



HAL
open science

Le protocole de Nagoya à l'épreuve de la recherche sur la biodiversité

Catherine Aubertin

► **To cite this version:**

Catherine Aubertin. Le protocole de Nagoya à l'épreuve de la recherche sur la biodiversité. Hommes-Milieus : vers un croisement des savoirs pour une méthodologie de l'interdisciplinarité (Pomade A. éd.), 2018. hal-02153005

HAL Id: hal-02153005

<https://hal.science/hal-02153005v1>

Submitted on 7 Sep 2024

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial 4.0 International License

Aubertin Catherine. (2018). Le protocole de Nagoya à l'épreuve de la recherche sur la biodiversité. In : Pomade A. (ed.) *Hommes-Milieus : vers un croisement des savoirs pour une méthodologie de l'interdisciplinarité*. Rennes : PUR, 99-111. (Hors-Série). ISBN 978-2-7535-7561-5

Le protocole de Nagoya à l'épreuve de la recherche sur la biodiversité

Catherine Aubertin¹

Nous proposons ici une réflexion sur l'évolution des enjeux de la biodiversité, plus précisément sur les tensions entre les pratiques d'acquisition des connaissances et la législation censée encadrer ces pratiques. Nous mobilisons pour cela deux matériaux : le suivi des négociations de la convention sur la diversité biologique (CDB) et une cinquantaine d'entretiens semi directifs auprès des chercheurs du Labex CEBA (centre d'étude de la biodiversité amazonienne) dans le cadre d'une recherche sur les régimes de savoirs sur la biodiversité amazonienne².

La recherche sur la biodiversité a connu de profonds bouleversements depuis la signature de la convention sur la diversité biologique en 1992. Les hypothèses qui ont structuré la CDB sont alors largement remises en question, en particulier le système d'accès et de partage des avantages tirés de l'exploitation des ressources génétiques (APA), troisième objectif de la convention qui a fait l'objet en 2010 d'un protocole, le protocole de Nagoya, entré en vigueur en 2014 et transposé en droit français dans la loi de 2016 sur la reconquête de la biodiversité, de la nature et des paysages.

Nous aborderons les changements observés dans les pratiques de recherche du fait, à la fois, du changement de regard sur la gestion du vivant apporté par le concept de services écosystémiques et par la politique de pilotage de la recherche avant d'aborder la révolution liée aux nouveaux outils d'étude du vivant (génomique, modélisation, traitement des données massives...). Cet état des lieux accuse la poursuite du décalage entre la CDB et les pratiques de recherche qu'elle prétend réguler.

1. Comment étudier la biodiversité

L'étude de l'individu ou de l'espèce isolée n'a jamais été réellement l'approche privilégiée pour étudier la biodiversité. Les chercheurs s'intéressent depuis longtemps aux emboîtements d'échelles, aux fonctionnalités des écosystèmes et ont construit depuis près d'un siècle la discipline de l'écologie scientifique qui aujourd'hui converge avec le développement de la biologie moléculaire.

Le champ d'analyse de la biodiversité prend en compte les interactions au sein de l'écosystème (Heywood, 1995), que celui-ci soit à l'échelle d'une plante, qui peut être étudiée comme accueillant un écosystème avec ses hôtes, insectes, champignons et leurs bactéries par exemple, soit à l'échelle macro, dépassant les limites de la parcelle forestière expérimentale pour atteindre les échelles régionales et continentales. L'affirmation du thème du changement climatique a favorisé une approche globale de la biosphère grâce à la multiplication des moyens d'observation à l'échelle de la planète.

Le pilotage de la recherche par projets (projets européens, ANR, Labex, etc.) a confirmé ce changement d'échelle. En favorisant les « grands projets » au service de la société, c'est-à-dire une recherche davantage finalisée pour la gestion et la valorisation économique de la biodiversité, ce pilotage a poussé à une vision systémique intégrative du vivant, vision qui s'est trouvée articulée avec le concept de services écosystémiques, forgé par les sciences de la conservation afin d'ouvrir l'écologie

¹ Directrice de recherche à l'IRD, UMR PALOC (IRD-MNHN), 57 rue Cuvier - CP 51, 75231 Paris cedex 05, catherine.aubertin@ird.fr

² Programme REK-ABIOS, CEBA, ANR-10-LABX-25-01. Un premier traitement de ces entretiens a été réalisé par Lavigne F., 2017.

scientifique aux enjeux socio-économiques. L'interdisciplinarité (associant botanistes, généticiens, écologues, modélisateurs, mais également SHS...) a été encouragée par les demandes politiques concernant les réponses à apporter aux changements globaux, et spécialement au changement climatique.

Tout en déplorant qu'il n'y ait pas suffisamment de connaissances de base, pas de recrutements de taxonomistes et que les publications descriptives ne soient pas valorisées, le système d'évaluation académique privilégie l'écologie scientifique qui étudie les approches fonctionnelles de la biodiversité et qui intègre désormais les concepts de la génomique et ses outils : séquençages, puces à ADN, métabarcoding.

Le métabarcoding désigne l'étude d'un assemblage d'individus dans une communauté : un échantillon d'eau, de sol, d'atmosphère, de phyllosphère... A partir d'un prélèvement restreint, on peut espérer reconnaître les espèces qui s'y trouvent d'après la détection de séquences d'ADN identifiées comme une signature à la manière d'un code-barre. Il faut pour cela que soit établie une correspondance entre l'espèce et son code-barre, ce qui nécessite des savoirs naturalistes permettant de lier l'identification génétique à l'identification morphologique et des notions de génétique des populations pour y introduire la notion de variabilité naturelle. Les bibliothèques de référence n'existent pas encore pour toutes les espèces – d'autant que l'identification morphologique est également manquante pour nombreuses d'entre elles - et chacun incrémente ces bases avec ses données de recherche. Le métabarcoding est actuellement la technique la plus rapide d'évaluation de la diversité des systèmes écologiques, et particulièrement de ceux contenant des espèces inconnues ou difficiles à déterminer. Désormais, on peut distinguer sur la base de distances génétiques des espèces inconnues et les considérer comme des entités taxonomiques à part entière sans les avoir jamais identifiées. De plus, si on ne connaît pas l'espèce, on peut travailler sur la fonction et arriver à identifier des grands groupes fonctionnels.

La caractérisation moléculaire permet ainsi de connaître des organismes que l'homme ne pouvait observer avec la seule approche naturaliste. Mais le recours massif aux outils génétiques ne se limite pas à l'identification des espèces, il répond également à des questions de l'écologie, qu'elles soient théoriques (comment fonctionne la nature) ou appliquées (assurer la traçabilité des produits ligneux, comprendre les impacts du changement climatique, découvrir des bio-ressources). Les écologues ont intégré les outils de la biologie moléculaire pour caractériser la biodiversité et son évolution. La caractérisation des micro-organismes permet de fournir des bio-indicateurs pour l'établissement d'un diagnostic environnemental, par exemple. Elle permet aussi de connecter la diversité moléculaire aux processus évolutifs afin de comprendre l'histoire des génomes et comment s'est façonnée la biodiversité. Un bout d'ADN peut informer sur le passé évolutif d'un organisme et sur sa relation avec d'autres individus qu'ils soient ou non de la même espèce, il peut informer sur des processus de migrations (CETAF, 2017). Le développement de la biologie de synthèse constitue quant à elle un autre domaine de recherche. Les biochimistes travaillent à la synthèse de molécules connues et inconnues à partir de molécules naturelles via des modélisations informatiques fondées sur les lois de la chimie organique.

2. Big data et open access

Nos enquêtes auprès de chercheurs du Labex CEBA (Lavigne, 2017) montrent que l'innovation repose en grande partie sur le traitement des données massives (big data) stockées dans des banques de séquences numérisées en accès libre (open access).

L'essor rapide des méthodes de séquençage (*Next Generation Sequencing*) dont les coûts ont été vertigineusement réduits alors que leur rapidité a été tout autant vertigineusement décuplée, a engendré une production massive de données moléculaires ces 10 dernières années. Des millions de séquences ont ainsi été produites et mises à disposition du public.

Comme nous venons de le voir, les écologues désirant étudier la diversité mondiale de certaines espèces, qu'il s'agissent d'arbres ou de poissons, ou étudiant les processus évolutifs dans le temps long, peuvent explorer de nouvelles questions grâce à ces données de séquençages génétiques sans avoir de lien direct à l'objet biologique. Par rapport au protocole de Nagoya, ce sont surtout les travaux des généticiens qui appellent aujourd'hui l'attention, parce qu'ils sont réputés pouvoir déboucher sur des innovations à finalité économique, et donc sur des avantages à partager, et a contrario parce qu'ils sortent du cadre prévu par la CDB.

La recherche d'un principe actif valorisable demande peu de temps sur le terrain, alors que le temps passé à traiter les échantillons au laboratoire et à analyser les données croît continuellement. Dans la recherche sur des peptides pharmaco-actifs, par exemple, une seule journée de prélèvement sur le terrain, suivie de quelques heures de préparation au laboratoire (tri du matériel sous microscope), et de l'extraction de l'ADN (2 ou 3 jours), demandera au moins, après l'envoi du matériel génétique à un prestataire qui le séquencera (1 mois) et renverra les séquences brutes sur un disque dur, plusieurs mois, voire quelques années, d'analyse bioinformatique pour obtenir des résultats publiables.

Les premières phases ne sont pas forcément nécessaires, si le chercheur décide de travailler sans avoir un lien direct à l'objet biologique en accédant aux données disponibles dans les banques de séquences. La transcriptomique permet d'étudier l'expression des gènes, et donc éventuellement de mettre au point par modélisation les séquences permettant ensuite de produire biochimiquement des molécules identifiées. Il est ainsi possible de produire la molécule désirée à partir de séquences génétiques numérisées. Quand toutes les séquences génétiques d'un organisme sont publiées, on peut faire sur certains gènes des modifications les faisant correspondre aux gènes d'une bactérie ou d'une plante trouvée par ailleurs. Avec le développement de la biologie de synthèse, le chercheur pourra même aller jusqu'à créer du « vivant » grâce aux données trouvées en ligne.

Cette démarche nécessite deux prérequis : l'accès aux banques de données et à des capacités de calcul.

L'alimentation et l'accès aux banques de séquences sont une pratique courante et obligatoire pour les chercheurs qui travaillent avec des données moléculaires. En effet, pour publier, il faut que les données sur lesquelles a reposé la recherche et les données produites (les résultats) soient accessibles. Les séquences génétiques sont considérées comme un résultat de recherche, une production scientifique, elles deviennent accessibles une fois qu'elles sont publiées avec l'article scientifique.

La base de données internationale de séquences de nucléotides (*International Nucleotide Sequence Data Base-INSDB*) a été reconnue comme acteur clé par la CDB. Elle regroupe les données de trois bases gérées au niveau national ou régional : GenBank aux USA, DNA Data Bank au Japon et EMBL-EBI pour l'Union européenne. Au sein de ces bases, les données sont accessibles à tous, on peut y télécharger des génomes en libre accès (CETAF, 2017).

On notera que le libre accès est aussi la règle pour la plateforme internationale GBIF (*Global Biodiversity Information Facility*) qui offre la particularité d'une gestion internationale avec la participation d'acteurs gouvernementaux, académique et privés. Elle récupère des inventaires de biodiversité et des données naturalistes : listes d'observations, listes d'individus avec une géolocalisation et une identification taxonomique.

Ces pratiques disciplinaires sont élargies à tous les domaines de la recherche publique. Au niveau européen, la directive INSPIRE du 14 mars 2007 impose d'ouvrir l'accès aux données géographiques numériques détenues par des autorités publiques. Le projet Horizon 2020 incite à de grandes démarches de rassemblement inter organismes et promeut l'accès libre aux résultats de la recherche. On passe de l'incitation à l'obligation avec la loi française pour une République numérique, du 26 octobre 2016 dite « Loi Lemaire », qui oblige tous les chercheurs du public à verser sur des sites internationaux les résultats de leurs recherches en accès libre, à participer à ce que l'on peut appeler un "commun scientifique international" (Thomas, Boisvert, 2015).

Pour la plupart des instituts de recherche, les démarches avaient été entamées avant la promulgation de la loi. Ainsi, le Labex CEBA a-t-il engagé un programme pour mettre en place une base de données des occurrences d'organismes biologiques en Guyane, collectés selon des méthodologies rigoureuses, souvent associées à des informations moléculaires. Les métadonnées sont organisées dans un géocatalogue en accès libre. Il permet de référencer toutes les données possibles, d'afficher ce que chacun possède et notamment d'éviter toute redondance à des fins d'économie de moyens. Quiconque peut utiliser les données mises en ligne sur la plateforme s'il cite sa source.

Pour cela, une personne est dédiée à la curation des données, c'est-à-dire qu'elle vérifie l'homogénéité et la cohérence des données par rapport aux finalités du projet de la recherche. Celles-ci peuvent concerner à la fois la taxonomie, le géo-référencement, les unités de mesure... Il s'agit de valoriser le patrimoine scientifique en faisant en sorte que les données ne soient pas perdues, mais vérifiées et mutualisées. Cette fonction est amenée à se développer au sein des instituts de recherche d'autant plus que les informations présentes dans les bases de données ouvertes ne sont pas toujours bien référencées ni validées.

Un mouvement international de partage des séquences génétiques, soutenu par la puissance publique, s'organise ainsi au bénéfice de l'innovation économique, sans oublier pour autant les deux premiers objectifs de la CDB : la préservation et l'usage durable de la biodiversité. Ce mouvement de mutualisation échappe totalement à l'APA conçu sur une vision de la recherche d'il y a 25 ans.

La création de ces banques de séquences pose la question des capacités de calcul pour ceux qui veulent traiter les séquences. La génomique contemporaine est « data intensive » : il est nécessaire pour exploiter ces données avec l'étendue, l'échelle et la vitesse souhaitables de recourir à l'e-science. Quand il faut procéder à des calculs sur des centaines de milliers, voire des millions, de séquences, l'exercice devient compliqué en termes de mémoire et de temps de calcul. Les expéditions Tara ont prélevé des millions de séquences sur les océans du monde. Un gramme de sol peut compter 1 million de bactéries. La mémoire pour le séquençage d'un seul organisme atteint couramment 10 gigaoctets. Un projet de transcriptomique peut avoir à traiter 1 teraoctet de données brutes. Les machines prennent alors le relais. Elles doivent être autonomes pour reconnaître l'objet digital, savoir comment le traiter et comment l'intégrer. La production de séquences est actuellement plus rapide que l'évolution des algorithmes pour les traiter. Le chercheur est toujours dépassé par la connaissance qu'il n'a pas !

L'usage des technologies « big data » pour la recherche scientifique suppose que les données soient trouvables, accessibles, interopérables et réutilisables (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable : FAIR) pour les chercheurs comme pour les machines. Il convient d'améliorer la connaissance et la découverte à la fois au service des Humains et de leurs moyens de calcul (Wilkinson, 2016). Le traitement des mégadonnées pousse la science de la diversité toujours plus vers les sciences de l'information. Avec la multiplication des banques de stockage et les capacités grandissantes du calcul numérique, on a l'impression que la recherche porte davantage sur les questions de traitement de données numérisées que d'acquisition de connaissances sur le terrain. L'importance des séquences et des codes-barres devient de plus en plus grande pour les chercheurs, au détriment des spécimens biologiques.

3. Revendication sur les banques de séquences numériques

Le protocole de Nagoya, signé en 2010, s'applique aux ressources génétiques telles que présentées dans l'article 15 de la CDB, soit les ressources génétiques (RG) et les connaissances traditionnelles associées (CTA), et au partage des avantages découlant de leur utilisation. La définition de *ressource génétique* à l'article 2 de la Convention est *tout matériel d'origine végétale, animale, microbienne ou autre, contenant des unités fonctionnelles de l'hérédité*.

Cependant, à Nagoya il a été reconnu que la création de richesse ne se faisait pas à partir de l'utilisation de l'ADN, des gènes proprement dits, mais avec la recherche et le développement des

composants biochimiques hors séquences génétiques, comme les molécules isolées contenues dans les médicaments. En effet, de nombreuses biotechnologies protégées par des brevets n'accèdent pas à des matériaux avec des unités fonctionnelles d'hérédité, et par conséquent les détenteurs de brevets pouvaient refuser d'en partager les avantages conformément à la définition initiale de la CDB (Vogel et al., 2011). La définition de ressources génétiques ne pouvait alors se limiter à un support des unités fonctionnelles de l'hérédité. Elle s'est donc étendue aux produits et dérivés, élargissant singulièrement le champ d'application du protocole, le dérivé étant : « *tout composé biochimique qui existe à l'état naturel résultant de l'expression génétique ou du métabolisme de ressources biologiques ou génétiques, même s'il ne contient pas d'unités fonctionnelles d'hérédité* ». Les résines, les venins de serpent, les huiles essentielles, les enzymes, etc. sont des dérivés. De la même façon, il est alors clairement établi que les prélèvements des échantillons de sols et d'eau, dès lors qu'ils donnent lieu à des recherches sur leur composition génétique ou biochimique, en particulier par les méthodes de barcoding, doivent être soumis au système d'APA. Cet élargissement du génétique *stricto sensu* au biochimique s'aligne ainsi sur les réalités industrielles et commerciales, les pratiques des chercheurs et les revendications des pays du Sud (Aubertin, Filoche, 2011).

Cependant, les revendications sur les molécules synthétiques ayant une structure proche d'une substance naturelle échappent encore au protocole. Une molécule naturelle synthétisée et modifiée n'entre pas dans son champ, même si elle est « inspirée » de la nature. Les molécules issues du biomimétisme ne sont pas considérées par le protocole qui ne traite que de l'accès aux ressources génétiques et aux molécules naturelles qu'elles contiennent. Sans doute était-il un peu trop tôt en 2010, ou le rapport de force n'était-il pas établi, pour se préoccuper des conséquences de la dématérialisation des ressources et de leur stockage en banques de séquences numérisées. Il a fallu attendre encore quelques années pour que les avancées des pratiques de recherche soient prises en compte et que le statut de la bioinformatique soit traité lors des négociations.

Lors de la dernière conférence des Parties de la convention sur la diversité biologique, la COP13 de Cancún en décembre 2016, on a pu prendre la mesure des transformations de nos sociétés au travers des innovations numériques et biotechnologiques qui changent à la fois nos relations à notre environnement et la répartition de la valeur créée par sa mise en exploitation. Les deux protocoles de la CDB, le protocole de Carthagène sur la prévention des risques biotechnologiques, entré en vigueur en 2003, et le protocole de Nagoya sur l'accès aux ressources génétiques et aux connaissances traditionnelles et le partage des avantages découlant de leur utilisation (APA), entré en vigueur en 2014, se sont rejoints sur des thèmes communs. Les thèmes de la biologie synthétique, des nouvelles techniques d'écriture du génome et de l'accès à l'information sur les ressources génétiques sous forme de données séquentielles numériques se sont trouvés liés à la question de l'APA (Treyer, Aubertin, 2016 ; Guillain et al., 2017).

La COP 13 s'est ainsi attaquée à des enjeux, tout à fait essentiels, d'accaparement de la valeur, mais aussi de pratiques d'appropriation et de manipulation du vivant qui échappent à la fois au contrôle démocratique sur les risques biotechnologiques et aux règles d'accès et de partage des avantages. Des pays comme le Brésil, dont la loi sur le patrimoine génétique de 2015 et son décret d'application de 2016 couvre l'information génétique comme composant intangible du patrimoine génétique, ont demandé que les séquences numériques issues de ressources génétiques prélevées sur son territoire, voire les séquences synthétiques qui peuvent en découler, soient soumises à l'APA, que le partage des avantages s'applique aux banques de données génétiques. Cette revendication sur l'accès indirect à la connaissance s'appliquait déjà en ce qui concerne les connaissances traditionnelles ayant fait l'objet de publications ou de rassemblement en banques de données. Comment l'APA pourrait-il s'appliquer aux banques de séquences sans compromettre la mutualisation des échanges, source actuelle d'innovation. Des banques de séquences "nationales" n'auraient guère de sens. Les droits et réglementations portant sur ces bases de données "en libre accès" restent à préciser afin de les protéger de tentatives d'appropriation tout en permettant leur circulation et partage (Thomas, Boisvert, 2015). Ces questions sont actuellement discutées au sein du protocole.

On mesurera par ailleurs le défi qui consiste à affirmer un lien entre la ressource et la bioinformation. Si ce lien est théoriquement assuré par les informations contenues dans les banques de données, ce qui fait que l'accès libre n'est en réalité pas exempt de tous droits, le lien entre une séquence originale et la séquence modifiée par la suite est très difficile à établir. Quant au système des brevets, récompensant une œuvre d'invention, il ne demande pas à connaître l'origine de la ressource support de l'innovation, surtout si celle-ci consiste en « l'invention » d'un principe actif issu d'une molécule synthétique. La loi française essaye cependant de répondre à ce problème en demandant au déposant d'un brevet de communiquer les informations sur la ressource d'origine à l'Institut national de la propriété industrielle (INPI), mais celui-ci se contente pour l'instant d'enregistrer la demande de brevet et de transmettre sans examen les éléments au ministère chargé de l'environnement.

De leur côté, 150 ONG ont demandé lors de la COP13 un moratoire sur le « forçage de gènes », pratique traduite par le politiquement correct "écriture du génome" comme pour la technique Crispr/Cas9 qui permet de modifier un gène ou d'en moduler l'expression. Sous le terme de biologie de synthèse, sont regroupées différentes innovations biotechnologiques. La définition proposée à Cancun est assez peu explicite : « Un développement ultérieur et une nouvelle dimension de la biotechnologie moderne qui combine la science, la technologie et l'ingénierie pour faciliter et accélérer la compréhension, la conception, la restructuration, la fabrication et/ou la modification de matériel génétique, d'organismes vivants et de systèmes biologiques ».

4. Et les savoirs locaux ?

Pour innover, la recherche sur la biodiversité n'implique pas obligatoirement une collecte d'échantillons. Les enjeux actuels de la recherche sur le vivant ne privilégient plus les substances naturelles *in situ*, mais les données issues de ces nouvelles techniques de caractérisation moléculaire et de traitement de données de masse, dont une grande partie est offerte en libre accès.

D'autres études « macro » qui informent sur les évolutions de la biodiversité ne passent pas non plus par un accès physique aux ressources génétiques. Le croisement de l'écologie, de la géographie, des sciences de l'information fournit des cartographies à partir de données de télédétection par satellite ou par laser, données qui se trouvent également en grande partie en libre accès. Il semble acquis qu'il convient de mutualiser les données, les publier, les faire circuler.

Ces méthodes marquent une rupture du lien avec la taxonomie, mais aussi avec l'ethnobotanique, l'anthropologie et la sociologie, c'est-à-dire avec le recours aux connaissances traditionnelles pour connaître les propriétés d'une espèce.

Dans cette recomposition de la recherche, quelle est la place des connaissances traditionnelles dont la reconnaissance est la pierre fondamentale du système d'accès et de partage des avantages du protocole de Nagoya ? Comment organiser ce partage si la recherche ne fait plus référence aux populations qui détiennent un savoir, mais aux données et expériences scientifiques et numériques ?

Si les connaissances traditionnelles demeurent pertinentes pour des niches de marché comme la cosmétique ou les compléments alimentaires où l'image compte autant que les propriétés, elles sont de moins en moins recherchées du fait de la complexité des autorisations d'accès qui y sont liées. Par ailleurs, le potentiel de valorisation qu'elles offraient il y a quelques années a été supplanté par les méthodes biotechnologiques automatisées comme le criblage à haut-débit ou l'étude des relations structure/activité en bioinformatique. Les études ethnobotaniques ou anthropologiques se font maintenant essentiellement à des fins de recueil d'informations fondamentales pour des collections, de savoirs comme de spécimens, sans visée commerciale.

Par ailleurs, la CDB supposait que des détenteurs de savoirs exclusifs pouvaient être facilement identifiés et reconnus légitimes pour signer des contrats, aussi bien aux yeux de leur communauté, qu'aux yeux des autorités locales ou nationales. Or la question de l'exclusivité pose problème : il reste

difficile de lier une communauté à un savoir précis et de nombreuses connaissances associées font partie du domaine public. On peut d'autre part s'interroger sur la généralisation de la propriété privée sous-tendu par le modèle du contrat qui transforme le savoir en marchandise, alors que des protocoles communautaires, prévus par le protocole de Nagoya, peuvent s'avérer plus conformes aux droits collectifs traditionnels qui fixent les modes de partage des ressources souhaitées par les communautés. Ici aussi, les présupposés de la CDB sont mis à rude épreuve au regard des avancées des sciences sociales. Les anthropologues se restreignent de moins en moins à l'étude d'une ethnie considérée comme un tout fonctionnel, mais placent davantage les échanges interculturels au cœur de leurs études. Ils s'élèvent contre une vision fixiste des savoirs qu'ils présentent en évolution dans des mouvements de circulation et de partage.

La CDB devait éviter le pillage des ressources génétiques et des savoirs, elle a érigé le savoir en arme de revendications pour des raisons économiques, identitaires, foncières politiques... qui vont bien au-delà du protocole de Nagoya. On peut citer comme exemple la récente accusation de biopiraterie autour du *Quassia amara*, plante décrite par Linné au 18^e siècle et connue sur toute la côte des Guyanes et du nord du Brésil (Bourdy et al., 2017) qui a fait l'objet d'une grande campagne médiatique en Guyane et a monté des communautés les unes contre les autres.

Les accusations de biopiraterie se heurtent à un paradoxe : en prétendant décoloniser les rapports entre les scientifiques et les autochtones, elles ethnicisent les rapports sociaux et essentialisent des groupes culturels comme gardiens de l'environnement, imposant une vision occidentale sur la propriété des savoirs. La CDB ne considère que les connaissances traditionnelles associées aux ressources génétiques, c'est-à-dire qu'elle fixe, trie et isole ces savoirs dans un but utilitaire. On peut craindre que les relations contractuelles ne figent les connaissances traditionnelles dans un cadre marchand qui les sélectionne et les standardise.

Cette vision marchande n'a pas réellement contribué à améliorer la conservation de l'environnement dans les pays du Sud et elle a conduit à créer des conflits communautaires et des suspicions vis-à-vis du monde de la recherche. On ne connaît guère de cas depuis la signature de la convention sur la diversité biologique où un partage des avantages ait donné lieu à d'importantes redistributions. Et pourtant, les valorisations financières de la biodiversité, les dépôts de brevets sur le vivant, et surtout sur les techniques qui le modifient, se poursuivent, mais ni sur les ressources génétiques *in situ*, ni sur les savoirs traditionnels.

Les revendications du Brésil à la COP13 sur un droit de propriété sur les séquences numériques en banques de gènes portent davantage sur un problème de perte d'opportunité économique, bien différent du registre de la biopiraterie que le protocole de Nagoya devait combattre. Le protocole de Nagoya 2.0 (Guillain et al., 2017) sera une arme de guerre économique avant de protéger la biodiversité et les populations traditionnelles.

5. Un système APA dépassé et contraignant

La convention sur la diversité biologique, qui devait initialement traiter de l'accès aux ressources génétiques, n'a eu de cesse d'étendre son champ d'application, passant du gène à toutes les expressions biologiques (les dérivés). Aujourd'hui les revendications visent à intégrer les molécules synthétiques et la dématérialisation des données portées par la bioinformatique. La course poursuite entre l'adaptation des termes de la CDB aux progrès scientifiques n'est pas près de se terminer.

Ces évolutions remettent fortement en question à la fois les représentations de la biodiversité et les politiques qui y sont associées. Le régime international d'APA conçu à partir d'une représentation obsolète de la recherche, de la croyance à l'efficacité du marché régulateur, du mythe de l'or vert avec la figure de la molécule miracle que la science découvrirait grâce aux savoirs locaux sur les ressources des forêts tropicales, des connaissances traditionnelles conçues comme outils de lutte, etc. semble bien inadapté.

La question est de comprendre comment des intérêts et des jeux d'acteurs ont pu transformer une volonté éthique de faire de la recherche participative, non avec des informateurs mais avec des partenaires associés dès la conception du projet de recherche, avec des conditions négociées de partage des avantages, en une machine bureaucratique par le choix de recourir à des instruments de marché pour, à la fois, lutter contre l'érosion de la biodiversité et assurer un retour aux populations autochtones et locales.

Car les démarches pour obtenir une autorisation d'accès à la ressource sur le terrain peuvent être vues comme très contraignantes, coûteuses en temps et sans visibilité sur les délais de réponse. Les recueils d'échantillons biologiques et/ou de connaissances traditionnelles associées doivent suivre les principes de base: identification de la ressource afin de renseigner ses caractéristiques, sa date de prélèvement et son origine géographique; accord de transfert de matériel biologique (MTA : Material Transfer Agreement) avec le partenaire fournisseur; consentement préalable en connaissance de cause (PIC : Prior Informed Consent) auprès du pays fournisseur et de la communauté détentrice des connaissances; enfin contrat de partage des avantages (MAT : Mutually Agreed Terms) précisant les résultats attendus et les retours vers les partenaires.

Le règlement européen (2014) et la loi française sur la reconquête de la biodiversité de la nature et des paysages (2016) imposent diverses procédures réglementaires, soit : 1) des obligations d'effectuer auprès du ministère en charge de l'Environnement : - une déclaration pour un accès aux ressources génétiques sans visée commerciale; - une demande d'autorisation pour un accès aux ressources génétiques avec une utilisation à visée commerciale; - une déclaration attestant de la diligence nécessaire devra être faite par la suite au stade du développement final du produit; - une demande d'autorisation auprès du ministère de l'Environnement pour l'utilisation de connaissances traditionnelles associées. 2) Auprès du ministère en charge de la Recherche, autorité compétente vis-à-vis des exigences européennes, il conviendra de faire : - une déclaration attestant de la diligence nécessaire pour les porteurs de projets de recherche bénéficiant de financements extérieurs à leur institution; - une déclaration pour demander l'inscription des collections au registre européen, pour les responsables de collections qui le souhaitent. Ces démarches sont à la charge des demandeurs, sans aide des services d'Etat qui les ont mis en place.

Si l'on savait les hypothèses de la CDB en décalage avec les pratiques du monde de la recherche et des modes de transmission des connaissances traditionnelles, on ne peut que s'étonner du paradoxe d'un accès, de plus en plus encadré et contraignant, à la ressource physique avec la loi pour la reconquête de la biodiversité alors que la loi pour la République numérique, votée quelques mois plus tard, prône une logique d'ouverture et oblige les chercheurs à mettre en libre accès leurs séquences numériques dans des banques de données, désormais sources potentielles d'innovation. La question des modes d'appropriation de la biodiversité, entre privatisation et bien commun, reste ouverte.

Références

AUBERTIN Catherine, FILOCHE Geoffroy, "Le Protocole de Nagoya sur l'utilisation des ressources génétiques : un jeu à somme nulle entre Nord et Sud" *Mouvements Info*, 2011.
http://horizon.documentation.ird.fr/exl-doc/pleins_textes/divers12-06/010052650.pdf

BOURDY Geneviève, AUBERTIN Catherine, JULLIAN Valérie, DEHARO Eric. "Quassia "biopiracy" case and the Nagoya Protocol: a researcher's perspective" *Journal of Ethnopharmacology*, Vol. 26, 12 July 2017, p. 290–297.
<https://doi.org/10.1016/j.jep.2017.05.030>

CETAF, *Submission on the potential implications of the use of Digital Sequence Information*, ABS Core Group, 8 septembre 2017. 9 p. www.cetaf.org

GUILLAIN Pierre-Edouard, LIVOREIL Barbara, SILVAIN Jean-François, *Conférence des parties de la Convention sur la diversité biologique 2016 à Cancun : biologie de synthèse et séquences numériques au cœur des débats*. FRB – Février 2017.

http://www.fondationbiodiversite.fr/images/stories/actualites/fil_actus/CR%20CDB.pdf

HEYWOOD, V.H. (ED), *The Global Biodiversity Assessment*. United Nations Environment Programme. Cambridge University Press, Cambridge, 1995.

LAVIGNE Fanny, *La Recherche sur la Biodiversité au défi de la mise en place de l'APA : cas de la Guyane*, rapport de stage de Master 2 en « Ingénierie et Economie du développement et de l'environnement », IRB, CEBA, Université de Guyane, juin 2017, 71 p.

<http://www.labex-ceba.fr/assets/Rapport-de-stage-APA-juin-2017-Fanny-Lavigne.pdf>

THOMAS Frédéric, BOISVERT Valérie (ed.) *Le pouvoir de la biodiversité : néolibéralisation de la nature dans les pays émergents*. Marseille ; Versailles : IRD ; Quae, 2015.

TREYER Sébastien, AUBERTIN Catherine, "Les Conventions climat et biodiversité : une nouvelle géopolitique des rapports de force" *Natures, Sciences, Sociétés*. 24, 2016/4, p. 317-318.

<https://www.nss-journal.org/articles/nss/pdf/2016/04/nss170006.pdf>

VOGEL Joseph Henry et al., « L'économie de l'information soigneusement ignorée dans le Protocole de Nagoya sur l'accès aux ressources génétiques et le partage des avantages », *7/1 Law, Environment and Development Journal*, 2011, p. 52.

<http://lead-journal.org/content/11052b.pdf>

WILKINSON Mark D. et al. "The FAIR Guiding Principles for scientific data management and stewardship" *Sci. Data* 3:160018 doi: 10.1038/sdata.2016.18, 2016.