HAL
open science

Transformation des modes de production dans les sciences du vivant. Biologie à haut débit, plateformes, brevets

Marianne Noel

To cite this version:

Marianne Noel. Transformation des modes de production dans les sciences du vivant. Biologie à haut débit, plateformes, brevets : Compte rendu du Colloque "Sciences de la vie en société " - 2e journée. Institut francilien recherche, innovation, société (IFRIS) et Genopole®, 8 décembre 2011, Paris. 2012, pp.481-484. hal-00842322

HAL Id: hal-00842322

https://enpc.hal.science/hal-00842322

Submitted on 8 Jul 2013

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.

Repères

Colloques et documents : comptes rendus

« Transformation des modes de production dans les sciences du vivant. Biologie à haut débit, plateformes, brevets »

(Colloque, Paris, 8 décembre 2011)

En 2010, l'Institut francilien recherche, innovation, société (IFRIS) et Genopole® ont lancé une série de conférences sur la question de la co-évolution science/société. Sur le principe d'une journée par an, ce cycle de colloques, intitulé « Sciences de la vie en société », vise non seulement à une meilleure compréhension de la production des sciences en société mais également au dialogue entre sciences du vivant et sciences humaines et sociales. Au-delà des professionnels, l'objectif est aussi de toucher le grand public spécialisé (ou sensibilisé) dont des élus, des acteurs de la société civile, etc.

Après une première journée sur le thème de la construction des publics en 2010[1], qui a en quelque sorte permis de « roder » la formule, un second colloque consacré à la biologie à haut débit, aux plateformes et aux brevets s'est déroulé le 8 décembre 2011 dans l'amphithéâtre de la MGEN à Paris[2]. Il a rassemblé 150 participants d'horizons variés, dont un large noyau de personnes déjà présentes en 2010.

Comme l'a indiqué Catherine Paradeise, sociologue et présidente de l'IFRIS, dans son introduction, il s'agissait de prolonger un dialogue initié en 2010 entre chercheurs des sciences sociales et des sciences du vivant, en évitant que les sciences sociales aient une position de surplomb par rapport à la biologie (un écueil perceptible lors du premier colloque).

L'argument central du colloque repose sur un constat : la recherche biologique s'est considérablement transformée au cours des quarante dernières années, selon des modalités étudiées dans le détail lors de cette journée. Un des enjeux était de traiter de questions prioritaires pour les chercheurs des sciences sociales et des sciences du vivant, en partant de

[1] Colloque « Sciences de la vie en société. Fascination, confrontation, controverses, co-évolution », Collège de France, 28 septembre 2010. Les interventions filmées et les actes de ce colloque sont consultables sur internet à l'adresse http://www.genopole.fr/Le-Webcast-de-la-journee.html.
[2] Le programme détaillé est accessible sur internet à l'adresse http://www.genopole.fr/Programme,5371.html.

pratiques concrètes et de sujets intéressant les deux parties. Trois thèmes ont été définis et des ateliers préparatoires au colloque ont été organisés, qui ont associé des scientifiques des deux domaines. Cela a conduit à une structuration de la journée en 3 sessions, où ont été traitées les questions suivantes :

– Les biotechnologies constituent-elles un laboratoire du capitalisme académique ?

– Biologie à haut débit et organisation de la recherche : une nouvelle économie des données ?

– Façons de connaître : un nouveau paradigme ?

Dans sa construction comme dans sa réalisation, le colloque a fait une large place à l'interdisciplinarité.

Les biotechnologies

La première session consacrée aux biotechnologies a été organisée par Fabienne Orsi, économiste à l'IRD et Christian Pinset, médecin chercheur au sein d'I-Stem[3]. Depuis les années 1970, on assiste à un rapprochement entre la production des connaissances en biologie et la logique du marché, phénomène dont essaie de rendre compte l'expression « capitalisme académique ».

F. Orsi a introduit le sujet en indiquant qu'aux États-Unis, le secteur des biotechnologies se caractérise aujourd'hui par un grand nombre de firmes spécialisées en recherche. Un marché financier comme le Nasdaq est ouvert à des entreprises à haut potentiel de croissance, non rentables et sans produit commercialisable, mais qui possèdent des droits de propriété exclusifs sur l'immatériel, dont la connaissance fait partie. La montée de l'exclusivisme, inscrit dans les traités de l'OMC, est un phénomène d'ampleur internationale qui dépasse le domaine des sciences du vivant et qui touche aussi bien les logiciels, les biens culturels, etc. En conséquence, on assiste à des débats et controverses sans précédent qui concernent le blocage à l'accès des connaissances et à la recherche.

Dominique Stoppa-Lyonnet, médecin généticien et professeur de génétique médicale à l'Université Paris Descartes, a présenté les mouvements d'opposition aux brevets de la firme américaine Myriad Genetics en Europe et la révocation des brevets européens BRCA1[4] par

[3] L'Institut des cellules souches pour le traitement et l'étude des maladies monogéniques (I-Stem) est un centre de recherche et développement, dédié à l'élaboration de traitements fondés sur les potentiels offerts par les cellules souches pluripotentes et applicables aux maladies rares d'origine génétique.

[4] En 1990, Mary-Claire King à l'Université de Berkeley localise le gène humain BRCA1 dont certaines variations conduisent à un risque accru de cancer du sein. Mark Skolnick, fondateur de la société Myriad Genetics, revendique quelques années plus tard le monopole de la réalisation de tests de dépistage de la prédisposition au cancer du sein.

l'Office européen des brevets[5]. Ce cas a illustré l'intensité et la complexité des procédures visant à faire en sorte qu'un brevet ne soit pas exploité de manière abusive. L'intervenante a rappelé que les risques de ces tests génétiques étaient un pilotage de la demande par l'offre, une fragmentation des connaissances et une montée des coûts de transaction.

Benjamin Coriat, économiste à l'Université Paris 13, a défendu un cadre conceptuel (la théorie des communs) qui encourage une réflexion sur les usages alternatifs de la propriété intellectuelle par des communautés d'usagers ou de scientifiques, non pas à des fins privatives et exclusives mais à des fins de mise en commun des ressources et des connaissances concernées. La connaissance, en un sens très large, est alors conçue comme une « ressource partagée » entre tous les usagers/coproducteurs.

Selon B. Coriat, la propriété intellectuelle s'est fortement étendue depuis 30 ans en raison du postulat idéologique selon lequel le marché est le moyen le plus efficace pour favoriser la production et la diffusion des connaissances. Les communs sont une réaction aux abus de la propriété exclusive et ils constituent une incitation à innover, originale et distincte du brevet.

Ces communs ont des particularités qui ont été mises en évidence par Elinor Ostrom, prix Nobel d'économie en 2009, sur des communs dits naturels, c'est-à-dire des formes d'exploitation partagée de terres agricoles. L'apport d'Ostrom est d'avoir identifié et testé empiriquement les conditions de réussite d'une gestion collective des communs : le droit de propriété peut être distribué selon différents attributs, qui peuvent être alloués à des individus ou à des entités différentes, selon leur motivation et leur contribution à l'existant. Le commun est une construction institutionnelle entre acteurs, qui relie des partenaires différents et exige un mode de gouvernance, des règles, le cas échéant des sanctions.

À la différence des communs naturels, les communs scientifiques ne sont pas seulement tournés vers une exploitation de la ressource informationnelle mais aussi vers son développement. Ces pratiques sont très présentes dans le domaine du logiciel et en pleine expansion dans les biosciences.

La biologie à haut débit

La seconde session, organisée par Ashveen Perbaye, sociologue à l'Université Paris-Est Marne-la-Vallée et Pierre Le Ber, chargé de mission auprès du directeur de l'Institut de

[5] *Cf.* Cassier, M., Stoppa Lyonnet, D., 2005. L'opposition contre les brevets de Myriad Genetics et leur révocation totale ou partielle en Europe : premiers enseignements, *Médecine/Sciences*, 21, juin-juillet, 658-662.

génomique du CEA, s'est intéressée à la biologie à haut débit[6] et à son articulation avec la recherche.

P. Le Ber est revenu sur l'histoire des plateformes de séquençage à haut débit. Initié à la fin des années 1990, le développement des techniques actuelles s'est traduit par une évolution radicale dans la façon de questionner le vivant : multiplicité des technologies et très grande diversité des méthodes et des applications, diversification de l'offre, notamment de la part du privé. La centralisation des données n'est par ailleurs plus possible, avec pourtant un nombre de plus en plus important d'utilisateurs ayant besoin d'avoir recours aux outils de la génomique. En France, 9 plateformes de séquençage ont été regroupées dans une infrastructure nationale, France Génomique, dans le but de faire face à ces nombreux défis.

On estime aujourd'hui être capable de séquencer un génome humain toutes les 14 minutes pour un coût d'environ 5000 dollars, soit 400 fois moins qu'en 2000. À l'EMBL[7], les besoins en stockage des données produites par ces nouvelles techniques de séquençage sont exponentiels. Toutes ces évolutions dessinent ce que les acteurs ont l'habitude d'appeler le déluge des données dans les sciences du vivant. Mais correspond-il à une rupture, et de quelle manière ? À un changement dans les manières de faire ? Est-ce propre aux sciences du vivant ? D'autres sciences, comme la météorologie ou la physique des hautes énergies, font en effet face à des problèmes similaires.

Bruno Strasser, historien et biologiste, professeur à l'Université de Genève et à Yale University, a montré qu'une mise en perspective historique permet de comprendre un certain nombre des problèmes et défis qui se posent. L'histoire standard raconte le déclin des sciences naturelles – qui comparent et travaillent sur une grande diversité d'organismes vivants – au profit de l'essor et de la domination des sciences expérimentales – qui travaillent sur des objets « exemplaires » (les organismes modèles). Or, ce qui est propre à l'approche naturaliste – et lui a permis de produire une grande quantité de savoir pendant ces 4 derniers siècles – est une pratique centrée sur les collections, la comparaison et la classification. Les grandes banques de données de séquences de gènes ne sont-elles pas l'équivalent des musées et des collections ? Dans les années 1980, un effort de coordination institutionnelle autour du génome humain a obligé les groupes à rendre ces banques de données publiques, ce qui les a rendus plus accessibles.

---

[6] Dans son exposé, P. Le Ber fait référence, en employant le terme « biologie à haut débit », au développement de nouvelles techniques de séquençage de génomes complets, qui intègrent haut débit et rapidité avec un coût moindre.

[7] L'EMBL (European Molecular Biology Laboratory) est un institut de recherche en biologie moléculaire financé par des fonds publics de recherche issus d'une vingtaine de pays.

Selon B. Strasser, on assiste à l'émergence d'un nouveau régime de production du savoir dans les sciences du vivant, un régime hybride entre la tradition de l'histoire naturelle et celle des sciences expérimentales[8].

Dimensions épistémologiques et ontologiques

Le troisième thème a traité des dimensions épistémologiques et ontologiques (nouvelles façons de connaître, nouveaux paradigmes) des résultats de la génomique et de la post-génomique[9]. La simulation, la modélisation numérique, l'analyse des données se substituent-elles aux pratiques expérimentales ? Ces transformations aboutissent-elles à des modifications dans la façon d'aboutir à des connaissances ? Assiste-t-on à l'émergence de nouvelles façons de connaître, à un changement de paradigme ?

À l'aube de ces transformations, la notion de gène, qui a permis d'organiser les données, s'est diluée dans toutes sortes de conceptions parfois contradictoires. Les trois intervenants de cette session sont restés réservés sur le terme de changement de paradigme, considérant qu'il existe toujours beaucoup de continuités. Cependant, la question reste légitime, la vision classique du gène ayant été remise en question ces dernières années par plusieurs articles scientifiques[10,11].

Michel Morange, biologiste et historien des sciences, directeur du Centre Cavaillès d'histoire et de philosophie des sciences de l'École normale supérieure (ENS), a insisté sur le fait que les changements sont la conséquence de développements antérieurs, dont on voit aujourd'hui les retombées. Le premier véritable changement concerne la fin de la domination des systèmes modèles et la redécouverte de la biodiversité, déjà soulignée par B. Strasser. Le choix des modèles a été essentiel pour dégager des principes généraux des modes de fonctionnement du vivant, mais cela s'est fait aux dépens d'une étude large de la diversité du monde vivant. La génomique, la post-génomique et la bio-informatique actuelle permettent de circuler entre les différents génomes et cette circulation fait que toute espèce peut devenir un nouveau modèle pour répondre à une question particulière. La modélisation prend une place croissante dans la biologie contemporaine : autrefois, le modèle était un aboutissement de l'expérience (il était un résumé), aujourd'hui, il guide l'expérience. Enfin, grâce aux

[8] *Cf.* Strasser, B.J., 2008. GenBank: Natural History in the 21st Century?, *Science*, 322, 537-538 ; Strasser, B.J., 2012. Data-driven sciences: From wonder cabinets to electronic databases, *Studies in the History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 43, 85-87.

[9] La post-génomique cherche à savoir quand et dans quelles conditions un gène s'exprime pour enclencher la fabrication de protéines, et quelle est l'activité des protéines fabriquées.

[10] *Cf.* Peason, H., 2006. What is a gene, *Nature*, 441, May 25th, 399-401.

[11] *Cf.* Gerstein, M.B., Bruce, C., Rozowsky, J.S. *et al.*, 2007. What is a gene, post-ENCODE? History and updated definition, *Genome Res.*, 17, 669-681.

programmes de séquençage des génomes, le fossé se comble entre la biologie « fonctionnelle » et la biologie évolutive. La génomique a ouvert les portes à l'étude de l'histoire évolutive des organismes.

Vincent Ramillon, biologiste et historien des sciences, chercheur au centre Max Debrück pour la médecine moléculaire à Berlin, s'est intéressé aux conditions historiques de l'apparition de la notion actuelle de complexité. Il montre comment les normes scientifiques ont évolué pour aboutir à un modèle de travail centré sur la production standardisée « en masse » de données scientifiques. Dans la seconde moitié des années 1990, la logique d'inventaire, qui est au cœur des projets de génomique depuis leur démarrage, se mue progressivement en une logique de modélisation, où la collection devient implicitement pensée comme un modèle du génome, simplifié et manipulable. La complexité va changer de nature et définir un nouveau cadre expérimental et théorique : elle n'est plus considérée comme une source de difficultés méthodologiques mais comme une propriété fondamentale et domesticable des objets biologiques.

Conclusion

Comme l'a souligné Pierre-Benoît Joly, sociologue et directeur de l'IFRIS, dans sa conclusion, la principale vertu de cette journée est d'avoir améliorer la qualité et la pertinence des questions posées.

Le colloque a montré qu'il faut aborder ces questions selon différentes échelles : de l'analyse du gène BRCA1 aux recherches en biologie dans leur ensemble, en passant par des niveaux intermédiaires (les recherches sur le cancer) ; de l'histoire longue à des analyses très contemporaines, qui se concentrent notamment sur les trente dernières années.

« Qu'est ce qui change ? » était une question-clé du colloque. Les nombreux signes d'une accélération dans ce domaine d'activités (la quantité des données double tous les 7 mois, l'obsolescence du matériel est à 3 ans, etc.) font écho à des phénomènes analysés à l'échelle de la société dans son ensemble, notamment par le sociologue Hartmut Rosa[12].

Les différentes contributions ont montré l'importance du contexte dans la production de connaissances : dans le cas du gène BRCA1, il ne s'agit pas uniquement de transformations épistémiques liées au droit de la propriété mais de la création d'un marché là où il n'existait pas. L'enjeu majeur est la transformation d'un système social et de ses formes de régulation,

[12] *Cf.* Rosa, H., 2010. *Accélération*, Paris, La Découverte.

qui affecte la qualité des connaissances, la qualité des soins, les possibilités futures d'innovation, etc.

D'autres pistes de recherche ont été évoquées, pour lesquelles l'analyse historique est déterminante : les intervenants de la table ronde n° 3 se sont intéressés à la définition de ce qu'est la nouveauté, à la notion d'auteur et à l'attribution du crédit dans la création. Concernant le haut débit, l'analyse doit se concentrer sur les changements dans les cultures épistémiques (place de la technologie dans la connaissance) et dans les normes qui encadrent l'activité de recherche.

Qu'a-t-on appris sur le dialogue entre SHS et sciences du vivant ? La question est revenue à plusieurs moments dans la discussion et l'on a vu naître des tensions entre une posture assez classique (celle de B. Strasser, pour qui il faut produire, intéresser les autres disciplines et soumettre ses recherches à de grandes revues comme *Nature* ou *Science*), d'autres postures plus ou moins encouragées par les institutions comme les approches ELSI[13], et celle, plus nouvelle, du chercheur en sciences sociales « embarqué », coproducteur de connaissances. En tant que médecin, C. Pinset a insisté sur le besoin de confrontations et indiqué combien un regard de sociologue ou d'économiste est important.

De façon indéniable, ce colloque a permis de croiser fertilement les approches des sociologues, des historiens, des économistes, des biologistes et des médecins, faisant des sciences du vivant un lieu privilégié d'intégration des apports d'autres disciplines. Il a fait la démonstration très convaincante de l'existence du lien qu'entretient la biologie (et ses dynamiques de recherche) avec des transformations sociales plus larges, mais également plus généralement avec les usages du vivant.

Les actes du colloque et les interventions filmées sont consultables sur internet à l'adresse http://www.genopole.fr/Le-Webcast-et-les-Actes.html.

Marianne Noël

(Université Paris-Est, UMR CNRS 8134 LATTS et IFRIS)

noel@ifris.org

[13] pour *Ethical, Legal, Social Implications.* Pour en savoir plus, consulter le site du *ELSI Research Program* : http://www.genome.gov/10001618.