

# Digitalisierung der genetischen Ressourcen: die Herausforderungen für den Agrarbereich

Sylvain Aubry und Christian Eigenmann

Bundesamt für Landwirtschaft BLW, 3003 Bern, Schweiz

Auskünfte: Sylvain Aubry, E-Mail: sylvain.aubry@blw.admin.ch



Der Nationale Aktionsplan für die pflanzengenetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft unterstützt Beschreibungsprojekte der Schweizer Erhaltungssammlungen, die nach und nach auch digitalisiert werden. (Foto: BLW)

## Einleitung

Das Ziel Nr. 2 der Agenda 2030 für nachhaltige Entwicklung der UNO will «den Hunger beenden, Ernährungssicherheit und eine bessere Ernährung erreichen und eine nachhaltige Landwirtschaft fördern» (<https://www.un.org/sustainabledevelopment/fr/hunger/>). Der biologischen Vielfalt, genauer gesagt der genetischen Vielfalt, kommt dabei eine zentrale Rolle zu. Das Konzept der genetischen Ressourcen erlangte in den 1970er Jahren durch Jack Harlan breitere Bekanntheit, der in einem Grundlagenwerk bereits den Verlust und die Standardisierung der Biodiversität in der Landwirtschaft anprangerte (Harlan 1975). Die genetischen Ressourcen sind derjenige Bestandteil der biologischen Vielfalt, der einen tatsächlichen oder potenziellen Nutzen für die Menschheit hat (unter Ausschluss des menschlichen Erbguts). Dazu gehören die Haus- und Nutztierassen,

die traditionellen Kulturpflanzen und verwandte Arten. Genetische Ressourcen sind spezielle «Ressourcen»: Sie werden nicht so genutzt, wie man Bodenschätze nutzen würde, bei denen die Wertschöpfung von der gewonnenen Menge abhängig ist. Im Zentrum steht vielmehr die Suche nach Informationen oder Merkmalen innerhalb einer (Arten-)Vielfalt, die im Rahmen verschiedener Verfahren wie der Sortenzüchtung genutzt werden können (Deplazes-Zemp 2018b).

Die meisten in der Schweizer Landwirtschaft wichtigen Kulturpflanzenarten sind nicht-heimische und/oder domestizierte Arten: Mais stammt aus Mittelamerika, Kartoffeln aus Südamerika oder Weizen aus dem Fruchtbaren Halbmond. Während langer Domestizierungsprozesse, teils über Jahrtausende hinweg, wurde eine enorme Variabilität eingebracht und selektiert, sowohl zur Erfüllung menschlicher Bedürfnisse als auch zwecks Anpassung an veränderte Umweltbedingungen (Meyer *et al.* 2012). Erhaltung, Förderung und Austausch dieser genetischen Ressourcen sind unerlässlich für eine lokale Anpassung unserer Agrarökosysteme an die Veränderungen des Anthropozäns. Der Artikel zeigt, dass die *Global-Governance*-Regelungen für diese Ressourcen komplex und einem stetigen Wandel unterworfen sind.

## Internationale Gouvernanz der genetischen Ressourcen

Zwei internationale Übereinkommen regeln Erhaltung, Nutzung, Zugang und Vorteilsausgleich der genetischen Ressourcen: das Übereinkommen über die biologische Vielfalt (*Convention on Biological Diversity*, CBD) sowie der Internationale Vertrag über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (IV-PGREL). Die CBD, das 1992 im Rahmen der Umweltkonferenz von Rio ausgehandelt wurde, hat den Schutz und die nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt sowie die Regelung des Zugangs zu genetischen Ressourcen und des gerechten Vorteilsausgleichs bei deren Nutzung zum Ziel. Sie wurde ergänzt durch das 2014 in Kraft getretene Nagoya-Protokoll, das einen rechtlich bindenden Rahmen für die im CBD festgelegten Massnahmen

des Zugangs und der Vorteilsausgleichung etabliert. Das Protokoll wurde von rund 100 Ländern unterzeichnet, wobei die USA eine nennenswerte Ausnahme darstellen. Es basiert auf einem System von Vereinbarungen zwischen den Ländern, die genetische Ressourcen bereitstellen, und den Ländern, die diese nutzen. Jedes Land ist souverän in Bezug auf seine eigenen Ressourcen, und der Zugang unterliegt der auf Kenntnis der Sachlage gründenden vorherigen Zustimmung (*Prior Informed Consent*, PIC) der Vertragspartei, die diese Ressourcen zur Verfügung gestellt hat, sowie einvernehmlich festgelegten Bedingungen (*Mutually Agreed Terms*, MAT).

Das Nagoya-Protokoll verlangt, dass sich Nutzer und Bereitsteller – zum Beispiel Forschende, die ein Resistenzgen gegen die Pilzerkrankung einer Kultursorte nutzen, und die indigene Gemeinschaft, von der das Gen stammt, – über die Aufteilung etwaiger Rechte an geistigem Eigentum beziehungsweise die Aufteilung der Vorteile (*Royalties*...) aus Produkten, deren Entwicklung auf der Verwendung dieses Gens/dieses Merkmals basiert, einigen. Ziel des Vorteilsausgleichssystems ist es, eine gewisse Gerechtigkeit zwischen Nord und Süd, Industrie, Konsumenten und den Gemeinschaften, welche die genetischen Ressourcen bereitstellen, zu schaffen (Thomas 2014). Bemerkenswert ist, dass dieser komplexe Mechanismus nicht zu der ursprünglich erwarteten Zunahme des Austauschs geführt hat. Relevanz sowie die tatsächlichen Folgen eines solchen Instruments, insbesondere für die Forschung, werden vielerseits kritisch beurteilt (Prathapan *et al.* 2018, Deplazes-Zemp *et al.* 2018, Marden 2018, SCNAT 2018).

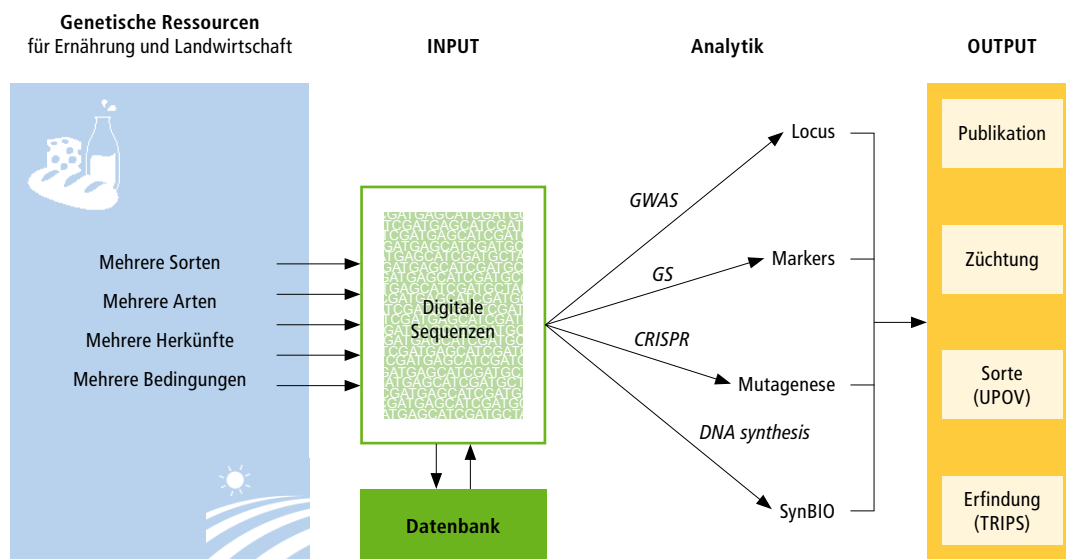
Der Internationale Vertrag über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (IV-PGREL), der 2004 in Kraft trat und 139 Unterzeichnerstaaten umfasst, erleichtert den Zugang zu pflanzengenetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft, für Erhaltung, Züchtung, Forschung und Bildung in einem sogenannten multilateralen System. Dieses System, der «gemeinsame Topf», umfasst 64 Schlüsselarten für die Landwirtschaft (Getreide, Obst, Futterpflanzen, wichtige Ausnahmen sind z.B. Soja und Zuckerrohr), die schätzungsweise 80 Prozent der weltweit verbrauchten Kalorien ausmachen. Jeder Staat, der Mitglied ist und so die öffentlichen genetischen Ressourcen zur Verfügung stellt, hat im Gegenzug Zugang zu allen Ressourcen des multilateralen Systems. Im multilateralen System befinden sich Material der der öffentlichen Hand gehörenden Genbanken, z.B. der nationalen Genbank der Schweiz, als auch das Material der CGIAR-Genbanken (*Consultative Group on International Agricultural Research* CGIAR;

### Zusammenfassung

Genetische Ressourcen sind für eine nachhaltige und widerstandsfähige Landwirtschaft unerlässlich. Eine immer kleinere und immer homogenere Handvoll Sorten bildet die Grundlage für den grössten Teil unserer Ernährung, während die moderne Genomik im Gegensatz dazu jeden Tag aufs Neue offenbart, wie vielfältig die genetischen Ressourcen sind, die es noch zu erforschen gilt. Die Digitalisierung und die genomischen Hochdurchsatztechniken rücken die genetischen Ressourcen in den Big-Data-Bereich, ähnlich wie zum Beispiel Astronomie oder Informatik. Der Fortschritt bei den Züchtungstechniken und den Techniken der synthetischen Biologie, die sich parallel zu diesem Prozess entwickeln, ist eng verknüpft mit der Möglichkeit, diese genetische Vielfalt zu beschreiben und zu verstehen. Die exponentiell anwachsenden Datenbestände stellen die Ernährungs- und Landwirtschaftspolitik vor neue Herausforderungen. Die genetische Ressource als dematerialisierte und einfach zugängliche digitalisierte Information bringt die Grundfesten des Konzepts der genetischen Ressource, in denen sie als physisches Material verstanden wird, ins Wanken. Wir möchten hier eine Standortbestimmung dieser (digitalen) Ressourcen in der Schweiz und dem Rest der Welt vornehmen und mögliche Zukunftsszenarien skizzieren, in denen auch die Digitalisierung ein fester Bestandteil der landwirtschaftlichen Forschung ist.

Beratungsgruppe für Internationale Agrarforschung). Die Transaktionen zwischen Lieferanten und Nutzern von Ressourcen erfolgen über standardisierte Materialübertragungsvereinbarungen (*Standard Material Transfer Agreement*, SMTA). Die Aufteilung etwaiger Vorteile aus der Nutzung dieser Ressourcen erfolgt über einen Treuhandfonds der Welternährungsorganisation der Vereinten Nationen (FAO), mit dem Projekte finanziert werden, die die genetische Vielfalt in Entwicklungsländern bewahrt und für die Bauern und Bäuerinnen dieser Länder nutzbar machen.

Diese beiden Verträge, die das Ergebnis langjähriger internationaler Verhandlungen sind, konzentrieren sich ausschliesslich auf Ressourcen als physische Einheit (z.B. Saatgut). Im Folgenden wird aufgezeigt, wie der Fort-



**Abb. 1** | Der Lebenszyklus digitaler Sequenzen aus genetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft.

Abkürzungen: GWAS: *Genome Wide Association Study*, GS: *Genomic Selection*, CRISPR: *Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats*, UPOV: Internationaler Verband zum Schutz von Pflanzenzüchtungen, TRIPS, Abkommen über handelsbezogene Aspekte der Rechte an geistigem Eigentum.

schritt der Wissenschaft und die globale Digitalisierung genomischer Informationen diesen Punkt in jüngster Zeit in Frage stellt und zu einer internationalen Diskussion geführt haben.

## Resultate und Diskussion

### Genomik revolutioniert den Zugang zur genetischen Information

Was passiert, wenn Nutzer nie wirklich physisch Zugriff auf die genetischen Ressourcen hatten, sondern lediglich einen digitalen Zugang zur Erbinformation auf der Grundlage von Datenbanken? Angesichts der Tatsache, dass es immer einfacher wird, grosse Teile der DNA zu synthetisieren, stellen sich verschiedene Akteure die Frage, ob der durch die Biodiversitätskonvention und den IV-PGREL geschaffene Vorteilsausgleichsmechanismus nicht durch die Digitalisierung der genetischen Ressourcen umgangen wird.

In den letzten 30 Jahren haben Forschende und Züchtende aus genetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft eine enorme Datenmenge gewonnen. Die eigentlichen «genetischen» Daten, d. h. die Nukleinsäuresequenzen, verzeichnen ein exponentielles Wachstum (Twyford, 2018). So beherbergt beispielsweise die amerikanische GenBank am U.S. *National Center for Biotechnology Information* (NCBI)  $10^{15}$  Nukleotidsequenzen (August 2018, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Dieses Datenmaterial stammt aus verschiedenen Quellen: Genom-

sequenzierung, Expressionsprofile, Barcodes, Genanalyse zu Zuchtzwecken (GWAS, GBS...). Der Datenbestand der wichtigsten Datenbanken NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), EBI (*European Bioinformatic Institute*), und DDBJ (*DNA Data Bank of Japan*), verdoppelt sich im Durchschnitt jedes Jahr (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra>, <http://www.ebi.ac.uk/ena>, <http://www.ddbj.nig.ac.jp>). Ein Labor mittlerer Grösse in der Schweiz produziert derzeit zwischen 1 und 10 Terabasen pro Jahr. Parallel dazu haben ambitionierte Projekte wie das «Earth Biogenome Project» zum Ziel, in den nächsten zehn Jahren die Erbanlagen aller eukaryotischen Lebewesen zu sequenzieren und zu veröffentlichen (Lewin *et al.* 2018). Die globale Sequenzierungswelle scheint unaufhaltsam zu sein und geht mit einem Trend zur Öffnung der Wissenschaft einher (Spindel & McCouch 2016). Die Bereiche Zucht und Landwirtschaft sind nicht ausgenommen. Zudem haben die öffentlichen Forschungsförderer in der EU und in der Schweiz kürzlich Leitlinien erlassen, um den freien Zugang zu den im Rahmen der von ihnen unterstützten Projekte (SNF, EU/Horizon 2020) produzierten genomischen Daten sicherzustellen. Die zentrale Herausforderung im Bereich der genetischen Ressourcen besteht künftig somit darin, die Modalitäten der gemeinsamen Nutzung von digital gespeicherten Sequenzinformationen zu klären und gleichzeitig den Zugang und die gerechte Aufteilung der sich daraus ergebenden Vorteile gewährleisten zu können.

### Nachhaltige und gerechte Nutzung der genetischen Information

In der Praxis fokussieren die meisten Rechtsinstrumente, aber auch ein grosser Teil des Austauschs zwischen den Praktikern weiterhin nahezu ausschliesslich auf materielle Ressourcen (Saatgut, Vermehrungsmaterial, Gameten usw.). Der bestehende rechtliche Rahmen kann kaum mit den neuen (immateriellen) Objekten der digitalen Welt und der Art und Weise, wie diese genutzt werden, Schritt halten (Abb. 1). Von welchem Land müsste die Zustimmung eingeholt werden, wenn ein Labor eine transgene Maissorte (Mexiko?) erzeugt, die ein Brokkoli-Gen (Italien?) unter der Kontrolle eines thermophilen Bakteriums aus dem Roten Meer (Ägypten? Eritrea?) exprimiert? Die Fortschritte in der synthetischen Biologie erlauben es, Sequenzen, Assemblagen und Rekombinationen von Genen so zu verändern, dass es sehr schwierig zu wissen ist, welche Sequenz (und damit welche Ressource) als Arbeitsgrundlage diene. Es ist auch fraglich, inwieweit (also bis zu welchem Variabilitätsgrad) die Rückverfolgbarkeit notwendig ist?

Die Dematerialisierung der genetischen Ressource erschwert die Rückverfolgbarkeit zusätzlich. Einige öffentliche Datenbanken bemühen sich, Mechanismen zur Rückverfolgbarkeit zu implementieren (Scott und Berry 2016). Bei den meisten modernen Zuchtstrategien ist es jedoch nicht mehr die einzelne Ressource, die Neues und somit Mehrwert entstehen lässt, sondern die Analyse eines Pools genetischer Ressourcen (z.B. in der *Genome Wide Association Study*, GWAS). Damit haben wir es in der Tat mit genomischen «Big Data» zu tun, deren Nutzung eine bestimmte kritische Masse von Informationen voraussetzt. Will man diese kritische Masse erreichen, ist ein maximaler Zugang zu den Ressourcen wünschenswert. Entsprechend gewinnen vor allem modernste Infrastrukturen, spezialisiertes Fachwissen und enorme Analysekapazitäten immer mehr an Bedeutung. Einige Länder sind dabei, Rechtsvorschriften über den digitalen Zugang zu ihren genetischen Ressourcen zu

erarbeiten oder haben bereits solche Bestimmungen erlassen, darunter Brasilien, China und Malaysia (Manheim 2016). Die konkrete Umsetzung dieser nationalen Gesetze wirft viele Fragen rund um den Vollzug auf (welche Möglichkeiten im Bereich Überprüfung, Sanktionen bzw. Verurteilung gibt es wirklich?) und befeuert eine internationale Diskussion, deren Ausgang mehr als ungewiss ist.

### Herausforderungen für die Schweizer Landwirtschaft

In der Schweiz besteht unter der Federführung des Bundesamtes für Landwirtschaft seit 1996 ein Nationaler Aktionsplan zur Erhaltung der pflanzengenetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (NAP-PGREL). Der Aufbau des Pools genetischer Ressourcen erforderte eine lange Inventarisierungs-, Beschreibungs- und Sammlungstätigkeit. Der Nationale Aktionsplan umfasst heute rund 40000 Akzessionen, darunter rund 6000 Sorten von 50 Nutzpflanzenarten. Im Einklang mit den internationalen Verpflichtungen werden diese Sorten erhalten und im multilateralen System des IV-PGREL zur Verfügung gestellt. Die Schweizer Erhaltungsstrategie ist insofern ungewöhnlich, als sie eine dezentrale und partizipative Bewirtschaftung der Ressourcen fördert. Mehr als 50 unabhängige Akteure aus Zivilgesellschaft, Forschungslabors und Zuchtkreisen sind unterschiedlich stark an den Projekten zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der genetischen Ressourcen beteiligt. Die Schweizer Erhaltungsstrategie verbindet die *In-situ*-Erhaltung genetischer Ressourcen mit der *Ex-situ*-Erhaltung in der Genbank von Agroscope (Schierscher-Viret *et al.* 2018). Die Kombination dieser beiden Strategien stärkt die Sicherstellung der Erhaltung und die Ausschöpfung des Nutzungspotenzials. In jüngster Zeit hat der NAP-PGREL auch verschiedene Projekte zur Ressourcenbeschreibung mit genomischen Methoden unterstützt, und in diesem Zusammenhang wurde der öffentliche Zugang zu allen Daten gewährleistet (Tab. 1). Auch hier besteht die Herausforderung darin, den lang-

Tab. 1 | Im Rahmen des NAP-PGREL finanzierte Projekte, die digitale Daten erzeugen.

Arten	Organisation	Daten	Anzahl Sorten
Apfel, Birne, Kirsche, Aprikose ...	NGO	SSR genotyping	850+
Apfel, Birne, Kirsche, Aprikose ...	NGO	SSR genotyping	2000+
Weizen	Universität	GBS	50
Weizen	Universität	Genome sequencing	1
Weizen, Gerste, Dinkel,	Universität	SNP array and GBS	1500
Rebe	Universität	GBS	150

GBS: *Genotyping By Sequencing*, SSR: *Simple Sequence Repeat*



fristigen Zugang zu diesen Informationen sicher zu stellen. Die Schweiz als Industrieland der nördlichen Hemisphäre ist trotz einer reichen Flora mit über 4000 Taxa (Infoflora 2018) in erster Linie ein Import- beziehungsweise Nutzerland von pflanzengenetischen Ressourcen für Landwirtschaft und Ernährung. Schweizer Züchter und Forschende haben ein vitales Interesse an einem möglichst offenen Zugang zu genetischen Ressourcen aller Art, die in ihrer Arbeit Verwendung finden könnten, wie zum Beispiel Resistenz gegen Krankheitserreger, Anpassungsfähigkeit an den Klimawandel, Ertragssteigerungen... Die Umsetzung des Nagoya-Protokolls steht noch am Anfang und stösst teilweise auf Unverständnis und Misstrauen (Deplazes-Zemp *et al.* 2018, Marden *et al.* 2018). In dieser Phase verleiht die Debatte über die digitalen Informationen genetischer Ressource der Unsicherheit seitens der Anbieter und Nutzer nur noch mehr Auftrieb.

Auf internationaler Ebene werden mehrere Modelle zum Umgang mit digitalen Sequenzinformationen diskutiert, die mögliche Alternativen darstellen könnten. Ein Mechanismus zur Integration digitaler Sequenzen könnte sich an den bestehenden multilateralen Systemen orientieren. Beispiele dafür sind das Rahmenwerk der Weltgesundheitsorganisation (WHO) für den Zugang zu den Sequenzinformationen von Grippeviren (*Pandemic Influenza Preparedness [PIP] Framework*) und der Zugang zu den genetischen Ressourcen der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana*. In beiden Fällen kann auf den gesamten Datensatz erst nach erfolgter Registrierung und Bezahlung einer Gebühr zugegriffen werden. Die Zugangsbeschränkung liesse sich realistischerweise nur auf institutioneller beziehungsweise nationaler Ebene umsetzen, und die Modalitäten eines solchen Systems

müssten noch ausgehandelt werden. Eine Mehrheit der Schweizer Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler steht jeglicher Beschränkung des Zugangs zu digitalen Sequenzinformationen jedoch ablehnend gegenüber (SCNAT 2018).

## Schlussfolgerungen

Die genetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft der Zukunft werden aus einer Mischung von materiellen Ressourcen (Saatgut, Gameten) und (immateriellen) digitalen Daten über genetische Ressourcen bestehen. Die Analyse einer stetig wachsenden Menge dieser Daten (die nicht auf Genome beschränkt sind, sondern auch Proteome, Metabolome und Phänome betreffen) wird es Forschenden und Züchtenden erlauben, den zukünftigen Herausforderungen der Landwirtschaft zu begegnen und die Ernährungssicherheit zu gewährleisten. Allerdings überdeckt die einseitige Fokussierung der Debatte auf die Eigentumsrechte an den digitalen Ressourcen das Problem des Mangels an Fachwissen und Forschungsinfrastruktur, von dessen Lösung Nutzerländer und Bereitstellerländer langfristig profitieren könnten. Trotz der in Wissenschaft und Forschung stark verankerten *Open-Access-Kultur* werden die Modalitäten und Folgen dieser Liberalisierung des Zugangs von den verschiedenen Akteuren der Produktionskette kontrovers beurteilt.

Eine Stärkung des Dialogs zwischen Wissenschaft und Politik ist notwendig, um die aktuellen gesellschaftlichen und ökologischen Herausforderungen der Landwirtschaft in angemessener Weise zu meistern und eine nachhaltige Nutzung der bestehenden und künftigen biologischen Vielfalt sicherzustellen. ■

### Literatur

- Übereinkommen über die biologische Vielfalt (CBD) und Nagoya-Protokoll. Zugang: <https://www.cbd.int/doc/legal/cbd-fr.pdf>. <https://www.admin.ch/opc/de/classified-compilation/19920136/index.html> [5.11.18].
- Deplazes-Zemp, A., Abiven, S., Schaber, P., Schaepman, M., Schaepman-Strub, G., Schmid, B. & Altermatt, F., 2018. The Nagoya Protocol could backfire on the Global South. *Nature Ecology and Evolution* 2, 917–919.
- Deplazes-Zemp., 2018. «Genetic resources», an analysis of multifaceted concept. *Biological Conservation* 222, 86–94.
- Harlan J., 1975. Our vanishing genetic resources. *Science* 188, 618–621.
- Horizon 2020-European Union Programme. FAIR Data management guidelines. 2018. Zugang: [http://ec.europa.eu/research/participants/docs/h2020-funding-guide/cross-cutting-issues/open-access-dissemination\\_en.htm](http://ec.europa.eu/research/participants/docs/h2020-funding-guide/cross-cutting-issues/open-access-dissemination_en.htm) [05.11.2018].
- Infoflora, Flora Helvetica checklist 2017. Zugang: <https://www.infoflora.ch/fr/flore/taxonomie/checklist.html> [05.11.2018].
- Lewin H., Robinson, G. Kress Lewin J. *et al.*, 2018. Earth BioGenome Project: sequencing life for the future of life. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 115, 4325–4333.
- Marden E., 2018. International agreement may impact genomic technologies. *Nature Plants* 4, 2–4.
- Meyer R., DuVal A. & Jensen H. 2012. Patterns and processes in crop domestication: an historical review and quantitative analysis of 203 global food crops. *New Phytologist* 196, 1.
- Pandemic Influenza Preparedness PIP framework, UN-World Health Organisation. Zugang: <http://www.who.int/influenza/pip/en/> [05.11.2018].
- Prathapan K., Pethiyagoda R., Bawa K. *et al.*, 2018. When the cure kills-CBD limits biodiversity research. *Science* 360 (6396), 1405–1406.

**Riassunto****La digitalizzazione delle risorse genetiche per l'alimentazione e l'agricoltura: le sfide della dematerializzazione**

Le risorse genetiche sono indispensabili per garantire un'agricoltura sostenibile e resiliente. Mentre la maggior parte della nostra alimentazione si basa su un gruppo ristretto di specie sempre meno numerose e sempre più omogenee, ogni giorno la genomica moderna ci rivela invece quanto sia estesa la diversità delle risorse genetiche, sulle quali vi è ancora molto da scoprire. La digitalizzazione e le tecniche di sequenziamento ad alto rendimento portano le risorse genetiche nell'era dei «big data», analogamente per esempio all'astronomia o all'informatica. I progressi nelle tecniche di selezione e in quelle della biologia sintetica, che evolvono parallelamente a tale processo, sono strettamente legati alla possibilità di descrivere e comprendere questa diversità genetica. La crescita esponenziale di dati pone le politiche della filiera agroalimentare di fronte a nuove sfide. La risorsa genetica come entità dematerializzata e accessibile a tutti rimette in questione le fondamenta stesse del concetto di risorsa genetica. In questo articolo vogliamo fare il punto della situazione su queste risorse (digitali) in Svizzera e nel resto del mondo, e tracciare dei possibili scenari per il futuro in cui anche la digitalizzazione è parte integrante della ricerca agronomica.

**Summary****New challenges to digitization of genetic resources for food and agriculture**

A comprehensive stewardship of genetic resources is necessary to insure a resilient and sustainable agriculture. Most of our food comes from a handful of domesticated species which diversity is constantly shrinking. On the contrary, modern genomics keep discovering the marvels of diversity contained in genetic resources for food and agriculture. High-throughput sequencing and related techniques bring genetic resources field into the «Big Data» era, as for astronomy or informatics. Parallel development of modern selection methods, as well as synthetic biology are intimately linked to the good and comprehensive understanding of genetic diversity. The genomic data burst observed raises new challenges for governance of genetic resources for food and agriculture. Digital genetic resources made freely accessible and dematerialised may put into question longstanding definition of genetic resources concept. Here, we provide an update of the current discussion about (digital) genetic resources in Switzerland and in the rest of the world. We suggest possible ways forward to insure that Agriculture Research also, makes its digital revolution.

**Key words:** digital sequence information, CBD, plant treaty.

- Scott D. & Berry D., 2018. Genetic Resources in the age of the Nagoya Protocol and gene/genome synthesis. Open Plant Workshop Report. University of Edinburgh. Zugang: [http://www.stis.ed.ac.uk/engineeringlife/events/genetic\\_resources\\_in\\_the\\_age\\_of\\_the\\_nagoya\\_protocol](http://www.stis.ed.ac.uk/engineeringlife/events/genetic_resources_in_the_age_of_the_nagoya_protocol) [05.11.2018].
- Schierscher-Viret B., Genevay J. & Schori A., 2018. La banque de gènes d'Agroscope en sécurité dans l'arctique. *Agrarforschung Schweiz* 9 (6), 222–229.
- SCNAT, Swiss Academies of Arts and Sciences. 2018. Stellungnahme der Akademien Schweiz zu Digitalen Gensequenzen und Nagoya-Protokoll. Zugang: <https://sciencesnaturelles.ch/service/publications/105488-stellungnahme-der-akademien-schweiz-zu-digitalen-gensequenzen-und-nagoya-protokoll> [05.11.2018].
- SNF Data Management Plan. 2018. Zugang: [http://www.snf.ch/en/theSNSF/research-policies/open\\_research\\_data/Pages/data-management-plan-dmp-guidelines-for-researchers.aspx](http://www.snf.ch/en/theSNSF/research-policies/open_research_data/Pages/data-management-plan-dmp-guidelines-for-researchers.aspx) [05.11.2018].
- Spindel J. & McCouch S., 2016. When more is better: how data sharing would accelerate genomic selection of crop plants. *New Phytologist* 212, 814–826.
- Thomas F., 2014. Les éthiques du partage des avantages dans la gouvernance internationale de la biodiversité sauvage et cultivée. *Ethique publique* 16, 1.
- TIRPAA-FAO. Traité international sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Zugang: <http://www.fao.org/plant-treaty/fr/> [05.11.2018].
- Twyford A., 2018. The road to 10,000 plant genomes. *Nature Plants* 4, 312–313.