

Numérisation des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture: les défis pour l'agriculture

Sylvain Aubry¹ et Christian Eigenmann¹

¹Office fédéral de l'agriculture OFAG, 3003 Berne, Suisse

Renseignements: Sylvain Aubry, e-mail: sylvain.aubry@blw.admin.ch



Le Plan d'action national pour les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture soutient des projets de description des collections suisses qui se numérisent peu à peu. (Photo: OFAG)

Introduction

L'objectif de développement durable de l'Organisation des Nations Unies numéro 2 vise à «éliminer la faim, améliorer la nutrition et promouvoir l'agriculture durable» (<https://www.un.org/sustainabledevelopment/fr/hunger/>). Pour ce faire, le rôle de la biodiversité, et plus précisément de la diversité génétique, est considéré comme central. Le concept de ressource génétique a été rendu populaire dans les années 1970 par Jack Harlan dans une publication fondatrice qui dénonçait déjà l'érosion et l'uniformisation de la biodiversité des organismes dans l'agriculture (Harlan 1975). Les ressources génétiques représentent la portion des ressources biologiques qui ont ou peuvent avoir une utilité pour l'hu-

manité (en excluant le patrimoine génétique humain). Cela comprend les souches d'animaux domestiques ou de rentes, les variétés traditionnelles ainsi que les espèces apparentées. Les ressources génétiques sont des «ressources» particulières: on ne les exploite pas comme on exploiterait une ressource minière (la valeur ajoutée qui en est extraite n'est qu'indirectement liée à sa quantité). C'est plutôt la recherche d'information ou de caractéristique au sein d'une (bio)diversité qui sera valorisée dans les différents processus comme la sélection variétale (Deplazes-Zemp 2018b).

La plupart des espèces végétales essentielles à l'agriculture en Suisse sont des espèces non natives et/ou domestiquées: maïs d'Amérique centrale, pomme de terre d'Amérique du Sud ou encore blé du Croissant fertile. Au cours de longs processus de domestication, parfois millénaires, une énorme variabilité a été introduite et sélectionnée, pour répondre à la fois aux besoins humains et aux contraintes environnementales (Meyer *et al.* 2012). Dès lors, la conservation, la promotion et l'échange de ces ressources génétiques semblent des éléments essentiels pour adapter localement nos agroécosystèmes aux changements de l'anthropocène. Nous verrons dans cet article que les modalités de gestion de ces ressources à l'échelle globale sont complexes et changeantes.

La gestion internationale des ressources génétiques

Deux traités internationaux organisent la conservation et l'utilisation des ressources génétiques terrestres: la Convention pour la biodiversité (CBD), issue de la Conférence de Rio sur l'environnement en 1992, et le Traité international pour les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (TIRPAA), qui fait suite au premier.

La CBD vise à assurer la protection et l'utilisation durable de la biodiversité et règle l'accès et le partage de bénéfices qui pourraient éventuellement provenir de celle-ci. Elle a été complétée par un protocole (le Protocole de Nagoya). Ce dernier instruit légalement les mesures de la CBD en ce qui concerne l'accès et le partage des

bénéfices. Il est entré en vigueur en 2014 et signé par une centaine de pays, à l'exception notable des États-Unis. Il se base sur un système d'accords entre les pays fournisseurs et les pays utilisateurs de ressources génétiques. Ces pays sont seuls souverains de leurs propres ressources et l'accès doit être soumis au consentement préalable informé (CPI) de l'État pourvoyeur et suivant des termes mutuellement convenus (TMC).

Le protocole exige que les utilisateurs et les fournisseurs, par exemple des chercheurs qui utilisent un gène de résistance à une maladie fongique d'une culture, et la communauté indigène d'où provient ce gène, se mettent d'accord sur le partage d'éventuels droits de propriété intellectuelle ou avantages (royalties...) issus de produits utilisant ce gène/cette propriété. L'intention du système de partage des avantages est d'établir une certaine équité entre Nord et Sud, industries, consommateurs et populations fournisseurs de ressources (Thomas 2014). On notera toutefois que ce mécanisme complexe n'a pas donné lieu à une multiplication des échanges initialement attendue et de nombreuses critiques ont été formulées quant à la pertinence et les réelles conséquences d'un tel outil, en particulier pour la recherche (Prathapan *et al.* 2018, Deplazes-Zemp *et al.* 2018, Marden 2018, SCNAT 2018).

Le TIRPAA, en vigueur depuis 2004 et rassemblant 139 pays signataires, vise quant à lui à faciliter l'accès aux ressources végétales pour l'alimentation et l'agriculture, ainsi que la promotion de leur conservation, sélection, recherche et enseignement. Un «pot commun», le système multilatéral, couvre 64 espèces clés pour l'agriculture (céréales, fruits, plantes fourragères) dont on estime qu'ils représentent 80% des calories consommées mondialement (avec les exceptions par exemple du soja et de la canne à sucre). Tout État qui met à disposition ses ressources génétiques aura accès en retour à toutes les ressources du système multilatéral. Sont principalement mis en commun, le matériel qui appartient aux pouvoirs publics (banques de gènes nationales), le matériel des banques de gènes du Groupe consultatif pour la recherche agricole internationale (CGIAR). Les échanges sont encadrés administrativement par un accord de transfert de matériel (MTA) standardisé. Le partage des bénéfices éventuels issus de ces ressources est mutualisé dans un fonds fiduciaire tenu par l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) et qui vise à financer des projets de développement.

Ces deux traités, fruits de longues années de négociations au niveau international, se concentrent exclusivement sur les ressources en tant qu'entité physique (par exemple les graines). Nous essayerons ici de comprendre

Résumé

Une gestion raisonnée des ressources génétiques est nécessaire pour assurer une agriculture durable et résiliente. Alors que l'essentiel de notre régime alimentaire repose sur une poignée d'espèces toujours moins nombreuses et plus homogènes, la génomique moderne, au contraire, montre chaque jour l'étendue de la diversité des ressources génétiques existantes qu'il reste à explorer. La numérisation et les techniques de séquençage à haut débit font rentrer les ressources génétiques dans l'aire des «big data», au même titre par exemple que l'astronomie ou l'informatique. Le développement des techniques de sélection et de biologie synthétique qui évoluent en parallèle de ce processus sera très intimement lié à la possibilité de décrire et comprendre cette diversité génétique. La prolifération de données génétiques pose de nouveaux défis de gestion pour l'alimentation et l'agriculture. La ressource génétique comme entité numérisée dématérialisée et accessible à tous ébranle les fondements mêmes de ce concept: cette ressource étant comprise essentiellement comme un matériau physique (semences...). Cet article fait le point sur la situation de ces ressources (numériques) en Suisse et dans le reste du monde, et esquisse de possibles futurs où la numérisation, aussi, fera partie intégrante de la recherche en agriculture.

en quoi l'évolution de la science et la «numérisation» globale des informations génomiques a récemment remis en cause ce point et provoqué de vifs débats à l'échelle internationale.

Résultats et discussion

La génomique révolutionne l'accès à l'information

Que se passe-t-il si le sélectionneur ou le chercheur n'a jamais réellement eu d'accès physique aux ressources génétiques, mais seulement un accès «numérique», à partir de bases de données? Alors qu'il devient de plus en plus facile de synthétiser de larges portions d'ADN, certains acteurs se demandent dans quelle mesure la numérisation des ressources génétiques ne menace pas le mécanisme de partage des bénéfices instauré par la CBD et le TIRPAA.

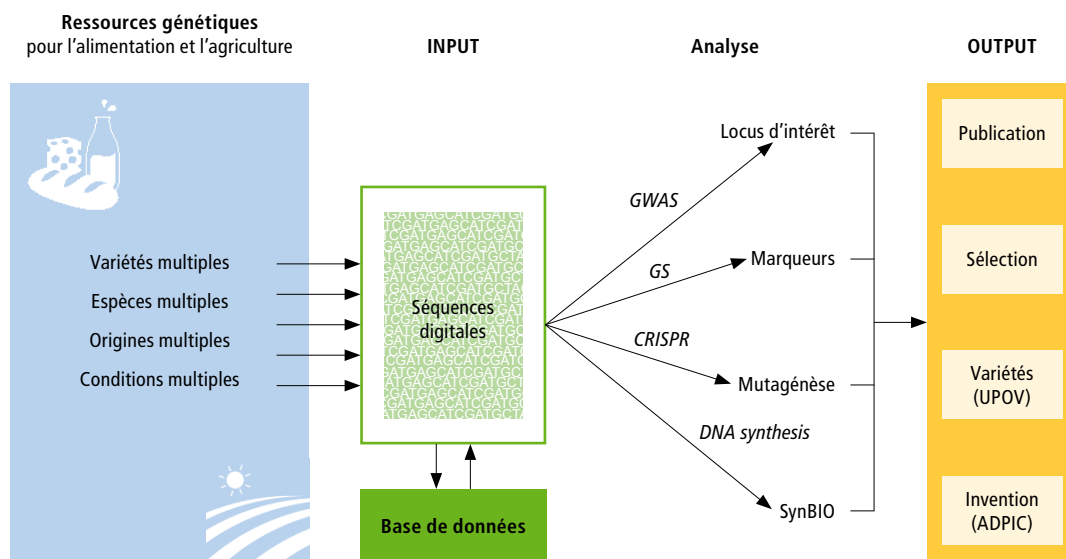


Figure 1 | Le cycle de vie des séquences digitales issues de ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Abréviations: GWAS: *Genome Wide Association Study*, GS: *Genomic Selection*, CRISPR: *Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats*, UPOV: Union internationale pour la protection des obtentions végétales, ADPIC: Accord sur les aspects des droits de propriété intellectuelle qui touchent au commerce.

Depuis une trentaine d'années, une quantité énorme de données a été produite par les chercheurs et les sélectionneurs à partir de ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Les données à proprement parler «génétiques», c'est-à-dire des séquences d'acides nucléiques, augmentent à un rythme rapide et exponentiel (Twyford 2018). À titre d'exemple, la base de donnée du NCBI américain héberge 10^{15} nucléotides de séquences (août 2018, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Ces données ont de multiples origines: séquençage de génomes, profils d'expression, évaluation de la biodiversité (codes-barres), analyse génétique en vue de sélection (GWAS, GBS...). Les bases de données les plus importantes, NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), EBI (*European Bioinformatic Institute*) et DDBJ (*DNA Data Bank of Japan*) voient leur contenu doubler chaque année en moyenne (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra>, <http://www.ebi.ac.uk/ena>, <http://www.ddbj.nig.ac.jp>). Un laboratoire de taille moyenne en Suisse produit annuellement aujourd'hui entre 1 et 10 terabases. En parallèle, d'ambitieux projets, tels que le *Earth Biogenome Project* prévoient de séquencer et de rendre public l'ensemble des espèces eucaryotes dans les dix prochaines années (Lewin *et al.* 2018). Le mouvement global de séquençage semble irréversible et aller de pair avec un mouvement d'ouverture de la science (Spindel & McCouch 2016). Les domaines de la sélection et de l'agriculture ne sont pas épargnés. De plus, les organismes

de financement de la recherche publique en Europe ou en Suisse ont récemment édicté des lignes de conduites visant à garantir un accès libre aux données génomiques produites dans les projets qu'ils supportent (SNF, EU/Horizon 2020). Le problème central du futur des ressources génétiques sera donc de bien comprendre les modalités de leur mutualisation lors de leur numérisation et de pouvoir malgré tout assurer un accès et un partage équitable des éventuels bénéfices qui en découleraient.

Assurer un accès et une utilisation durable et équitable

Dans la pratique, l'essentiel des instruments légaux, mais également une grande partie des échanges entre praticiens, se concentre encore aujourd'hui quasi exclusivement sur les ressources physiques (graines, matériel de multiplication, gamètes). Dès lors, le cadre légal existant s'adapte difficilement à ces «nouveaux» objets du monde numérique, ainsi qu'à la manière dont ces objets sont utilisés (fig. 1). De quel pays devrait-on demander le consentement si un laboratoire génère une lignée transgénique de maïs (Mexique?), qui exprime un gène de brocoli (Italie?), sous le contrôle d'un promoteur d'une bactérie thermophile de la Mer Rouge (Égypte? Érythrée?). Les progrès de la biologie synthétique permettent des modifications des séquences, des assemblages et des recombinaisons de gènes de telle façon qu'il est très difficile de savoir à partir de quelle séquence (et donc de quelle ressource) le travail s'est

basé. On peut également se demander jusqu'à quel point (c'est-à-dire quel degré de variabilité comparé à la ressource d'origine) la traçabilité est nécessaire?

La dématérialisation de la ressource génétique rend toute traçabilité extrêmement difficile. Certaines bases de données publiques essaient d'implémenter des mécanismes de traçabilité (Scott & Berry 2016). Cependant, dans plupart des stratégies de sélection modernes, ce n'est plus la ressource unique qui permet la production de la valeur ajoutée, mais l'analyse de l'ensemble du pool des ressources génétiques (par exemple dans les *Genome Wide Association Study*, GWAS). On est bien en présence d'un «big data» génomique qui n'est valorisable qu'à partir d'une certaine masse critique d'informations. Un accès maximal aux ressources est requis si l'on veut atteindre cette masse critique. Dès lors, c'est surtout l'accès aux infrastructures, expertises et la capacité analytique qui deviennent essentiels.

Certains pays sont en train de prendre ou ont déjà pris des dispositions légales réglant l'accès numérique de leurs ressources génétiques, tels le Brésil, la Chine ou la Malaisie (Manheim 2016). L'application concrète de ces lois nationales pose de nombreuses questions en termes d'implémentation (quelles seraient réellement les possibilités de poursuites, de condamnations?) et rend le débat sur la scène internationale d'autant plus vif que son issue est incertaine.

Les enjeux pour l'agriculture suisse

En Suisse, les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture sont conservées depuis 1996 dans un plan d'action national (PAN) sous l'égide de l'Office fédéral de l'agriculture. Un long travail d'inventaire, de description et de collection a été entrepris afin de sauvegarder le pool de ressources génétiques. Le plan national regroupe aujourd'hui environ 40000 accessions, dont environ 6000 variétés de 50 espèces cultivées. Conformément à ces engagements internationaux, ces

variétés sont maintenues et accessibles dans le système multilatéral du TIRPAA. La structure du plan de conservation suisse est très particulière, en ce qu'il favorise une gestion décentralisée et participative des ressources. Plus de 50 acteurs indépendants de la société civile, des laboratoires de recherche ainsi que des sélectionneurs sont impliqués à différents degrés dans les projets de conservation et d'utilisation durable. La conservation des ressources génétiques suisses allie une stratégie de conservation *ex situ*, avec la banque de gènes d'Agroscope (Schiercher-Viret *et al.* 2018) et *in situ*. L'alliance de ces deux stratégies permet d'apporter à la fois résilience et adaptabilité aux collections. Récemment, le PAN a également soutenu divers projets de description des ressources en utilisant des méthodes génomiques et dans ce cadre un accès public à l'ensemble des données a été garanti (tabl. 1). Le défi étant, là-encore, de pouvoir garantir un accès à long terme. La Suisse, en tant que pays industrialisé «du nord global», et malgré une flore riche de plus de 4000 taxons (Infloflora 2018), est avant tout un pays importateur/utilisateur de ressources génétiques pour l'agriculture et l'alimentation. L'enjeu pour les sélectionneurs et les scientifiques suisses est d'obtenir un accès le plus ouvert possible à toutes sortes de ressources génétiques qui pourraient bénéficier à leurs travaux: résistance aux pathogènes, adaptabilité au changement climatique, amélioration des rendements... Alors que le Protocole de Nagoya commence à peine à être implémenté et suscite parfois incompréhension et méfiance (Deplazes-Zemp *et al.* 2018, Marden *et al.* 2018), le débat sur les informations numériques des ressources génétiques ne fait que raviver les craintes, à la fois pour les fournisseurs et les utilisateurs.

Plusieurs modèles de gestion des séquences numériques sont débattus sur la scène internationale et pourraient éventuellement représenter des alternatives. Un mécanisme d'intégration des séquences numériques pourrait s'inspirer des systèmes multilatéraux existants. Par

Tableau 1 | Projets de conservation et d'utilisation durables générant des données numériques financés par le plan d'action national suisse.

Espèces	Organisation	Données	Nombre de variétés
Pomme, poire, cerise, abricots ...	ONG	SSR <i>genotyping</i>	850+
Pomme, poire, cerise, abricots ...	ONG	SSR <i>genotyping</i>	2000+
Blé	Université	GBS	50
Blé	Université	<i>Genome sequencing</i>	1
Blé, orge, épeautre	Université	SNP array and GBS	1500
Vigne	Université	GBS	150

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

exemple, un système a été implémenté pour régler l'accès aux séquences de génome du virus de la grippe par l'organisation mondiale de la santé (*Pandemic Influenza Preparedness PIP framework*), ou l'accès aux ressources génétiques de la plante modèle *Arabidopsis thaliana*. Dans ces deux exemples, l'ensemble du portfolio de données est accessible seulement après inscription et paiement d'une redevance. La limitation de l'accès ne pourrait raisonnablement n'être implémentée qu'au niveau institutionnel voire national et les modalités d'un tel système restent matière à négociation. Une majorité de la communauté scientifique suisse étant largement réticente à toutes sortes de restrictions en ce qui concerne les données numériques (SCNAT 2018).

Conclusions

Le futur des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture sera un hybride entre ressources physiques (semences, gamètes) et ressources numériques. L'analyse d'une quantité toujours grandissante de ces

données (pas seulement limitées aux génomes, mais aussi aux protéomes, métabolomes et phénomes), permettra aux chercheurs et sélectionneurs de répondre aux défis de l'agriculture moderne et d'assurer la sécurité alimentaire. Cependant, concentrer le débat exclusivement sur la propriété des ressources numériques ne permet pas de résoudre le problème du manque d'expertise et d'infrastructures de recherche dans certaines régions du monde. Le développement de cyber-infrastructures pourrait bénéficier à long terme à la fois aux pays utilisateurs et aux fournisseurs et assurer un partage équitable du produit des ressources numériques. Malgré une culture de l'accès libre très présente dans la communauté scientifique, les modalités et les conséquences de cette libéralisation de l'accès sont diversement appréciées par les nombreux acteurs de la chaîne de production.

Si l'on veut répondre de façon pertinente aux défis sociétaux et environnementaux qui se posent à l'agriculture contemporaine, un meilleur dialogue entre scientifiques et politiques est nécessaire afin de pouvoir pleinement faire fructifier la biodiversité existante et à venir. ■

Bibliographie

- Convention sur la diversité biologique (CBD) et Protocole de Nagoya. Accès: <https://www.cbd.int/doc/legal/cbd-fr.pdf> [05.11.18].
- 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 A. (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. Accès: 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. Accès: <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. 29–48
- Pandemic Influenza Preparedness PIP framework, UN-World Health Organisation. Accès: <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.
- 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. Accès: 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. *Recherche Agronomique Suisse* **9** (6), 222-229.
- SCNAT, Swiss Academies of Arts and Sciences, 2018. Stellungnahme der Akademien Schweiz zu Digitalen Gensequenzen und Nagoya-Protokoll. Accès: <https://sciencesnaturelles.ch/service/publications/105488-stellungnahme-der-akademien-schweiz-zu-digitalen-gensequenzen-und-nagoya-protokoll> [05.11.2018].
- SNF Data Management Plan, 2018. Accès: 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, 2014. Traité international sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Accès: <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.

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.