique est pertinente pour divers types de propriété intellectuelle, notamment les brevets, les droits d'auteur et les secrets commerciaux. Les détenteurs de propriété intellectuelle ont des droits exclusifs limités dans le temps. Il existe une tension potentielle pour ce qui est de l'attribution des avantages.
- Une expérience considérable a été acquise dans le système des brevets avec l'information de séquençage numérique, qui est traitée depuis des décennies, c'est-à-dire depuis que le brevete des gènes est devenu une pratique courante. Cette expérience montre qu'il est possible d'obtenir une sécurité juridique avec des biens intangibles et de mettre au point des normes juridiques qui permettent l'exercice des droits et l'octroi de licences.
- Le système des brevets est un système transparent. L'accès ouvert et le partage des avantages monétaires ne s'excluent pas mutuellement.
- L'accès ouvert n'exclut pas le partage des avantages monétaires. Il existe des inventions brevetées qui prévoient un partage public des avantages non monétaires.
- Dans le régime sud-africain de protection des connaissances traditionnelles, les connaissances sont protégées à perpétuité, mais tout utilisateur qui utilise ces connaissances doit payer des redevances pendant une période déterminée. Ce type d'approche pourrait être instructif dans le contexte de l'APA.

- Le système des brevets fonctionne avec des séquences endémiques et largement disponibles.
- Il convient de prendre en compte le point de départ des différents accords de licence. Il est difficile de généraliser.
- Il existe des modèles sur la manière d'exercer collectivement le droit d'auteur pour réduire les coûts de transaction.
- Les cadres réglementaires de la propriété intellectuelle en vigueur au niveau national doivent probablement coexister avec la politique mondiale.

La volonté de changer :

- La résistance au changement est une réalité, y compris au sein de la communauté scientifique.
- La volonté et la flexibilité sont requises des deux côtés - sinon rien ne changera.
- L'industrie craint le « changement négatif ».
- Les fournisseurs souhaitent maintenir le contrôle sur leurs ressources génétiques et recevoir les avantages découlant de leur utilisation. Cela risque d'être problématique si l'on envisage de recourir à un système multilatéral. En revanche, certains pensent que si l'approche multilatérale a des chances de s'avérer efficace, il serait judicieux de l'envisager. La question a été soulevée de savoir si les Parties accepteraient un système multilatéral sur l'information de séquençage numérique dans le cadre de leur souveraineté.

Généralités :

- La biodiversité se perd parce que les détenteurs de biodiversité n'en tirent aucun avantage.
- Il est donc essentiel de s'attaquer à la crise dans laquelle la biodiversité est plongée.
- La biodiversité se trouve en majeure partie dans les pays sous-développés. Or, les habitants de ces pays ont d'autres priorités, telles que l'alimentation, l'éducation, etc., et ne se préoccupent pas de l'utilité de la biodiversité pour la science.
- Le manque de confiance entre les utilisateurs et les fournisseurs constitue un défi majeur. La compréhension des intérêts et des besoins des parties prenantes devrait donc être le point de départ de la discussion sur les solutions.
- On pense à tort que les détenteurs de savoirs autochtones ne contribuent pas à l'information de séquençage numérique, mais la plupart du temps rien n'est moins vrai, surtout si l'on considère les deux autres objectifs de la CDB.
- Il convient de trouver un équilibre entre la réduction des coûts de transaction et la reconnaissance des droits souverains des États.
- Il est nécessaire de comprendre le mode de fonctionnement d'un système avant d'aller de l'avant.

Options pour la CDB

Dans la session « Options pour la CDB : réflexions de groupe sur les éléments et les idées pour le cadre mondial de la biodiversité après 2020 », des petits groupes ont été formés pour discuter des questions qui suivent :

- Selon vous, quelles sont les options pour la CDB ?
- Que faut-il faire pour que cela soit possible ?

Chaque groupe a ensuite présenté son point de vue. Les points clés de ces présentations sont résumés en annexe.

Réflexion sur les résultats du dialogue et voie à suivre

Des groupes de parties prenantes ont été constitués afin de réfléchir sur les enseignements tirés du dialogue, en particulier sur le point de vue des autres. On constate que le dialogue a été ouvert, que les questions n'ont porté ni sur le champ d'application ni sur la définition, et qu'il existe un large éventail de possibilités pour aller de l'avant. Certains participants ont trouvé particulièrement encourageant de voir qu'il y avait presque consensus quant à l'importance que revêt l'accès ouvert, en ajoutant qu'il pourrait y avoir une meilleure acceptation du changement de politique s'il n'y avait aucun compromis quant à l'accès ouvert à l'information de séquençage numérique pour la recherche à des fins non commerciales. Il a été noté que les pays traditionnellement considérés comme des fournisseurs sont également des utilisateurs de données, ce qui signifie que les impacts sur l'accès ouvert pourraient avoir des conséquences de grande portée pour les scientifiques du monde entier. Dans le même temps, certains participants ont fait remarquer que l'idée de dissocier l'accès du partage des avantages était « difficile à avaler ». Certains commentaires ont trait à la nécessité d'élargir la réflexion pour trouver des solutions pour lutter contre la perte de biodiversité, à l'importance de prendre en compte le lien avec la propriété intellectuelle, à l'intérêt général à trouver une solution, au besoin urgent de retenir une solution et à l'espoir que les bases de données seront favorables à la mise en œuvre de toute solution.

Suite à la discussion sur les options, les participants ont été invités à examiner les points à prendre en considération pour ce qui est de l'analyse et de l'évaluation de toute option relative à l'information de séquençage numérique.

Ces points à prendre en considération sont résumés ci-dessous (l'Initiative APA s'est permis de les regrouper par thèmes).

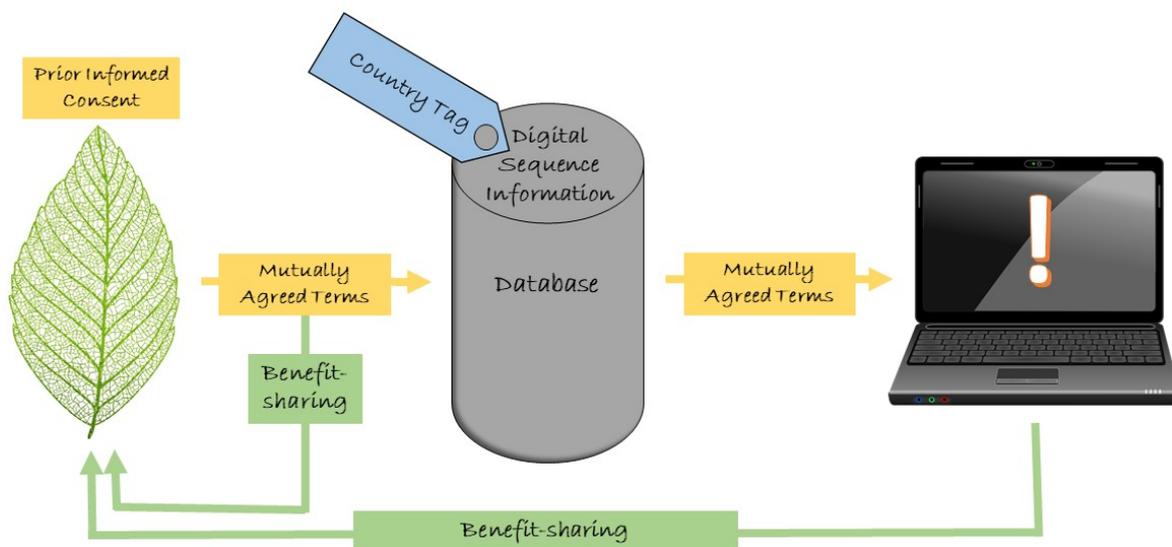
Résultats tangibles (« livrables »)	Aspects liés à la gouvernance
<ul style="list-style-type: none"> • Alignement des incitatifs sur les objectifs de la CDB • Contribution à la lutte contre la perte de biodiversité • Gains gagnant-gagnant-gagnant (fournisseurs - utilisateurs - environnement) • Initiative mondiale qui assure des avantages à l'échelle mondiale • Possibilité de générer des avantages • Capacité à quantifier les avantages (monétaires / non monétaires) • Capacité à minimiser la biopiraterie • Renforcement des capacités à atteindre les ODD 	<ul style="list-style-type: none"> • Applicabilité • Volontaire ou obligatoire • Justice et équité • Reconnaissance du fournisseur de la ressource génétique (initiale) / lien avec le fournisseur • Sécurité juridique / prévisibilité • Capacité à surveiller • Capacité à établir la confiance entre les partenaires/parties prenantes • Inclusion et reconnaissance des priorités de toutes les parties prenantes • Transparence quant au stockage et à l'utilisation de l'information de séquençage numérique • Transparence dans la prise de décision, la distribution des fonds, etc.
Aspects opérationnels	Aspects économiques
<ul style="list-style-type: none"> • Faisable / peut être mis en œuvre • Simplicité du système • Faible niveau de complexité • Efficacité • Flexibilité / Adaptabilité 	<ul style="list-style-type: none"> • Coût de la mise en place et de la maintenance du système • Coûts de transaction

<ul style="list-style-type: none"> • Utilisable indépendamment du type d'utilisateur • Pérennité (prend en compte les développements technologiques) • Capacité à être mis en œuvre rapidement/dans les délais impartis • Ne surtout pas réinventer la roue (c'est-à-dire ne pas reproduire les systèmes existants, mais plutôt s'appuyer sur ces derniers) • Compatibilité avec d'autres systèmes/systèmes existants* cadres juridiques, bases de données, fonds, etc. 	<ul style="list-style-type: none"> • Économie de l'information ; l'information est difficile à contrôler d'autant plus qu'elle se répand facilement ; asymétrie de l'information • Incitatifs / Incitations à la participation
Incidences potentielles	Capacité
<ul style="list-style-type: none"> • Conséquences pour tous (parties prenantes affectées directement ou indirectement) • Impact sur la R et D • Aucune entrave à l'accès ouvert • Aucun obstacle à la recherche • Aucune entrave à la réalisation des ODD (la technologie de l'information de séquençage numérique est appliquée dans de nombreux secteurs concernés par les ODD) 	<ul style="list-style-type: none"> • Développement des capacités pour l'utilisation de l'information de séquençage numérique • Conditions équitables • Capacité à utiliser l'information de séquençage numérique à l'échelle mondiale
	Autres aspects
	<ul style="list-style-type: none"> • Attentes réalistes • Prise en compte de l'empreinte écologique • Facilitation de l'accès à la justice*

* Selon les participants, ces points nécessitent des éclaircissements supplémentaires.

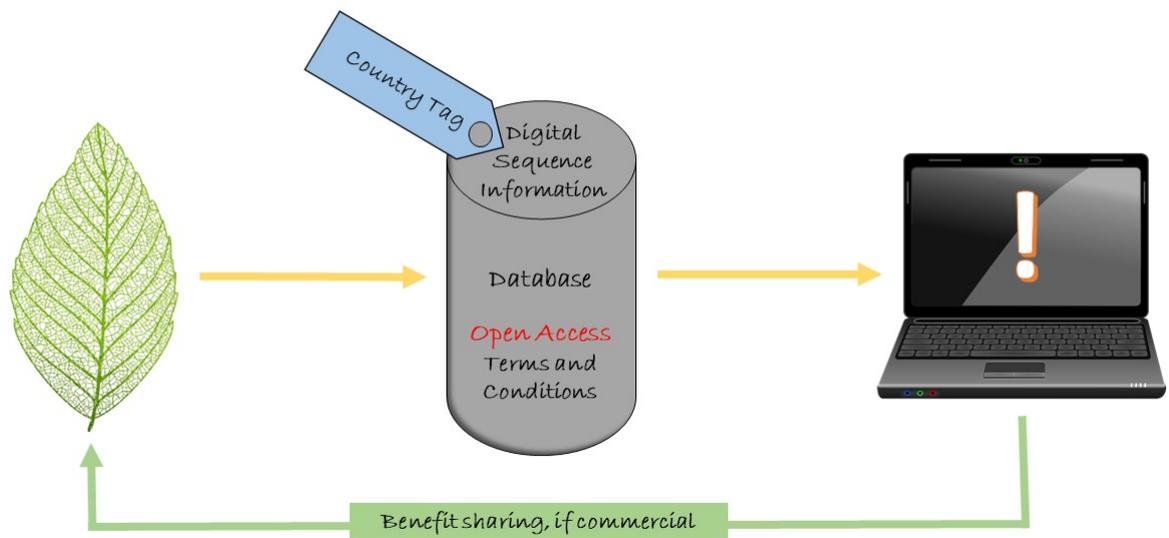
Ont été sélectionnées plusieurs options pour résumer les sujets discutés lors de la session portant sur les « Options pour la CDB » pour être soumises à un examen plus approfondi. Lors de la dernière session, les participants ont discuté de ces options en séance plénière, en décrivant les liens qui existent entre l'utilisation de l'information de séquençage numérique et le partage des avantages.

1: Nagoya – bilateral BS



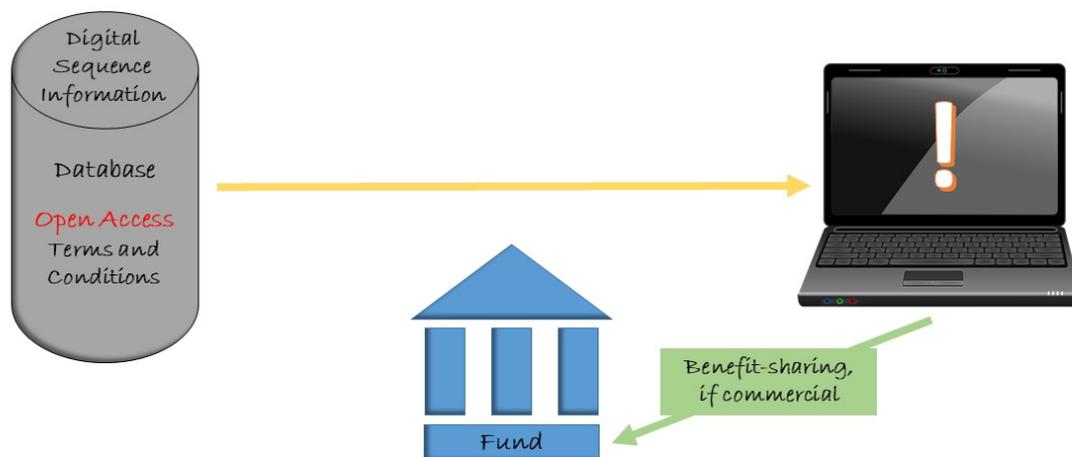
Option 1 : « Nagoya - bilatéral » décrit le modèle actuel, qui pourrait réglementer le partage des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique par le biais du contrat APA (CCCA) signé par le fournisseur et le premier utilisateur. Les CCCA devront contenir des dispositions spécifiques aux tiers pour ce qui est de l'utilisation de l'information de séquençage numérique et les obligations de partage des avantages qui y sont associées. Ces dispositions devront être contraignantes pour les utilisateurs de l'information de séquençage numérique. L'option 1 exigera qu'une balise de pays soit connectée à l'information de séquençage numérique téléchargée. Entre-temps (depuis 2011), ces balises de pays sont obligatoires dans certaines bases de données relatives à l'information de séquençage numérique. Toutefois, il a été souligné que les modèles actuels utilisés par les bases de données relatives à l'information de séquençage numérique ne permettent pas de télécharger en parallèle l'information de séquençage numérique et les CCCA respectives.

2: Open Access – bilateral BS



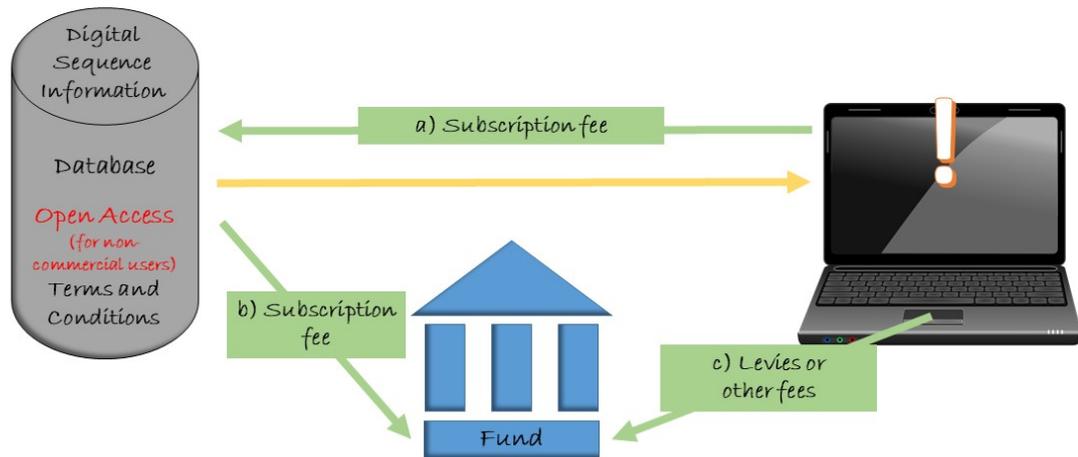
Option 2 : « Accès ouvert - bilatéral » décrit un modèle dans lequel le partage des avantages dans le cas d'une utilisation de l'information de séquençage numérique à des fins commerciales n'est pas réglementé par des CCCA, mais par des conditions soumises à un « régime » spécifique. Ce modèle exige que l'information de séquençage numérique téléchargée soit connectée à une balise de pays, afin de permettre à l'utilisateur de l'information de séquençage numérique d'affecter le partage des avantages au pays d'origine. Ce modèle assure l'accès ouvert à l'information de séquençage numérique. L'utilisateur est informé des obligations de partage des avantages en cas d'applications à des fins commerciales au travers des conditions et modalités de la base de données.

3: Open Access – multilateral BS



Option 3 : « accès ouvert – multilatéral » décrit un modèle dans lequel le partage des avantages dans le cas d'une utilisation de l'information de séquençage numérique à des fins commerciales n'est pas réglementé par des CCCA, mais par des conditions soumises à un « régime » spécifique. Ce modèle ne nécessite pas que l'information de séquençage numérique téléchargée soit connectée à une balise de pays, car il prévoit le partage des avantages au travers d'un fonds multilatéral. Il a été noté que les avantages devraient être restitués aux pays en développement par le biais de mécanismes appropriés. Ce modèle assure l'accès ouvert à l'information de séquençage numérique. L'utilisateur est informé des obligations de partage des avantages en cas d'applications à des fins commerciales au travers des conditions et modalités de la base de données.

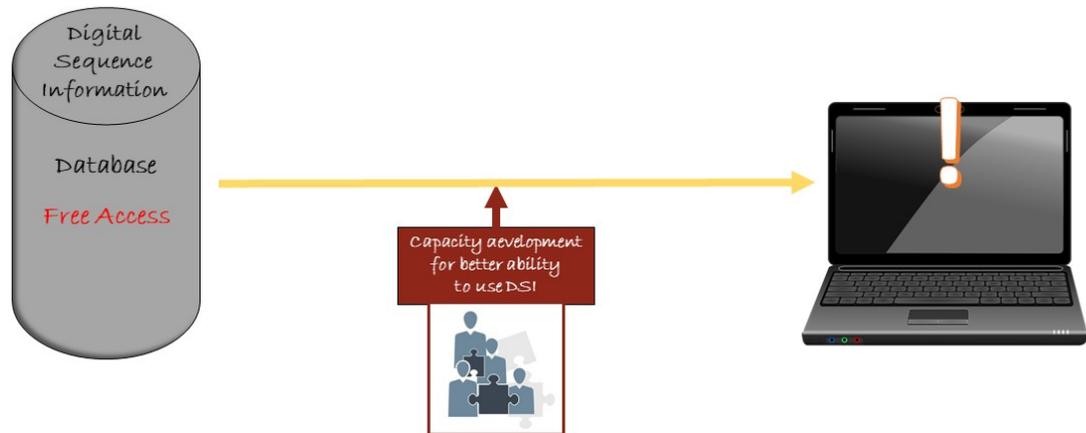
4: (Open access) - subscription fee / levies



Option 4 : « (Accès ouvert) – Frais d’abonnement / prélèvement » décrit un modèle dans lequel le partage des avantages est réalisé au travers de certains paiements initiaux qui ne sont pas liés à des produits spécifiques ou à la création de valeurs. Ce modèle n’exige pas que l’information de séquençage numérique téléchargée soit connectée à une balise de pays, mais il prévoit que les avantages soient versés dans un fonds multilatéral. Les avantages devront être restitués aux pays en développement par le biais de mécanismes appropriés. Cette approche garantit l’accès ouvert à l’information de séquençage numérique. Parmi les différentes approches examinées dans le cadre de cette option, les participants ont suggéré l’introduction de frais différenciés (par exemple, en fonction de l’utilisation, du chiffre d’affaires, etc.) que les utilisateurs devraient payer pour accéder à l’information de séquençage numérique. Les participants ont également souligné que l’accès ouvert aux utilisateurs non commerciaux ne doit pas être indûment restreint. L’utilisateur est informé des obligations de partage des avantages au travers des conditions et modalités de la base de données. Une autre approche a suggéré de prélever des taxes sur, par exemple, les équipements essentiels à l’utilisation de l’information de séquençage numérique (par exemple, les machines de séquençage ou de synthèse de l’ADN).

Certains ont suggéré que les frais d’abonnement en général risqueraient d’imposer le partage des avantages aux scientifiques, ce qui pourrait conduire à un niveau élevé de mécontentement. L’option de l’abonnement pourrait avoir des conséquences imprévues pour les scientifiques des pays en développement qui seraient contraints de payer pour avoir accès aux séquences.

5: Free Access - Capacity Development



Option 5 Accès libre – Développement des capacités décrit un modèle dans lequel il n'existe aucune obligation spécifique de partage des avantages pour les utilisateurs de l'information de séquençage numérique. Il a été noté que les avantages créés par l'utilisation de l'information de séquençage numérique à des fins commerciales auront des répercussions sur la société. Certains ont suggéré de développer les capacités des utilisateurs de l'information de séquençage numérique, en particulier dans les pays en développement. Il a été noté que les coûts de ce développement des capacités devraient être couverts par diverses sources et pas seulement par les utilisateurs commerciaux de l'information de séquençage numérique. Ce modèle offre un accès libre (gratuit) à l'information de séquençage numérique.

Sujets de discussion :

Considérations générales :

- Toutes les parties prenantes auront tout intérêt à savoir comment leurs intérêts seront pris en compte dans chacune de ces options/solutions.
- Pour certains participants, l'option 5 constitue l'actuelle situation par défaut, ce qui risque de ne pas satisfaire les Parties à la CDB qui exigent que les avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique soient partagés de manière juste et équitable.
- Chacune de ces options devra tenir compte des implications de l'utilisation de l'information de séquençage numérique pour les connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques.
- Il y a beaucoup d'investissements publics dans l'infrastructure et les outils des bases de données, ce qui signifie que, bien qu'il n'y ait pas de coût direct pour l'utilisateur de ces bases de données, l'accès aux données n'est pas gratuit puisqu'il convient de tenir compte de la gouvernance et des coûts liés à ces bases de données.

- Il existe de nombreuses options pour ce qui est de la distribution des avantages d'un fonds à un bénéficiaire, l'une d'entre elles étant l'utilisation des fonds existants liés à la biodiversité comme le FEM.
- Les options ne s'excluent pas nécessairement l'une l'autre, mais au contraire elles sont susceptibles de se compléter.
- Les options devront peut-être prendre en compte le matériel et les données.
- Les modèles sont présentés de manière simpliste. Il est clair que la réalité de l'accès et de l'utilisation de l'information de séquençage numérique est bien plus complexe que ce qui est décrit ici.
- Le développement des capacités pour l'utilisation de l'information de séquençage numérique est une question transversale (entre les options).
- Les bases de données ont le potentiel de traiter la redondance qui existe dans leurs systèmes.

Prochaines étapes :

- Le dialogue et les échanges devront être intensifiés, non seulement dans le cadre du dialogue lié à l'information de séquençage numérique, mais aussi dans d'autres pays et secteurs afin de tirer des enseignements d'autres forums.
- Il conviendra d'avoir une représentation équilibrée, notamment des différentes régions, des détenteurs de connaissances traditionnelles et des divers secteurs, en particulier celui de la santé.
- Certes, des enseignements pourront être tirés des options et modèles existants, mais il conviendra d'adapter tout système au contexte.
- D'autres formes de mobilisation des ressources, allant au-delà de l'APA, seront nécessaires afin de lutter contre la perte de diversité biologique.
- Il conviendra d'examiner d'autres approches ou modèles différents en matière de traitement de l'information de séquençage numérique.

Annexe

Options pour la CDB : Réflexions de groupe sur les éléments et idées pour le cadre mondial de la diversité biologique pour l'après-2020 - Présentations

Groupe 1	<ul style="list-style-type: none"> • L'information de séquençage numérique n'est pas dans le champ d'application, mais elle résulte de l'utilisation, d'où l'existence de consentements préalables donnés en connaissance de cause (en anglais PIC) et de conditions convenues d'un commun accord (en anglais MAT) et l'obligation du partage des avantages. • Les participants n'ont pas réussi à se mettre d'accord sur une définition de l'information de séquençage numérique. • Ont été discutées les options suivantes : Des conditions et modalités types sont créées pour les bases de données, pour offrir deux possibilités : (1) dissociation complète de l'accès et du partage des avantages. Selon ces conditions et modalités types, à partir du moment où l'on accède à l'information de séquençage numérique à partir de la base de données, on accepte que si l'on réalise des profits en utilisant l'information de séquençage numérique, il conviendra de reverser une partie de ces profits à un système multilatéral de manière à le redistribuer au travers d'un mécanisme convenu (équitable) ; (2) un modèle semi-couplé. Si l'on fabrique un produit à partir de l'information de séquençage numérique, on s'engage à découvrir la provenance de l'information de séquençage numérique et à obtenir des CCCA (et non un CPCC) du détenteur des droits correspondants.
Groupe 2	<ul style="list-style-type: none"> • Option 1 : Maintenir le <i>statu quo</i> (système actuel), en réglementant l'information de séquençage numérique au travers de CCCA. • Option 2 : Les parties conviennent de réglementer l'information de séquençage numérique en tant que telle, c'est-à-dire ni au travers du système APA actuel ni au travers de règles applicables aux ressources génétiques. <p>Option 2.1 : L'information de séquençage numérique est considérée comme une ressource génétique, de sorte qu'il convient d'appliquer le protocole de Nagoya :</p> <p>2.1.a) Le système bilatéral s'applique-t-il à l'information de séquençage numérique ; ou</p> <p>2.1.b) S'agirait-il de l'article 10 du protocole de Nagoya parce qu'on ne peut pas octroyer le CPCC ? Cette option serait-elle difficile/ onéreuse ?</p> <p>Option 2.2 : Comme l'information de séquençage numérique ne correspond pas à la définition d'une ressource génétique, il convient d'établir un nouveau système qui ne relève pas de la CDB, car l'information de séquençage numérique n'est pas une RG. Il serait logique d'établir un système multilatéral. Les parties pourraient convenir d'élaborer un nouveau traité.</p>
Groupe 3	<ul style="list-style-type: none"> • L'information de séquençage numérique constitue une balise. Il conviendra de clarifier le terme. • Toute option devra faire l'objet d'une analyse coûts-avantages. • Il conviendra de s'écarter de la prépondérance accordée au contrôle de l'accès et de porter son attention sur la facilitation de l'utilisation/et de l'accès ouvert pour les entreprises. • L'adhésion des contribuables américains (qui financent GenBank) sera essentielle. • Les conditions et modalités ou la politique d'accès seront nécessaires pour maintenir les liens. • Il conviendra de déterminer le mode de traitement de l'utilisation de l'information de séquençage numérique par des tiers. • Envisager des approches multilatérales : examiner différents modèles ou approches possibles, y compris un système hybride qui maintiendrait le lien entre le fournisseur et les utilisateurs initiaux et passerait à un système multilatéral pour une utilisation ultérieure.

	<ul style="list-style-type: none"> • Il conviendra de se mettre d'accord sur une définition : il est essentiel de comprendre le concept et il est nécessaire d'être plus clair. • Le dialogue et les échanges devront être intensifiés, non seulement dans le cadre du présent dialogue lié à l'information de séquençage numérique, mais aussi dans d'autres pays et secteurs afin de tirer des enseignements d'autres forums. • Des études de cas et des projets pilotes/tests constitueraient une approche constructive. Il est vraiment important d'étudier les modalités.
Groupe 4	<ul style="list-style-type: none"> • Il importe de proposer des pistes de réflexion - options bilatérales, hybrides, multilatérales • Il importe d'identifier les principes directeurs. • Il importe d'élaborer des modèles de sauvegarde pour l'accès ouvert. • Il importe de gagner en clarté conceptuelle. • Il importe de maintenir les parties prenantes dans la discussion, notamment les économistes - chacun est-il impliqué comme il le faut ? • Les options doivent être simples, mais pas simplistes à l'extrême. • Il convient de créer des incitatifs pour chacune des options retenues. • Il convient de découvrir ce qui a fonctionné ou non dans d'autres systèmes - et de se demander pourquoi le secteur privé n'utilise pas certains systèmes. • Il convient d'examiner les différentes options multilatérales possibles - solution passe-partout, modèles sectoriels spécifiques, ouverture limitée, options de propriété intellectuelle (c'est-à-dire un système de propriété intellectuelle distinct par rapport à l'information de séquençage numérique). • Besoin d'exemples de cas où cela a fonctionné ou n'a pas fonctionné, c'est-à-dire besoin d'une approche fondée sur des preuves. • Il convient d'élaborer des critères prédéfinis pour évaluer un tel système, par exemple en examinant les questions de complexité, de coûts de transaction, de justice et d'équité, en examinant la preuve de l'efficacité - évaluation, par exemple le <i>blockchain</i>. <p><i>Le groupe n'a pas réussi à se mettre d'accord quant au rôle de l'économie et sur la façon de s'y référer - biens informationnels, économie de l'information.</i></p>
Groupe 5	<ul style="list-style-type: none"> • Il convient d'identifier les seuils et les éléments déclencheurs. • Le découplage ou la dissociation n'a pas le même sens pour tout le monde. Il peut s'agir du découplage de l'information de séquençage numérique d'une ressource physique ou du découplage de l'accès au partage des avantages. • Il conviendra d'examiner les options et d'élaborer différentes options pour mieux comprendre ce que l'on choisit. • Options : soumis ou non au régime de la CDB, soumis au protocole de Nagoya ? La question est de savoir s'il s'agit automatiquement du protocole de Nagoya ou de quelque chose de nouveau ? • Il conviendra de prendre en compte les implications pour l'application de la législation. • Il conviendra d'envisager ou non le partage des avantages dans chacun des systèmes retenus. • Système multilatéral, découplage et bilatéral - comment l'accès est-il traité dans le cadre de ces différentes options, y compris l'absence de règles d'accès ? • Partage des avantages monétaires, non monétaires ou les deux - beaucoup pensent qu'on devrait avoir les deux. • Déclencheur - pas d'autres conclusions, est-ce l'accès ou la commercialisation ?

Groupe 6	<ul style="list-style-type: none"> • Il est nécessaire de disposer d'un glossaire des termes. Ce glossaire ne sera pas facile à élaborer. • Élaboration des scénarios : • Protocole bilatéral/Nagoya - modèle • Multilatéral • Hybride - ont été identifiés trois modèles différents : (1) système partagé, les ressources physiques sont régies par le protocole de Nagoya tandis que l'information de séquençage numérique est soumise à un système multilatéral ; (2) un système multilatéral pour tout ; (3) les utilisateurs et les fournisseurs choisissent le système à utiliser. • Nous avons besoin d'études de cas, car celles-ci pourraient nous éclairer quant aux différentes options à retenir. • On pourra tirer des enseignements des options et des modèles existants, mais tout système retenu devra être adapté au contexte. • Il conviendra d'identifier les domaines de compréhension commune. • Il conviendra d'établir le profil du partage des avantages non monétaires existants au travers des collections <i>ex-situ</i> (bases de données). Qu'est-ce que le partage des avantages non monétaires ? Par exemple, donner accès aux données - notamment selon les principes de l'équité. • Il convient de se concentrer sur les questions concrètes.
Groupe 7	<ul style="list-style-type: none"> • Option 1 : un système multilatéral découplé pour les données publiques et une obligation de partage des avantages n'existent qu'à l'entrée sur le marché. Les obligations bilatérales existantes du protocole de Nagoya sont maintenues. Nous pourrions commencer par là. • Option 2 : système découplé pour tous. Cette option pourrait constituer une option de suivi à l'avenir au cas où le protocole de Nagoya ne fonctionnerait pas. • Option 3 : le partage volontaire des avantages à l'entrée sur le marché, reste le protocole de Nagoya, par exemple un système comme la part du lion. Certaines recherches ont montré que les contributions volontaires peuvent permettre aux fonds d'obtenir plus d'argent, car les coûts de transaction sont faibles. Toutefois, on pourrait avoir des problèmes de confiance. • Option 4 : taxe ou prélèvement obligatoire sur tous les produits ou procédés. Par exemple, prélèvement sur les machines de séquençage. Les chercheurs paieront plus, le secteur privé refusera peut-être de payer. • Fonds • Questions de gouvernance, par exemple, la chose relève-t-elle de la CDB ? Qui la détient ? • Les statistiques de l'INDSC permettent-elles de déterminer le partage des avantages ? Qui est prioritaire ? Certains pays, par exemple, n'utilisent pratiquement pas l'INDSC, mais ils fournissent un nombre élevé de séquences. Utilisation - conservation de la biodiversité, utilisation durable, rapports IPBES (Plateforme intergouvernementale sur la biodiversité et les services écosystémiques), développement des capacités des États membres.
Groupe 8	<ul style="list-style-type: none"> • Comment mettre en place des systèmes, une gouvernance, des processus permettant de capter et de répartir les avantages avec les États qui fournissent de l'information de séquençage numérique ? • On pourra se pencher sur le cadre PGP et examiner les enseignements tirés, y compris les erreurs. • PGP - les avantages monétaires sont payés par l'industrie, mais la plupart des agents pathogènes sont éliminés. Comment aller de l'avant ? • Il n'y a pas que le secteur pharmaceutique – il existe d'autres secteurs tout aussi pertinents.

- Le système devrait exclure les universités qui devraient avoir un accès ouvert.
- Une suggestion - les organismes sectoriels pourraient-ils collecter des fonds auprès de leurs membres afin de les distribuer ? De nombreuses questions se posent quant à la manière d'obtenir les informations sur les personnes qui ont accès à ces fonds, sur ce qu'il convient de faire à propos des non-membres et sur la manière de les identifier.
- Comment obtenir l'adhésion au système ?
- Un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages au titre de l'article 10 du protocole de Nagoya n'est peut-être pas une bonne idée, car il limiterait la discussion au protocole de Nagoya, alors que l'information de séquençage numérique est considérée comme un problème plus vaste qui touche divers forums.
- Comment allouer l'argent reçu par un fonds ? La Plateforme intergouvernementale sur la biodiversité et les services écosystémiques (IPBES) pourrait identifier les priorités mondiales pour la biodiversité, pondérées en faveur des communautés, et pour l'utilisation durable et la conservation sur le terrain dans les points chauds (ou là où cela est le plus nécessaire).
- Pour être rentable, le fonds pourrait être intégré dans l'infrastructure du FEM.
- Aucun accord sur les déclencheurs possibles. Le système devrait permettre un échange ouvert de données jusqu'à un certain point (semblable à l'idée d'une ouverture limitée). L'utilisation des données n'est ni suivie ni relevée et il n'y a pas de réglementation jusqu'à ce que les utilisateurs atteignent le point de commercialisation.
- Il conviendra de parvenir à un accord sur la réglementation de l'information de séquençage numérique lors de la CdP 15 - si un système multilatéral sur l'information de séquençage numérique est mis en place, les connaissances traditionnelles pourraient être incluses de manière volontaire.
- Le partage des avantages versé dans ce fonds pourrait être réservé à certains secteurs.
- Le système pourrait également être utilisé dans le contexte BBNJ, car il ne dispose pas de mécanisme d'accès. Il pourrait également être pertinent pour les ressources agricoles au-delà du Traité international. Des affectations régionales et sectorielles pour le partage des avantages pourraient être envisagées.