

Les enjeux institutionnels de l'édition du génome humain, entre États-Unis, Europe et Chine

Guillaume Levrier

Résumé :

Ce projet de recherche a pour but d'analyser les enjeux institutionnels liés au développement d'une biotechnologie de rupture dans une perspective comparée. La découverte de nouvelles nucléases, dont CRISPR-Cas9, permet aux chercheurs de cibler des *loci* avec une grande précision chez l'être humain et d'initier des mécanismes de réparation de l'ADN non homologues (NHEJ – pour bloquer l'expression du gène) homologues (HDR – pour modifier le gène). L'amélioration constante de ces techniques, couplée à la vitesse de progression de la recherche dans ce secteur, définissent des attentes vis-à-vis du développement d'une capacité d'intervention efficace et spécifique sur le génome humain à court-moyen terme. La multiplication des essais cliniques sur les cellules somatiques (*ex-vivo* et *in-vivo*) et des recherches sur les lignées germinales (blastocystes et gamètes) pose un défi concernant l'élaboration de règles pour encadrer la recherche fondamentale et permettre la recherche appliquée, puis la création et la mise à disposition des produits thérapeutiques issus de ces techniques en Europe, mais aussi en Chine et aux États-Unis. Ces trois zones, si elles suivent des modèles très différents, disposent de fortes capacités en termes de recherche fondamentale, d'évolution institutionnelle et de qualité d'infrastructures pour les développer, puis les déployer. Ce processus de mise en politique des nucléases se déroule dans un contexte de compétition scientifique internationale à grande vitesse, dont la première place est actuellement disputée par les États-Unis et la Chine.

Méthode :

Elle repose sur deux piliers : une série d'entretiens semi-directifs avec les acteurs impliqués dans le processus de mise en politique des nucléases, et l'analyse de corpus bibliométrique issus de bases de données (notamment Scopus, Web of Science et Altmetrics) reliés aux productions institutionnelles par le biais du système PANDORÆ. Ce système vise à récolter les articles scientifiques qui traitent de trois sujets : la nature et le perfectionnement des nucléases comme telles, leur utilisation chez l'humain (*ex-vivo*, *in-vivo* et sur les cellules germinales, gamètes et embryons), et les réflexions sur l'opportunité et les conditions de leur emploi. Cette récolte se fait par le biais de requêtes envoyées aux bases de données précitées. Les éléments récoltés sont ensuite fournis à la base de données Altmetrics, afin de relier ces articles scientifiques aux documents qui les citent et qui ont été détectés par cette plateforme. L'intégralité de ces données est alors importée dans Zotero, afin d'enrichir ou de supprimer certains articles jugés en dehors des critères précités, puis elle est envoyée au système PANDORÆ qui permet d'ordonner et de visualiser les données afin de rendre intelligibles les grandes tendances de transfert de l'information entre les acteurs. Le code source de PANDORÆ sera rendu public et open-source lorsque le système sera jugé suffisamment fiable pour être partagé.