



Convention sur la diversité biologique

Distr. générale
17 juin 2026
Français
Original : anglais

Organe subsidiaire chargé de l'application

Septième réunion

Nairobi, 4–12 août 2026

Point 5 de l'ordre du jour provisoire*

Information de séquençage numérique sur les ressources génétiques

Sommaire exécutif de l'étude commandée sur les outils et modèles, tels que les bases de données, permettant de mettre l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques à la disposition du public et de la rendre accessible de manière transparente et responsable**

Note du secrétariat agissant en tant que secrétariat par intérim du Mécanisme multilatéral, y compris le Fonds de Cali***

I. Introduction

1. Dans la décision [16/2](#), la Conférence des Parties à la Convention sur la diversité biologique a adopté les modalités visant à rendre opérationnel le mécanisme multilatéral de partage juste et équitable des avantages découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, y compris un fonds mondial devant être dénommé « Fonds de Cali ».
2. Au paragraphe 4 de cette même décision, la Conférence des Parties a décidé d'étudier de possibles nouveaux outils et modèles, tels que des bases de données, afin de mettre l'information de séquençage numérique relative aux ressources génétiques à la disposition du public et de la rendre accessible à toutes les Parties de manière transparente et responsable. Au paragraphe 5 de cette décision, la Conférence des Parties a invité les Parties, les autres gouvernements, les peuples autochtones et communautés locales, ainsi que les organisations compétentes, à présenter leurs points de vue sur cette question et, au paragraphe 6, a prié la Secrétaire exécutive : a) de synthétiser les points de vue présentés, et b) de commander une étude visant à examiner les options permettant de mettre à la disposition du public et de rendre accessible, de manière transparente et responsable, l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques.
3. En réponse, le secrétariat a publié la notification n°[2024-115](#) et la synthèse complète des avis est mise à disposition sous forme de document d'information. Un sommaire des avis figure dans le document [CBD/SBI/7/5](#).
4. Le Secrétariat a également commandé un rapport sur les outils et modèles existants en matière de disponibilité et d'accessibilité de l'information de séquençage numérique, ainsi qu'une évaluation

* [CBD/SBI/7/1](#).

** Le présent document est publié sans avoir fait l'objet d'une révision formelle.

*** Au paragraphe 28, le texte des modalités du Mécanisme multilatéral, y compris le Fonds de Cali, prévoit la création d'un secrétariat, dont les fonctions sont décrites dans l'annexe V des modalités (voir l'annexe à la décision [16/2](#)). En attendant la mise en place de ce secrétariat, les responsables concernés du secrétariat de la Convention assurent, à titre provisoire, les fonctions de secrétariat du Mécanisme multilatéral, y compris du Fonds de Cali

de leurs avantages et de leurs limites, ce qui a donné lieu à des recommandations concernant la nécessité éventuelle de nouveaux outils et modèles dédiés à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, en vue de répondre aux critères de transparence et de responsabilité.

5. Le présent document présente le sommaire de cette étude. L'étude complète est disponible sous la forme d'un document d'information dans lequel figurent toutes les références.

II. Méthodologie et limites

A. Méthodologie de l'étude

6. Cette étude s'appuie sur des informations issues de la littérature, sur le contenu des prises de position, des entretiens informels et des réponses reçues à la suite de deux enquêtes élaborées à cette fin.

7. Lors des 40 entretiens informels, les personnes invitées ont été sélectionnées de manière à assurer une large représentation disciplinaire, géographique et culturelle, afin de recueillir des informations permettant de mieux cerner la diversité des points de vue et des visions du monde, d'identifier les lacunes et de proposer des solutions potentielles. La répartition des personnes interrogées était la suivante : 22 % de représentants des Parties/gouvernements, 22 % de peuples autochtones et communautés locales, 19 % de chercheurs universitaires, 17 % de gestionnaires de bases de données, 14 % de représentants du secteur privé et 6 % de communautés locales. Sur le plan géographique, l'Europe, l'Amérique du Nord et l'Océanie étaient surreprésentées, probablement en raison du nombre important de gestionnaires de bases de données, d'employés de la Convention, ainsi que de populations autochtones et communautés locales qui ont été interrogés dans ces régions. Il est possible que le fait que les entretiens aient été menés uniquement en anglais ait pu créer un biais dans la participation.

8. Pour les enquêtes menées auprès du milieu universitaire et du secteur privé, les principaux objectifs étaient les suivants : a) déterminer s'il était nécessaire de créer une nouvelle base de données d'information de séquençage numérique, b) identifier les lacunes du réseau actuel de bases de données, et c) proposer des solutions pour combler les lacunes identifiées. Un important travail de vulgarisation a été mené afin de garantir une large représentation géographique, disciplinaire/sectorielle et culturelle. L'enquête menée auprès du milieu universitaire a recueilli 154 réponses, avec une surreprésentation de l'Europe (45,8 %), de l'Amérique du Nord (19 %) et de l'Océanie (11,8 %), reflétant la tendance observée dans l'enquête universitaire, probablement pour des raisons similaires. Il convient de prendre note que seuls neuf représentants du secteur privé ont participé, malgré les efforts déployés pour les impliquer et pour affiner l'enquête afin de répondre à leurs préoccupations. Ce nombre s'est avéré insuffisant pour l'analyse démographique ou statistique.

B. Limitations

9. Les limites de cette étude étaient les suivantes :

a) Cette étude s'inscrivait dans un délai serré de sept mois, ce qui n'a pas permis de mettre en place un processus d'évaluation par les pairs ;

b) Il n'existe toujours pas de définition internationalement reconnue de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques ;

c) Les entretiens et enquêtes ont été menés exclusivement en anglais, ce a potentiellement limité la participation ;

d) Dans les deux enquêtes, le terme « (méta)base de données » a été utilisé pour désigner une base de données contenant des informations de séquençage numérique, afin d'employer des termes plus courants ; toutefois, cela a semé la confusion chez certains participants du secteur privé. Ce terme a été corrigé, mais cela a peut-être limité le nombre de réponses provenant du secteur privé.

10. En ce qui concerne l'enquête auprès du secteur privé, six participants provenaient d'Amérique latine et des Caraïbes et trois d'autres régions. Seul un sommaire qualitatif est fourni pour ces derniers.

11. La structure du réseau mondial actuel de bases de données est extrêmement complexe ; il se compose en effet de milliers de bases de données gérées selon différents systèmes de gouvernance et mécanismes de financement. De plus, certaines bases de données de ce réseau sont situées dans un pays non-Partie à la Convention.

C. Champ d'application de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques dans la présente étude

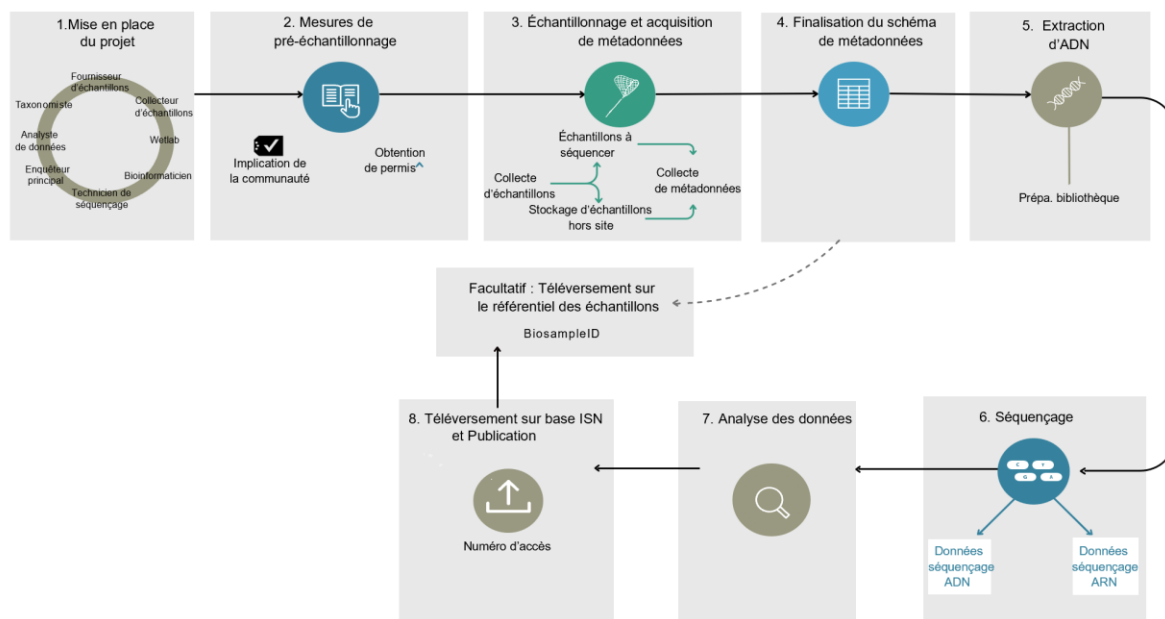
12. Reconnaisant l'existence de points de vue divergents sur la notion d'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, et au sujet de son champ d'application au titre de la Convention¹, la Conférence des Parties a convenu de continuer d'utiliser le terme « information de séquençage numérique » dans le cadre des discussions à venir, mais n'en a pas encore élaboré la définition à ce jour. En l'absence d'une telle définition, aux fins de la présente étude, on entend par « information de séquençage numérique sur les ressources génétiques » l'ADN, l'ARN et les protéines.

III. Contexte et situation

A. Le processus de la recherche génétique et génomique

13. Le déroulement d'un cycle de travail type sur l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, depuis la mise en place du projet jusqu'à sa mise en ligne dans les référentiels publics, met en évidence la complexité de ce processus en plusieurs étapes, à la fois interdisciplinaire, interinstitutionnel et parfois international.

Processus de génération de l'information de séquençage numérique et de sa mise en ligne dans des bases de données publiques²



¹ Décision 15/9, paragraphe 6 du préambule.

² Bien que le processus soit présenté de manière linéaire, certaines étapes doivent parfois être répétées en fonction du projet, par exemple un rééchantillonnage en raison d'une mauvaise qualité des échantillons ou un reséquençage en raison d'un séquençage défaillant.

B. Réseau mondial de bases de données ISN

14. Le nombre de bases de données contenant des informations de séquençage numérique sur les ressources génétiques dépend fortement de la définition retenue. Compte tenu du champ d'application de la présente étude, le nombre actuel de bases de données se situe entre 2 000 et 6 000 bases de données interconnectées et interdépendantes, comprenant à la fois des bases de données primaires qui conservent les copies initiales des dossiers (par exemple, l'European Nucleotide Archive) et des bases de données secondaires qui accèdent aux données des bases de données primaires et les exploitent (par exemple, Ensembl, UniProt). Les bases de données diffèrent par leur mode de financement, leur ancienneté, leur champ d'application, les modalités de transfert des données, les conditions d'enregistrement, le partage des données, les services proposés aux utilisateurs et les licences. En 1982, l'European Nucleotide Archive, la DNA Data Bank of Japan et la GenBank ont formé une collaboration connue sous le nom d'International Nucleotide Sequence Database Collaboration, dans le cadre de laquelle les données sont répliquées d'un site à l'autre ; il s'agit aujourd'hui de la plus grande base de données publique primaire d'informations de séquençage numérique au monde.

15. L'obtention de statistiques relatives aux bases de données est complexe, et il convient de prendre en compte de nombreuses nuances : a) les coûts d'exploitation annuels, le nombre de soumissions et de téléchargements par an, ainsi que le nombre total de dossiers, incluent généralement des types de données autres que ceux relatifs à la biodiversité, telles que les données sur les personnes ; b) les coûts d'exploitation annuels n'incluent pas le coût initial de l'infrastructure de la base de données ; c) le personnel chargé de la base de données peut également effectuer d'autres tâches que celles liées à la base de données, de sorte qu'il s'agit d'une estimation en heures-personnes ; et d) avec le développement de l'intelligence artificielle, le nombre de téléchargements annuels perd rapidement toute signification statistique. Compte tenu de ces éléments, la Banque de données ADN du Japon affiche un coût d'exploitation annuel de 7 millions de dollars, stocke 6,3 milliards de séquences, enregistre 1,8 million de consultations sur son portail et emploie environ 30 personnes. Une base de données plus modeste, le Barcode of Life Data Systems, coûte 0,96 million de dollars par an, mais ne stocke que 20,5 millions de séquences, enregistre 1,9 million de consultations sur son portail et emploie environ 29 personnes. Les statistiques d'accès via API et FTP ne sont pas rendues publiques par de nombreuses bases de données ; toutefois, en 2025, le rapport de l'European Nucleotide Archive fait état de 192 millions de demandes API par mois, ce qui peut être extrapolé à environ 2,3 milliards par an.

16. Le réseau de bases de données se divise aussi en bases de données à accès contrôlé et bases de données privées. Les bases de données privées peuvent être classées en deux catégories : celles qui contiennent des informations de séquençage numérique sur les ressources génétiques qui ne sont pas à disposition de tiers (par exemple, les laboratoires pharmaceutiques), et celles qui exigent le paiement d'une redevance pour l'accès et l'utilisation de leurs données (par exemple, BaseCamp Research). Les bases de données à accès contrôlé sont celles qui exigent une autorisation préalable avant que les utilisateurs puissent accéder librement à leurs données et les utiliser.

17. Il existe en outre deux types de bases de données à accès contrôlé : celles qui exigent que l'utilisateur s'inscrive avant de pouvoir y accéder et les utiliser (par exemple, GISAID), et celles qui prévoient une procédure de demande d'accès à des ensembles de données spécifiques, soit auprès de la base de données elle-même, soit auprès du propriétaire des données (par exemple, l'Aotearoa Genomics Data Repository). Le modèle d'accès contrôlé est très répandu dans le domaine des données relatives à l'être humain, mais moins courant pour la biodiversité ; il concerne principalement les données sensibles, telles que celles associées aux peuples autochtones et aux communautés locales.

C. Gouvernance des données

18. La gouvernance des données désigne un ensemble de principes opérationnels, de pratiques ou cadres et d'outils qui garantissent une gestion précise et conforme à la législation des données tout

au long de leur cycle de vie. Une gouvernance des données à la fois efficace et efficiente est essentielle à la bonne gestion de l'information de séquençage numérique publique. Les critères d'éthique ou d'efficacité peuvent varier considérablement selon les contextes culturels, géographiques, les modes de financement, les types de données et différents objectifs des projets. Le paragraphe 10 de la décision 16/2 mentionne les principes FAIR (facile à trouver, accessible, interopérable et réutilisable), les principes de CARE ((bénéfices) collectifs, autorité de contrôle, responsabilité, éthique) de la gouvernance des données autochtones, les principes TRUST (transparence, responsabilité, orientation vers l'utilisateur, durabilité, technologie) ainsi que la recommandation de l'UNESCO sur une science ouverte. Le tableau ci-dessous présente chaque ensemble de principes.

Table

Aperçu des principes de gouvernance des données mentionnés dans la décision 16/2.

<i>Principes</i>	<i>FAIR</i>	<i>CARE</i>	<i>TRUST</i>	<i>UNESCO section III</i>
Année	2016	2019	2020	2021
Axe	(méta)Données	Personnes et sens	BD numériques	Science ouverte
Principes	1. Facile à trouver 2. Accessible 3. Interopérable 4. Réutilisation des ressources numériques	1. Bénéfice collectif 2. Autorité de contrôle 3. Responsabilité 4. Éthique	1. Transparence 2. Responsabilité 3. Orientation vers l'utilisateur 4. Durabilité 5. Technologie	1. Transparence, surveillance, critique et reproductibilité 2. Responsabilité, respect et reddition de comptes 3. Collaboration, participation et inclusion 4. Flexibilité 5. Durabilité

D. L'intelligence artificielle dans le contexte de l'information de séquençage numérique

19. À mesure que le coût de production des informations de séquençage numérique sur les ressources génétiques continue de baisser, le volume de données contenues dans les bases de données ne cesse de croître à un rythme sans précédent (par exemple, la taille de GenBank double tous les 18 mois). La diversité des types de données génomiques et des informations associées (annotations, métadonnées, etc.) s'est également accrue, de sorte que les outils bio-informatiques traditionnels peinent à suivre le rythme et à rester pertinents. L'intelligence artificielle est une technologie en plein essor dans le domaine de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques ; elle s'avère particulièrement utile à mesure que les ensembles de données continuent à croître et à se diversifier.

20. Au rythme des avancées technologiques, la précision de l'intelligence artificielle en génomique continue à s'améliorer et son utilisation dans ce domaine reste en croissance. Toutefois, il convient également de prendre en compte ses inconvénients : les biais liés à des ensembles de données inégaux utilisés pour l'entraînement de l'intelligence artificielle pourraient être amplifiés dans les résultats de celle-ci ; les disparités de participation dues à la fracture numérique existante pourraient s'aggraver, tout comme le fossé en matière de capacités ; le coût énergétique de ces outils en pleine expansion engendre des répercussions environnementales croissantes et accentue la pression et la concurrence sur la demande énergétique. Enfin, les biais et les lacunes existants dans les métadonnées liées à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques limitent l'efficacité des outils d'intelligence artificielle dans la recherche sur la biodiversité.

E. Prise en compte des peuples autochtones et communautés locales

21. En 2022, dans sa décision 15/9, la Conférence des Parties a pris acte des principes de CARE et a reconnu que les avantages financiers et non financiers découlant de l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques devaient, entre autres, bénéficier aux peuples autochtones et communautés locales. En 2024, dans sa décision 16/2, la Conférence des Parties a pris

acte de la Déclaration des Nations Unies sur les droits des peuples autochtones³ et a prévu qu'au moins la moitié du financement du Fonds de Cali doit être consacrée à répondre aux besoins identifiés par les peuples autochtones et communautés locales eux-mêmes, y compris les femmes et les jeunes au sein de ces communautés. En outre, dans sa décision [16/4](#), la Conférence des Parties a adopté le programme de travail relatif à l'article 8, paragraphe j) et autres dispositions de la Convention relatives aux peuples autochtones et communautés locales à l'horizon 2030, dont le troisième volet porte sur le partage des avantages découlant de l'utilisation des ressources génétiques et de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, ainsi que sur les savoirs traditionnels associés aux ressources génétiques.

IV. Sommaire des résultats

A. Identification des lacunes

22. Les quatre principales lacunes identifiées concernaient la mise à disposition du public et la fourniture d'accès à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques de manière transparente et responsable, ainsi que la mise en place d'un système juste et équitable de partage des avantages découlant de leur utilisation. Il s'agissait notamment de :

a) **Lacunes en matière d'accès et d'utilisation** : on constate un manque de confiance avéré à l'égard de l'information de séquençage numérique existante et des bases de données qui la gèrent, en raison du manque de transparence quant à l'identité des personnes qui accèdent à ces données et les utilisent ;

b) **Lacunes en matière d'obligations** : le manque d'informations sur le respect des obligations (informations relatives aux autorisations, métadonnées de conformité) associées à l'information de séquençage numérique dans les bases de données publiques crée une lacune majeure en matière de responsabilité. Certaines bases de données primaires demandent aux contributeurs de cocher une case pour indiquer qu'il n'existe aucune restriction concernant les données présentées, mais cette démarche n'est pas juridiquement contraignante et n'est pas généralisée à l'ensemble des bases de données publiques ;

c) **Lacunes en matière de communication et d'éducation** : l'insuffisance des canaux de communication entre décideurs politiques et utilisateurs de données est perçue comme un obstacle à l'accessibilité. Les participants ont exprimé des inquiétudes quant à la connaissance qu'ont les utilisateurs de la Convention sur la diversité biologique, des obligations en matière d'accès et de partage des avantages, ainsi que du mécanisme multilatéral. À l'inverse, certains craignaient que les décideurs politiques ne comprennent pas les subtilités de l'accès et de l'utilisation de l'information de séquençage numérique publique. D'autres préoccupations concernaient la répartition géographique inéquitable des bases de données publiques et, par conséquent, l'inégalité géographique en matière de capacité à définir et à façonner les politiques relatives à l'information de séquençage numérique publique en matière de stockage, de soumission, d'accès et de réutilisation des données sur la diversité génétique ;

d) **Lacunes relatives à la gestion responsable de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques et des savoirs traditionnels associés aux peuples autochtones et communautés locales** : de manière générale, les participants ont reconnu que les bases de données publiques respectaient bien les principes FAIR et que les bases de données de plus grande envergure progressaient vers la conformité aux principes TRUST. Toutefois, ils ont identifié un manque de temps et de moyens dédiés à la mise en conformité avec les principes de CARE, avec la Déclaration des Nations Unies sur les droits des peuples autochtones et les documents élaborés dans le cadre de la Convention relative à la mise en œuvre de l'article 8 j), ce qui pourrait avoir des conséquences négatives sur la gestion responsable de l'information de séquençage numérique sur les

³ Déclaration des Nations Unies sur les droits des peuples autochtones, en date du 13 avril 2006, A/RES/61/295.

ressources génétiques et des savoirs traditionnels associés aux peuples autochtones et communautés locales.

B. Outils, modèles et bases de données proposés

23. À partir des avis, des entretiens et des enquêtes qui ont été soumis, 18 solutions (outils/modèles et bases de données) ont été proposées pour combler les lacunes identifiées ; elles sont réparties en trois grandes catégories (les outils proposés figurent entre parenthèses après chaque catégorie) :

a) Création de nouvelles bases de données (base de données complètes, BD consacrées aux éléments de valeur et BD d'autorisations) ;

b) Modifications apportées au réseau actuel de bases de données publiques (enregistrement obligatoire, outils d'analyse Web, intelligence artificielle au service du suivi des connaissances universitaires, du secteur privé et des savoirs traditionnels associés, outils pédagogiques, outils de métadonnées, outils juridiques (licences et accords juridiques), outils de diffusion, outils de gouvernance) ;

c) Aspects à prendre en compte concernant l'information de séquençage numérique et les savoirs traditionnels associés aux peuples autochtones et communautés locales (ressources pédagogiques et formation, amélioration des métadonnées, stratégies visant à intégrer les données relatives aux peuples autochtones et aux communautés locales dans les bases de données publiques, outils de gouvernance).

24. Une analyse des avantages et des inconvénients de chaque proposition figure dans les tableaux 7 et 9 du document d'information. Chaque proposition est évaluée en fonction de la complexité juridique et technique, de la charge financière qu'elle implique et de la nécessité d'obtenir l'adhésion du réseau actuel de bases de données. Les propositions concernées sont également évaluées en fonction de leur conformité aux principes de CARE, FAIR et TRUST.

25. Les propositions visant la création d'une base de données complète sur l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques hébergée par le secrétariat de la Convention, celle concernant une base de données similaire mais contenant des données plus restreintes, ainsi que celle portant sur une base de données permettant le suivi des autorisations d'accès et d'utilisation ont toutes été jugées extrêmement difficiles à mettre en œuvre sur les plans technique et financier, et juridiquement subordonnées à la décision des Parties. La mise en place d'un système d'enregistrement obligatoire dans les bases de données existantes, la mise en place d'une ou plusieurs licences portant sur des ensembles de données, ainsi que l'élaboration de contrats juridiques que les utilisateurs devraient signer avant de soumettre des données ou d'y accéder ont toutes été jugées difficiles, voire très difficiles, sur les plans technique, juridique et financier. En revanche, les propositions visant à créer des outils d'analyse de sites web pour suivre l'accès aux sites web des bases de données à un niveau global, ou à recourir à l'intelligence artificielle pour suivre les publications scientifiques utilisant des données génétiques et génomiques issues de bases de données publiques, ou encore les demandes de brevet faisant de même ou utilisant des savoirs traditionnels associés, ont été jugées techniquement, juridiquement et financièrement réalisables. En outre, les outils pédagogiques portant sur les objectifs de la Convention et l'article 8, paragraphe j), la gouvernance des données, le mécanisme multilatéral et son Fonds de Cali, ainsi que les recommandations relatives à la citation correcte des données, à l'octroi d'autorisations et à la gouvernance des données sont jugés réalisables. Enfin, la mise à disposition de champs de métadonnées dans les bases de données ainsi que la diffusion d'outils pédagogiques et de lignes directrices par l'intermédiaire du Centre d'échange pour l'accès et le partage des avantages faisaient également partie des propositions jugées peu difficiles sur les plans technique, juridique et financier. Afin de mettre en œuvre certains de ces outils pédagogiques et lignes directrices, une proposition visait à créer un Groupe de travail à composition inclusive, tandis qu'une autre proposait d'inclure les peuples autochtones et les communautés locales au sein dudit groupe.

26. En ce qui concerne les propositions relatives aux peuples autochtones et communautés locales ainsi qu'aux savoirs traditionnels qui leur sont associés, l'inclusion dans les bases de données existantes de métadonnées normalisées sous la responsabilité des peuples autochtones en leur y confiant la gestion des accès a été jugée très difficile. En revanche, l'orientation de certains outils pédagogiques vers la gestion des données relatives aux peuples autochtones et communautés locales a été jugée relativement facile, mais nécessiterait d'obtenir l'adhésion des bases de données. La mise en place d'exigences minimales en matière de métadonnées pour la publication des étiquettes et mentions « Contextes locaux », ainsi que des coordonnées géospatiales, a également évaluée comme telle. Enfin, le suivi des progrès réalisés par les bases de données dans la mise en œuvre des principes de CARE est jugé facile et pourrait être assuré soit par les bases de données elles-mêmes, soit par une entité indépendante.

C. Sommaire des résultats de l'enquête auprès du secteur privé

27. Le nombre de réponses à l'enquête auprès du secteur privé est limité (n=9) et géographiquement concentré en Amérique latine et dans les Caraïbes, avec une diversité sectorielle très faible. Les avis concernant la création d'une nouvelle base de données étaient majoritairement négatifs, plus de la moitié des répondants n'y voyant aucun avantage clair. Parmi les principales préoccupations figuraient le chevauchement avec les systèmes existants, les problèmes d'interopérabilité, l'alourdissement des obligations liées au respect des obligations, la violation potentielle des droits des peuples autochtones et communautés locales, ainsi que le désengagement des ressources au détriment des efforts de conservation. D'autres risques ont été soulignés, notamment la lenteur des processus de gouvernance en cas de sélection de la Convention comme hébergeur de la base de données, la fragmentation des données, ainsi que des freins à l'utilisation de l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques, en raison de l'augmentation de la bureaucratie et des obligations potentielles en matière de partage des avantages. En ce qui concerne les modifications à apporter aux bases de données existantes, les participants ont manifesté un appui modéré à fort en faveur : a) de l'enregistrement obligatoire, b) d'un sommaire sectoriel de l'accès aux bases de données partagé avec les Parties, c) de la divulgation de l'utilisation des données dans les publications et les brevets, d) de l'inclusion de métadonnées géospatiales et e) de l'élargissement des liens vers le Centre d'échange pour l'accès et le partage des avantages. Les licences Creative Commons ont également remporté l'adhésion générale, même si certains ont préféré une approche flexible plutôt qu'une mise en œuvre obligatoire. Enfin, un fort consensus s'est dégagé autour de la reconnaissance des droits et des intérêts des peuples autochtones et communautés locales, avec un large soutien à l'étiquetage des informations de séquençage numérique sur les ressources génétiques à l'aide d'étiquettes et de notifications des contextes locaux. De nombreux répondants se sont également déclarés favorables à des systèmes d'accès contrôlé à l'information de séquençage numérique sur les ressources génétiques associées aux peuples autochtones et communautés locales, bien que certains aient mis en garde contre le risque de contradiction avec les principes d'accès libre qui sous-tendent le Mécanisme multilatéral.

V. Conclusions

28. Cette étude identifie quatre catégories de lacunes (accès/utilisation, respect des obligations, communication/formation et gestion responsable de l'information de séquençage numérique associée aux peuples autochtones et communautés locales) ainsi que 18 outils, modèles et bases de données proposés (tableaux 2 et 3), qui peuvent être classés en trois catégories : a) la création de nouvelles bases de données, b) les modifications à apporter au réseau actuel de bases de données publiques sur l'information de séquençage numérique et c) les considérations relatives à l'information de séquençage numérique et aux savoirs traditionnels associés aux peuples autochtones et communautés locales.

29. L'analyse des outils, modèles et bases de données proposés met en évidence les avantages des solutions progressives et complémentaires par rapport à la mise en place d'une nouvelle infrastructure à grande échelle. Les nouvelles propositions de bases de données (par exemple, les

bases de données exhaustives, celles consacrées aux « éléments de valeur » et celles relatives aux autorisations) offrent des avantages potentiels en matière de sécurité juridique, de confiance, d'élaboration de normes et de respect de la souveraineté nationale, et s'alignent spécifiquement sur les éléments énoncés au paragraphe 9 de la décision [15/9](#). Toutefois, ces avantages sont systématiquement contrebalancés par des préoccupations liées aux coûts, à l'augmentation des frictions, à la faisabilité, à l'interopérabilité avec les réseaux actuels de bases de données publiques, aux doublons, à la fragmentation des données et aux risques d'une atténuation de l'accès à l'information de séquençage numérique et de son utilisation.

30. En revanche, des outils plus ciblés, tels que l'analyse de sites web, le suivi par intelligence artificielle des publications, des savoirs traditionnels associés et des brevets, les ressources pédagogiques, les outils de gouvernance et les outils de diffusion, ont été jugés plus réalisables et plus évolutifs. De plus, ils ont également été considérés comme étant bien plus en adéquation avec le paragraphe 9 de la décision [15/9](#) ainsi qu'avec le paragraphe 10 de la décision [16/2](#). Elles offrent davantage de transparence, de responsabilité et d'accessibilité, tout en nécessitant des moyens juridiques, financiers et techniques relativement moins importants. Toutefois, même ces approches se heurtent à des difficultés liées à leur adoption par la communauté scientifique et le secteur privé, à la protection de la vie privée, ainsi qu'à la nécessité d'une mise en œuvre coordonnée au sein du réseau mondial de bases de données.

31. Il convient de souligner que les propositions portant sur l'information de séquençage numérique associée aux peuples autochtones et communautés locales s'inscrivaient pleinement dans la droite ligne des principes FAIR, CARE et TRUST, ainsi que du paragraphe 9 de la décision [15/9](#). Elles permettent également de soutenir fortement les améliorations en matière de visibilité, d'inclusion, d'attribution et de participation à la gouvernance, notamment par le biais de l'amélioration des métadonnées, du suivi de la mise en œuvre des principes de CARE, d'une gouvernance inclusive et des ressources pédagogiques. Ces approches sont considérées comme réalisables, mais elles nécessitent des ressources durables et un engagement en continu auprès des peuples autochtones et communautés locales.
