|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Macintosh HD:Users:bilodeau:Desktop:logos:template 2017:un.emf |  | **CBD** |
| CBD_logo_fr-CMYK-black [Converted] | Distr.GÉNÉRALECBD/SBI/3/15/Add.113 juillet 2020 FRANÇAISORIGINAL : ANGLAIS |

ORGANE SUBSIDIAIRE CHARGÉ DE l’application

Troisième réunion

Ville de Québec (à confirmer), Canada, 9-14 novembre 2020

Point 13 de l’ordre du jour provisoire[[1]](#footnote-2)\*

**Etude visant a identifier Des cas spécifiques de ressources génétiques et de connaissances traditionnelles associees aux ressources genetiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause**

*Note de la Secrétaire exécutive*

1. La Conférence des Parties siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya sur l’accès et le partage des avantages a examiné la nécessité et les modalités d’un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages (article 10 du Protocole de Nagoya) à sa troisième réunion, et a adopté la décision [NP-3/13](https://www.cbd.int/doc/decisions/np-mop-03/np-mop-03-dec-13-fr.pdf).
2. Au paragraphe 5a) de la décision NP-3/13, la Secrétaire exécutive a été priée de commander une étude soumise à un examen par les pairs et visant à identifier des cas spécifiques de ressources génétiques et de connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause.
3. En réponse à cette demande, la Secrétaire exécutive a commandé l’étude figurant dans le présent document. La réalisation de cette étude a été possible grâce au généreux soutien financier de l’Afrique du Sud, de la Belgique et de l’Union européenne.
4. Un avant-projet de cette étude a été mis à disposition en ligne, aux fins d’un examen par les pairs, du 9 mars au 6 avril 2020.[[2]](#footnote-3) Les commentaires reçus sur cet avant-projet d’étude ont été mis à disposition en ligne.[[3]](#footnote-4) L’étude a ensuite été révisée à la lumière des commentaires reçus, et la version finale est présentée ci-dessous, dans le fond et la forme reçus par le Secrétariat.

# etude visant a identifier des cas spécifiques de ressources génétiques et de connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause

Comme demandé dans la décision NP-3/13 (paragraphe 5a)) de la troisième réunion de la Conférence des Parties à la Convention sur la diversité biologique siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya.

15 juin 2020

Margo Bagley[[4]](#footnote-5) et Frederic Perron-Welch[[5]](#footnote-6)

**Note explicative**

La présente étude retient une approche inclusive concernant l’étendue des questions liées à l’article 10 du Protocole, en vue de fournir des informations sur un large éventail de cas possibles pour faciliter les débats menés par les Parties. Pour ce faire, les auteurs ne prennent pas position sur un règlement définitif des questions liées au champ d’application de l’article 10, ni sur le caractère approprié ou la nécessité d’un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages pour n’importe quel cas décrit dans la présente étude. Celle-ci ne cherche pas à favoriser un point de vue particulier et ne vise pas non plus à remettre en cause l’approche bilatérale sur laquelle se fondent la Convention sur la diversité biologique et le Protocole de Nagoya.

Les auteurs reconnaissent que les Parties ont des points de vue divergents sur différentes questions, telles que le champ d’application de l’article 10 dans le temps (s’applique-t-il par exemple aux ressources génétiques et aux connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques dont l’accès physique a été réalisé avant l’entrée en vigueur du Protocole, mais qui font l’objet d’une nouvelle utilisation ?), ou le champ d’application des dispositions de l’article 10 (s’applique-t-il par exemple à ‘l’information de séquençage numérique’, aux collections *ex situ*, ou aux connaissances traditionnelles accessibles au public ?). L’approche retenue dans la présente étude évite d’anticiper sur le résultat des débats menés par les Parties sur les questions pour lesquelles elles ne sont pas encore parvenues à un consensus. Les Parties devront décider si l’une ou l’autre catégorie de cas présentés ci-dessous impliquent de devoir mettre en place un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages.

Les auteurs prennent note également du caractère pertinent de l’article 11 du Protocole de Nagoya, en reconnaissant que le rapport de 2016 de la réunion du groupe d’experts sur l’article 10 a conclu que l’article 11 était suffisant pour gérer “les ressources génétiques qui se trouvent *in situ* dans plus d’une Partie, et les connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques lorsqu’elles sont partagées par une ou plusieurs communautés autochtones et locales dans plusieurs Parties”. Cependant, le rapport du groupe d’experts a constaté également que l’expérience acquise par les Parties dans l’application de l’article 11 restait limitée. En conséquence, afin de fournir le plus large éventail de cas possibles aux fins d’examen par les Parties au titre de l’article 10 du Protocole, l’étude inclut certains cas qui pourraient être traités dans le cadre de l’article 11 également.

Pour réaliser cette étude, les auteurs ont interprété la demande faite d’identifier ‘des cas spécifiques’ susceptibles d’entrer dans le champ d’application de l’article 10 du Protocole comme signifiant une demande d’identifier des catégories distinctes de cas, plutôt que des exemples de cas individuels. Ainsi, les cas présentés ci-dessous visent à être illustratifs, plutôt que des exemples spécifiques de ressources génétiques ou de connaissances traditionnelles qui entrent dans le champ d’application de l’article 10. D’autre part, conformément à l’approche inclusive retenue pour cette étude, les auteurs ont choisi d’utiliser une définition du terme ‘impossible’ comme incluant à la fois une impossibilité factuelle absolue et une impossibilité fonctionnelle.

Nonobstant l’approche inclusive retenue, les auteurs reconnaissent que les Etats disposent d’une autorité souveraine pour décider de l’accès à leurs ressources génétiques au moyen de mesures législatives, réglementaires ou administratives. En conséquence, les auteurs ne visent pas à ce que cette approche inclusive suggère qu’un mécanisme multilatéral mondial soit nécessaire dans les cas où : 1) il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause, lorsqu’un Etat décide de ne pas exiger un consentement préalable donné en connaissance de cause ; ou 2) lorsqu’un Etat est en train d’élaborer des mesures sur l’accès et le partage des avantages.

table des matieres

[Synthèse analytique 6](#_Toc48914791)

[1. Introduction 12](#_Toc48914792)

[2. Cas spécifiques de ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières 17](#_Toc48914793)

[2.1. Écosystèmes et habitats/espèces partagés entre plusieurs juridictions nationales 18](#_Toc48914794)

[2.2. Espèces migratrices 19](#_Toc48914795)

[2.3. Zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale 21](#_Toc48914796)

[3. Cas spécifiques de ressources génétiques pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause 22](#_Toc48914797)

[3.1. Ressources génétiques dont on ne peut déterminer la provenance dans des collections *ex situ* 22](#_Toc48914798)

[3.2. Utilisation et sélection d’échantillons différents géographiquement provenant de différentes régions et pays 28](#_Toc48914799)

[3.3. Information de séquençage numérique (DSI) 28](#_Toc48914800)

[3.3.1. Cas dans lesquels aucun accès physique n’est nécessaire pour utiliser l’information génétique 30](#_Toc48914801)

[3.3.2. Utilisation de composés génétiques provenant de multiples organismes 35](#_Toc48914802)

[4. Cas spécifiques de connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause 39](#_Toc48914803)

[4.1. Connaissances traditionnelles détenues par des peuples autochtones et communautés locales situés dans plusieurs juridictions nationales 39](#_Toc48914804)

[4.2. Connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques accessibles au public 42](#_Toc48914805)

[4.3. Connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques dont on ne peut déterminer l’origine dans des collections *ex situ* 44](#_Toc48914806)

[5. Conclusions 45](#_Toc48914807)

[Remerciements 45](#_Toc48914808)

[Annexe A: Liste des personnes interviewées 46](#_Toc48914809)

**Liste des acronymes (en anglais ou en français)**

ABS Accès et partage des avantages

ABSCH Centre d’échange sur l’accès et le partage des avantages

ADN Acide désoxyribonucléique

AHTEG Groupe spécial d’experts techniques

ARN Acide ribonucléique

BBNJ Biodiversité située au-delà des limites de la juridiction nationale

BGCI Botanic Gardens Conservation International

BLAST Basic Local Alignment Search Tool

BNITM Bernard Nocht Institute for Tropical Medicine

CABI Centre for Agriculture and Bioscience International

CBD Convention sur la diversité biologique

CCI Chambre de commerce internationale

CETAF Consortium d’institutions taxonomiques européennes

CMS Convention sur la conservation des espèces migratrices appartenant à la faune sauvage

COP Conférence des Parties

COP-MOP Conférence des Parties siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole

DSI Information de séquençage numérique sur les ressources génétiques

DSMZ Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures

EBC Kew Economic Botany Collection

EBSA Zone écologiquement ou biologiquement importante

GRULAC Groupe des pays d’Amérique latine et des Caraïbes

GSD Données de séquençage génétique

INSDC International Nucleotide Sequence Database Collaboration

IPEN International Plant Exchange Network

IPLC Peuples autochtones et communautés locales

IRCC Certificat de conformité internationalement reconnu

Kew Royal Botanic Gardens, Kew

MAT Conditions convenues d’un commun accord

MNHN Muséum national d’histoire naturelle

MTA Accord de transfert de matériel biologique

NFP Correspondant national

OMPI Organisation mondiale de la propriété intellectuelle

PIC Consentement préalable donné en connaissance de cause

RBS-ORF Site de fixation du ribosome – Cadre de lecture ouvert

SBI Organe subsidiaire chargé de l’application

UE Union européenne

UICN Union internationale pour la conservation de la nature

UNCLOS Convention des Nations Unies sur le droit de la mer

WDCM World Data Centre for Microorganisms

WEOG Groupe des pays d’Europe occidentale et autres Etats

WFCC Fédération mondiale des collections de cultures

ZEE Zone économique exclusive

# synthese analytique

L’article 10 du Protocole de Nagoya sur l’accès et le partage des avantages (concernant un “mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages”) demande aux Parties d’examiner la nécessité et les modalités d’un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages pour traiter le partage juste et équitable des avantages résultant de l’utilisation de ressources génétiques et des connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause. La troisième réunion de la Conférence des Parties à la Convention sur la diversité biologique siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya a adopté la décision NP-3/13 sur l’article 10, laquelle demande de réaliser une étude soumise à un examen par les pairs afin d’identifier des cas spécifiques répondant aux critères susmentionnés.

Comme résumé dans le tableau 1 ci-dessous, la présente étude retient une approche extensive (voir la “note explicative”). Elle analyse des cas spécifiques répartis dans trois groupes généraux : 1) ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières; 2) ressources génétiques pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause; 3) connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause.

Le premier groupe, les **ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières** comprennent trois sous-groupes particuliers : a) écosystèmes et habitats/espèces partagés entre plusieurs juridictions nationales; b) espèces migratrices qui transitent dans différentes juridictions nationales; c) zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale.

Les cas figurant dans le sous-groupe a) incluent les espèces qui se trouvent dans des pays voisins (telles que l’espèce *Pentas longiflora*) ou qui se trouvent dans plusieurs juridictions nationales (par exemple, l’espèce *Heliotropium foertherianum*), voire même plusieurs continents (par exemple, l’espèce *Catharanthus roseus*)[[6]](#footnote-7). Les situations qui concernent des écosystèmes et habitats/espèces partagés entre plusieurs juridictions nationales soulèvent la question d’une autorisation équitable de l’accès aux ressources et d’une négociation du partage des avantages résultant de l’utilisation de ces ressources. De tels cas peuvent être traités au titre de l’article 10 et/ou l’article 11 (“coopération transfrontière”) du Protocole.

En ce qui concerne le sous-groupe b), visant les espèces migratrices qui transitent dans plusieurs juridictions nationales (par exemple, l’anguille d’Europe (*Anguilla anguilla*), le papillon Monarque (*Danaus plexippus*), ou le canard Colvert (*Anas platyrhynchos*)), une approche bilatérale n’inclura pas tous ceux qui contribuent à la conservation d’une ressource donnée. D’autre part, en ce qui concerne le sous-groupe c), les ressources qui se trouvent dans des zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale, comme la haute mer, peuvent aussi entrer dans le champ d’application de l’article 10 du Protocole. Par ailleurs, les ressources ‘chevauchantes’ qui se trouvent ou transitent dans la haute mer ou les grands fonds marins et dans des zones qui relèvent de la juridiction nationale représentent un défi particulier.

Le deuxième groupe général concerne les **ressources génétiques pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause**. Ce groupe comprend trois sous-groupes particuliers : a) les ressources génétiques dont on ne peut déterminer la provenance dans des collections *ex situ*; b) l’utilisation d’échantillons de multiples organismes provenant de différentes zones géographiques; c) les cas qui concernent l’utilisation de “l’information de séquençage numérique” (DSI). [[7]](#footnote-8)

Le sous-groupe a) concerne la détention de ressources génétiques dont on ne peut déterminer la provenance dans des collections *ex situ*, telles que les jardins botaniques, les herbiers, les collections de cultures, les banques de gènes, les banques de semences, les zoos, les aquariums et les collections privées. Ces collections *ex situ* peuvent avoir des spécimens acquis avant ou après l’entrée en vigueur de la Convention sur la diversité biologique (ci-après Convention), soulevant la question du champ d’application du traité dans le temps. De plus, certains spécimens ont parfois été déposés dans des collections sans fournir d’information sur le pays d’origine des ressources, quand bien même ces spécimens sont accessibles actuellement à des fins d’utilisation commerciale.

Le sous-groupe b) concerne l’utilisation d’échantillons de multiples organismes provenant de plusieurs zones géographiques. Un exemple présenté dans l’étude décrit la demande de protection par brevet d’une méthode de sélection des plantes et des semences du genre *Glycine* (soja) pour des caractéristiques liées à la maturité et la croissance des plantes. La demande de brevet indique que l’invention est basée sur l’utilisation de plus de 250 lignées distinctes de graines de soja, y compris des espèces sauvages et cultivées venant d’Australie et d’Asie, mais elle ne divulgue pas comment ni à quel endroit les spécimens ont été obtenus (c’est-à-dire, s’ils proviennent d’une collecte *in situ* ou de collections *ex situ*); bien que cette information ne soit pas exigée pour les demandes de brevet dans de nombreux pays, elle peut néanmoins s’avérer pertinente à des fins d’accès et de partage des avantages dans certaines Parties.

En ce qui concerne le sous-groupe c), la question de savoir si l’accès aux informations de séquençage numérique entre dans le champ d’application de la Convention ou du Protocole de Nagoya (ci-après le Protocole) reste contestée. Même s’il était décidé que cette question n’entre pas dans le champ d’application de la définition des ressources génétiques de ces deux instruments, l’information de séquençage numérique qui résulte de l’utilisation d’une ressource génétique physique pourrait néanmoins être subordonnée à des obligations relatives au partage des avantages. Ainsi, les scénarios dans lesquels une approche bilatérale sera factuellement ou fonctionnellement impossible à utiliser sont examinés dans la présente étude. Puisque les Parties n’ont pas encore tranché sur cette question, cette partie de l’étude donne des exemples de situations dans lesquelles l’accès à une ressource physique n’est pas nécessaire pour pouvoir exploiter des données génétiques (par exemple, dans les bibliothèques de produits naturels), ou dans lesquelles les composés génétiques utilisés proviennent de plusieurs organismes (par exemple, dans la production de glycosides de stéviol).

Le troisième groupe général, les **connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause**, peut être divisé en trois sous-groupes distincts : a) connaissances traditionnelles connexes détenues par des peuples autochtones et communautés locales situés dans plusieurs juridictions nationales, b) connaissances traditionnelles connexes accessibles au public, et c) connaissances traditionnelles connexes dont on ne peut déterminer l’origine dans des collections *ex situ*.

En ce qui concerne le sous-groupe a), bien que des négociations bilatérales soient possibles, elles peuvent être difficiles dans des situations où les connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques sont détenues par des peuples autochtones et communautés locales dont les membres vivent dans plusieurs pays. Dans de tels cas, l’étude a identifié trois scénarios possibles : 1) les connaissances traditionnelles connexes sont détenues par un seul groupe dans plusieurs pays; 2) les connaissances traditionnelles connexes sont détenues par plusieurs groupes situés dans plusieurs pays; 3) les connaissances traditionnelles connexes sont détenues par une communauté située dans un pays donné, mais la ressource génétique en question est originaire d’un autre pays. Les exemples fournis dans l’étude incluent les connaissances traditionnelles liées à l’Armoise de Judée (*Artemesia judaica*) et à la Pervenche rose (*Catharanthus roseus*). Les principales difficultés rencontrées dans ces situations concernent l’identification des détenteurs des connaissances traditionnelles connexes, et donc de ceux qui accorderont potentiellement un consentement préalable donné en connaissance de cause, et de ceux qui recevront potentiellement une part des avantages résultant de ces connaissances, conformément au droit interne en vigueur.

En ce qui concerne les sous-groupes b) et c), de nombreuses publications et revues scientifiques font un inventaire des usages traditionnels de différentes plantes dans différentes régions, telles que la *Pharmacopée africaine*. Il apparaît que l’octroi ou l’obtention d’un consentement préalable donné en connaissance de cause pour l’utilisation des connaissances traditionnelles n’est pas toujours possible, lorsque l’origine des connaissances ne peut pas être attribuée à un dépositaire particulier. De même, de nombreux échantillons de matériel génétique contenus dans les collections *ex situ* ont été obtenus par des ethnobotanistes, avec l’aide et sous la direction de peuples autochtones et communautés locales. En conséquence, les utilisations traditionnelles sont parfois incluses dans les informations fournies sur l’identification des ressources. Bien que des informations sur le pays fournisseur des ressources soient généralement fournies, ce n’est pas toujours le cas pour les informations sur l’identification des peuples autochtones et communautés locales à l’origine de connaissances traditionnelles. Ceci peut rendre impossible l’octroi ou l’obtention d’un consentement préalable donné en connaissance de cause pour l’utilisation de ces connaissances traditionnelles.

Sur la base des recherches présentées ci-dessous, l’étude conclut qu’il peut y avoir des cas spécifiques entrant dans le champ d’application de l’article 10 du Protocole, sans remettre en cause toutefois l’approche bilatérale qui fonde la relation entre la Convention et le Protocole de Nagoya.

 Tableau 1: Résumé de cas spécifiques susceptibles d’entrer dans le champ d’application de l’article 10 du Protocole de Nagoya

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Groupes généraux | Sous-groupes | Exemples | Considérations |
| Ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières | a) Écosystèmes et habitats/espèces partagés entre plusieurs juridictions nationales | Espèces qui se trouvent dans des pays voisins (par exemple, *Pentas longiflora*), ou dans plusieurs juridictions nationales (par exemple, *Heliotropium foertherianum*), ou dans plusieurs continents (par exemple, *Cathranthus roseus*).  | Il n’existe aucun consensus sur le point de savoir si toutes ces situations sont sujettes aux obligations relatives au partage des avantages. Ainsi, certaines situations transfrontières pourraient être traitées dans le cadre de l’article 10, d’autres situations dans le cadre de l’article 11, et d’autres situations encore pourraient être exclues en raison du fait qu’elles n’entrent pas dans le champ d’application du Protocole. |
| b) Espèces migratrices qui transitent dans plusieurs juridictions nationales | Espèces migratrices qui se trouvent dans plusieurs pays (par exemple, l’anguille d’Europe (*Anguilla*), le papillon Monarque (*Danaus plexippus*) et le canard Colvert (*Anas platyrhynchos*)). |
| c) Zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale | Ressources dites ‘chevauchantes’, qui se trouvent ou transitent dans la haute mer et dans des zones qui relèvent de la juridiction nationale. |
| Ressources génétiques pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause | a) Ressources génétiques dont on ne peut déterminer la provenance dans des collections *ex situ*       | Ressources génétiques provenant de jardins botaniques (par exemple, The Royal Botanic Gardens, Kew), d’herbiers (par exemple, les collections botaniques du Muséum national d’histoire naturelle), les collections de cultures (par exemple, la Fédération mondiale des collections de cultures, les microorganismes, les plasmides, et les collections d’ADN complémentaire), les banques de gènes, les banques de semences, les zoos, les aquariums, et les collections privées. | Les Parties ne sont pas parvenues à un consensus sur le point de savoir si ou dans quelle mesure l’information de séquençage numérique et le matériel contenu dans des collections *ex situ* entrent dans le champ d’application du Protocole. Dans certains cas, de l’information de séquençage numérique provenant de multiples organismes sont utilisées et, s’il était décidé qu’elles entrent dans le champ d’application de l’article  10, certains utilisateurs pourront être obligés de négocier des conditions convenues d’un commun accord avec plusieurs gouvernements, tandis que de nombreux utilisateurs ne pourront pas être identifiés ou retrouvés individuellement.  |
| b) Utilisation d’échantillons de multiples organismes provenant de différentes zones géographiques | Par exemple, une demande de protection par brevet d’une méthode de sélection des plantes et des semences du genre *Glycine* (soja) pour des caractéristiques liées à la maturité et la croissance des plantes, s’appuyant sur l’utilisation de plus de 250 lignées distinctes de graines de soja. Ces lignées incluent des espèces sauvages et cultivées venant d’Australie et d’Asie, mais le brevet ne divulgue ni comment ni l’endroit où ces spécimens ont été collectés. |
| c) Cas concernant l’utilisation d’“informations de séquençage numérique” | Situations dans lesquelles aucun accès physique n’est nécessaire pour utiliser l’information génétique (par exemple, l’International Nucleotide Sequence Database Collaboration, the Earth Biogenome Project, les recherches BLAST,le traitement RGEN-EB3 contre Ebola, la Protein Data Bank, ou les Bibliothèques de produits naturels). Les situations dans lesquelles des composés génétiques utilisés proviennent de plusieurs organismes (par exemple, la production de glycosides de stéviol, d’acide glucarique-D et de bioéthanol). |
| Connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause | a) Connaissances traditionnelles connexes détenues par des peuples autochtones et communautés locales dans plusieurs juridictions nationales | Connaissances traditionnelles connexes détenues par un seul groupe situé dans plusieurs pays (par exemple, le peuple autochtone Guna situé au Panama et en Colombie), ou connaissances traditionnelles connexes détenues par plusieurs groupes situés dans plusieurs pays, ouconnaissances traditionnelles connexes détenues par une communauté dans un pays donné, concernant une ressource génétique originaire d’un autre pays (par exemple, connaissances traditionnelles liées à la Pervenche rose (*Catharanthus roseus)*et à l’Armoise de Judée (*Artemesia judaica*)). | Les principales difficultés sont d’identifier les dépositaires des connaissances traditionnelles connexes, qui sont en droit d’accorder un consentement préalable donné en connaissance de cause, et qui sont en droit de recevoir une part des avantages qui peuvent résulter de ces connaissances. L’article 10 ou l’article 11 du Protocole pourraient s’appliquer à certains cas.Les Parties ne sont pas parvenues à un consensus sur le point de savoir si les obligations relatives au consentement préalable donné en connaissance de cause et/ou aux conditions convenues d’un commun s’appliquent à toutes ces situations. D’autre part, on ne dispose pas toujours d’informations sur l’identification des peuples autochtones et communautés locales à l’origine de ces connaissances traditionnelles; ceci peut rendre impossible la négociation d’un consentement préalable donné en connaissance de cause et/ou de conditions convenues d’un commun accord dans certains cas. |
| b) Connaissances traditionnelles connexes accessibles au public | Publications et revues qui font l’inventaire des usages traditionnels de plantes dans différentes régions (par exemple, la *Pharmacopée africaine*). |
| c) Connaissances traditionnelles connexes dont on ne peut déterminer l’origine dans des collections *ex situ*. | Échantillons de matériel génétique contenus dans des collections *ex situ* et obtenus par des ethnobotanistes avec l’aide et sous la direction de peuples autochtones et communautés locales, pour lesquels on ne dispose d’aucune information identifiant les peuples autochtones et communautés locales à l’origine de ces connaissances traditionnelles (par exemple, lorsqu’un grand nombre d’individus venant d’une communauté donnée ou d’ailleurs ont fourni des pistes sur les usages médicinaux de certaines plantes, ou lorsque l’information sur les usages médicinaux provient d’une source secondaire, comme la pharmacopée ou d’autres travaux externes qui ne donnent pas une liste des dépositaires à l’origine des connaissances traditionnelles connexes). |

# Introduction

En novembre 2018, à la troisième réunion de la Conférence des Parties siégeant en tant que réunion des Parties au Protocole de Nagoya (COP-MOP), les Parties au Protocole ont adopté la décision NP-3/13 sur un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages (article 10). Au paragraphe 5a) de la décision, les Parties ont demandé la réalisation d’une étude, révisée par des pairs, afin d’identifier des cas spécifiques de ressources génétiques et de connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause. La présente étude constitue une réponse à cette demande. Il est prévu que l’étude soit mise à disposition pour examen à la troisième réunion de l’Organe subsidiaire chargé de l’application à l’automne 2020.

*Méthodologie*

Afin de réaliser cette étude, les auteurs ont commencé par analyser la demande faite par les Parties “d’identifier des cas spécifiques” susceptibles d’entrer dans le champ d’application de l’article 10. A l’issue d’un examen attentif, les auteurs ont interprété la demande “d’identifier des cas spécifiques” comme signifiant une demande d’identifier des *catégories de cas distinctes*, plutôt que d’identifier uniquement des *exemples individuels*.

Une telle interprétation a deux fondements. Tout d’abord, les auteurs ont examiné les définitions les plus pertinentes des termes “spécifique”[[8]](#footnote-9) et “cas”[[9]](#footnote-10) dans l’Oxford English Dictionary. Ensuite, les auteurs ont identifié quels exemples individuels ne justifieraient pas, en toute logique, une approche multilatérale à l’échelle mondiale, en raison du fait qu’ils pourraient être traités, théoriquement, au cas par cas. Ainsi, les exemples fournis dans la présente étude ont une vocation illustrative, et ne constituent pas des cas uniques de ressources génétiques ou de connaissances traditionnelles associées à une ressource génétique, susceptibles d’entrer dans le champ d’application de l’article 10 du Protocole.

Ensuite, les auteurs ont analysé la signification potentielle du terme “impossible” dans l’article 10 du Protocole. Les règles générales d’interprétation des traités énoncées dans la Convention de Vienne sur le droit des traités se fondent sur une évaluation de bonne foi, comprenant trois étapes : 1) signification habituelle du terme; 2) signification du terme dans son contexte; 3) signification à la lumière de l’objectif et du but du traité.[[10]](#footnote-11)

Le contexte de l’article 10 du Protocole, à la lumière du but et de l’objectif du traité, suggère que l’intention des Parties est d’inclure les cas qui ne peuvent pas être traités dans le cadre d’une approche bilatérale ; cependant, ceci n’éclaire pas entièrement la signification du terme “impossible”. En conséquence, les auteurs se sont appuyés sur les définitions données dans le dictionnaire des termes “possible”[[11]](#footnote-12) et “impossible”[[12]](#footnote-13), et ont retenu une définition habituelle de ces termes, compatible avec l’approche inclusive souhaitée pour l’étude. Les définitions retenues comprennent à la fois une impossibilité factuelle et une impossibilité fonctionnelle (c’est-à-dire, tellement improbable, impraticable ou infaisable, que cela devient impossible). Une telle définition est compatible avec l’explication fournie sur l’article 10 dans le Guide explicatif de l’UICN sur le Protocole de Nagoya, ainsi qu’avec l’interprétation retenue par certaines Parties.[[13]](#footnote-14)

Les auteurs ont pris en compte également la question d’équité en décidant d’inclure ou de ne pas inclure certaines circonstances. Pour interpréter les termes ‘juste et équitable’ énoncés dans l’objectif du Protocole de Nagoya, ainsi que la reconnaissance dans le préambule[[14]](#footnote-15) qu’une “solution innovante est nécessaire pour aborder le partage juste et équitable des avantages résultant de l’utilisation des ressources génétiques et des connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause”, les auteurs ont décidé de ne pas interpréter le terme ‘juste et équitable’ comme étant une déclaration tautologique. Puisque la Convention et le Protocole de Nagoya sont des documents juridiques, les auteurs sont partis du principe que les Parties ont utilisé le terme ‘équitable’ dans son acception juridique.[[15]](#footnote-16) Ainsi, le fait de prendre en compte les considérations d’équité peut “être particulièrement adapté pour des débats dans un contexte où s’opposent des intérêts divergents qui n’ont pas été cristallisés en droits et devoirs particuliers.”[[16]](#footnote-17) Ceci est conforme à l’approche inclusive retenue dans la présente étude.

Nonobstant l’approche inclusive retenue pour l’étude, les auteurs reconnaissent que les Etats disposent d’une autorité souveraine pour déterminer l’accès aux ressources génétiques au moyen de mesures législatives, réglementaires ou administratives. En conséquence, il n’est pas dans l’intention des auteurs de suggérer que cette approche inclusive signifie qu’un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages est nécessaire dans les cas où : 1) il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause, en raison du fait qu’un Etat a décidé de ne pas exiger un consentement préalable donné en connaissance de cause ; ou 2) lorsque des Etats sont en train de mettre en place des mesures sur l’accès et le partage des avantages.

Des informations sur des cas spécifiques de ressources génétiques et de connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause ont été obtenues de façon accélérée par les auteurs entre la fin décembre 2019 et la fin février 2020. Les deux auteurs ont aussi participé à la deuxième réunion du Groupe de travail spécial sur le cadre mondial de la biodiversité pour l’après-2020, afin d’effectuer des entretiens en personne.

Les auteurs ont effectué des entretiens avec 33 experts venant de plus de 25 pays, ayant des connaissances spécifiques sur les questions abordées dans l’article 10, afin d’améliorer l’identification de cas spécifiques pertinents.[[17]](#footnote-18) Les personnes interviewées incluent des correspondants nationaux et d’autres membres de gouvernement dans un certain nombre de pays, ainsi que des chercheurs universitaires, des membres du personnel des collections *ex situ* de ressources génétiques, des représentants du secteur industriel, des membres d’organisations intergouvernementales et non-gouvernementales, des représentants de peuples autochtones et communautés locales, et des experts juridiques et politiques. En raison du fait qu’un grand nombre de personnes interviewées se sont exprimées sous condition d’anonymat, une liste des personnes interviewées sans leur nom figure dans l’Annexe A de la présente étude.

D’autres information sur des cas spécifiques ont été obtenues en analysant des documents concernant l’article 10 du Protocole de Nagoya, publiés sur le site Internet du Secrétariat de la Convention.[[18]](#footnote-19) Ces documents incluent la synthèse des débats en ligne en réponse à la décision XI/1,[[19]](#footnote-20) le rapport de 2013 de la réunion d’experts sur l’article 10,[[20]](#footnote-21) des communications reçues en réponse à la décision NP-1/10,[[21]](#footnote-22) le rapport de 2016 de la réunion du groupe d’experts sur l’article 10,[[22]](#footnote-23) l’étude réalisée pour la réunion du groupe d’experts,[[23]](#footnote-24) les communications reçues en réponse à la décision NP-2/10,[[24]](#footnote-25) la note de la Secrétaire exécutive préparée pour la deuxième réunion de l’Organe subsidiaire chargé de l’application,[[25]](#footnote-26) et les communications reçues en réponse à la décision NP-3/13.[[26]](#footnote-27) De plus, les auteurs ont examiné des articles, traités et autres publications, et effectué des recherches sur les sites Internet de collections *ex situ*, les sites nationaux sur l’accès et le partage des avantages, la base de données Lex de l’Organisation mondiale de la propriété intellectuelle (OMPI), et d’autres sources Internet accessibles au public ; ils ont également extrait des données et des conclusions provenant de plusieurs de leurs précédentes recherches.

*Champ d’application*

Comme indiqué ci-dessus, les Parties peuvent avoir des points de vue divergents sur les questions relatives au champ d’application du Protocole de Nagoya, qu’il s’agisse de son contenu, ou de son application dans le temps et dans l’espace.[[27]](#footnote-28) Une brève description de chacune de ces questions est fournie ci-dessous, afin de donner le contexte de certains exemples décrits dans l’étude.

*Champ d’application dans le temps*

Une question pour laquelle il subsiste des incertitudes dans le Protocole, et au sujet de laquelle les Parties au Protocole et à la Convention ont des positions divergentes, concerne le point de savoir si les obligations relatives au partage des avantages s’appliquent uniquement au moment d’un accès initial aux ressources, ou lorsque ces ressources sont utilisées également. Cette question intitulée “champ d’application dans le temps” concerne le champ d’application et l’application du Protocole.[[28]](#footnote-29) En effet, des quantités importantes de ressources génétiques ont été obtenues dans des pays partout dans le monde avant l’entrée en vigueur de la Convention et l’entrée en vigueur du Protocole ; or, une nouvelle utilisation de ces ressources, détenues actuellement dans des collections *ex situ* à l’extérieur du pays fournisseur des ressources, a eu lieu après l’entrée en vigueur du Protocole.

Les Parties à la Convention n’ont pas pu se mettre d’accord sur le champ d’application du traité dans le temps durant les négociations menées pendant plusieurs années : le Protocole de Nagoya reste donc muet sur cette question. Un tel silence ne résout cependant pas la question, puisque les Parties s’opposent sur ce qui pourrait constituer une rétroactivité du traité. Ainsi, certains pays considèrent qu’une application du traité en cas d’utilisation des ressources ne constitue pas une rétroactivité prohibée, mais plutôt, une façon d’assurer le plein effet des dispositions et de l’esprit du Protocole, en application de l’article 28 de la Convention de Vienne sur le droit des traités, tandis que d’autres Parties jugent qu’une telle interprétation porte atteinte à la sécurité juridique.[[29]](#footnote-30)

De plus, puisque le Protocole est silencieux sur la définition du terme “accès”,[[30]](#footnote-31) certaines Parties appliquent le Protocole d’une façon qui impose des obligations relatives au partage des avantages uniquement lorsque des ressources génétiques sont obtenues après la date d’entrée en vigueur du Protocole,[[31]](#footnote-32) tandis que d’autres Parties exigent un partage des avantages, et éventuellement un consentement préalable donné en connaissance de cause, lorsque des ressources génétiques sont utilisées après l’entrée en vigueur du Protocole, quelle que soit la date à laquelle les ressources ont été obtenues auprès du pays fournisseur.[[32]](#footnote-33)

*Champ d’application des dispositions*

Les Parties ont aussi des points de vue divergents sur l’étendue de la question traitée par la Convention et le Protocole de Nagoya. Certaines Parties affirment que l’emploi du terme “matériel génétique” dans la Convention et le Protocole exclut les ressources intangibles. Tandis que d’autres Parties soutiennent qu’une interprétation ‘extensive et dynamique’ du concept de ressources génétiques inclut nécessairement l’information de séquençage numérique. Comme décrit dans la partie 3.3 ci-dessous, bien que la majorité des Parties n’incluent pas l’information de séquençage numérique dans leurs réglementations sur l’accès et la partage des avantages, plusieurs pays ont néanmoins inclus l’information de séquençage intangible dans leur définition des ressources génétiques, et certains pays ont réglementé leur accès. D’autre Parties encore n’ont pas inclus l’information de séquençage numérique dans leur définition des ressources génétiques, mais acceptent que cette information peut résulter de l’utilisation d’une ressource génétique et, par conséquent, qu’elle peut être subordonnée à des obligations liées au partage des avantages dans des conditions convenues d’un commun accord.[[33]](#footnote-34)

 *Champ d’application géographique et/ou dans l’espace*

Les Parties ont certains points de vue divergents également en ce qui concerne le champ d’application géographique du Protocole de Nagoya. Ce désaccord découle du champ d’application de la Convention, lequel inclut les processus et les activités qui relèvent de la juridiction des Etats, ou que ceux-ci contrôlent dans des zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale.[[34]](#footnote-35) Certaines Parties soutiennent que le lien entre l’article du Protocole et l’article 15 restreint le champ d’application géographique du Protocole uniquement aux ressources génétiques qui relèvent de la juridiction nationale, tandis que d’autres Parties arguent de ce que le Protocole ne se prononce pas sur cette question.[[35]](#footnote-36) Alors que les négociations sur l’élaboration d’un instrument international sur la biodiversité située au-delà des limites de la juridiction nationale – y compris les ressources génétiques marines – ont commencé, les auteurs abordent deux questions qui pourraient s’avérer pertinentes pour l’article 10 dans les parties 2.2 et 2.3 de la présente étude.

*Structure*

En termes de structure, la partie 2 de l’étude présente des cas spécifiques de ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières, y compris des exemples d’écosystèmes et d’habitats partagés entre plusieurs pays, mais aussi d’espèces migratrices et de zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale. La partie 3 présente des cas spécifiques de ressources génétiques pour lesquels il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause. Ceci inclut des exemples de ressources génétiques dont on ne peut déterminer la provenance dans des collections *ex situ*, ainsi que l’utilisation d’échantillons de multiples organismes provenant de différentes zones géographiques, et des données de séquence génomique et/ou informations de séquençage numérique pour lesquelles aucun accès physique n’est nécessaire pour en extraire l’information génétique, et qui incluent l’utilisation de composés génétiques provenant de plusieurs organismes. Enfin, la partie 4 décrit des cas spécifiques de connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause. Ceci inclut des connaissances traditionnelles connexes détenues par des peuples autochtones et communautés locales situés dans plusieurs juridictions nationales, des connaissances traditionnelles connexes accessibles au public, et des connaissances traditionnelles connexes dont on ne peut déterminer l’origine dans des collections *ex situ*.

Nous prenons note du fait que le rapport de la réunion du groupe d’experts sur l’article 10 du Protocole de Nagoya relatif à l’accès et au partage des avantages[[36]](#footnote-37) a identifié d’autres scénarios encore qui pourraient être abordés dans la partie 3, à savoir, des situations dans lesquelles une Partie n’a pas encore élaboré des procédures au niveau national et/ou n’ont pas les capacités requises pour accorder un consentement préalable donné en connaissance de cause, notamment lorsqu’il subsiste des incertitudes sur l’identification des personnes ayant autorité pour accorder un consentement préalable donné en connaissance de cause, ou lorsque les protocoles communautaires ont mis en place des procédures sur l’accès aux ressources, mais qu’il n’existe aucune réglementation nationale en matière de consentement préalable donné en connaissance de cause ; ceci inclut aussi les situations où une Partie a décidé de ne pas exiger un consentement préalable donné en connaissance de cause. Nous avons choisi de ne pas aborder ces différents cas, car la mise en place d’un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages couvrant ces situations semble entrer directement en conflit avec l’exercice des droits souverains des Etats sur leurs ressources génétiques, en anticipant ou en allant à l’encontre des décisions juridiques, administrative et/ou de politique générale des Parties. Nous souhaitons souligner que le mandat de la présente étude est uniquement d’identifier les cas susceptibles d’entrer dans le champ d’application de l’article 10, afin d’éclairer les débats qui seront menés à la troisième réunion de l’Organe subsidiaire chargé de l’application. La présente étude n’entend pas émettre des conclusions sur la nécessité ou non d’un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages, ni sur les modalités d’un tel mécanisme, ni s’il convient de négocier un tel mécanisme dans n’importe quelle situation.

# Specific Cases of Genetic Resources and Traditional Knowledge Associated with Genetic Resources that Occur in Transboundary Situations cas spécifiques de ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières

Bien qu’il soit difficile d’évaluer le pourcentage de ressources génétiques partagées entre plusieurs juridictions nationales, il est probable que ce pourcentage soit élevé.[[37]](#footnote-38) Etant donné la nature artificielle des frontières nationales, il n’est pas surprenant que de nombreuses espèces se trouvent dans plusieurs juridictions nationales. Comme indiqué par Morgera et al., les situations transfrontières peuvent recouvrir au moins deux formes:

‘Une situation transfrontière *in situ*’, dans laquelle des ressources génétiques ou connaissances traditionnelles ont développé des caractéristiques particulières et existent à l’état sauvage dans plusieurs juridictions nationales; et ‘une situation transfrontière *ex situ*’, dans laquelle des ressources génétiques ou connaissances traditionnelles se trouvent en dehors des habitats dans lesquelles elles ont développé leurs caractéristiques particulières, dans plusieurs juridictions nationales.[[38]](#footnote-39)

Des exemples de ces situations sont fournis ci-dessous, sachant que certaines situations peuvent être abordées dans le cadre de l’article 10 ou de l’article 11 du Protocole, tandis que d’autres situations n’entreront pas dans le champ d’application de la Convention ou du Protocole.

## Écosystèmes et habitats/espèces partagés entre plusieurs juridictions nationales

Certaines espèces sont présentes dans des pays voisins, tels que l’espèce *Pentas longiflora*, qui est utilisée traditionnellement comme traitement contre les mycoses en Ouganda,[[39]](#footnote-40) mais que l’on trouve aussi au Kenya.[[40]](#footnote-41) D’autres espèces se trouvent dans plusieurs pays à une échelle plus étendue, comme la Pervenche rose (*Catharanthus roseus)*, qui est originaire de Madagascar, mais semble avoir été cultivée et naturalisée depuis longtemps en Inde, et dans d’autres endroits également.[[41]](#footnote-42) Un compendium des plantes médicinales d’Afrique, publié par l’Union africaine, dresse un inventaire de nombreuses espèces végétales qui sont endémiques à plusieurs pays et peuvent être connues sous différents noms dans différents pays.[[42]](#footnote-43)

Un autre exemple concerne l’espèce *Heliotropium foertherianum*, une plante contenant de l’acide rosmarinique et utilisée par les habitants de la région Pacifique comme traitement contre les ciguatoxines. On trouve cette plante en Nouvelle-Calédonie, en Polynésie française, au Vanuatu, à Tonga, en Micronésie, et même au Japon.[[43]](#footnote-44) Un autre exemple concerne l’arbre neem, bien connu pour ses utilisations traditionnelles en Inde, bien que cet arbre soit aussi endémique à de nombreux autres pays du sous-continent indien, comme le Népal, le Pakistan, le Bangladesh, le Sri Lanka, et les Maldives ; on trouve cet arbre également dans certaines régions d’Afrique.[[44]](#footnote-45) La répartition très vaste d’une telle espèce transfrontière pourrait potentiellement permettre à des utilisateurs de faire une déclaration inexacte d’acquisition de la ressource dans un pays qui n’est pas en réalité le pays d’origine de cette ressource.[[45]](#footnote-46) De plus, si un pays fournisseur impose le respect d’obligations relatives au partage des avantages pour l’utilisation de ses ressources génétiques, ce pays pourra dans certains cas être incapable de prouver que les obligations relatives au partage des avantages doivent être effectivement appliquées. Dans certains cas cependant, certaines populations d’une espèce peuvent acquérir des différences génétiques suffisantes pour pouvoir identifier leur source.

## Espèces migratrices

De nombreuses espèces migratrices séjournent pendant une partie de leur cycle de vie dans différentes juridictions nationales ou à l’extérieur d’une juridiction nationale donnée. On peut donc considérer que ces espèces se trouvent dans des situations transfrontières. La *Convention sur la conservation des espèces migratrices appartenant à la faune sauvage*[[46]](#footnote-47)(CMS) – un traité sur la biodiversité comprenant 130 Parties, et dont l’objectif est la conservation et l’utilisation durable des espèces migratrices terrestres, aquatiques et aviaires, leurs habitats et leurs voies de migration – définit le terme « espèce migratrice » comme “l'ensemble de la population ou toute partie séparée géographiquement de la population de toute espèce ou de tout taxon inférieur d'animaux sauvages, dont une fraction importante franchit cycliquement et de façon prévisible une ou plusieurs des limites de juridiction.”[[47]](#footnote-48)

Bien que l’utilisation des ressources génétiques provenant d’espèces migratrices soit généralement traitée dans le cadre d’une approche bilatérale,[[48]](#footnote-49) ceci pose des questions d’équité entre Etats, notamment lorsque des espèces effectuent des migrations sur plusieurs continents.[[49]](#footnote-50) Une approche bilatérale en matière de partage des avantages n’alloue pas toujours des ressources de façon équitable aux endroits les plus critiques pour préserver ces espèces.[[50]](#footnote-51) Les trois exemples ci-dessous illustrent plusieurs difficultés rencontrées dans le cas spécifique de certaines espèces migratrices. Les références faites à des brevets ci-dessous visent à indiquer l’utilisation de ressources génétiques et la possibilité que des avantages aient été retirés de cette utilisation. Les auteurs n’entendent pas suggérer qu’il est nécessaire d’assurer un partage des avantages dans n’importe quel cas spécifique décrit ci-dessous.

*Anguille d’Europe (Anguilla anguilla)*

L’anguille d’Europe (Anguilla anguilla) est une espèce dont l’aire de répartition est vaste durant son cycle de vie. Au milieu de son cycle de vie, son habitat s’étend depuis la mer Baltique jusqu’en Afrique du Nord.[[51]](#footnote-52) Certaines populations migrent également sur une certaine distance à l’intérieur des terres, le long des écosystèmes d’eaux intérieures (de manière inhabituelle, les anguilles vivent à la fois dans les écosystèmes d’eau salée et d’eau douce durant leur cycle de vie). Cependant, au début et à la fin de leur cycle de vie, elles traversent l’océan Atlantique pour atteindre leur unique zone de frai connue, la mer des Sargasses (reconnue par la Conférence des Parties à la Convention sur la diversité biologique comme une zone écologiquement ou biologiquement importante).[[52]](#footnote-53) Bien que l’écosystème de la mer des Sargasses se trouve principalement en dehors des limites de la juridiction nationale, il inclut en partie la zone économique exclusive (ZEE) des Bermudes et une partie d’autres ZEE (Bahamas, République dominicaine et Etats-Unis, par exemple). Des brevets concernant cette espèce ont été accordés principalement aux Etats-Unis et en Europe, mentionnant l’anguille d’Europe et les composés biochimiques trouvés dans cette espèce, tels que les lectines[[53]](#footnote-54) et une cytokine.[[54]](#footnote-55)

*Papillon Monarque* (*Danaus plexippus*)

Une autre espèce migratrice très connue, le papillon Monarque (*Danaus plexippus*), effectue des migrations en Amérique, en traversant le Mexique, les Etats-Unis et le Canada durant son cycle de vie. Cette espèce est inscrite à l’Annexe II de la CMS depuis 1979. L’aire de répartition du Monarque inclut aujourd’hui certaines îles du Pacifique et plus loin encore, dans des régions où il n’effectue plus de longues migrations.[[55]](#footnote-56) La séquence du génome du Monarque a été réalisée, et est accessible au public depuis 2011.[[56]](#footnote-57)

On trouve des exemples de brevets ou de demandes de brevet utilisant les lignées cellulaires,[[57]](#footnote-58) et couvrant des séquences,[[58]](#footnote-59) protéases,[[59]](#footnote-60) et enzymes[[60]](#footnote-61) provenant des papillons monarques. Le pays le plus important en termes de conservation de cette espèce sur le plan géographique concerne le Mexique – c’est aussi le seul Etat de l’aire de répartition qui est Partie au Protocole de Nagoya – ; le Mexique est responsable de la protection des sites d’hivernage de l’espèce, dans les forêts de sapins de haute altitude d’Oyamel au centre du pays. Or ces sites d’hivernage sont actuellement menacés par le changement climatique et le déboisement illégal – malgré le fait que de nombreux sites d’hivernage soient inclus dans une réserve de la Biosphère de l’UNESCO.[[61]](#footnote-62) La description faite dans la Liste du patrimoine mondiale reconnaît la nécessité de travailler en collaboration avec les communautés locales pour assurer la protection de l’environnement et pour fournir d’autres moyens de subsistance remplaçant le déboisement illégal, y compris en encourageant un système de partage des avantages au profit des communautés locales, comme mesure d’incitation pour favoriser leur soutien en matière de conservation.[[62]](#footnote-63)

*Canard Colvert (Anas platyrhynchos)*

Un dernier exemple concerne le canard Colvert ou canard Mallard (*Anas platyrhynchos*), une espèce visée par l’*Accord sur la conservation des oiseaux d’eau migrateurs d’Afrique-Eurasie*[[63]](#footnote-64) (AEWA), un traité visant la conservation des oiseaux d’eau migrateurs et de leurs habitats en Afrique, Europe, Moyen-Orient, Asie centrale, Groenland et archipel canadien.[[64]](#footnote-65) L’aire de répartition du Colvert inclut l’Afrique du Nord et l’Afrique de l’Est, l’Europe et l’Asie centrale, et l’Islande et le Canada. Cette espèce est l’ancêtre de la plupart des canards domestiques.

Plusieurs brevets ont été accordés, et plusieurs demandes de brevet ont été déposées, utilisant les ressources génétiques provenant de Colverts, y compris le développement de lignées cellulaires,[[65]](#footnote-66) l’utilisation d’acides nucléiques et de cellules pour produire des vaccins,[[66]](#footnote-67) l’utilisation d’immunoglobines pour évaluer la résistance aux maladies des invertébrés,[[67]](#footnote-68) le traitement de l’hépatite,[[68]](#footnote-69) ou la production de biocombustibles et de produits chimiques de base.[[69]](#footnote-70)

Comme indiqué plus haut, les Parties pourront décider qu’un ou plusieurs exemples décrits ci-dessus entrent dans le champ d’application de l’article 10 ou l’article 11 du Protocole, ou n’entrent pas dans le champ d’application de la Convention ou du Protocole.

## Zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale

Le droit international reconnaît que certains endroits sont des zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale, dans lesquelles les Etats ne peuvent pas exercer leurs droits de souveraineté, y compris dans la haute mer et les grands fonds marins (ci-après ‘la Zone’). A la fin de l’année 2017, l’Assemblée générale des Nations Unies a adopté la résolution 72/249, afin d’entamer les négociations sur l’élaboration d’un accord international juridiquement contraignant relatif à la biodiversité marine des zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale, sous les auspices de la Convention des Nations Unies sur le droit de la mer (UNCLOS).[[70]](#footnote-71)

Les délégués ayant participé à la troisième session de la Conférence intergouvernementale sur la conservation et l’utilisation durable de la biodiversité marine des zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale ont entamé pour la première fois des négociations concernant un avant-projet de texte, constituant un “avant-projet zéro”. La structure de ce document aborde des questions générales et des questions intersectorielles, ainsi que quatre éléments identifiés dans le document convenu en 2011. L’un de ces éléments concerne les ressources génétiques marines, y compris la question du partage des avantages. La quatrième session de la Conférence intergouvernementale examinera un avant-projet de texte révisé du futur accord international, comprenant une partie sur les ressources génétiques marines et le partage des avantages.[[71]](#footnote-72)

Il existe au moins deux questions transfrontières qui intéressent à la fois le Protocole de Nagoya et le futur instrument sur la biodiversité marine située au-delà des limites de la juridiction nationale. La première question concerne les ressources génétiques dites ‘chevauchantes’, qui peuvent transiter ou se trouver à la fois dans la zone économique exclusive d’un Etat et dans la haute mer ou les grands fonds marins (“la Zone”). La deuxième question concerne les aires marines situées au-delà du plateau continental élargi d’un Etat côtier. Dans ces deux cas, il est possible qu’une même ressource génétique se trouve à la fois dans une zone qui relève de la juridiction nationale et une zone située au-delà des limites de la juridiction nationale. Si le futur instrument sur la biodiversité marine située au-delà des limites de la juridiction nationale abordait finalement les ressources génétiques trouvées dans la haute mer, de telles ressources pourraient potentiellement être régies par deux régimes juridiques distincts.[[72]](#footnote-73) Dans un tel cas, l’article 11 du Protocole ne serait pas applicable, car il prévoit une coopération transfrontière uniquement dans les cas où une ressource génétique est présente *in situ* sur le territoire de plusieurs Parties. Certains Etats ont proposé une formulation qui aborde les questions soulevées dans ce paragraphe, mais aucun consensus ne s’est encore dégagé à ce sujet.[[73]](#footnote-74)

# cas spécifiques de ressources génétiques pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause

Les ressources génétiques dont on ne peut déterminer la provenance dans des collections *ex situ*, l’utilisation et la sélection d’échantillons différents géographiquement provenant de différentes régions et pays, et l’information de séquençage numérique, représentent des situations qui peuvent impliquer des ressources génétiques pour lesquelles il n’est pas toujours possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause. Ces cas sont pertinents également pour d’autres aspects du Protocole qui ne sont pas clairement traités – en particulier, les facteurs qui conditionnent le champ d’application dans le temps et le champ d’application des dispositions du traité, et leurs conséquences pour l’accès à une ressource génétique.

## Ressources génétiques dont on ne peut déterminer la provenance dans des collections *ex situ*

Des échantillons de ressources génétiques sont contenus dans différentes collections *ex situ* partout dans le monde. Ces collections incluent les jardins botaniques, les herbiers, les collections de cultures, les banques de gènes, les banques de semences, les zoos, les aquariums et les collections privées. De nombreuses collections *ex situ* détiennent des spécimens acquis avant l’entrée en vigueur de la Convention, dont certains ont été obtenus à des fins commerciales[[74]](#footnote-75) ; certaines collections contiennent des spécimens qui ont été déposés sans fournir d’information sur le pays fournisseur. Ajoutant à la complexité du problème, les collections *ex situ* du monde entier connaissent actuellement des difficultés en matière de financement et des changements dans les priorités de recherche. Les collections dites ‘orphelines’ ou menacées peuvent être supprimées, y compris pour des tierces parties, rapidement, aboutissant à des difficultés potentielles pour les bénéficiaires en ce qui concerne la documentation.[[75]](#footnote-76)

Les Parties ont des positions divergentes sur la question de savoir si les obligations prévues au titre du Protocole s’appliquent aux entités qui font des nouvelles utilisations de ressources génétiques dans des collections *ex situ*. À titre d’exemple, le Règlement de l’Union européenne qui transpose le Protocole de Nagoya énonce clairement qu’il ne s’applique pas aux ressources génétiques obtenues avant l’entrée en vigueur du Protocole.[[76]](#footnote-77) Cependant, la législation de plusieurs pays dans le monde, comme l’Afrique du Sud, le Brésil ou la Colombie, exige un partage des avantages résultant de l’utilisation des ressources génétiques obtenues avant l’entrée en vigueur du Protocole de Nagoya.[[77]](#footnote-78) Pour les pays qui exigent un partage des avantages résultant de l’utilisation de ressources génétiques provenant de collections *ex situ*, un problème se pose pour les spécimens qui ont été déposés sans fournir d’information sur le pays fournisseur, ainsi que pour les spécimens déposés avant l’entrée en vigueur de la Convention ou du Protocole, caractérisés par une absence de consentement préalable donné en connaissance de cause, même si celui-ci est désormais prescrit. Les exemples ci-après illustrent les difficultés rencontrées pour les ressources génétiques dont on ne peut déterminer la provenance dans des collections *ex situ,* et fournissent des informations sur la manière dont certaines collections *ex situ* abordent les obligations relatives à l’accès et au partage des avantages pour différentes ressources détenues dans leurs collections.

*Collections de cultures*

Les principales collections *ex situ* de microorganismes sont les collections de cultures, dont la plupart sont membres de la Fédération mondiale des collections de cultures (World Federation for Culture Collections - WFCC). Les organismes microscopiques (ou microorganismes) contenus dans ces collections incluent des bactéries, des protozoaires, des champignons et des algues. Les collections de cultures peuvent aussi contenir des lignées cellulaires, des virus et des produits dérivés végétaux et animaux, tels que les plasmides et l’ADN complémentaire (aussi connu sous le nom d’ADNc).[[78]](#footnote-79)

La WFCC comprend plus de 1000 membres de collections ou de membres affiliés inscrits, provenant de 125 pays.[[79]](#footnote-80) Elle a adopté un code de conduite qui « approuve les principes de la Convention sur la diversité biologique et exige que le matériel biologique soit reçu et fourni en respectant l’esprit de la Convention ».[[80]](#footnote-81) Bien que la plupart des ressources génétiques microbiennes des collections de cultures proviennent de sources *in situ*, la manière dont ces ressources ont été obtenues varie.[[81]](#footnote-82) Les collections de cultures publiques acquièrent directement plus de la moitié de leurs spécimens dans les écosystèmes et les habitats naturels, et les chercheurs déposent souvent leur matériel biologique dans des collections en même temps qu’une publication ou une demande de droits de propriété intellectuelle, tandis que des échanges de spécimens officiels et non officiels entre les institutions constituent le reste des acquisitions[[82]](#footnote-83)

Dans une communication de 2017 de la WFCC, rédigée conjointement avec deux organismes apparentés, deux scénarios ont été identifiés pour lesquels il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause, en ce qui concerne des ressources génétiques *ex situ* : 1) l’acquisition des échantillons *in situ* a été réalisée avant l’entrée en vigueur du Protocole de Nagoya, mais aucune documentation n’est disponible, hormis la date de dépôt des spécimens ; 2) une tierce partie cherche à déposer un spécimen dans une collection de cultures, mais ne dispose d’aucune documentation sur la date ou le lieu d’acquisition de l’échantillon, ni d’un consentement préalable donné en connaissance de cause. La WFCC explique que:

Plutôt que de rejeter un matériel qui pourrait avoir une grande valeur scientifique, même si aucune preuve de la légalité de son acquisition n’est fournie, une collection de cultures pourra néanmoins accepter le matériel et en informer les autorités *a posteriori*. Lorsqu’aucun pays d’origine n’est identifiable facilement (par exemple, lorsqu’un matériel microbien est évident), un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages pourrait s’avérer utile, pour autant qu’il soit abordable et facile à mettre en œuvre dans le cadre de la Convention.[[83]](#footnote-84)

*Jardins botaniques*

Un grand nombre de spécimens vivants de biodiversité sont contenus dans plus de 3600 « collections botaniques vivantes » enregistrées partout dans le monde.[[84]](#footnote-85) Celles-ci incluent les jardins botaniques, les jardins zoologiques et les arboretums. De plus, certains jardins botaniques entreprennent d’autres formes de conservation *ex situ*, telles que les collections de tissus, les banques de champignons, de semences et de gènes, et détiennent des collections issues de travaux de recherche, comme les herbiers et les collections ethnobotaniques.[[85]](#footnote-86)

Le Réseau international d’échange de plantes (IPEN) a été créé en 2002 par le Verband Botanischer Gärten, en tant que mécanisme pour faciliter les échanges internationaux de matériel végétal vivant entre les jardins botaniques à des fins non-commerciales, conformément aux dispositions de la Convention sur la diversité biologique.[[86]](#footnote-87) Les membres de l’IPEN ont un code de conduite commun, partagent des documents, et ont des numéros d’identification traçables. L’objectif de l’IPEN est de fournir une base rationnelle pour la coopération, ainsi qu’une transparence et une communication, compte tenu des préoccupations des fournisseurs et des utilisateurs de ressources génétiques. Le Code de conduite de l’IPEN prévoit ainsi que : “les jardins botaniques membres de l’IPEN sont fortement encouragés à traiter tout le matériel végétal [vivant] ‘comme s’il avait été acquis après l’entrée en vigueur de la Convention, et donc subordonné à l’application des dispositions de la Convention. Ceci n’implique pas cependant l’acceptation d’une responsabilité en cas de demande rétroactive de partage des avantages pour une utilisation commerciale de plantes acquises avant l’entrée en vigueur de la Convention ».[[87]](#footnote-88)

Le Royal Botanic Gardens, Kew (ci-après Kew) n’est pas membre de l’IPEN, mais il conserve des collections diversifiées, dont 50 000 plantes vivantes, un arboretum, et plusieurs autres collections, y compris un herbier, ainsi que des banques de champignons, de semences, de gènes et autres banques, constituant plus de 8,5 millions spécimens.[[88]](#footnote-89) La politique de Kew de 2004 sur l’accès et le partage des avantages indique que le jardin botanique “s’efforce de partager les avantages d’une manière juste et équitable, lorsqu’ils découlent de l’utilisation de ressources génétiques qui ont été acquises avant l’entrée en vigueur de la Convention”.[[89]](#footnote-90) Lorsque Kew souhaite commercialiser du matériel végétal ou fongique obtenu après l’entrée en vigueur de la Convention, le jardin botanique “partage les avantages d’une manière juste et équitable, autant que possible.”[[90]](#footnote-91) Les Collections de botanique économique de Kew (EBC), fondées en 1847, constituent l’une des plus vastes collections de spécimens de Kew, comprenant environ 90 000 spécimens de “matériel végétal vivant et objets artisanaux représentant tous les aspects de l’artisanat et de la vie quotidienne partout dans le monde, y compris des médicaments, des textiles, des paniers, des teintures, des gommes et des résines, des produits alimentaires et des produits ligneux.”[[91]](#footnote-92) Une recherche effectuée dans la base de données d’EBC a affiché plusieurs exemples de spécimens historiques enregistrés ne comprenant aucune information sur le pays fournisseur et/ou les peuples autochtones et communautés locales, pour des utilisations qui semblent inclure des connaissances traditionnelles connexes.[[92]](#footnote-93)

*Herbiers*

Tandis que les jardins botaniques sont principalement connus comme collections de spécimens de plantes vivantes, les herbiers abritent quant à eux des échantillons de plantes séchées et préservées, comprenant des annotations qui fournissent des informations sur l’origine de l’échantillon collecté (qui n’est pas toujours le pays fournisseur d’une ressource), ainsi que sur la personne ayant collecté la ressource, la date d’acquisition, les caractéristiques phénotypiques, ainsi que les utilisations, en particulier pour les plantes acquises par des ethnobotanistes. L’Index Herbariorum fournit une liste de 3324 herbiers actifs dans le monde au 15 décembre 2019, comprenant plus de 390 millions de spécimens.[[93]](#footnote-94) Nombre de ces spécimens sont liés à des universités, des muséums, des jardins botaniques, ou d’autres instituts de recherche.[[94]](#footnote-95) Les herbiers constituent une source d’information précieuse pour la recherche, l’éducation, voire même à des fins commerciales.[[95]](#footnote-96) Les récentes avancées dans le domaine de la technologie de séquençage génétique permettent aujourd’hui d’analyser des spécimens ayant plus de 100 ans dans des herbiers, y compris des espèces ayant disparu depuis longtemps.[[96]](#footnote-97) Comme dans le cas des jardins botaniques, des collections de cultures et d’autres collections *ex situ*, certains échantillons déposés dans les herbiers ne fournissent aucune information sur la source ou l’origine de l’échantillon.[[97]](#footnote-98)

*Evolution des approches en matière d’utilisation dans les collections* ex situ

Le Consortium des institutions taxonomiques européennes (CETAF) est un groupe de muséums des sciences naturelles, muséums d’histoire naturelle, jardins botaniques et centres de recherche sur la biodiversité bénéficiant d’un financement public, qui contribuent à la recherche taxonomique et apportent une formation, des travaux de recherche et des connaissances sur la biologie systémique, la paléobiologie et les sciences de la terre. Les institutions du CETAF abritent des collections zoologiques, botaniques, paléobiologiques, paléontologiques et géologiques importantes. Le CETAF a élaboré un Code de conduite et de bonnes pratiques en matière d’accès et de partage des avantages, afin d’aider les taxonomistes et les chercheurs spécialisés dans la biodiversité à s’acquitter de leurs obligations au titre de la Convention et du Protocole de Nagoya. Le Code de conduite du CETAF constitue les premières bonnes pratiques reconnues officiellement dans l’article 8 du Règlement (UE) No 511/2014.[[98]](#footnote-99) Les institutions membres du CETAF ont approuvé un Code de conduite applicable, autant qu’il est raisonnablement possible de le faire, au matériel biologique contenu dans leurs collections.[[99]](#footnote-100)

Lorsqu’elles acquièrent ou reçoivent du matériel biologique provenant de sources *ex situ* à des fins autres qu’une utilisation[[100]](#footnote-101), les institutions du CETAF déterminent la provenance du matériel et la documentation disponible, pour s’assurer que ce matériel a été acquis dans le respect de la réglementation en vigueur, et que son statut juridique est connu.[[101]](#footnote-102) Dans les cas où le matériel biologique est acquis à des fins d’utilisation, les institutions du CETAF déterminent sa provenance et la documentation disponible et, selon que de besoin, prennent des mesures appropriées pour faire en sorte que ce matériel soit acquis légalement, et qu’il puisse donc être utilisé légalement.[[102]](#footnote-103) Les institutions membres du CETAF s’efforcent également de partager les avantages résultant d’une nouvelle utilisation de ressources génétiques qui ont été acquises ou obtenues d’une autre façon avant l’entrée en vigueur du Protocole de Nagoya, autant que faire se peut, comme c’est déjà le cas pour les ressources génétiques acquises après l’entrée en vigueur du Protocole – tout en n’acceptant aucune responsabilité pour des demandes rétroactives de partage des avantages.[[103]](#footnote-104)

Le Muséum national d’histoire naturelle (MNHN), un membre du CETAF, rencontre actuellement des difficultés en matière d’accès à ses collections. Le MNHN remplit une fonction double, à savoir, la préservation des collections et l’accueil des chercheurs. Il est ainsi un fournisseur de ressources génétiques *ex situ* auxquelles il est tenu d’autoriser un accès à différents groupes de chercheurs, à savoir : le personnel du MNHN qui mène des recherches sur les collections, ainsi que des chercheurs extérieurs venant du monde entier qui sont accueillis temporairement pour étudier des collections. Les chercheurs du MNHN prêtent souvent également des spécimens à d’autres muséums scientifiques et centres de recherche. Le MNHN procède actuellement à une régularisation de ses pratiques, conformément aux exigences prescrites dans le Protocole de Nagoya, en mettant au point des outils numériques pour assurer une traçabilité, en enregistrant tous les documents juridiques, ainsi que les obligations relatives à l’accès et au partage des avantages liées aux bases de données des collections. Ceci inclut une ‘base de données Nagoya’ distincte mais complémentaire des bases de données des collections, qui permettra aux gestionnaires de connaître les droits et les restrictions éventuelles en matière d’utilisation des spécimens demandés pour un prêt, un échantillon ou une étude.

La loi française transposant le Protocole de Nagoya dispose que toute ‘nouvelle utilisation’ d’une ressource génétique est sujette aux obligations relatives à l’accès et au partage des avantages lorsqu’il existe une intention de commercialisation.[[104]](#footnote-105) Ceci implique – au minimum – que le matériel biologique et les connaissances traditionnelles connexes obtenus après l’entrée en vigueur de la Convention entrent dans le champ d’application de la loi française, mais aussi, potentiellement, qu’il en va de même pour le matériel biologique et les connaissances traditionnelles connexes acquis avant l’entrée en vigueur de la Convention. Ceci aboutit à une nouvelle réflexion sur l’accès aux collections botaniques du MNHN acquises avant l’entrée en vigueur du Protocole de Nagoya, à des fins d’utilisation[[105]](#footnote-106). Ceci peut représenter un nouveau défi également pour les herbiers et d’autres types de collections *ex situ* situés dans d’autres pays qui imposent des obligations relatives à l’accès et au partage des avantages en cas d’acquisition de matériel biologique à des fins d’utilisation.

## Utilisation et sélection d’échantillons différents géographiquement provenant de différentes régions et pays

Dans la recherche et développement, il n’est pas inhabituel que les chercheurs utilisent un grand nombre d’échantillons physiques pour des projets de sélection et développement afin de, entre autres, identifier des débouchés potentiels pour un examen plus approfondi dans de nombreux domaines importants sur le plan commercial. Le cas décrit ci-dessous est un exemple d’une telle sélection, sans que les auteurs prennent position en aucune manière sur le point de savoir si les semences agricoles entrent ou non dans le champ d’application du Protocole de Nagoya.[[106]](#footnote-107)

En 2014, la coalition “No Patents on Seeds”[[107]](#footnote-108) a contesté une demande de brevet de Monsanto[[108]](#footnote-109)devant l’Office européen des brevets (OEB) ; la demande de brevet concernait des méthodes de filtrage et sélection de plantes et semences de soja pour effectuer des groupements liés à la maturité et la croissance végétales, en utilisant des polymorphismes de nucléotides simples. Les opposants citèrent la déclaration faite dans la demande de brevet, que “plus de 250 plantes provenant d’espèces ‘exotiques’ ont été sélectionnées pour leurs différences d’adaptation au changement climatique dans la période de temps écoulée jusqu’à la maturité et la récolte des plantes.”[[109]](#footnote-110) Les opposants ont indiqué que des espèces sauvages et cultivées venant d’Australie et d’Asie avaient été identifiées comme étant celles sélectionnées, et que ces espèces avaient été choisies pour élargir la base génétique « étroite » des lignées de soja des Etats-Unis. La demande de brevet indiquait en outre qu’un tel élargissement utilisant des “espèces exotiques” pouvait aboutir à des germoplasmes davantage capables de tolérer différents facteurs de stress environnemental et de mieux résister aux maladies, insectes et nématodes.[[110]](#footnote-111)

Il est probable qu’une exigence d’accords bilatéraux distincts, négociés pour n’importe quel pourcentage des 258 lignées de plantes exotiques[[111]](#footnote-112) qui serait conditionné au respect d’obligations en matière de partage des avantages, soit concrètement impossible, en raison du temps et du coût nécessaire, et ce même lorsque le pays fournisseur de chaque échantillon est connu, ce qui n’est pas toujours le cas.

## Information de séquençage numérique (DSI)

La décision 14/20 de la Conférence des Parties a indiqué que l’expression “information de séquençage numérique” n’est peut-être pas le terme le plus adéquat, et qu’il est utilisé à titre temporaire, jusqu’à ce qu’un terme définitif soit retenu. La réunion de 2020 du Groupe spécial d’experts techniques sur l’information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques a convenu que les groupes 1 à 3 du tableau 2[[112]](#footnote-113) ci-dessous pourraient être examinés en tant qu’information de séquençage numérique.

 Tableau 2: Réunion de 2020 du Groupe spécial d’experts techniques – précisions sur le champ d’application de l’information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques

|  |  |
| --- | --- |
|  | **Informations relatives à une ressource génétique** |
| **Données génétiques et biochimiques** | **Informations connexes** |
| **Numéro de groupe** | *Groupe 1* | *Groupe 2* | *Groupe 3* |
| **Description générale de chaque groupe** |  ADN et ARN | Groupe 1 + protéines + modifications épigénétiques | Groupe 2 + métabolites et autres macromolécules |
| **Exemples de thèmes plus pointus** | * Lecture des séquences d’acide nucléique;
* Données associées à une lecture des séquences d’acide nucléique ;
* Séquences d’acide nucléique non codantes ;
* Configuration génétique (par exemple, génotypage, analyse microsatellite, polymorphismes de nucléotides simples, etc.);
* Annotations structurelles.
 | * Séquences d’acides aminés;
* Information sur l’expression des gènes;
* Annotations fonctionnelles;
* Modifications épigénétiques (par exemple, modes de méthylation et acétylation);
* Structures moléculaires des protéines;
* Réseaux d’interactions moléculaires.
 | * Information sur la composition biochimique d’une ressource génétique;
* Macromolécules (autres que l’ADN, ARN et protéines);
* Métabolites cellulaires (structures moléculaires).
 | * Connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques
* Information liée aux Groupes 1, 2 et 3 de l’information de séquençage numérique (par exemple, facteurs biotiques et abiotiques dans l’environnement associés à l’organisme concerné)
* Autres types d’information liée à une ressource génétique ou à son utilisation.
 |

Les Parties ont certaines positions divergentes sur la question de savoir si et/ou comment l’information de séquençage numérique entre dans le champ d’application de la Convention ou du Protocole de Nagoya. Ainsi, comme expliqué plus haut dans la partie 1, le caractère pertinent du matériel décrit dans cette partie pour les débats menés sur l’article 10 dépendra de l’évolution des discussions concernant l’information de séquençage numérique dans le cadre des négociations en cours au titre de la Convention et du Protocole de Nagoya. Le rapport de 2020 de la réunion du Groupe spécial d’experts techniques sur l’information de séquençage numérique indique que “l’importance d’une approche internationale concertée et abordable en matière d’information de séquençage numérique sur les ressources génétiques a été soulignée, et les experts ont mentionné des approches possibles, y compris… une éventuelle approche multilatérale.”[[113]](#footnote-114)

La plupart des Parties n’ont pas mis en place des mesures administratives, législatives ou d’autres mesures nationales réglementant l’accès ou le partage des avantages en ce qui concerne l’information de séquençage numérique, et un grand nombre de Parties n’ont pas l’intention de le faire à l’avenir. Cependant, comme indiqué dans une étude récente commandée par le Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, en application de la décision 14/20 de la Conférence des Parties, au moins 15 pays ont mis en place des mesures de droit interne sur l’accès et le partage des avantages qui abordent l’utilisation de l’information de séquençage numérique, et 18 autres pays au moins élaborent actuellement de telles mesures.[[114]](#footnote-115) Il convient cependant de noter que, même si les Parties décidaient que l’information de séquençage numérique n’entre pas dans le champ d’application de la définition des “ressources génétiques” au titre de la Convention et du Protocole de Nagoya, l’information de séquençage numérique pourrait néanmoins être subordonnée à une obligation de partage des avantages lorsqu’elle résulte de l’utilisation d’une ressource génétique.

L’approche bilatérale en matière d’accès et de partage des avantages pourra s’appliquer à l’information de séquençage numérique dans certaines situations, en particulier dans le cadre des conditions convenues d’un commun accord pour l’utilisation d’un matériel génétique tangible. Cette approche pourra s’appliquer également lorsqu’un petit nombre d’accords est requis. Cependant, il existe de nombreux scénarios pour lesquels une approche bilatérale sera impossible, fonctionnellement ou factuellement, lors de l’accès ou l’utilisation d’informations de séquençage numérique. Ces deux catégories de cas sont examinées ci-dessous.

###  Cas dans lesquels aucun accès physique n’est nécessaire pour utiliser l’information génétique

Certaines utilisations commerciales et non-commerciales, par des tierces parties, d’informations sur l’utilisation de ressources génétiques contenues dans des bases de données accessibles au public peuvent être considérées comme une situation où il sera fonctionnellement impossible d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause. Une étude récente commandée par le Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique a recensé plus de 1600 bases de données contenant plusieurs “milliers de milliards” de bases nucléotidiques.[[115]](#footnote-116) La Base de données internationale de séquences de nucléotides (International Nucleotide Sequence Database Collaboration - INSDC en anglais) est un consortium constitué de trois bases de données parmi les plus vastes et les plus largement consultées dans le monde : GenBank au sein du National Center for Biotechnology Information aux Etats-Unis, l’European Molecular Biology Laboratory-European Bioinformatics Institute au Royaume-Uni, et la Banque de données du Japon au sein de l’Institut national de génétique, lesquels partagent leurs contenus et fournissent des outils pour avancer dans les recherches fondées sur l’information biologique.[[116]](#footnote-117) Ensemble, ces bases de données contiennent une quantité considérable et croissante de données de séquençage et autres formes éventuelles d’information de séquençage numérique. En date d’avril 2020, GenBank comprenait plus de 415 milliards de bases nucléotidiques.[[117]](#footnote-118)

De plus, on s’attend à ce que la quantité d’informations de séquençage accessibles au public augmente dans l’avenir, au vu d’autres initiatives en cours de réalisation. À titre d’exemple, l’Earth Biogenome Project vise à séquencer, caractériser et cataloguer les génomes de toutes les espèces eucaryotes de la planète au cours des 10 prochaines années.[[118]](#footnote-119) La quantité considérable de données qui sera générée par ce projet pourra être utile potentiellement pour des recherches à des fins commerciales et non commerciales et, au bout du compte, pourra réduire substantiellement la nécessité d’un accès à des échantillons physiques de ressources génétiques.

Comme indiqué plus haut, les Parties ne sont pas encore parvenues à un consensus sur le point de savoir si des obligations relatives au partage des avantages s’appliquent à ces informations. Cependant, pour les pays dont le droit interne exige un partage des avantages lorsqu’une information de séquençage numérique a été sélectionnée ou acquise dans des bases de données comme GenBank, on ne dispose pas toujours d’informations sur le pays fournisseur et/ou pays d’origine, car les gestionnaires des bases de données n’exigent pas toujours que les fournisseurs de séquences donnent ces informations.[[119]](#footnote-120) De plus, même lorsque ces informations sont disponibles, et même s’il est possible en théorie de négocier des contrats sur le partage des avantages avec chaque pays fournisseur qui demande un partage des avantages, de tels contrats peuvent s’avérer impossibles ou infaisables en raison de leur coût prohibitif, à la fois en termes de temps et d’argent dépensés.

D’autre part, les utilisateurs des séquences provenant de ces bases de données ne font généralement pas l’objet d’un suivi, ce qui rend impossible la tâche de déterminer quelles utilisations ont été faites en aval de l’obtention ou du téléchargement de l’information de séquençage numérique, de sorte qu’un pays ne saura pas avec qui conclure un contrat. En résumé, ceci tend à montrer qu’en raison des pratiques actuelles d’accès libre, et du manque de données d’identification et de mécanismes de traçabilité des informations de séquençage contenues dans des bases de données publiques comme l’INSDC et dans les nombreuses bases de données privées d’entreprises qui téléchargent l’information de séquençage provenant de l’INSDC, il sera souvent impossible de déterminer si les dispositions en matière d’accès et les obligations relatives au partage des avantages ont été respectées.

À titre d’exemple, on sait que l’acide gibbérellique (AG3) module la croissance des plantes et peut permettre le développement de cocotiers nains (préférés). Dans une étude, les chercheurs ont utilisé l’outil de recherche en ligne « Basic Local Alignment Search Tool » (BLAST),[[120]](#footnote-121) en même temps que d’autres outils de recherche sur l’alignement, pour trouver des gènes semblables à ceux qui sont utilisé dans la biosynthèse d’AG3. Ils ont trouvé sept gènes présents dans d’autres espèces végétales, et ont été en mesure de prédire la fonction probable des gènes impliqués dans la biosynthèse d’AG3.[[121]](#footnote-122) Les recherches BLAST “utilisent” toutes les séquences contenues dans la base de données GenBank, où elles sont recherchées pour leur similitude avec la séquence de référence. Etant donné qu’un grand nombre de séquences se trouvent dans les bases de données et que de nombreux utilisateurs mènent des recherches sur Internet, certains à des fins commerciales et d’autres à des fins non-commerciales, il est actuellement impossible de calculer la valeur monétaire d’une séquence donnée, selon que son utilisation a une finalité commerciale ou non-commerciale, de même qu’il n’est pas possible actuellement[[122]](#footnote-123) de savoir quelle utilisation a été faite par les entités qui mènent des recherches sur Internet de type BLAST[[123]](#footnote-124).

*Développement du traitement REGN-EB3 contre Ebola*

Aucun mécanisme de consentement préalable donné en connaissance de cause n’est prévu actuellement lors de l’obtention d’information de séquençage numérique dans des bases de données publiques comme GenBank.[[124]](#footnote-125) En conséquence, bien qu’un partage des avantages bilatéral soit possible ne théorique, le système actuel n’est pas conçu pour faciliter ou permettre un partage des avantages dans le cadre de la Convention et du Protocole de Nagoya. Ceci est illustré dans l’exemple du développement du traitement REGN-EB3 contre Ebola par l’entreprise pharmaceutique Regeneron, qui utilise en partie une séquence de souche virale contenue dans GenBank. L’information de séquençage de cette souche virale a été téléchargée sans aucune restriction dans la base de données GenBank par l’Institut de médecine tropicale Bernard Nocht (BNITM), membre de l’Association Leibniz, et a été obtenue par synthèse auprès d’un survivant de l’épidémie d’Ebola en Guinée en 2014.[[125]](#footnote-126) Bien que le BNITM demande aux bénéficiaires d’échantillons physiques du virus de signer un accord de transfert de matériel biologique, en soulignant le besoin de négocier un partage des avantages avec la Guinée pour tout produit commercial, conformément aux dispositions de la Convention et du Protocole de Nagoya, il n’impose aucune obligation de ce type pour l’utilisation d’informations de séquençage téléchargées.[[126]](#footnote-127)

Le traitement REGN-EB3[[127]](#footnote-128) contre Ebola a bénéficié de plus de 400 millions de dollars annoncés pour la recherche et développement par l’Autorité de recherche et développement biomédical avancé auprès du Ministère de la santé et des affaires sociales américain.[[128]](#footnote-129) Ce traitement a aussi bénéficié de l’appellation ‘traitement d’une maladie orpheline’, à la fois auprès de l’U.S. Food and Drug Administration et de l’Agence européenne de médicaments, fournissant aussi à l’entreprise privée Regeneron – entre autres – des déductions fiscales pour ses dépenses en matière de recherche et développement, ainsi qu’une exclusivité commerciale pour ce traitement pendant une certaine période.[[129]](#footnote-130) Par ailleurs, plus de 100 demandes de brevet ont été déposées dans le monde, dont certaines ont déjà abouti favorablement aux Etats-Unis, au Nigéria et en Afrique du Sud.[[130]](#footnote-131)

Ceci ne constitue pas un cas isolé. Ainsi, comme l’indiquent Rourke et al. :

En 2017, une équipe de recherche canadienne a effectué la synthèse du virus de la variole équine, en utilisant [l’information de séquençage numérique] accessible au public contenue dans GenBank. L’équipe aurait pu obtenir un échantillon physique de ce virus auprès du Centre américain de contrôle et de prévention des maladies, mais ceci l’aurait obligée de signer un accord de transfert de matériel biologique, comprenant des restrictions potentielles en cas de commercialisation de futurs produits. On dispose de données probantes montrant que l’équipe canadienne a décidé d’effectuer une synthèse du virus afin d’éviter ces contraintes juridiques. La synthèse de virus montre comment [l’information de séquençage numérique] accessible au public constitue une lacune importante dans la gouvernance mondiale sur l’accès et le partage des avantages.[[131]](#footnote-132)

*Base de données sur les protéines (Protein Data Bank – PDB)*

De même que des séquences d’ADN peuvent être obtenues auprès de GenBank sans avoir accès physiquement à du matériel génétique, les bases de données sur les protéines, comme la Base de données sur les protéines (Protein Data Bank – PDB en anglais), peuvent être utilisées pour visualiser et effectuer des mutations de structures protéiniques existantes. La Protein Data Bank contient plus de 155 000 biomolécules enregistrées, qui sont accessibles gratuitement au public.[[132]](#footnote-133) La plupart des revues scientifiques exigent actuellement que les scientifiques déposent leurs structures dans la Protein Data Bank, comme condition de publication.[[133]](#footnote-134) La valeur de remplacement des archives actuelles de la Protein Data Bank sont estimées à plus de 15 milliards de dollars. [[134]](#footnote-135) D’après une étude récente, “l’approbation par l’US Food and Agriculture Authority de 88% des 210 nouvelles entités moléculaires ou nouveaux traitements pendant la période allant de 2010 à 2016 a été facilitée par un accès libre à environ 6000 structures de la Protein Data Bank contenant la protéine ciblée par la nouvelle entité moléculaire et/ou le nouveau traitement lui-même.”[[135]](#footnote-136) L’importance de la Protein Data Bank pour les produits pharmaceutiques est aussi attestée par le fait que “ces structures ont été citées dans un pourcentage élevé de plus de 2 millions de rapports financés publiquement, constituant des recherches préconcurrentielles sur les cibles de médicaments qui influencent les décisions d’investissement des entreprises pharmaceutiques.”[[136]](#footnote-137)

À titre d’exemple, on citera une découverte médicamenteuse qui a été facilitée par des structures contenues dans la Protein Data Bank, à savoir, les canaux ioniques dépendants du voltage (voltage-gated ion channels - VGIC en anglais), qui font partie de nombreux canaux de signalisation et, en conséquence, sont des cibles pour les médicaments; on notera que la Protein Data Bank contient plus de 750 structures de canaux ioniques voltage-dépendants.[[137]](#footnote-138) Le brevet américain No. 8043829B2 accordé à l’entreprise Amgen protège ainsi une méthode de traitement de certaines maladies auto-immunitaires, dont la sclérose en plaques, le diabète de type 1, le psoriasis et les maladies intestinales inflammatoires, en ciblant un canal potassique voltage-dépendant. En découvrant une toxine qui permet d’inhiber les canaux potassiques, le brevet indique qu’il a visualisé dans la Protein Data Bank des structures de toxines provenant d’anémones de mer, de scorpions, d’escargots coniques marins et de tarentules. Le brevet utilise un peptide analogue à OSK1, une toxine contenue dans le venin du scorpion, qui a été découverte en utilisant des informations structurelles provenant de différents organismes déposés dans la Protein Data Bank. Ainsi, l’utilisation de cette base de données permet aux individus d’avoir accès à des centaines de milliers de structures biomoléculaires venant du monde entier. Il sera fonctionnellement impossible d’exiger des accords bilatéraux conclus avec chaque pays dans lequel des structures ont été déposées ou visualisées, comprenant des obligations relatives au partage des avantages.

*Bibliothèques de produits naturels*

Une autre forme possible d’information de séquençage numérique se trouve dans les bases de données et collections de produits naturels. Plus de 120 bases de données et collections de ce type ont été créées depuis 2000; 98 sont actuellement accessibles au public, dont 50 d’entre elles sont accessibles à titre gratuit.[[138]](#footnote-139) Des collections virtuelles de produits naturels sont utiles pour le premier stade des analyses moléculaires exploratoires – sélection virtuelle de structures moléculaires – et pour le développement de médicaments basés sur des produits naturels ou d’autres formes de composants actifs.[[139]](#footnote-140) L’utilisation des technologies modernes de chimie numérique de ce type peut accélérer les recherches et économiser du temps et de l’argent, avec des meilleurs résultats.[[140]](#footnote-141)

De nombreuses entreprises qui isolent des composés biochimiques offrent des catalogues de produits et, dans certains cas, ces catalogues incluent les structures des composants et des annotations. Ces catalogues sont souvent cités dans les publications scientifiques comme sources de structures de produits naturels, bien qu’un certain nombre de catalogues soient accessibles uniquement à la demande de clients ou aux utilisateurs inscrits.[[141]](#footnote-142) Un certain nombre de pays se sont employés à cataloguer les produits naturels qui relèvent de leur juridiction nationale, comme en Afrique du Sud (SANCDB), au Brésil (NUBBEDB) ou au Mexique (BIOFAQUIM). Cependant, certaines de ces bases de données ont une portée beaucoup plus large et sont basées sur des recherches de publications sur Internet qui peuvent inclure des connaissances traditionnelles documentées, telles que la bibliothèque panafricaine de produits naturels (p-ANAPL),[[142]](#footnote-143) AfroDB,[[143]](#footnote-144) NANPBD,[[144]](#footnote-145) et Northeast Asian TM (TM-MC).[[145]](#footnote-146)

*“Conception autour” d’une demande de brevet pour une invention basée sur l’utilisation d’informations de séquençage numérique ou d’une ressource génétique tangible*

Un autre scénario dans lequel des informations de séquençage numérique pourraient être utilisées sans nécessiter un accès physique à une ressource génétique est le cas où une entité choisit une ‘conception autour’ d’une demande de brevet pour une invention basée sur l’utilisation d’informations de séquençage numérique ou d’une ressource génétique tangible. Effectuer une ‘conception autour’ d’une demande de brevet est un outil de concurrence classique qui comprend “la suppression d’un élément ou d’une étape prévus dans la demande de brevet”, dans le but de reproduire un avantage technologique breveté, tout en évitant une responsabilité pour non-respect d’une condition prescrite dans la demande de brevet.[[146]](#footnote-147)

Une activité intentionnelle de ‘conception autour’ d’une demande de brevet est généralement encouragée et considérée comme bénéfique pour les entreprises, en raison du fait qu’elle aboutit souvent à des innovations prenant la forme de la nouvelle ‘conception autour’.[[147]](#footnote-148) De même que l’information de séquençage numérique peut être obtenue dans une base de données ou publication, puis utilisée pour le développement d’une invention, une tierce partie pourra obtenir des informations provenant d’une invention brevetée ayant utilisé des informations de séquençage numérique pour mettre au point une nouvelle invention. Certaines Parties pourront conclure que, en analysant l’invention décrite dans la demande de brevet qui intègre intentionnellement certains de ses éléments, les entités qui procèdent à une ‘conception autour’ ont utilisé des ressources génétiques pour créer l’invention brevetée, et un partage des avantages résultant de la nouvelle ‘conception autour’ peut être exigé en vertu de leurs lois nationales sur l’accès et le partage des avantages. Cependant, des négociations bilatérales ne sont pas toujours possibles, lorsque l’identité du pays fournisseur des ressources génétiques n’est pas connue, ou lorsque de multiples espèces provenant de différents endroits ont été utilisées.[[148]](#footnote-149)

### Utilisation de composés génétiques provenant de multiples organismes

Des approches plus récentes en matière de recherche, telles que la biologie de synthèse, peuvent aussi inclure des scénarios dans lesquels un modèle bilatéral de partage des avantages est impossible ou infaisable en pratique. La biologie de synthèse est fondée sur l’idée que tout système biologique peut être considéré comme un ensemble d’éléments ou de parties fonctionnels, qui peuvent être organisés d’une nouvelle façon afin de modifier des organismes vivants ou de créer des produits ou composés synthétiques.[[149]](#footnote-150) La réunion de 2015 du Groupe spécial d’experts techniques sur la biologie de synthèse a défini ce concept comme “un développement supplémentaire et une nouvelle dimension de la biotechnologie moderne qui conjuguent la science, la technologie et l’ingénierie pour faciliter et accélérer la compréhension, la conception, la reconception, la fabrication et/ou la modification de matériel génétique, d’organismes vivants et de systèmes biologiques.”[[150]](#footnote-151)

Plusieurs technologies et outils permettent une utilisation de la biologie de synthèse, y compris les bases de données sur les génomes, les registres de composants biologiques, les méthodes classiques d’assemblage physique de séquences d’ADN, des services commerciaux pour la synthèse et le séquençage d’ADN, et des méthodes bio-numériques avancées.[[151]](#footnote-152) Ces ressources permettent aux chercheurs d’utiliser des séquences d’ADN provenant de multiples organismes, accessibles dans des bases de données publiques ou privées, pour mettre au point des nouvelles voies de synthèse biologique, reconcevoir des nouveaux systèmes biologiques, et dans d’autres applications biotechnologiques de pointe.

À titre d’exemple, une communication de la Chambre de commerce internationale (CCI) qui s’oppose à l’inclusion de l’information de séquençage numérique dans le champ d’application du Protocole de Nagoya indique que “dans les projets bio-numériques de pointe, des centaines de milliers . . . de séquences peuvent être utilisées pour développer un produit commercial spécifique. Le produit final contient une séquence qui représente une “moyenne” de toutes les séquences de saisie; [en conséquence,] il est quasiment impossible de calculer la valeur relative de chaque séquence de saisie individuelle.”[[152]](#footnote-153)

Les exemples ci-après illustrent l’utilisation d’informations de séquençage numérique provenant de plusieurs organismes.

*Glycosides de stéviol*

Un plus petit nombre d’organismes différents, mais néanmoins significatif, peut être utilisé également en évitant une utilisation effective de l’approche bilatérale en matière de partage des avantages. On citera par exemple le brevet américain No. 9284570, qui décrit la production de glycosides de stéviol synthétiques, en remplacement des stévias et autres édulcorants, au moyen d’une levure artificielle, le *Escherichia coli*, ou de cellules végétales, pour exprimer des nouveaux gènes recombinants qui encodent des enzymes de stéviol biosynthétiques, afin de produire du stéviol ou des glycosides de stéviol. Le processus mentionne l’utilisation possible de gènes ou de voies de biosynthèse provenant de plus de 30 organismes différents, dont une bactérie *(Kitasatospora griseola),* l’être humain *(Homo sapiens),* une mouche à fruit *(Drosophila melanogaster),* la poule de jungle rouge *(Gallus gallus),* etle tabac (*Nicotiana attenuate),* pour créer des produits utilisés comme édulcorants commerciaux dans les produits alimentaires et les suppléments alimentaires.[[153]](#footnote-154)

Au-delà d’une utilisation d’organismes types comme la levure, *E. coli*, ou de cellules végétales, le brevet décrit également la production de glycosides de stéviol dans plus de 20 cellules fongiques différentes, y compris : *Schizosaccharomyces*, *Pichia*, *Pafia*, *Kluyveromyces*, *Candida*, *Talaromyces*, *Brettanomyces*, *Pachysolen*, *Debaryomyces*, et *Yarrowia.* Il décrit aussi l’utilisation de plus 15 espèces bactériennes distinctes, y compris : *Zymonas*, *Acetobacter*, *Citrobacter*, *Synechocystis*, *Rhizobium*, *Clostridium*, *Corynebacterium*, *Streptococcus*, *Xanthomonas*, *Lactobacillus*, et *Lactococcus.* Aucune de ces espèces de champignons et bactéries ne sont considérées habituellement comme des organismes types.[[154]](#footnote-155)

*Acide glucarique-D*

Un exemple similaire concerne le succès de l’amélioration de la production d’acide glucarique-D par Moon et al., ayant consisté à créer une voie de synthèse biologique pour produire de l’acide glucarique dans l’espèce *E. coli*. La méthode inclut de “combiner des composantes biologiques provenant d’organismes disparates”, à savoir, du myo‐inositol‐1‐phosphate synthase (INO) provenant de *Saccharomyces cerevisiae* (levure), une phosphatase endogène de *E. coli*, une myo‐inositol oxygénase (Miox) provenant de l’espèce *Mus musculus* (souris) et de l’uronate déshydrogénase (udh) provenant de l’espèce *Pseudomonas syringae*.[[155]](#footnote-156) L’acide glucarique est utilisé dans des produits commerciaux et a été étudié également aux fins d’usage thérapeutique dans des traitements contre le cancer et pour réduire le taux de cholestérol dans le sang.[[156]](#footnote-157) Le développement de la voie de synthèse biologique de l’acide glucarique ne nécessite aucun matériel physique provenant d’une espèce dont l’ADN a été intégré dans l’espèce *E. coli*.[[157]](#footnote-158) D’autre part, l’acide glucarique ainsi obtenu est en tout point identique à d’autres produits d’acide glucarique. En conséquence, si ce mécanisme de synthèse biologique était intégré dans un processus de fabrication d’acide glucarique, il n’y aurait aucun moyen de savoir, à partir du produit final, quelles informations de séquençage numérique provenant de multiples espèces ont été utilisées pour sa production.

*Production de bioéthanol*

Une étude récente commandée par le Secrétariat de la Convention en application du paragraphe 11 b) de la décision 14/20 a identifié un autre exemple pertinent concernant la production de bioéthanol. Cette étude indique:

Des gènes apparentés provenant de différents organismes peuvent être ‘recombinés’ pour produire des enzymes ‘chimériques’. Celles-ci peuvent être testées pour déterminer si leur productivité a augmenté, dans le cas présent, pour la production de bioéthanol. Ces gènes peuvent être combinés à nouveau jusqu’à ce que l’activité des enzymes soit optimisée. Lorsque des gènes recombinés expriment des enzymes chimériques, il est difficile de remonter jusqu’à la séquence d’ADN d’origine, car ils sont le produit de familles de gènes utilisés et du processus de recombinaison.[[158]](#footnote-159)

La production de précurseurs d’énergie à base d’alcool utilisant la biologie de synthèse peut être réalisée également en utilisant des gènes ne provenant pas d’organismes types. À titre d’exemple, l’une des “prochaines générations” de biocarburant concerne l’isobutanol, qui peut être produit dans différents organismes.[[159]](#footnote-160) Bien qu’une voie de synthèse de l’isobutanol ait été produite dans des organismes types comme l’*E.coli* ou le *S. cerevisiae*, elle a aussi été utilisée dans des organismes qui ne sont pas généralement considérés comme des organismes types, tels que *Klebsiella oxytoca* ou *Synecococcus elongatus*.[[160]](#footnote-161) Une étude, financée en partie par le Ministère de l’énergie et le Centre de recherche de bioénergie des Grands Lacs, décrit des méthodes permettant d’optimiser la productivité de la voie de synthèse de l’isobutanol, avec une applicabilité pour la production industrielle de biocarburant.[[161]](#footnote-162) Cette méthode inclut l’utilisation de gènes provenant de *B. subtilis*, *E. coli*, et *L. lactis*. Elle inclut aussi l’utilisation de séquences manufacturées de sites de fixation de ribosome génétique (RBS), fusionnés aux cadres de lecture ouverts (open reading frames – ORF en anglais) de chaque gène issu des espèces bactériennes susmentionnées.

Les fragments RBS-ORF ont été utilisés dans une bibliothèque d’expression contenant 243 combinaisons uniques. L’étude a aussi analysé des variantes d’enzymes d’isobutanol par mutagenèse PCR, pour créer environ 106 variantes de séquences de codage. L’étude a ainsi sélectionné un grand nombre de combinaisons de matériel génétique afin d’identifier les combinaisons aboutissant à une production optimale d’isobutanol. En conséquence, cette méthode de production de biocarburant, qui pourrait avoir une importance commerciale cruciale pour l’industrie énergétique, utilise des composés génétiques provenant de nombreuses espèces différentes, ainsi qu’une grande quantité d’informations génétiques, sans nécessiter un accès physique à des ressources génétiques.

*Recherches BLAST*

Un autre moyen pertinent permettant d’utiliser l’information de séquençage numérique concerne les recherches d’alignement de séquences de gènes dans des bases de données comme GenBank, au moyen d’outils comme BLAST, décrits dans la partie 3.3.1. On sait d’ores et déjà que de nombreuses espèces partagent des mêmes gènes. Des études récentes ont aussi montré qu’un transfert horizontal de matériel génétique est plus fréquent qu’on ne le pensait auparavant.[[162]](#footnote-163)[[163]](#footnote-164) Les recherches d’alignement menées dans BLAST peuvent permettre à un utilisateur qui a identifié une séquence d’intérêt provenant peut-être d’une espèce faisant l’objet d’une obligation de consentement préalable donné en connaissance de cause et/ou de conditions convenues d’un commun accord, de trouver des séquences d’intérêt semblables dans une espèce différente de celle pour laquelle la séquence a été identifiée à l’origine. Or, ces espèces différentes ne seront pas toujours sujettes à une obligation de consentement préalable donné en connaissance de cause.[[164]](#footnote-165) Etant donné les difficultés rencontrées pour assurer un suivi de l’utilisation de l’information de séquençage numérique, de telles recherches d’alignement peuvent permettre à un chercheur en ligne qui le souhaite de ne pas indiquer la véritable origine de l’information utilisée dans ses travaux de recherche et développement.[[165]](#footnote-166)

Dans tous ces exemples, des informations de séquençage numérique provenant d’organismes multiples et divers sont utilisées. Si les Parties décident que cette information entre dans le champ d’application du Protocole, les utilisateurs seront peut-être tenus de négocier des conditions convenues d’un commun accord auprès de plusieurs gouvernements en même temps, ce qui entraînera des incertitudes, des retards, et des coûts, puisqu’il ne sera pas toujours possible de calculer adéquatement la valeur des contributions de fragments de séquence.[[166]](#footnote-167)

Comme indiqué plus haut, les Parties ne sont pas parvenues à un consensus sur le point de savoir si, ou dans quelle mesure, les collections *ex situ* examinées dans la partie 3.1 ou l’information de séquençage numérique examinée dans cette partie entrent dans le champ d’application du Protocole. En fonction de la décision prise par les Parties, les exemples ci-dessus pourront être traités ou non dans le cadre de l’article 10 du Protocole.

# cas spécifiques de connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques qui se trouvent dans des situations transfrontières ou pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause

Les différents mouvements de colonisation et de migration survenus au cours des siècles, conjugués aux déplacements de frontières politiques, ont abouti à des situations dans lesquelles des peuples autochtones et communautés locales situés dans des pays différents partagent les mêmes connaissances traditionnelles concernant une même ressource génétique.[[167]](#footnote-168) Parmi les dispositions essentielles du Protocole de Nagoya, figurent l’exigence d’un consentement préalable donné en connaissance de cause et de conditions convenues d’un commun accord avec les dépositaires de connaissances traditionnelles, avant toute utilisation de connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques, ainsi qu’un partage des avantages résultant de leur utilisation avec les peuples autochtones et communautés locales qui détiennent ces connaissances. Cependant, cette approche bilatérale n’est pas toujours possible lorsque des connaissances sont détenues par des peuples autochtones et communautés locales situés dans plusieurs pays, ou lorsqu’il n’est pas possible pour d’autres raisons d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause.

## Connaissances traditionnelles détenues par des peuples autochtones et communautés locales situés dans plusieurs juridictions nationales

Il existe au moins trois scénarios de situations transfrontières dans lesquelles des connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques peuvent être détenues par des peuples autochtones et communautés locales. Ainsi, des connaissances traditionnelles peuvent être détenues par un seul groupe situé dans plusieurs pays (aux frontières voisines ou non), par plusieurs groupes situés dans plusieurs pays (aux frontières voisines ou non), ou par une communauté située dans un pays donné, mais dont la ressource génétique en question est originaire d’un autre pays. Il convient de noter que ces exemples ne préjugent en rien d’une application éventuelle des dispositions de l’article 11 du Protocole de Nagoya. Cependant, ces cas illustrent bien le fait que, bien qu’une approche bilatérale soit possible dans certaines situations où des connaissances traditionnelles sont détenues par des peuples autochtones et communautés locales situés dans plusieurs pays, des difficultés peuvent survenir dans d’autres situations, rendant fonctionnellement impossible l’obtention d’un consentement préalable donné en connaissance de cause ou la négociation de conditions convenues d’un commun accord.

*Scénario 1: Connaissances traditionnelles détenues par un seul groupe situé dans plusieurs pays*

Le peuple autochtone Guna peut être considéré comme un exemple relevant de ce scénario. Bien que situé à la fois au Panama et en Colombie, il s’agit d’un seul groupe qui ne reconnaît pas les frontières géopolitiques actuelles de ces deux pays. En ce qui concerne les accords sur l’accès et le partage des avantages concernant des connaissances traditionnelles Guna et des ressources génétiques au Panama, la procédure suivie par le Gouvernement panaméen est de mener des consultations avec des représentants Guna et, si un accord est conclu, de faciliter un partage des avantages en faveur du groupe, sans se préoccuper du fait que le groupe se situe physiquement dans deux pays ; il semble que le Gouvernement colombien ait retenu une même approche.[[168]](#footnote-169) On notera qu’un tel type de scénario pourrait être traité dans le cadre de l’article 11 du Protocole. Cependant, il convient d’indiquer que le Costa Rica a identifié le cas du peuple Ngobe Bugle, qui est situé à la fois au Costa Rica et au Panama, comme pouvant être géré potentiellement dans le cadre d’un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages.[[169]](#footnote-170)

*Scénario 2: Connaissances traditionnelles détenues par plusieurs groupes situés dans plusieurs pays*

Les cas relevant du scénario 2 font partie des cas les plus complexes à résoudre dans un contexte bilatéral d’accès et de partage des avantages. En effet, non seulement on est en présence de plusieurs peuples autochtones et communautés locales disposant ou non de protocoles communautaires,[[170]](#footnote-171) mais aussi, plusieurs Etats souverains sont concernés et ne sont pas toujours en mesure d’identifier facilement les personnes qui doivent bénéficier d’un partage des avantages, ou avec lesquelles il convient de conclure un accord sur la voie à suivre, ce qui peut aboutir à une impossibilité pour les chercheurs d’obtenir les autorisations requises ou de partager équitablement les avantages retirés.

À titre d’exemple, l’espèce *Artemesia judaica*, aussi connue sous le nom d’Armoise de Judée, est un arbuste très souvent utilisé à des fins médicinales dans toutes les zones désertiques d’Afrique du Nord et d’Arabie. Les utilisations traditionnelles de cette plante incluent des traitements contre le cancer, le diabète, les infections fongiques, l’artériosclérose et l’arthrite, et on sait que cette plante est utilisée comme médicament traditionnel par plusieurs peuples autochtones et communautés locales en Libye,[[171]](#footnote-172) en Jordanie,[[172]](#footnote-173) en Egypte[[173]](#footnote-174) et ailleurs. Plusieurs demandes de brevet ont été déposées concernant l’espèce *A. judaica* et mentionnent, directement ou indirectement, les utilisations traditionnelles de cette plante. Ceci inclut le brevet européen No. EP2170360B1, intitulé “compositions à base de plantes pour le traitement du diabète et/ou de conditions y afférent », qui inclut des compositions contenant du *A. judaica* comme traitement du diabète.

Pour différentes raisons, des obligations relatives au partage des avantages ne sont pas toujours incluses dans les utilisations commerciales de l’espèce *A. judaica* qui traitent une même maladie que celle pour laquelle la plante est utilisée traditionnellement. Dans certaines situations, il ne sera pas toujours possible d’identifier avec certitude les peuples autochtones et communautés locales, ainsi que les pays qui sont en droit de négocier un consentement préalable donné en connaissance de cause et des conditions convenues d’un commun accord ; de même, une source de difficulté supplémentaire surgira lorsque la ressource génétique en question est située dans plusieurs pays.

Lorsqu’un consentement préalable donné en connaissance de cause et des conditions convenues d’un commun accord sont recherchés dans une situation relevant du scénario 2, et avant que des recherches plus approfondies commencent sur un projet impliquant des connaissances traditionnelles connexes, les retards subis pour obtenir un tel consentement auprès de multiples groupes dans de multiple pays avec des protocoles communautaires différents (ou inexistants), et pour se mettre d’accord sur des conditions convenues d’un commun accord avec plusieurs peuples autochtones et communautés locales (y compris, lorsque la loi le prévoit, une autorisation du gouvernement des pays concernés), pourraient mettre un terme au projet dès sa conception, quel que soient les avantages potentiels retirés pour la société en termes de vies sauvées.[[174]](#footnote-175) D’autre part, les utilisateurs pourraient choisir de travailler uniquement avec des peuples autochtones et communautés locales dans un pays donné, au détriment potentiellement des peuples autochtones et communautés locales d’autres pays concernés.[[175]](#footnote-176)

*Scénario 3: Une communauté dans un pays donné est dépositaire de connaissances traditionnelles associées à une ressource génétique originaire d’un autre pays*

Le cas de la Pervenche rose relève du scénario 3.[[176]](#footnote-177) La Pervenche rose, ou *Catharanthus roseus*, est originaire de Madagascar, mais elle est aujourd’hui “une espèce résolument cosmopolite, cultivée dans six continents et très bien intégrée dans la médecine traditionnelle de pays aussi lointains les uns des autres que l’Angleterre, le Pakistan, le Vietnam ou la Dominique.”[[177]](#footnote-178) Le chercheur Eli Lilly a étudié le premier cette espèce, après avoir trouvé dans une recherche sur Internet des publications de plantes australasiennes comprenant des usages autochtones crédibles, ainsi que des rapports sur son utilisation traditionnelle aux Philippines comme produit de substitution de l’insuline.[[178]](#footnote-179) Lilly a d’abord obtenu des échantillons provenant d’Inde, aboutissant finalement au développement du médicament reconnu contre le cancer, Vincristine. Dans le cadre de recherches distinctes, des échantillons de feuilles de cette espèce ont été envoyés au Canada par un docteur de la Jamaïque, où la Pervenche rose est utilisée localement comme traitement contre le diabète, conduisant des chercheurs à identifier puis à breveter le médicament Vinblastine, un autre médicament contre le cancer.[[179]](#footnote-180)

Aucun de ces deux traitements contre le cancer n’était basé directement sur des connaissances traditionnelles connexes (en raison du fait que la plante est traditionnellement utilisée comme traitement contre le diabète, et non contre le cancer). Cependant, sans ces connaissances traditionnelles signalées aux Philippines, ni les connaissances traditionnelles connexes venant de Jamaïque, respectivement, les deux équipes de chercheurs n’auraient sans doute pas étudié cette plante à des fins d’utilisation médicinale potentielle. Cependant, cet exemple illustre un type de scénario dans lequel un pays fournisseur (l’Inde) est différent du pays où résident les peuples autochtones et communautés locales qui ont contribué aux connaissances traditionnelles (les Philippines), et l’identification des peuples autochtones et communautés locales spécifiquement concernés n’est pas évidente, sur la base d’une seule recherche de publications.

## Connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques accessibles au public

La question de savoir si des connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques accessibles au public entrent dans le champ d’application du Protocole et sont subordonnées à un partage des avantages n’est pas résolue. Cependant, même s’il est décidé que ces connaissances entrent dans le champ d’application du Protocole, des négociations sur un consentement préalable donné en connaissance de cause n’auraient pas lieu, puisque l’accès est déjà autorisé sans restriction.

Cependant, il convient d’observer que le fait que l’information soit accessible au public ne signifie pas pour autant qu’elle relève du domaine public et donc, qu’elle n’appartienne à personne. Le terme “domaine public” est un concept national interprété habituellement dans le contexte de droits de propriété intellectuelle, pour signifier qu’une chose donnée n’est plus (ou n’a jamais été) protégée par des droits exclusifs en vertu d’un régime particulier, comme les brevets, les droits de propriété intellectuelle, ou un système de protection *sui generis* sur un territoire donné.[[180]](#footnote-181) Bien que personne ne possède quelque chose qui appartienne au domaine public, quelle que soit sa définition, il est accepté que la plupart des données accessibles au public soient néanmoins protégées par des droits d’exclusivité, tels que les données divulguées dans un document de brevet émis et non expiré sur un territoire donné.

De nombreux pays d’Afrique, d’Amérique, d’Asie et du Pacifique ont mis en place des systèmes de protection des connaissances traditionnelles. Dans ces pays, le fait que les connaissances puissent être accessibles au public ne signifie pas forcément que des obligations relatives au partage des avantages ne soient pas applicables. Le droit interne est ici déterminant : un utilisateur de connaissances traditionnelles connexes venant d’un pays qui ne dispose d’aucune législation protégeant ces connaissances ne sera en principe soumis à aucune contrainte juridique en matière de consentement préalable donné en connaissance de cause et/ou conditions convenues d’un commun accord. Cependant, les utilisateurs de connaissances traditionnelles connexes venant de pays qui disposent d’une telle législation, ou qui vivent dans ce pays ou dans un autre pays Partie au Protocole de Nagoya, pourront être tenus de respecter des obligations en matière de consentement préalable donné en connaissance de cause et/ou de conditions convenues d’un commun accord.[[181]](#footnote-182)

Il convient de noter que des négociations sur le partage des avantages concernant des connaissances traditionnelles accessibles au public ne sont pas toujours possibles, entre autres, lorsque les dépositaires originaires des connaissances ne peuvent pas être identifiés ou ont disparu,[[182]](#footnote-183) ou bien lorsque ces connaissances traditionnelles sont attribuées à un pays[[183]](#footnote-184), mais pas à un peuple ou un groupe particulier, ou bien encore lorsque des connaissances ont été publiées originellement et mises à disposition avant l’entrée en vigueur de la Convention ou du Protocole. Il convient de noter également que l’article 8 j) de la Convention et les articles 5.5 et 7 du Protocole de Nagoya visent les connaissances des peuples autochtones et communautés locales uniquement : il semble donc que les connaissances traditionnelles attribuables soit à un pays, soit à un groupe disparu, n’entrent pas dans le champ d’application de la Convention ou du Protocole. Les Parties ne sont pas encore parvenues à un consensus sur le point de savoir si des obligations relatives au partage des avantages s’appliquent dans de telles circonstances.

*Compendiums de plantes*

Il existe de nombreuses publications et revues faisant un inventaire des usages des plantes dans différents régions du monde. Parmi les nombreuses publications indiquant les usages de plantes en Afrique, figure un compendium des plantes médicinales africaines publié par l’Union africaine et intitulé *Pharmacopée africaine.* Publiée pour répondre à “la demande mondiale croissante d’utilisation de médicaments traditionnels” et en raison du marché lucratif que représentent ces produits, la *Pharmacopée africaine* fournit “des informations organisées de manière scientifique sur les plantes médicinales utiles qui ont démontré leur efficacité dans le traitement de certaines maladies” sur le continent africain. Ce faisant, le compendium dresse un inventaire de plus de 60 espèces végétales différentes qui sont endémiques à plusieurs pays et portent parfois différents noms dans différents pays.[[184]](#footnote-185) Cette ressource consolide une foule d’informations précieuses sur différentes plantes médicinales et leurs usages traditionnels, sans toutefois identifier systématiquement les peuples autochtones et communautés locales qui sont à l’origine des données sur les usages de ces plantes.[[185]](#footnote-186)

Un autre exemple concerne l’ouvrage de Dan Moerman intitulé *Native American Ethnobotany*, qui décrit les plantes et les connaissances traditionnelles y afférent par plante, usage et tribu. Cette publication est décrite comme étant:

“Une compilation extraordinaire des plantes utilisées par les peuples autochtones d’Amérique du Nord comme médicaments, aliments, fibres, teintures, et une foule d’autres choses. L’anthropologiste Daniel E. Moerman a consacré 25 ans à sa mission de collecte de connaissances ethnobotaniques accumulées pour plus de 4000 plantes. Plus de 44 000 utilisations de ces plantes par différentes tribus sont documentées ici. Ce compendium constitue sans aucun doute l’étude ethnobotanique la plus étendue jamais réalisée, permettant de préserver une quantité considérable d’informations pour l’avenir.”[[186]](#footnote-187)

Etant donné que des peuples autochtones vivent dans tout le Canada, les Etats-Unis, et les Mexique[[187]](#footnote-188), pour certaines Parties et certains pays non Parties à la Convention et au Protocole de Nagoya, un consentement préalable donné en connaissance de cause et/ou des conditions convenues d’un commun accord ne seront pas exigés dans tous les cas d’utilisation de connaissances traditionnelles connexes décrite dans cette publication. Néanmoins, ce compendium est un exemple du type de publication qui facilitera une bioprospection axée sur des publications, sans nécessiter l’obtention d’un consentement préalable donné en connaissance de cause des peuples autochtones et communautés locales, bien que celui-ci puisse être exigé autrement en droit interne.[[188]](#footnote-189)

*La Pervenche rose*

L’exemple de la Pervenche rose décrit dans la partie 4.1 ci-dessus fournit une illustration supplémentaire de l’utilisation commerciale des connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques et accessibles au public. Deux traitements contre le cancer ont été développés à partir d’indications initiales provenant de connaissances traditionnelles sur cette plante, venant des Philippines pour le premier traitement (Vincristine) et de la Jamaïque pour le deuxième traitement (Vinblastine). [[189]](#footnote-190) Ces indications initiales provenant de connaissances traditionnelles concernaient le diabète, mais dans les Philippines, les connaissances étaient accessibles au public, alors qu’elles ne l’étaient pas en Jamaïque.[[190]](#footnote-191)

## Connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques dont on ne peut déterminer l’origine dans des collections *ex situ*

De nombreux échantillons de matériel génétique collectés par des ethnobotanistes, puis déposés dans des jardins botaniques, herbiers ou d’autres collections *ex situ,* ont été acquis avec l’aide et sous la direction de peuples autochtones et communautés locales qui utilisent ce matériel à des fins médicinales ou à d’autres fins. Il en résulte que les usages traditionnels de plantes ou autre matériel biologique sont parfois indiqués dans les informations fournies sur un échantillon, en particulier dans les herbiers. Cependant, bien que des informations soient souvent fournies sur le pays fournisseur, ce n’est pas toujours le cas des peuples autochtones et communautés locales qui sont à l’origine des informations concernant la ressource génétique utilisée.[[191]](#footnote-192) Dans certains cas, ceci est dû au fait que différents individus à l’intérieur ou à l’extérieur d’une communauté ont fourni des indications sur des usages médicinaux, ou que l’information utilisée a été obtenue auprès d’une source secondaire, telle qu’une pharmacopée ou d’autres travaux externes, qui ne donnent pas une liste des fournisseurs à l’origine des connaissances traditionnelles connexes.[[192]](#footnote-193)

Ici encore, les Parties ne sont pas parvenues à un consensus sur le point de savoir si les obligations relatives au consentement préalable donné en connaissance de cause et/ou aux conditions convenues d’un commun accord s’appliquent aux différents cas décrits dans cette partie. De plus, des informations sur l’identification des peuples autochtones et communautés locales qui sont à l’origine de ces connaissances traditionnelles ne sont pas toujours disponibles, ce qui rend impossible dans certains cas la négociation d’un consentement préalable donné en connaissance de cause et/ou de conditions convenues d’un commun accord.

# Conclusions

La présente étude identifie plusieurs catégories distinctes decas qui, en fonction de la décision des Parties, entreront ou non dans le champ d’application de l’article 10 du Protocole de Nagoya. Ceci inclut des cas spécifiques de ressources génétiques et de connaissances traditionnelles connexes qui se trouvent dans des situations transfrontières, mettant en avant des exemples d’écosystèmes et d’habitats partagés, des espèces migratrices, et des zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale. Plusieurs types de situations transfrontières concernant les ressources génétiques ont été identifiées, qui soulèvent des difficultés pour une approche bilatérale en matière de partage des avantages ; les auteurs ont bien noté que les Parties ne sont pas parvenues à un consensus sur le point de savoir si chacune de ces situations est subordonnée ou non aux obligations relatives au partage des avantages. Ainsi, certains types de situations transfrontières pourraient être traités dans le cadre de l’article 10 du Protocole de Nagoya, tandis que d’autres situations pourraient être abordées dans le cadre de l’article 11, et d’autres situations encore pourraient être exclues du champ d’application du Protocole.

D’autres catégories de cas incluent les ressources génétiques pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause, y compris les ressources génétiques dont on ne peut déterminer la provenance dans des collections *ex situ*, l’utilisation d’échantillons de multiples organismes provenant de différentes zones géographiques, les cas d’information de séquençage numérique pour lesquels aucun accès physique n’est nécessaire afin d’utiliser l’information génétique, et l’utilisation de composés génétiques provenant de multiples organismes. Les Parties ne sont pas parvenues à un consensus sur le point de savoir si, ou dans quelle mesure, les collections *ex situ* ou l’information de séquençage numérique entrent dans le champ d’application du Protocole de Nagoya. Dans plusieurs exemples décrits dans cette étude, des informations de séquençage numérique provenant de multiples organismes différents ont été utilisées ; si les Parties décident que ces cas entrent dans le champ d’application de la Convention ou du Protocole de Nagoya, certains utilisateurs seront peut-être tenus de négocier des conditions convenues d’un commun accord avec plusieurs gouvernements, tandis que de nombreux utilisateurs ne pourront pas être identifiés ou suivis de façon individuelle.

Enfin, l’étude identifie des cas spécifiques de connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques détenues par des peuples autochtones et communautés locales situés dans plusieurs juridictions nationales, et de connaissances traditionnelles connexes pour lesquelles il n’est pas possible d’accorder ou d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause, y compris les connaissances traditionnelles connexes accessibles au public, et les connaissances traditionnelles connexes dont on ne peut déterminer l’origine dans des collections *ex situ*.

Sur la base des recherches effectuées, la présente étude conclut que certains cas spécifiques peuvent entrer dans le champ d’application de l’article 10 du Protocole de Nagoya. Cependant, la question de savoir si l’un ou l’autre de ces cas nécessite un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages, et quelles modalités s’appliquent à un tel mécanisme, si celui-ci était jugé nécessaire, doivent être décidées par les Parties au Protocole de Nagoya.

# remerciements

Les auteurs souhaitent remercier Eric Boyer et Candace Walther pour leur excellente assistance en matière de recherche, ainsi que les membres du Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique (Worku Yifru, Beatriz Gomez, Austein McLoughlin et Rodrigo Sara) pour leur précieuse contribution pendant toute la durée de l’étude.

# Annexe A: Liste des personnes interviewees

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
|  | **Type de personne interviewée** | **Région de l’ONU** | **Type de communication**  | **Date** |
| 1 | Universitaire, expert en matière de savoirs traditionnels | Groupe des pays d’Europe occidentale et autres Etats (WEOG) | Vidéoconférence  | 19.01.2020 |
| 2 | Universitaire, ethnobotaniste | WEOG | Entretien en personne | 14.01.2020 |
| 3 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | Groupe des pays d’Amérique latine et des Caraïbes (GRULAC) | Entretien en personne | 10.01.2020 |
| 4 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | GRULAC | Entretien en personne  | 10.01.2020 |
| 5 | Industrie, chercheur en biologie de synthèse | WEOG | Entretien au téléphone | 06.01.2020 |
| 6 | Industrie, conseiller en droit de la propriété intellectuelle  | WEOG | Entretien au téléphone  | 06.01.2020 |
| 7 | Universitaire, ethnobotaniste | WEOG | Vidéoconférence | 16.01.2020 |
| 8 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | WEOG | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 9 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | WEOG | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 10 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | WEOG | Entretien en personne | 24.02.2020 |
| 11 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | WEOG | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 12 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | WEOG | Correspondance | 27.02.2020 |
| 13 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | Groupe des pays d’Asie et Pacifique | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 14 | Universitaire, biologiste  | GRULAC | Entretien en personne | 24.02.2020 |
| 15 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | Groupe des pays d’Afrique | Entretien en personne | 24.02.2020 |
| 16 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | Groupe des pays d’Asie et Pacifique | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 17 | Organisation intergouvernementale régionale | Groupe des pays d’Asie et Pacifique | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 18 | Peuples autochtones et communautés locales | Groupe des pays d’Afrique | Entretien en personne | 26.02.2020 |
| 19 | Peuples autochtones et communautés locales | WEOG | Entretien en personne | 22.02.2020 |
| 20 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | Groupe des pays d’Afrique | Entretien en personne et questionnaire | 22.02.2020 |
| 21 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | Groupe des pays d’Afrique | Entretien en personne | 22.02.2020 |
| 22 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | Groupe des pays d’Afrique | Entretien en personne | 26.02.2020 |
| 23 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya  | Groupe des pays d’Asie et Pacifique  | Entretien en personne | 24.02.2020 |
| 24 | Gouvernement | Groupe des pays d’Asie et Pacifique | Entretien en personne | 24.02.2020 |
| 25 | Universitaire | GRULAC | Entretien en personne | 24.02.2020 |
| 26 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | Groupe des pays d’Europe de l’Est | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 27 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | GRULAC | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 28 | Organisation intergouvernementale régionale | Groupe des pays d’Afrique | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 29 | Peuples autochtones et communautés locales | Groupe des pays d’Asie et Pacifique | Entretien en personne | 25.02.2020 |
| 30 | Organisation intergouvernementale régionale | Groupe des pays d’Afrique | Entretien en personne | 22.02.2020 |
| 31 | Gouvernement, Partie au Protocole de Nagoya | Groupe des pays d’Afrique | Correspondance | 09.03.2020 |
| 32 | Organisation intergouvernementale régionale | Groupe des pays d’Asie et Pacifique | Correspondance | 30.03.2020 |
| 33 | Universitaire, chercheur en biologie de synthèse | WEOG | Entretien au téléphone | 05.03.2020 |

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

1. \*CBD/SBI/3/1. [↑](#footnote-ref-2)
2. Voir la notification 2020-028 du 10 mars 2020 et le report de la date limite (notification 2020-030 du 19 mars 2020). [↑](#footnote-ref-3)
3. Voir <https://www.cbd.int/abs/art10/2019-2020/study.shtml> [↑](#footnote-ref-4)
4. Faculté de droit de l’Université d’Emory, Atlanta, Géorgie, Etats-Unis d’Amérique. [↑](#footnote-ref-5)
5. Centre Grotius d’études juridiques internationales, Faculté de droit, Université de Leiden, Leiden, Pays-Bas. [↑](#footnote-ref-6)
6. Cependant, dans certains cas, des populations de certaines espèces ont développé des différences génétiques suffisantes pour pouvoir déterminer leur origine. [↑](#footnote-ref-7)
7. L’expression “information de séquençage numérique” est largement reconnue comme étant un terme temporaire, pour lequel il n’existe aucun consensus actuellement en termes de choix d’un terme définitif ou d’une définition précise à ce jour. [↑](#footnote-ref-8)
8. ‘Spécifique, adj. et n.’ *OED Online*, Oxford University Press, mars 2020, <http://www.oed.com/view/Entry/185999> consulté le 2 mai 2020: “2.a. S’agit de qualités, propriétés, effets, etc.: ayant trait spécialement ou particulièrement à une certaine chose ou catégorie de choses, et constituant l’un des attributs caractéristiques de cette chose.” [↑](#footnote-ref-9)
9. ‘Cas, n.1.’ *OED Online*, Oxford University Press, mars 2020 <http://www.oed.com/view/Entry/28393> consulté le 2 mai 2020: “6.a. Un cas d’une situation particulière; un exemple de quelque chose qui se produit; une circonstance ou un état de fait particulier.” [↑](#footnote-ref-10)
10. La Convention de Vienne sur le droit des traités (adoptée le 23 mai 1969 et entrée en vigueur le 27 janvier 1980) 1155 UNTS 331, art 31.1. D’autres matériels d’interprétation peuvent être utilisés, mais on ne dispose pas d’informations pertinentes pour l’interprétation du terme “impossible” dans l’article 10 du Protocole (telles que des accords/instruments conclus à côté de l’adoption du traité [Décision X/1]; un accord ultérieur conclu entre les Parties au sujet de l’interprétation ou l’application de la Convention; une pratique ultérieure qui témoigne d’un consensus des Parties au sujet de l’interprétation; des règles pertinentes du droit international; une signification particulière souhaitée par les Parties [article 2]; les *travaux préparatoires* et les circonstances de l’élaboration du traité). [↑](#footnote-ref-11)
11. ‘Possible, Adj., Adv., et n.’, *OED Online* (Oxford University Press 2020) ‘A. adj. 1. Qui est capable d'être; qui pourrait ou peut exister, être réalisé, ou se produire (en général, ou bien dans des conditions ou des circonstances données ou présumées); qui relève du pouvoir d'une personne, qu'une personne peut effectuer, exercer, utiliser , etc.’; Le dictionnaire de Cambridge définit ce terme comme suit : ‘en mesure d’être réalisé ou atteint, ou capable d’[exist](https://dictionary.cambridge.org/dictionary/english/exist)er’; Le dictionnaire Meriam-Webster définit ce terme comme : ‘entrant dans les limites de capacités ou de réalisation’. [↑](#footnote-ref-12)
12. ‘Impossible, Adj. et n.’, *OED Online* (Oxford University Press 2020) ‘A. adj. 1.a. Non possible; qui ne peut pas être réalisé ou effectué; qui ne peut pas exister ou devenir existant; qui ne peut pas être, dans les circonstances actuelles ou des circonstances données.’ Le dictionnaire de Cambridge définit ce terme comme suit : ‘incapable d’exister, de survenir ou d’être atteint; non possible’ et ‘extrêmement difficile à gérer ou à résoudre’. Le dictionnaire Meriam-Webster définit ce terme comme : ‘incapable d’être ou de survenir; jugé incapable d’être réalisé, atteint ou accompli;extrêmement difficile.’ [↑](#footnote-ref-13)
13. Bien qu’il ne s’agisse pas d’une interprétation décisive, Thomas Greiber et al, dans *Guide explicatif du Protocole de Nagoya sur l’accès et le partage des avantages* (IUCN Environmental Policy and Law Paper 83, IUCN 2012) 129 observent que "les débats sur l'article 10 pourraient prendre en compte également le manque de faisabilité en ce qui concerne l'obtention d'un consentement préalable donné en connaissance de cause". Voir aussi la communication de 2019 du Groupe des pays d’Afrique (“Dans la plupart de ces cas, il n’est pas possible – parce que cela n’est pas faisable – d’obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause et de négocier des conditions convenues d’un commun accord avec l’ensemble des fournisseurs actuels et potentiels des connaissances.”). [↑](#footnote-ref-14)
14. L’article 31.2 de la Convention de Vienne sur le droit des traités confère au préambule d’un traité la même valeur juridique qu’aux dispositions du traité, dans la mesure où le préambule fournit un contexte pour l’interprétation des dispositions du traité. Le préambule peut ainsi fournir un contexte pour des futures négociations. Voir aussi ibid 47. [↑](#footnote-ref-15)
15. Brian A Garner, ‘Equitable’, *Black’s Law Dictionary* (8th edn, Thomson West 2004) ‘Juste; conforme aux principes de justice et de droit’. Voir aussi *Diversion of Water from Meuse (Neth. v. Belg.)* 1937 PCIJ Series A/B No 70, 76: “Qui sont bien connus comme principes d’équité, et considérés depuis longtemps comme faisant partie du droit international.” L’équité ne constitue pas une règle juridique en tant que telle, mais elle peut être considérée comme une source matérielle de droit. Voir Clive Parry et al., ‘Equity’, *Parry and Grant Encyclopaedic Dictionary of International Law* (3rd edn, Oxford University Press). [↑](#footnote-ref-16)
16. Vaughan Lowe, ‘The Role of Equity in International Law’ (1989) 12 Australian Yearbook of International Law 54, 73. [↑](#footnote-ref-17)
17. Le terme “entretien” inclut des communications semi-structurées et non structurées effectuées au téléphone, par courriel et autres formes de communication électronique, ainsi qu’en personne. Les informations provenant d’entretiens sont indiquées dans la présent étude par les termes [personne ayant mené l’entretien], [personne interviewée], [descripteur, lorsque la personne souhaite conserver l’anonymat], ainsi que la date de l’entretien. Les auteurs de l’étude ont sélectionné pour ces entretiens, compte tenu des contraintes de temps, des experts considérés comme ayant les informations requises sur des cas spécifiques relevant du mandat de l’étude. [↑](#footnote-ref-18)
18. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Qu'est-ce qui a été accompli concernant la nécessité et les modalités d'un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages? Développements depuis l'entrée en vigueur du Protocole’ (15 avril 2019) <http://www.cbd.int/abs/art10-whatdone.shtml> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-19)
19. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Synthèse des débats en ligne sur l'article 10 du Protocole de Nagoya sur l'accès et le partage des avantages’ (8 janvier 2014). [↑](#footnote-ref-20)
20. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Rapport de la réunion du Groupe d'experts sur l’article 10 du Protocole de Nagoya sur l’accès et le partage des avantages’ (19 septembre 2013). [↑](#footnote-ref-21)
21. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Synthèse des points de vue communiqués en réponse à la décision 1/10 sur les produits naturels’ (14 décembre 2015). [↑](#footnote-ref-22)
22. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Rapport de la réunion du Groupe d’experts sur l’article 10 du Protocole de Nagoya sur l’accès et le partage des avantages’ (3 février 2016). [↑](#footnote-ref-23)
23. Elisa Morgera, ‘Study on Experiences Gained with the Development and Implementation of the Nagoya Protocol and other Multilateral Mechanisms and the Potential Relevance of Ongoing Work Undertaken by other Processes, including Case Studies’ (22 décembre 2015). [↑](#footnote-ref-24)
24. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Communications sur l’article 10 du Protocole de Nagoya en réponse à la décision 2/10 sur les produits naturels’ (24 avril 2018) <https://www.cbd.int/abs/submissions-np-2-10> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-25)
25. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages (article 10 du Protocole de Nagoya)’ (1er juillet 2018). [↑](#footnote-ref-26)
26. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Communications sur l’article 10 du Protocole de Nagoya en réponse à la décision 3/13 sur les produits naturels’ (5 février 2020) <www.cbd.int/abs/art10/2019-2020/submissions.shtml> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-27)
27. Greiber et al (n 10) 25. [↑](#footnote-ref-28)
28. Les facteurs déclenchants, tels qu’identifiés dans la communication de l’UICN de 2015 sont :

“L’adoption de la CBD;

L’entrée en vigueur de la CBD;

L’adoption du Protocole de Nagoya;

L’entrée en vigueur du Protocole de Nagoya;

La ratification ou autres formes d’adhésion à la CBD par le pays d’origine ou le pays fournisseur des ressources génétiques;

La ratification ou autres formes d’adhésion au Protocole de Nagoya par le pays d’origine ou le pays fournisseur des

 ressources génétiques; ou

L’adoption d’une législation sur l’accès et le partage des avantages dans le pays d’origine ou le pays fournisseur des ressources génétiques.”

Voir UICN Groupe de spécialistes mondial conjoint SSC-WCEL sur l'accès et le partage des avantages, les ressources génétiques et les questions connexes, ‘Communication de points de vue dans le cadre de la préparation de la réunion d'experts sur la nécessité et les modalités d'un mécanisme multilatéral mondial de partage des avantages au titre du Protocole de Nagoya’ (22 septembre 2015) 4. [↑](#footnote-ref-29)
29. Voir Greiber et al. (n 10) 72–73. Article 28 de la Convention de Vienne sur le droit des traités (n 7): “Sauf intention contraire mentionnée ou autrement établie dans le traité, ses dispositions ne s’appliquent pas à une Partie en ce qui concerne toute action ou tout fait s’étant produit, ou toute situation qui a cessé d’exister avant la date d’entrée en vigueur du traité, pour ce qui concerne cette Partie.” Markus Kotzur, ‘The Temporal Dimension: Non-Retroactivity and Its Discontents’ in Christian J Tams, and others (eds), *Research Handbook on the Law of Treaties* (Edward Elgar 2014) 155–56 observe que: ‘Des faits ou des actes peuvent se produire plus d'une seule fois, ils peuvent se répéter, et des situations peuvent perdurer - elles "continuent d'exister", ceci implique qu'une interdiction pure et simple de l'application rétroactive n'a pas lieu d'être.’ [↑](#footnote-ref-30)
30. Morten W Tvedt and Ole K Fauchald, ‘Implementing the Nagoya Protocol on Access and Benefit Sharing: A Hypothetical Case Study on Enforcing Benefit Sharing in Norway’ (2011) 14 The Journal of World Intellectual Property 383, 385. Voir aussi Greiber et al. (n 10) 63–65; Morten W Tvedt and Olivier Rukundo, ‘Functionality of an Access and Benefit Sharing Protocol’ (Fridjof Nansen Institute 2010); Kabir Bavikatte and Brendan Tobin, ‘Cutting the Gordian Knot: Resolving Conflicts over the Term “Utilisation”’ (2010) 4 Biores 3. [↑](#footnote-ref-31)
31. Voir l’article 2 du Règlement (UE) 511/2014. [↑](#footnote-ref-32)
32. Dont l’Afrique du Sud, le Brésil, la Colombie et le Costa Rica. Voir Margo A Bagley and Arti K Rai, ‘The Nagoya Protocol and Synthetic Biology Research: A Look at the Potential Impacts’ (Wilson Center 2013) 17–21. Voir aussi Elisa Morgera et al., *Unraveling the Nagoya Protocol: A Commentary on the Nagoya Protocol on Access and Benefit Sharing to the Convention on Biological Diversity* (Brill Nijhoff 2014) voir 77–80 pour d'autres observations sur cette question. [↑](#footnote-ref-33)
33. Margo A Bagley et al., ‘Fact-Finding Study on How Domestic Measures Address Benefit-Sharing Arising from Commercial and Non-Commercial Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources and Address the Use of Digital Sequence Information on Genetic Resources for Research and Development’ (Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, 29 janvier 2020). <https://www.cbd.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf. [↑](#footnote-ref-34)
34. Convention sur la diversité biologique, article 4 b). [↑](#footnote-ref-35)
35. Voir Morgera et al. (n 29) 81–83 pour d’autres observations sur cette question. [↑](#footnote-ref-36)
36. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Rapport de la réunion du Groupe d’experts sur l’article 10 du Protocole de Nagoya sur l’accès et le partage des avantages’ (n 19). [↑](#footnote-ref-37)
37. Graham Dutfield, ‘Transboundary Resources, Consent and Customary Law’ (2013) 9 Law, Environment and Development Journal 259, 260. [↑](#footnote-ref-38)
38. Morgera et al. (n 29) 200. [↑](#footnote-ref-39)
39. Kakudidi Esezah et al., ‘Antifungal Medicinal Plants Used by Communities Adjacent to Bwindi Impenetrable National Park, South-Western Uganda’ (2015) 7 European Journal of Medicinal Plants 184, 188. [↑](#footnote-ref-40)
40. ‘Carnegie Museum of Natural History Herbarium Catalog No CM226483’ (*SERNEC Detailed Collection Record Information*, non daté). Voir:

<http://sernecportal.org/portal/collections/individual/index.php?occid=12316926&clid=0%3e> consulté le 29 février 2020. [↑](#footnote-ref-41)
41. ‘Arizona State University Vascular Plant Herbarium Catalog No ASU0104660’ (*SERNEC Detailed Collection Record Information*, non daté). Voir:

<http://sernecportal.org/portal/collections/individual/index.php?occid=11238099&clid=0> consulté le 28 février 2020 (indiquant que l’espèce est “endémique depuis Madagascar jusqu’en Inde”). Il existe de nombreux spécimens contenus dans l’herbier SERNEC pour cette famille de végétaux, collectés dans un grand nombre de pays différents, y compris Cuba, les Bahamas, et les Philippines. [↑](#footnote-ref-42)
42. African Union Scientific Technical Research Commission, *African Pharmacopoeia* (2nd edn, African Union 2014) 27. Voir aussi The Royal Botanic Gardens, Kew (Kew), qui comprend un outil de recherche utile intitulé “Plants of the World”, pouvant être utilisé pour identifier de nombreuses plantes du monde entier qui sont endémiques à plusieurs pays à la fois. Voir Royal Botanic Gardens, Kew, ‘Plants of the World’ (non daté) <http://www.plantsoftheworldonline.org> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-43)
43. Voir la demande de brevet international (PCT) No. WO2011012780A1, *Rosmarinic acid and the derivatives thereof to treat ciguatera*. [↑](#footnote-ref-44)
44. CABI, ‘Azadirachta Indica (Neem Tree)’ (*Invasive Species Compendium*, 25 novembre 2019) <https://www.cabi.org/isc/factsheet/8112#todistribution> consulté le 28 février 2020. (“Il existe beaucoup de confusion dans la littérature scientifique concernant l’aire de répartition naturelle de l’espèce *A. indica*. Cette espèce est considérée comme endémique dans les zones arides de l’Afghanistan, Pakistan, Inde, Sri Lanka, Bangladesh, Myanmar et Chine”). [↑](#footnote-ref-45)
45. Il est bien possible que le but ait été d’éviter des obligations relatives au partage des avantages. Voir la déclaration de la délégation suisse, *The Declaration of the Source of Genetic Resources and Traditional Knowledge in the Swiss Patent Act and Related Swiss Regulations on Genetic Resources – Communication de la Suisse en réponse au document WIPO/GRTKF/IC/30/9*, Comité intergouvernemental sur la propriété intellectuelle et les ressources génétiques, les savoirs traditionnels et le folklore, WIPO/GRTKF/IC/31/8 (Septembre 2016) [ci-après, Suisse, Déclaration de source]. Le Gouvernement suisse, pour expliquer la préférence accordée en droit interne aux demandeurs de brevet qui identifient la “source” des ressources génétiques plutôt que le “pays d’origine” des ressources génétiques, a ainsi déclaré :

« Si, cependant, le demandeur d’un brevet est tenu de divulguer “le pays d’origine”, comme proposé par certaines délégations dans les négociations du Comité intergouvernemental, le demandeur de brevet pourrait divulguer n’importe quel pays d’origine, à savoir, l’Allemagne, l’Autriche, la France, l’Italie, la Roumanie ou la Suisse, sans se préoccuper du fait que la plante ait été ou non obtenue réellement dans le pays d’origine indiqué. Le concept de “pays d’origine” fournirait alors *une possibilité d’éviter de divulguer le pays qui a fourni en réalité la ressource génétique*. Ceci irait à l’encontre de l’objectif visant à améliorer la transparence dans l’accès et le partage des avantages. »

Ibid. para 21 (italique ajouté). De plus, la Loi suisse sur les brevets prévoit des sanctions après l’obtention d’un brevet, pouvant aller jusqu’à 100 000 Francs suisse d’amende et comprenant la publication du jugement, en cas de fausse déclaration intentionnelle de la source d’une ressource génétique (Art. 81*a* PatA). *Ibid,* para. 27. [↑](#footnote-ref-46)
46. Convention sur la conservation des espèces migratrices appartenant à la faune sauvage (adoptée le 23 juin 1979 et entrée en vigueur le 1er novembre 1983) 19 ILM 15. [↑](#footnote-ref-47)
47. Ibid article 1 a). [↑](#footnote-ref-48)
48. À titre d’exemple, voir l’article 2 du Décret exécutif No. 19 du 26 mars 2019 sur la réglementation de l’accès et le contrôle de l’utilisation des ressources biologiques et génétiques dans la République du Panama et la mise en place d’autres mesures (2019), qui dispose : “les espèces migratrices qui sont présentes en raison de causes naturelles sont inclues dans le territoire national.” (Traduction non officielle du texte en espagnol). [↑](#footnote-ref-49)
49. Une question semblable pourrait être examinée en ce qui concerne les espèces cosmopolites. Dans le domaine de la biogéographie, une espèce est dite "cosmopolite" lorsque son aire de répartition s’étend à la plupart, voire à toutes les régions du monde. [↑](#footnote-ref-50)
50. Morgera et al. (n 29) 203. [↑](#footnote-ref-51)
51. A James Kettle et al., ‘Where Once the Eel and the Elephant Were Together: Decline of the European Eel Because of Changing Hydrology in Southwest Europe and Northwest Africa?’ (2011) 12 Fish and Fisheries 380. [↑](#footnote-ref-52)
52. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘La Mer des Sargasses’ (*Centre d'échange de la Convention sur la diversité biologique*, 15 juin 2015) <https://chm.cbd.int/database/record?documentID=200098> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-53)
53. Comme noté plus haut, le dépôt d’une demande de brevet et l’obtention d’un brevet reflètent les activités de recherche et développement, et indiquent qu’une “utilisation de ressources génétiques” a bien eu lieu. Voir par exemple les brevets suivants: Brevet américain No US9035033B2 *Tumor and infectious disease therapeutic compositions*; Brevet américain No US10287616B2 *Label free biosensors, gram-negative bacteria detection, and real-time and end point determination of antibiotic effects*; Brevet américain No US8454566B2 *Methods and compositions for the inhibition of biofilms on medical devices*; Brevet américain No US6365187B2 *Bioadhesive microspheres and their uses as medicine delivery and imaging systems*; Brevet américain US6743773B2 *Method of using lectins for contraception, prophylaxis against diseases transmit table by sexual contact, and therapy of such diseases, and apparatus for administering lectins*; Brevet américain US7790672B2 *Method of using lectins for prevention and treatment of oral and alimentary tract disorders*. [↑](#footnote-ref-54)
54. Brevet européen (EPO) No EP2349224B1 *Orally administrable immunostimulant product for aquaculture*. [↑](#footnote-ref-55)
55. Voir par exemple Gerald McCormack, ‘Cook Islands Biodiversity : Cook Islands’ Largest Butterfly - the Monarch’ (*Cook Islands Natural Heritage Trust*, 7 décembre 2005) <http://cookislands.bishopmuseum.org/showarticle.asp
?id=21> consulté le 28 février 2020; Monarch Butterfly New Zealand Trust, ‘Monarch Sightings Map’ (non daté) <https://www.monarch.org.nz/introduction-to-research/monarch-sightings-map/> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-56)
56. Shuai Zhan et al., ‘The Monarch Butterfly Genome Yields Insights into Long-Distance Migration’ (2011) 147 Cell 1171. [↑](#footnote-ref-57)
57. Une recherche de brevets sur le site Internet de l’OMPI a généré 221 brevets ou demandes de brevet mentionnant la lignée cellulaire Danaus plexippus (DpN1), décrite par Laura A Palomares et al., ‘Novel Insect Cell Line Capable of Complex N-Glycosylation and Sialylation of Recombinant Proteins’ (2003) 19 Biotechnology Progress 185. [↑](#footnote-ref-58)
58. Voir par exemple la Demande de brevet international (PCT) No WO2015017721A1*Preparation of 3-Hydroxypropionic Acid in Recombinant Yeast Expressing an Insect Aspartate-1 Decarboxylase*; le Brevet américain US10435516B2 *Methods and compositions for synthesizing improved silk fibers*; ou la Demande de brevet américain No US20190350960A1*Modulating nudix homology domain (nhd) with nicotinamide mononucleotide analogs and derivatives of same*. [↑](#footnote-ref-59)
59. Demande de brevet brésilien No BR102018005066A2 *Uso de proteases intestinais de lagartas de danaus plexippus para a hidrólise das proteínas do leite e produção de fórmulas hipoalergênicas*. [↑](#footnote-ref-60)
60. Demande de brevet international (PCT) No WO2014076016A1 *Methods for the enzymatic production of isoprene from isoprenol*; Demande de brevet international (PCT) No WO2018213554A1 *Microorganisms for the production of insect pheromones and related compounds*. [↑](#footnote-ref-61)
61. UNESCO, ‘Réserve de la biosphère du Papillon monarque’ (*Liste du patrimoine mondial*, non daté) <https://whc.unesco.org/en/list/1290/> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-62)
62. Ibid. [↑](#footnote-ref-63)
63. Accord sur la conservation des oiseaux d’eau migrateurs d’Afrique-Eurasie (adopté le 15 août 1996 et entré en vigueur le 1er novembre 1999) 2365 UNTS 203. [↑](#footnote-ref-64)
64. AEWA, ‘AEWA’ (non daté) <https://www.unep-aewa.org/en/legalinstrument/aewa> consulté le 28 février 2020 et AEWA, ‘Species’ (non daté) <https://www.unep-aewa.org/en/species> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-65)
65. Demande de brevet international (PCT) No WO2009004016A1 *Immortalized avian cell lines*. [↑](#footnote-ref-66)
66. Demande de brevet international (PCT) No WO2007077256A1 *Avian telomerase reverse transcriptase*. [↑](#footnote-ref-67)
67. Demande de brevet international (PCT) No WO2009004016A1 *dsRNA induced specific and non-specific immunity in crustaceans and other invertebrates and biodelivery vehicles for use therein*. [↑](#footnote-ref-68)
68. Demande de brevet international (PCT) No WO2001047545A1 *Preventives and remedies for chronic hepatitis*. [↑](#footnote-ref-69)
69. Demande de brevet international (PCT) No WO2014207099A1 *Anoxic biological production of fuels and of bulk chemicals from second generation feedstocks*. [↑](#footnote-ref-70)
70. Pour d’autres informations, voir l’Organisation des Nations Unies, “Conférence intergouvernementale sur la biodiversité marine des zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale”, à l’adresse : https://www.un.org/bbnj/. [↑](#footnote-ref-71)
71. *Avant-projet de texte révisé d’un accord au titre de la Convention des Nations Unies sur le droit de la mer portant sur la conservation et l’utilisation durable de la diversité biologique marine des zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale*, UN Doc. A/CONF.232/2020/3, Partie II: Ressources génétiques marines, y compris les questions relatives au partage des avantages. La décision 74/543 du 11 mars 2020 a reporté la quatrième session de la conférence à une date ultérieure, le plus tôt possible, qui sera décidée par l’Assemblée générale. [↑](#footnote-ref-72)
72. Tullio Scovazzi, ‘The Rights to Genetic Resources beyond National Jurisdiction: Challenges for the Ongoing Negotiations at the United Nations’ (Brill | Nijhoff 2020) 236–37. [↑](#footnote-ref-73)
73. *Propositions de texte remises par les délégations avant le 20 février 2020, pour examen à la quatrième session de la Conférence intergouvernementale sur un instrument international juridiquement contraignant au titre de la Convention des Nations Unies sur le droit de la mer portant sur la conservation et l’utilisation durable de la diversité biologique marine des zones situées au-delà des limites de la juridiction nationale (ci-après la Conférence), en réponse à l’invitation faite par la présidente de la Conférence dans sa note du 18 novembre 2019 (A/CONF.232/2020/3): une compilation article par article des propositions de texte, pour examen à la quatrième session, au 15 avril 2020*, propositions de l’Union européenne et de l’Indonésie sur l’article 10.5. [↑](#footnote-ref-74)
74. Il convient de noter que les conditions d’obtention de spécimens peuvent restreindre leur utilisation à des fins non commerciales uniquement. Cependant, il existe aussi des collections privées ayant une finalité commerciale. Un domaine d’utilisation des collections *ex situ* est la compilation de collections ou bibliothèques de produits naturels, qui seront utilisés pour sélectionner des caractéristiques souhaitées. Une bibliothèque de ce type est la TimTec Natural Product Library, dont les informations sont disponibles à des fins commerciales, et qui contient 800 composés naturels purs. Cette bibliothèque contient un large éventail de matières et de composés naturels, dérivés principalement de végétaux, bien qu’on trouve aussi des échantillons provenant de bactéries, champignons, et sources animales.

 Même si TimTec note que “les sources naturelles habituelles et les données de référence sont disponibles pour la plupart des échantillons,” on ne sait pas toujours quelles données de référence sont disponibles dans la bibliothèque, et si les scientifiques qui utilisent la bibliothèque ont accès au matériel de référence, car il existe de nombreuses sources et zones géographiques différents. Plusieurs inventions brevetées ont utilisé la TimTec Natural Product Library. Voir ‘TimTec Compound Libraries for Screening, Chemical Building Blocks’ (non daté) <https://www.timtec.net/> consulté le 10 juin 2020. [↑](#footnote-ref-75)
75. Society for the Preservation of Natural History Collections, ‘Threatened and Orphaned Collections’ (29 mars 2017) <https://spnhc.biowikifarm.net/wiki/Threatened\_and\_Orphaned\_Collections> consulté le 28 février 2020; Kevin McCluskey, ‘Orphaned and Endangered Collections, the Topic at Fort Collins Meeting’ (*ISBER News*, 8 décembre 2015) <http://news.isber.org/orphaned-and-endangered-collections-the-topic-at-fort-collins-meeting/> consulté le 28 février 2020; OECD, *Biological Resource Centres: Underpinning the Future of Life Sciences and Biotechnology* (OECD 2001) 23–24. [↑](#footnote-ref-76)
76. Voir le Règlement (EU) No. 511/2014 du Parlement européen et du Conseil européen sur les mesures d’application pour les utilisateurs du Protocole de Nagoya sur l’accès aux ressources génétiques et le partage juste et équitable des avantages résultant de leur utilisation dans l’Union européenne, Article 2.1 [2014] OJ L150/59. [↑](#footnote-ref-77)
77. Voir la Loi sur la biodiversité du Brésil, Article 2(VIII), Article 37, Loi No. 13,123/2015; voir aussi Colombie, Résolution 1348 [2014] et la Décision andine 391, Article 1, (1996); ou encore, Afrique du Sud, Loi sur la biodiversité : gestion environnementale nationale, Article 80, 2004 (Loi No. 10 de 2004) (et amendements de 2013). [↑](#footnote-ref-78)
78. WFCC et al., ‘Communication Of The World Federation For Culture Collection (WFCC), World Data Centre For Microorganisms (WDCM) & Transparent User-Friendly System Of Transfer Programme (TRUST) for Notification SCBD/ABS/VN/KG/Jh/86849’ (2017). Voir aussi Kate Davis et al., ‘Ex Situ Collections and the Nagoya Protocol: A Briefing on the Exchange of Specimens between European and Brazilian Ex Situ Collections, and the State of the Art of Relevant ABS Practices’ (Atelier international sur le rôle à accomplir par les collections biologiques au titre du Protocole de Nagoya, Brasilia, Brésil, 2013) 16–17. [↑](#footnote-ref-79)
79. WFCC et al. (n 75). Voir aussi ‘Membres du WFCC’ (*Fédération mondiale des collections de cultures*, non daté) <http://www.wfcc.info/index.php/membership/> consulté le 28 février 2020. (“768 collections de cultures provenant de 76 pays ont été enregistrées auprès du WDCM-CCINFO, dont 131 d’entre elles ont été enregistrées auprès du WFCC par des membres affiliés venant de 49 pays, comprenant un total de 966 utilisateurs inscrits”). [↑](#footnote-ref-80)
80. WFCC, *Guidelines for the Establishment and Operation of Collections of Cultures of Microorganisms* (3rd edn, WFCC 2010) para 17.6. [↑](#footnote-ref-81)
81. Jerome H Reichman et al., *Governing Digitally Integrated Genetic Resources, Data, and Literature: Global Intellectual Property Strategies for a Redesigned Microbial Research Commons* (Cambridge University Press 2016) 169. [↑](#footnote-ref-82)
82. Ibid. Voir aussi, Gerard Verkley et al., ‘New ECCO model documents for Material Deposit and Transfer Agreements in compliance with the Nagoya Protocol’, FEMS Microbiology Letters (2020) 367(5) <https://doi.org/10.1093/femsle/fnaa044>. [↑](#footnote-ref-83)
83. WFCC et al. (n 75). En effet, dans le cadre du processus suivi pour devenir une collection enregistrée, en vertu du Règlement UE 511/2014, le DSMZ de l’Institut Leibniz procède à des vérifications strictes concernant les dépositaires, avant d’accepter des nouveaux dépôts. On a ainsi observé une réduction de 20% des dépôts de spécimens. En conséquence, les collections de cultures qui souhaitent appliquer rigoureusement les principes consacrés dans le Protocole de Nagoya font face à un dilemme, ayant à choisir entre la poursuite d’une collecte scientifique de nouveaux composants de la biodiversité, et le respect de dispositions juridiquement contraignantes du Protocole de Nagoya. Voir :

 <https://ec.europa.eu/environment/nature/biodiversity/international/abs/pdf/Register-of-Collections.pdf>. [↑](#footnote-ref-84)
84. Voir Botanic Gardens Conservation International, ‘GardenSearch’ (non daté) <https://tools.bgci.org/garden\_search.php> consulté le 28 février 2020 (cité dans Davis et al. (n 75) 14). [↑](#footnote-ref-85)
85. Ibid. [↑](#footnote-ref-86)
86. Il convient de noter que 98,5% des membres de l’IPEN se situent dans l’hémisphère nord, et que 97% de ses membres se trouvent en Europe occidentale, centrale ou orientale. Voir la ‘Liste des jardins botaniques enregistrés (IPEN)’ (*IPEN*, 4 février 2020) <https://botu07.bio.uu.nl/data/ipenList.php> consulté le 10 juin 2020. [↑](#footnote-ref-87)
87. Botanic Gardens Conservation International, ‘International Plant Exchange Network Resources’ (non daté) <https://www.bgci.org/resources/bgci-tools-and-resources/international-plant-exchange-network-resources/> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-88)
88. Lui permettant de se proclamer “l’endroit le plus riche du monde en biodiversité.” Royal Botanic Gardens, Kew, ‘Welcome to The Royal Botanic Gardens, Kew’ (non daté) <https://www.kew.org/>, consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-89)
89. Royal Botanic Gardens, Kew ‘Policy on Access to Genetic Resources and Benefit-Sharing’ <https://www.kew.org/about-us/reports-and-policies/conservation-and-sustainable-use> consulté le 10 June 2020, s 3.1. [↑](#footnote-ref-90)
90. Ibid. s 4.3. [↑](#footnote-ref-91)
91. Royal Botanic Gardens, Kew, ‘Kew Economic Botany Database’ (non daté) <https://ecbot.science.kew.org/index.php> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-92)
92. Nous prenons note du fait que, comme souligné dans la communication de 2015 de l’UICN, “il existe une réelle différence entre ‘les spécimens dont on ne connaît pas la provenance’ et ‘les spécimens dont la provenance n’a pas été divulguée’ ; la GMBSM ne devrait pas devenir un outil au moyen duquel des utilisateurs ou collecteurs particuliers pourraient ou souhaiteraient éviter de respecter les obligations nationales en matière d’accès et de partage des avantages, simplement en indiquant qu’ils ne savent pas à quel endroit les ressources ont été obtenues.” UICN Groupe de spécialistes mondial conjoint SSC-WCEL sur l'accès et le partage des avantages, les ressources génétiques et les questions connexes (n 25). Nous ne sommes pas en mesure d’établir, sans autre information, lesquelles de ces classifications sont exactes pour les exemples de collections *ex situ* cités ou identifiés dans le cadre de la présente étude. Nous prenons note également du fait que dans le cas de spécimens anciens, pour lesquels on dispose d’informations incomplètes, il peut être possible de trouver des informations sur leur origine, *inter alia*, en les comparant aux plantes contenues dans d’autres collections numériques, ou en mettant à jour les noms et en consultant des experts. Voir Emma De Haas et al., ‘The Zierikzee herbarium: An analysis of the specimens and origins of an enigmatic herbarium’ (2019), <https://www.researchgate.net/publication/334415495>. [↑](#footnote-ref-93)
93. Barbara M Thiers, ‘The World’s Herbaria 2019: A Summary Report Based on Data from Index Herbariorum’ (New York Botanical Garden 2020) 1. [↑](#footnote-ref-94)
94. Voir la liste des 100 plus grands herbiers, ibid 8–13. [↑](#footnote-ref-95)
95. Entretiens anonymes au sein de FPW et MB, avec des membres du personnel de collections *ex situ* (2020). Voir aussi Soejarto D. D., Kinghorn A. D., Farnsworth N. R. Potential Sweetening agent of plant origin. III: “Organoleptic evaluation of Stevia leaf herbarium samples for sweetness”. J. Nat. Prod. 45, p. 590-598, (1983) cité dans le Brevet américain No. 9636314. [↑](#footnote-ref-96)
96. Freek T Bakker, ‘Herbarium Genomics: Plant Archival ADN Explored’ in Charlotte Lindqvist and Om P Rajora (eds), *Paleogenomics: Genome-Scale Analysis of Ancient ADN* (Springer International Publishing 2019), qui mentionne le succès de l'analyse d'un échantillon âgé de 146 ans. Voir Vanessa C Bieker and Michael D Martin, ‘Implications and Future Prospects for Evolutionary Analysis of ADN in Historical Herbarium Collections’ (2018) 165 Botany Letters 409, sur le potentiel offert par une telle utilisation. [↑](#footnote-ref-97)
97. MB, entretien avec un conservateur d’herbier anonyme (2020). [↑](#footnote-ref-98)
98. Décision de la Commission du 10 mai 2019, reconnaissant le Code de conduite et les bonnes pratiques pour l’accès et le partage des avantages applicables au sein du Consortium des institutions taxonomiques européennes, en tant que bonnes pratiques au titre du Règlement (EU) No 511/2014 du Parlement européen et Conseil européen, C (2019) 3380 final. [↑](#footnote-ref-99)
99. Consortium des institutions taxonomiques européennes (CETAF), ‘Code de conduite et bonnes pratiques pour l’accès et le partage des avantages’ (CETAF 2018) 4. [↑](#footnote-ref-100)
100. Voir le Règlement UE 511/2014. [↑](#footnote-ref-101)
101. Consortium des institutions taxonomiques européennes (CETAF) (n 96) 5. [↑](#footnote-ref-102)
102. Ibid. [↑](#footnote-ref-103)
103. Ibid 6. [↑](#footnote-ref-104)
104. Loi n° 2016-1087 du 8 août 2016 pour la reconquête de la biodiversité, de la nature et des paysages, JORF n°0184 du 9 août 2016, L. 412-6 : « Dans le cas de collections de ressources génétiques ou de connaissances traditionnelles connexes constituées avant la publication de la loi n° 2016-1087 du 8 août 2016 pour la reconquête de la biodiversité, de la nature et des paysages, les procédures d'accès et de partage des avantages sur les ressources génétiques qui relèvent de la souveraineté de l'Etat et les connaissances traditionnelles associées à ces ressources génétiques s'appliquent… à toute nouvelle utilisation à d’autres fins. Une nouvelle utilisation est définie comme toute activité de recherche et développement dont l’objectif explicite est le développement commercial et dont le domaine d'activité se distingue de celui précédemment couvert par un même utilisateur, avec la même ressource génétique ou connaissance traditionnelle connexe ». [↑](#footnote-ref-105)
105. Catherine Aubertin et Anne Nivart, ‘Musée et Collections Sous Le Protocole de Nagoya’ dans François Mairesse (ed), *Définir le musée du XXIe siècle: Matériaux pour une discussion* (ICOFOM 2017). [↑](#footnote-ref-106)
106. Au moins une Partie au Protocole de Nagoya, à savoir le Mexique, n’impose aucune procédure en matière d’accès et de partage des avantages pour les semences agricoles. Voir par exemple ABSCH-IRCC-MX-241563-1, ABSCH-IRCC-MX-208823-1 et ABSCH-IRCC-MX-207343-3. D’autre part, les graines de soja ne sont pas inscrites à l’Annexe 1 du Traité international sur les ressources phytogénétiques pour l’alimentation et l’agriculture. [↑](#footnote-ref-107)
107. La coalition inclut la Déclaration de Berne, Greenpeace, avec le soutien de plus de 300 ONG et agriculteurs. Voir Emanuela Gambini, ‘No Patents on Seeds Files an Opposition against Monsanto’s Patent EP 2 134 870 B1 Covering the Selection of Soybean Plantes et Seeds’ (2015) 6 European Journal of Risk Regulation 134. [↑](#footnote-ref-108)
108. Brevet européen (EPO) EP2134870 B1. La demande indique que l’invention peut être appliquée à une plante “issue du groupe composé des membres du genre Glycine, et plus spécifiquement issue du groupe composé de : *Glycine arenaria, Glycine argyrea, Glycine canescens, Glycine clandestine, Glycine curvata, Glycine cyrtoloba, Glycine falcate, Glycine latifolia, Glycine latrobeana, Glycine max, Glycine microphylla, Glycine pescadrensis, Glycine pindanica, Glycine rubiginosa, Glycine soja, Glycine sp., Glycine stenophita, Glycine tabacina, et Glycine tomentella*.” [↑](#footnote-ref-109)
109. Ibid. [↑](#footnote-ref-110)
110. Brevet européen (EPO) EP 2134870 B1, para. 3. [↑](#footnote-ref-111)
111. Ibid, para. 114. Dans la demande de brevet, le terme “lignée” est défini comme “un groupe de plantes individuelles ayant une même parenté, avec des caractéristiques semblables.” Para. 18. [↑](#footnote-ref-112)
112. Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique, ‘Rapport du Groupe spécial d’experts techniques sur l’information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques,’ CBD/DSI/AHTEG/2020/1/7 (consulté le 20 mars 2020). [↑](#footnote-ref-113)
113. Ibid, para 30. [↑](#footnote-ref-114)
114. Bagley et al. (n 30). [↑](#footnote-ref-115)
115. Fabian Rohden et al., ‘Combined Study On Digital Sequence Information In Public And Private Databases And Traceability’ (Secrétariat de la Convention sur la diversité biologique 29 janvier 2020) 16. Disponible à l’adresse : https://www.cbd.int/doc/c/1f8f/d793/57cb114ca40cb6468f479584/dsi-ahteg-2020-01-04-en.pdf. [↑](#footnote-ref-116)
116. Voir ‘Response from International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC), en réponse à la demande de la CBD de fournir des points de vue et des informations sur l’information de séquençage numérique concernant les ressources génétiques’ (1er juin 2019). Voir aussi Rohden et al. (n 112). [↑](#footnote-ref-117)
117. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics/>. Les bases sont les nucléotides représentés par les lettres A, C, G, et T pour l’ADN. Il convient de noter qu’une grande partie du contenu de l’INDSC concerne de l’ADN humain, ou provient de pays qui n’exigent pas un consentement préalable donné en connaissance de cause. [↑](#footnote-ref-118)
118. <https://www.earthbiogenome.org/>. Voir aussi Harris A Lewin et al., ‘Earth BioGenome Project: Sequencing Life for the Future of Life’ (2018) 115 Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 4325. [↑](#footnote-ref-119)
119. Rohden et al. (n 112). La mention du pays fournisseur dans l’INDSC est devenue obligatoire pour les échantillons obtenus sur le terrain, depuis 2011.  [↑](#footnote-ref-120)
120. “BLAST trouve les régions homologues entre les séquences biologiques. Le programme compare les nucléotides ou les séquences de protéines avec les bases de données sur les séquences, et calcule l’importance statistique.” <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>. [↑](#footnote-ref-121)
121. Shafeeq Rahman et al., ‘Transcriptome-Based Reconstruction of Gibberellic Acid Shafeeq Rahman and others, ‘Transcriptome-Based Reconstruction of Gibberellic Acid Biosynthetic Pathway in Coconut (Cocos Nucifera L.)’ (2015) 10 Research journal of biotechnology 56, 63. Plusieurs étapes intermédiaires et d’autres bases de données ont été utilisées pour ce processus. Il semble que les auteurs aient effectué la séquence des enzymes AG3, puis procédé à un alignement en utilisant « tblastn », une fonction au sein de BLAST permettant d’identifier les séquences qui encodent les protéines semblables à la protéine recherchée. Ils ont aussi utilisé HMMER, qui est semblable à BLAST, pour effectuer cet alignement. Ils ont utilisé l’alignement pour identifier 37 gènes ayant des similitudes avec la voie de synthèse biologique AG3, puis ils ont eu recours à la base de connaissances sur l’ontologie du gène au moyen de Blast2GO, qui utilise BLAST pour annoter les fonctions des gènes identifiés à partir de données existantes. Enfin, ils ont comparé les gènes annotés, obtenus par l’ontologie du gène, aux voies de synthèse biologique dans la base de données KEGG, qui fournit une cartographie des interactions moléculaires dans les voies de synthèse métaboliques, y compris la biosynthèse. En comparant les 37 gènes ayant des similitudes avec la voie de synthèse de référence dans KEGG, ils ont pu identifier les sept principaux gènes impliqués dans la voie de synthèse AG3. Voir <https://www.genome.jp/kegg/pathway.html>; <https://www.nature.com/articles/nrg3174>; et <http://geneontology.org/>. [↑](#footnote-ref-122)
122. Dans ses observations, soumises à un comité de lecture, portant sur une étude combinée de l’information de séquençage numérique dans des bases de données publiques et privées, et sur la traçabilité de l’information de séquençage numérique, l’International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) a fait observer que “de nombreuses utilisations de [données de séquences nucléotidiques] ne concernent pas la récupération de séries entières de données, mais visent plutôt le découpage et l’assemblage de petits éléments de nombreuses données enregistrées (par exemple, un gène provenant de 100 assemblages de génome, issus de différentes espèces au sein d’un groupe taxonomique).” [↑](#footnote-ref-123)
123. BLAST n’est pas le seul outil de ce type ; il existe de nombreux autres moteurs de recherche, tels que FASTA, BLAST+, BLASTn, et BLAST2go. [↑](#footnote-ref-124)
124. GenBank, ‘GenBank Overview’ https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/ “La base de données GenBank est conçue pour fournir et pour encourager un accès de la communauté scientifique aux informations de séquençage d’ADN les plus récentes et les plus complètes. En conséquence, le NCBI n’impose aucune restriction à l’utilisation ou à la diffusion des informations contenues dans GenBank.” [↑](#footnote-ref-125)
125. Edward Hammond, ‘Ebola: Company Avoids Benefit Sharing Obligations By Using Sequences’ (Third World Network, mai 2019), citant Kristen E Pascal et al., ‘Development of Clinical-Stage Human Monoclonal Antibodies That Treat Advanced Ebola Virus Disease in Nonhuman Primates’ (2018) 218(suppl\_5) Journal of Infectious Diseases S612. [↑](#footnote-ref-126)
126. Ibid. [↑](#footnote-ref-127)
127. ‘PALM Ebola Clinical Trial Stopped Early as Regeneron’s REGN-EB3 Therapy Shows Superiority to ZMapp in Preventing Ebola Deaths’ (*Regeneron Pharmaceuticals Inc.*, 12 août 2019) <https://newsroom.regeneron.
com/news-releases/news-release-details/palm-ebola-clinical-trial-stopped-early-regenerons-regn-eb3> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-128)
128. Voir USG Contract No. HHSO100201500013C et USG Contract No. HHSO100201700016C. [↑](#footnote-ref-129)
129. Désignation par la FDA de ‘trois IgG1 mAbs humains (REGN3470, REGN3471, et REGN3479) qui agissent contre différents épitopes présents sur la glycoprotéine du virus Ebola’; Désignation par l’EMA de ‘trois anticorps monoclonaux humains agissant contre la glycoprotéine EBOV.’ Voir aussi Kiran N Meekings et al., ‘Orphan Drug Development: An Economically Viable Strategy for Biopharma R&D’ (2012) 17 Drug Discovery Today 660. [↑](#footnote-ref-130)
130. Hammond (n 122). [↑](#footnote-ref-131)
131. Michelle Rourke et al., ‘Policy opportunities to enhance sharing for pandemic research’ (2020) 368 Science 717. [↑](#footnote-ref-132)
132. H. M. Berman et al., ‘The future of the protein data bank’ (2013) 99 Biopolymers 218. [↑](#footnote-ref-133)
133. Ibid. [↑](#footnote-ref-134)
134. David S. Goodsell et al., ‘RCSB Protein Data Bank: Enabling biomedical research and drug discovery’ (2020) 29 Protein Science 52.  [↑](#footnote-ref-135)
135. Ibid 54. [↑](#footnote-ref-136)
136. Ibid. [↑](#footnote-ref-137)
137. Ibid. [↑](#footnote-ref-138)
138. Maria Sorokina and Christoph Steinbeck, ‘Review on Natural Products Databases: Where to Find Data in 2020’ (2020) 12 Cheminform 1. [↑](#footnote-ref-139)
139. Ibid 2. [↑](#footnote-ref-140)
140. Ibid. [↑](#footnote-ref-141)
141. Ibid 44. [↑](#footnote-ref-142)
142. Fidele Ntie-Kang et al. ‘Virtualizing the p-ANAPL Library: A Step towards Drug Discovery from African Medicinal Plants’ (2014) 9(3) PLoS ONE e9065. [↑](#footnote-ref-143)
143. Fidele Ntie-Kang et al., ‘AfroDb: A Select Highly Potent and Diverse Natural Product Library from African Medicinal Plants’ (2013) 8(10) PLoS ONE e78085. [↑](#footnote-ref-144)
144. Fidele Ntie-Kang et al., ‘NANPDB: A Resource for Natural Products from Northern African Sources’ (2017) 80 J. Nat. Prod. 2067−2076. [↑](#footnote-ref-145)
145. Sorokina and Steinbeck, 41-43. [↑](#footnote-ref-146)
146. Brian Moran and Benjamin Jensen, ‘Designing Around a Patent as an Alternative to a License’ (*IPWatchdog.com | Patents & Patent Law*, 30 juillet 2019) <https://www.ipwatchdog.com/2019/07/30/designing-around-patent-alternative-license/id=111683/> consulté le 28 février 2020. Voir *State Industries, Inc v AO Smith Corp* 751 Federal Reporter, 2nd Series 1226, 1236 (US Fed Cir 1985): ‘L'un des avantages du système de brevets est ce qu'on appelle une “incitation négative” à “concevoir autour” un produit compétitif.’) [↑](#footnote-ref-147)
147. Moran and Jensen (n 143). [↑](#footnote-ref-148)
148. MB, Entretien avec un chercheur et conseiller général anonyme dans l’industrie de la biologie de synthèse (2020). [↑](#footnote-ref-149)
149. Víctor de Lorenzo and Antoine Danchin, ‘Synthetic Biology: Discovering New Worlds and New Words. The New and Not so New Aspects of this Emerging Research Field’ (2008) 9 EMBO Rep 822. Une partie des recherches effectuées dans le domaine de la biologie de synthèse se sont intéressées également aux organismes de novo. Cependant, dans des efforts prodigués pour convenir d’une terminologie commune, un rapport de 2014 d’un comité de la Commission scientifique européenne a adopté une définition de la biologie de synthèse qui inclut nécessairement un organisme vivant, reléguant ainsi les recherches sur des organismes de novo au domaine de la chimie. Voir SCENIHR et al., *Opinion I: Synthetic Biology: Definition* (European Commission Scientific Committees 2014). [↑](#footnote-ref-150)
150. Décision XIII/17 de la CBD : Biologie de synthèse, CBD/COP/DEC/XIII/17 (16 décembre 2016). Voir aussi Wilfried Weber and Martin Fussenegger, ‘The Impact of Synthetic Biology on Drug Discovery’ (2009) 14 Drug Discovery Today 956; voir également Presidential Commission for the Study of Bioethical Issues, ‘New Directions: The Ethics of Synthetic Biology and Emerging Technologies’ (Presidential Commission for the Study of Bioethical Issues 2010) 43–46. [↑](#footnote-ref-151)
151. Voir Wael Houssen et al., ‘Digital Sequence Information on Genetic Resources: Concept, Scope and Current Use (CBD/DSI/AHTEG/2020/1/3 29 janvier 2020). [↑](#footnote-ref-152)
152. Groupe de travail de la CCI sur l’accès et le partage des avantages, ‘L'information de séquençage numérique et le Protocole de Nagoya’ (Chambre de commerce internationale 2017). [↑](#footnote-ref-153)
153. U.S. Pat. Appl. Pub. No. 2013/0171328A1 “Production of Steviol Glycosides in Microorganisms” paragraphe 125. [↑](#footnote-ref-154)
154. Dans un autre exemple souvent cité, des chercheurs ont mis au point et reproduit une copie synthétique de thébaïne, un précurseur de morphine extrait des coquelicots depuis des millénaires, en utilisant de la levure imprégnée d’informations de séquençage génétique provenant de plusieurs espèces végétales, d’une bactérie, et d’un rongeur. Voir Robert F Service, ‘Modified Yeast Produce Opiates from Sugar’ (2015) 349 Science 677. Mais il existe de nombreux autres exemples, y compris un processus semblable qui utilise de la levure ou *E.coli* pour produire le goût et le parfum de l’ingrédient vanilline, pouvant inclure l’utilisation de différents gènes ou voies de synthèse biologique provenant de différents organismes donateurs, dont la vanille (*Vanilla planifolia*), les êtres humains ou des espèces bactériennes, entre autres. Voir par exemple Nethanji J Gallage and Birger Lindberg Møller, ‘Vanillin—Bioconversion and Bioengineering of the Most Popular Plant Flavor and Its De Novo Biosynthesis in the Vanilla Orchid’ (2015) 8 Molecular Plant 40. Les auteurs indiquent aussi, au paragraphe 53 : “Des opportunités entièrement nouvelles pour la production de vanilline naturelle basée sur la biotechnologie peuvent surgir grâce à la récente identification de l’enzyme de synthèse de la vanilline VpVAN provenant de l’espèce *Vanilla planifolia* et de glécome lierre (*Glechoma hederacea*)” (effet souligné ajouté). Voir aussi Prashanth Srinivasan et Christina D Smolke, ‘Engineering a Microbial Biosynthesis Platform for de Novo Production of Tropane Alkaloids’ (2019) 10 Nature Communications 3634, qui décrit “une production de novo de tropine, un intermédiaire essentiel dans la voie de synthèse biologique d’alcaloïdes médicinaux de Tropine, tels que la scopolamine, provenant de simples sources de carbone et d’azote présents dans la levure (Saccharomyces cerevisiae). Notre lignée produite par ingénierie intègre 15 gènes supplémentaires, dont 11 sont dérivés de différentes plantes et bactéries”. [↑](#footnote-ref-155)
155. Tae Seok Moon et al., ‘Production of Glucaric Acid from a Synthetic Pathway in Recombinant Escherichia Coli’ (2009) 75 Applied and Environmental Microbiology 589. [↑](#footnote-ref-156)
156. Ibid. [↑](#footnote-ref-157)
157. Ibid. Les auteurs expliquent:

 “L’utilisation… [Ino1] de Saccharomyces cerevisiae pour produire des concentrations élevées de myo-inositol obtenu par fermentation d’E. coli [a] été signalée par le passé…. MIOX est une protéine d’origine eucaryote principalement, et des gènes homologues provenant d’êtres humains, de souris, rats et cochons sont ceux qui ont été le mieux caractérisés. La version souris de [MIOX] a été celle aux propriétés les plus favorables pour une expression dans E. coli et a été choisie pour l’étude. Une version synthétique du gène a été achetée dans ADN 2.0, avec une optimisation codon pour E. coli…. Nous avons récemment cloné et caractérisé le gène encodant l’activité udh à partir de l’espèce de tomate Pseudomonas syringae pv. DC3000. Nous avons trouvé que le gène udh était très bien exprimé dans E. coli, résultant en une forte activité enzymatique.” La première caractérisation des enzymes a nécessité du matériel physique, mais après cela, aucun matériel physique n’a été nécessaire. » (Effet souligné ajouté)

Voir aussi le Brevet SU1753949A3, qui décrit une méthode pour produire le 2-keto-acide glucarique-D et utilise l’organisme non type *Pseudogluconobacter saccharoketogene* pour la production d’acide glucarique-D. [↑](#footnote-ref-158)
158. Houssen et al. (n 148) citant Toby H Richardson et al., ‘A Novel, High Performance Enzyme for Starch Liquefaction. Discovery and Optimization of a Low PH, Thermos table Alpha-Amylase’ (2002) 277 The Journal of Biological Chemistry 26501. [↑](#footnote-ref-159)
159. Ghosh IN, Martien J, Hebert AS, et al. OptSSeq étudient l’étendue de l’expression et de la fonction des enzymes pour optimiser le taux de production d’isobutanol. *Metab Eng*. 2019;52:324‐340. doi:10.1016/j.ymben.2018.12.008. [↑](#footnote-ref-160)
160. Ibid. [↑](#footnote-ref-161)
161. Ibid. [↑](#footnote-ref-162)
162. Ibid. [↑](#footnote-ref-163)
163. Voir par exemple Alastair Crisp et al., ‘Expression of Multiple Horizontally Acquired Genes is a Hallmark of Both Vertebrate and Invertebrate Genomes’ (2015) 16 Genome Biology 50. [↑](#footnote-ref-164)
164. Margo A Bagley, ‘Towering Wave or Tempest in a Teapot? Synthetic Biology, Access and Benefit-Sharing, and Economic Development’ in Susy Frankel and Daniel Gervais (eds), *Intellectual Property and the Regulation of the Internet* (Victoria University Press 2017) 95. [↑](#footnote-ref-165)
165. Voir supra fn 42, Suisse, Déclaration de la source. [↑](#footnote-ref-166)
166. Comme l’indique une communication venant du secteur privé, “s’il était décidé que l’information de séquençage numérique entre dans le champ d’application du Protocole, la charge administrative que représente la négociation d’une myriade d’accords sur l’accès et le partage des avantages pour des séquences dont la valeur d’intrant est aléatoire sera importante.” Groupe de travail de la CCI sur l’accès et le partage des avantages (n 149). Mais, comme d’autres l’ont fait observer, “les avancées dans le domaine de la biologie de synthèse pourraient entraîner une réticence des gouvernements à partager des [informations de séquençage numérique] dans des bases de données accessibles au public, si cela implique de ne pas pouvoir bénéficier des avantages procurés en appliquant leurs lois nationales sur l’accès et le partage des avantages.” Michelle Rourke et al., ‘Policy opportunities to enhance sharing for pandemic research’, (2020) 368 Science 717. Ce commentaire a été fait dans le contexte d’un partage d’informations sur des échantillons de virus pathogène, mais s’applique également à d’autres sujets traités dans le cadre de la législation nationale sur l’accès et le partage des avantages. [↑](#footnote-ref-167)
167. Roger Chennells, ‘Traditional Knowledge and Benefit Sharing after the Nagoya Protocol: Three Cases from South Africa’ (2013) 9 Law, Environment and Development Journal 169 (l’auteur note “la complexité de l’origine des communautés . . . [dans] les pays où des populations ont été perturbées par plusieurs siècles de migration et de colonisation.”) [↑](#footnote-ref-168)
168. MB, Entretien avec Dario Luque et Jorge Garcia (2020). Dans des observations soumises à un examen par des pairs, le Gouvernement colombien a indiqué qu’il fonctionne de la même façon que le Panama sur ces questions. [↑](#footnote-ref-169)
169. Communication, Costa Rica (2015). Cependant, des observations du Costa Rica, soumises à un examen par des pairs, suggèrent une évolution des positions, afin d’inclure la possibilité d’une résolution subordonnée au consentement du peuple Ngobe Bugle. [↑](#footnote-ref-170)
170. Voir Natural Justice and Access and Benefit-Sharing Capacity Development Initiative, ‘Experiences and Lessons Learned from the Development and Implementation of Community Protocols and Procedures: Contribution to the First Assessment and Review of the Effectiveness of the Nagoya Protocol’ (Natural Justice and Access and Benefit-Sharing Capacity Development Initiative 2017) 20. [↑](#footnote-ref-171)
171. Brevet américain No. 6 350 478 (“l’espèce *Artemisia judaica*est utilisée dans la médecine traditionnelle en Lybie, sous forme d’infusion comme traitement contre le “syndrome de cachexie”, presque certainement du diabète sucré.”). Voir aussi Daniel F. Robinson, *Confronting Biopiracy: Challenges, Cases and International Debates* (Earthscan 2010) 60 (lequel cite plusieurs publications documentant les utilisations traditionnelles de cette plante). [↑](#footnote-ref-172)
172. M.S. Abu-Darwish, et al., Chemical composition and biological activities of *Artemisia Judaica* essential oil from southern desert of Jordan, J. Ethnopharmacology 191 (2016) 161 (“*A. judaica* a été décrite par des herboristes jordaniens comme traitement traditionnel contre la thrombose artérielle coronarienne et l’infarctus du myocarde . . . . il existe des indications d’utilisation de l’espèce *A. judaica* dans la médecine traditionnelle des Bédouins du désert d’Arabie saoudite et du Sinai.”) [↑](#footnote-ref-173)
173. Yasser A. El-Amier, et al., Potential of wild plant Artemisia judaica L. as sustainable source of antioxidant and antimicrobial compounds, J. Experimental Sci. (2019), 10: 04-08. [↑](#footnote-ref-174)
174. L’annulation de projets en raison d’une incapacité à obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause en temps voulu n’est pas seulement purement hypothétique. Une communication de 2017 provenant d’un jardin botanique a indiqué qu’en raison d’une telle difficulté, “les premières applications et les projets de recherche de base ont dû être annulés”. Voir ‘Comments on behalf of Botanic Gardens’ (esp. IPEN – International Plant Exchange Network) (2017). [↑](#footnote-ref-175)
175. Il semble que tel est le cas en ce qui concerne l’auto-fertilisation du maïs *olotón*, qui est capable d’assimiler son propre azote, et est cultivé par les agriculteurs autochtones du Mexique et du Guatemala depuis plusieurs millénaires. Des chercheurs ont négocié un accord sur le partage des avantages avec un groupe de peuples autochtones et communautés locales dans une partie du Mexique uniquement. On notera que le Mexique n’est pas Partie au Traité international sur les ressources phytogénétiques pour l’alimentation et l’agriculture. Voir Martha Pskowski, ‘Indigenous Maize: Who Owns the Rights to Mexico’s ‘Wonder’ Plant?’ Yale 360 (2019), <https://e360.yale.edu/features/indigenous-maize-who-owns-the-rights-to-mexicos-wonder-plant>. [↑](#footnote-ref-176)
176. Voir Graham Dutfield, ‘Traditional Knowledge, Intellectual Property and Pharmaceutical Innovation: What’s Left to Discuss?’ in Matthew David and Debora Halbert (eds), *The SAGE Handbook of Intellectual Property* (SAGE 2014).(“Les ressources génétiques et les connaissances traditionnelles qui sont en libre circulation n’ont pas toujours des origines détectables ou connues ; ces origines peuvent remonter très loin dans le temps, parfois plusieurs siècles. Les sources des ressources génétiques et des connaissances traditionnelles peuvent être entièrement différentes. Un exemple est celui de la Pervenche rose . . . ”) [↑](#footnote-ref-177)
177. Michael F. Brown, *Who Owns Native Culture?* (Harvard Univ. Press 2003) 136. Voir aussi ‘Arizona State University Vascular Plant Herbarium Catalog No ASU0104660’ (n 38). [↑](#footnote-ref-178)
178. ibid. Voir aussi Sarah Laird, ‘Natural Products and the Commercialization of Traditional Knowledge,’ in Tom Greaves (ed.) *Intellectual Property Rights for Indigenous Peoples: A Sourcebook* (SfAA 1999) 151. [↑](#footnote-ref-179)
179. Voir Brevet américain No US3097137A sur la *Vincaleukoblastine*. Graham Dutfield indique que le brevet a été accordé à des fins d’exploitation commerciale à Eli Lilly, voir Dutfield (n 173). [↑](#footnote-ref-180)
180. Voir Ruth L Okediji, ‘Negotiating the Public Domain in an International Framework for Genetic Resources, Traditional Knowledge and Traditional Cultural Expressions’ in Daniel Robinson et al. (eds), *Protecting Traditional Knowledge: The WIPO Intergovernmental Committee on Intellectual Property and Genetic Resources, Traditional Knowledge and Folklore* (Routledge 2017) 145. Comme l’explique le Professeur Okediji :

 Il n’existe pas un “domaine public” unique. C’est plutôt chaque forme de propriété intellectuelle qui produit un domaine public constitué de façon différente. Dans le droit de la propriété intellectuelle, par exemple, le domaine public inclut des sujets ne pouvant pas être protégés par une propriété intellectuelle . . . et des travaux pour lesquels la propriété intellectuelle est expirée. De plus, les droits de propriété intellectuelle viennent à expiration à différents moments dans différents pays. . . . Le domaine public en droit des brevets comprend de la même façon des sujets ne pouvant pas bénéficier de droits de propriété intellectuelle, des brevets expirés, des brevets invalidés, et des brevets expirés prématurément en raison de frais de maintien non payés. Et, à nouveau, les brevets comprennent des clauses de protection différentes dans différents pays : certains pays autorisent des extensions et des ajustements de la protection, tandis que d’autres ne le permettent pas. Dans le droit des marques, le domaine public consiste essentiellement en un sujet qui a perdu sa fonction d’identification d’une source.

Voir aussi OMPI, ‘Note on the Meanings of the Term "Public Domain" in the Intellectual Property System with Special Reference to the Protection of Traditional Knowledge and Traditional Cultural Expressions/Expressions of Folklore,’ WIPO/GRTKF/IC/17/INF/8 (Nov. 24, 2010) (“Le domaine public, dans le droit de la propriété intellectuelle, est constitué généralement de matériel intangible qui ne bénéficie pas de droits de propriété intellectuelle exclusifs et qui sont donc disponibles gratuitement aux fins d’utilisation ou d’exploitation par toute personne. . . .Le domaine public est cependant un concept élastique, versatile et relatif, et ne peut être restreint à une interprétation juridique uniforme.”). [↑](#footnote-ref-181)
181. L’article 16.3 du Protocole de Nagoya dispose que : “les Parties coopèrent, dans la mesure du possible et selon qu’il convient, en cas de violation présumée des dispositions législatives ou réglementaires internes en matière d’accès et de partage des avantages…” [↑](#footnote-ref-182)
182. À titre d’exemple, certains groupes peuvent avoir disparu depuis. Voir par exemple Harmeet Shah Singh, *‘Ancient Tribe Becomes Extinct as Last Member Dies’* (*CNN.com*, 5 février 2010)

<https://edition.cnn.com/2010/WORLD/asiapcf/02/05/india.extinct.tribe/index.html> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-183)
183. Comme la médecine traditionnelle chinoise. Voir plus généralement Xijun Wang, ed., Serum Pharmacochemistry of Traditional Chinese Medicine: Technologies, Strategies and Applications (Academic Press 2017). [↑](#footnote-ref-184)
184. Commission de la recherche technique scientifique de l’Union africaine (n 39) 27. [↑](#footnote-ref-185)
185. Commission de la recherche technique scientifique de l’Union africaine (n 39). [↑](#footnote-ref-186)
186. Daniel E Moerman, *Native American Ethnobotany* (Timber Press 1998). Description provenant d’Amazon.com <https://www.amazon.com/Native-American-Ethnobotany-Daniel-Moerman/dp/0881924539> consulté le 28 février 2020. [↑](#footnote-ref-187)
187. Voir par exemple Christina Leza, *For Native Americans, US-Mexico border is an ‘imaginary line’* (*The Conversation*, 19 mars 2019) <<https://theconversation.com/for-native-americans-us-mexico-border-is-an-imaginary-line-111043>> consulté le 23 mai 2020 . L’auteur indique qu’“aujourd’hui, des dizaines de milliers de personnes appartenant aux tribus autochtones américaines vivent dans les Etats mexicains de Baja California, Sonora, Coahuila et Chihuahua . . . De nombreux américains autochtones . . . nomment la frontière entre les Etats-Unis et le Mexique “la ligne imaginaire” – une frontière invisible créée par les puissances coloniales, et demandent une reconnaissance de leurs propres territoires autochtones souverains . . . . Officiellement, plusieurs lois et traités fédéraux consacrent le droit des tribus officiellement reconnues à traverser la frontière entre les Etats-Unis, le Mexique et le Canada.” [↑](#footnote-ref-188)
188. FPW, Entretien avec un expert en ethnobotanique (2020). [↑](#footnote-ref-189)
189. Dutfield (n 34) 262–63. [↑](#footnote-ref-190)
190. Ibid. [↑](#footnote-ref-191)
191. Il convient de noter que des informations sont souvent incluses à titre de notes dans les fichiers d’herbier. Pour les nouvelles acquisitions, il est possible de chercher à obtenir un consentement préalable donné en connaissance de cause auprès des peuples autochtones et communautés locales ; ceci est généralement considéré comme une bonne pratique (voir Code de conduite CETAF, page 6 note de bas de page 10, et Annexe 2 Partie 1). [↑](#footnote-ref-192)
192. MB, Entretien avec un expert en ethnobotanique (2020). [↑](#footnote-ref-193)